



Primer congreso peruano de mejoramiento genético y biotecnología agrícola

Proceeding

La Molina, Lima-Perú
17-19 de mayo
2010

Presidente honorario
Ricardo Sevilla Panizo

Presidente
Raúl Blas Sevillano

Secretario
Julián Chura Chuquiya

Tesorero
Jorge Jiménez Dávalos

Comité Científico

Abel Basurto
Amelia Huaranga
Angel Valladolid
Carlos Quiros
César Puicón Añazco
David Ponce
Enrique Chujoy
Estrellita Ponce
Jaime Lazarte
Javier Arias
Jorge Nakahodo
Kurt Manrique
Lourdes Tapia
Luz Espinoza
Luz Gómez
Rodomiro Ortiz
Rosa Espejo
William Roca

Comité Editor

Raúl Blas
Ricardo Sevilla
Félix Camarena

Asistentes

Alfredo Berrocal
Ana Gabriela Amado
Belmar Chavarry
Daniel Huamán
Elena Nuñez
Hector Flores
Joel Flores
Jorge Acurio
Liliana Corozo
Luis Gutiérrez
Marlene Aguilar
Nancy Pacheco
Romina Camacho
Vanessa Agurto

Delegados Regionales

Alberto Anculle (Arequipa)
Américo Chacón (Cusco)
Angel Valladolid (Lambayeque)
Astriht Ruíz (San Martín)
Carlos Tirado (Cajamarca)
David Ponce (Pasco)
Gloria Arévalo (San Martín)
Jose Ramírez Chu (Loreto, Iquitos)
Luz Espinoza (Ica)
Mack Pinchi (Ucayali)
Manuel Humberto (Piura)
María E. Ruiz (San Martín)
María Valderrama (Arequipa)
Mercedes de la Torre (Lambayeque)
Miryam Borbor (La Libertad)
Rolando Porta (Huancavelica)
Roxana Bardales (arequipa)
Sergio Contreras (Huacho, Lima)
Valeriano Huanco (Junín)

Relaciones Institucionales

Carlos Tirado

Logística

Manuel Sigueñas

José Quispe

Posters

Sergio Contreras

Ana Eguluz

Página web

Luis Escobar

Prensa y Difusión

Angel Valladolid

Luz Espinoza

PRIMER CONGRESO PERUANO DE MEJORAMIENTO GENÉTICO Y BIOTECNOLOGÍA AGRÍCOLA

Presentación

Ya es un hecho indiscutible que las necesidades de alimentos y otros productos agrícolas serán mayores en el futuro. Esa tendencia, unida al crecimiento poblacional que seguirá alto en los países en vías de desarrollo como el Perú, creará situaciones críticas por el aumento de precios que se genera cuando aumenta la demanda y no aumenta paralelamente la producción. En las actuales circunstancias no se espera en el país un aumento general de la producción; el aumento en productividad se dará como ya es evidente en los cultivos para exportación, acompañados de una fuerte inversión. La situación es dramática si se considera que la inversión en genética es de menor cuantía y de mayor impacto que la inversión en otros factores de la producción.

Por eso el interés en conocer, como está invirtiendo el país en la generación de variedades mejoradas y el rol que éstas cumplen en la tecnificación del agro. La presente publicación presenta los resultados de aproximadamente 50 trabajos que se presentaron en el Primer Congreso Peruano de Mejoramiento Genético y Biotecnología Agrícola. La primera impresión es decepcionante; muy poco trabajo de mejoramiento y selección se hace en el país. Pero un análisis más profundo de la información presentada muestra tendencias que son positivas. Los cultivos tradicionales que tienen un impacto muy fuerte en la alimentación, como el arroz, la papa y el maíz acusan en algunas regiones altos niveles de productividad, algunos casos compiten con la mayor productividad mundial. El problema son las especies que cultivan los agricultores más pobres del país, en áreas marginales, cuya productividad es limitada por una serie de factores de difícil control. Cientos de cultivos nativos del país que en su conjunto hacen del Perú un país mega diverso, se desperdician por su bajo nivel de productividad y vulnerabilidad a enfermedades y plagas y a las condiciones ambientales adversas. Esas parecen haber recibido en este Congreso una atención preferente.

El mejoramiento de esos cultivos requiere de estrategias diferentes a las convencionales y decisiones que van más allá de la escogencia del método de mejoramiento más eficiente. Antes de aplicar los métodos de mejoramiento hay que conocer aspectos intrínsecos del cultivo, como la biología floral, su fenología, su adaptación, sus parientes silvestres; aspectos relacionados con el entorno: culturales, ecológicos, socio-económicos; y aspectos que aseguren la conservación de las especies y la sostenibilidad ambiental. Mucho de eso se encontrará, aunque todavía a un nivel poco perceptible, entre los trabajos presentados.

Se nota también una tendencia interesante que acerca la biotecnología y el mejoramiento genético con el objetivo común de generar variedades mejoradas adaptadas a nuestras condiciones limitantes y para utilizar la diversidad de las especies en forma sostenible. Se espera que con el tiempo esa tendencia se haga más evidente.

La lectura de los trabajos científicos que en forma compacta se presentan en esta publicación, constituye una verdadera línea de base para, superando las condiciones que causaron la crisis de la especialidad de mejoramiento genético, el país retome la vía de una verdadera tecnificación del agro nacional.

Ricardo Sevilla Panizo
La Molina, Mayo 2010

Contenido

Recursos Genéticos y Bioprospección

Caracterización preliminar morfológica de siete accesiones introducidas de tomate de cáscara (<i>Physalis ixocarpa</i> Brot.) en Pasco, Perú.....	2
Colección, caracterización morfológica y molecular en poblaciones silvestres y cultivadas nativas de maca (<i>Lepidium</i> spp.).....	5
Análisis de la variabilidad genética del maní cultivado (<i>Arachis hypogaea</i> L.) del distrito de Iparia, río Ucayali, Perú.....	8
Conservación de germoplasma de tarwi (<i>Lupinus mutabilis</i> Sweet) en el CICA-FAZ-UNSAAC.....	10
Análisis comparativo del contenido de clorofila en 35 morfotipos de lisas (<i>Ullucus tuberosus</i> Caldas) en 3 Comunidades Altoandinas de Písaq (Calca, Cusco).....	12
Variabilidad morfológica de cultivares de <i>Oxalis tuberosa</i> mol. (oca) en tres comunidades campesinas del distrito de Pisac (Calca, Cusco).....	14
Formación de compuestos raciales de maíz precoz (<i>Zea mays</i> L.) para comunidades altas de Cusco.....	16
Formación de compuestos varietales de granos andinos para generar variedades con orientación participativa.....	19
Clasificación intraespecífica de 14 árboles híbridos seleccionados de cacao (<i>Theobroma cacao</i> L.) mediante análisis de conglomerados, en Tulumayo.....	20
Evaluación de 4 clones de camu camu arbustivo <i>Myrciaria dubia</i> (H.B.K.) Mc Vaugh, en suelos de restinga, en Ucayali.....	23
Manejo de la producción del chirimoyo (<i>Annona cherimola</i> Mill.) frente al cambio climático.....	25
Characterization of almond diversity in Lebanon by microsatellite markers.....	27
Caracterización de la diversidad del almendro de la República del Líbano mediante marcadores microsatélites.....	30
Genetic diversity of loche (<i>Cucurbita moschata</i> Duchesne ex Lam.) cultivated in Lambayeque, Peru assessed with SSR markers.....	33

Genética

Caracterización molecular de bacterias endofíticas diazotróficas aisladas de <i>Saccharum</i> sp (caña de azúcar).....	36
Biología y autocompatibilidad del polen de sachá inchi (<i>Plukenetia volubilis</i> L.)	40
Determinación del número cromosómico y contenido de flavonoides y fenoles en <i>Caesalpinia spinosa</i> “Tara” de la localidad de Humancocha, provincia de Tarma (Junín)	43
Micropropagación y determinación cromosómica del género <i>Croton</i> productor de látex	45
Posibles factores que producen la caída de frutos de <i>Myrciaria dubia</i> (H.B.K.) Mc vaugh, “camu camu” durante la fenología reproductiva en la colección “Cinco Cuencas” del Centro Experimental San Miguel - IIAP, Loreto, Perú	47
Evaluación del efecto de la azida de sodio en la germinación de las semillas de quinua (<i>Chenopodium quinoa</i> Willd) para la inducción de mutaciones.....	49
Desarrollo de microsatélites para <i>Tropaeolum tuberosum</i> (“Mashua”)	51
Identificación y mapeo de caracteres cuantitativos de resistencia a plantas holoparásitas mediante marcadores moleculares	53
Reverse genetic strategies for vegetatively propagated crops	56
Estrategias de genética reversa para cultivos de propagación vegetativa.....	58
Biotecnología y Bioseguridad	
Transformación genética de papayo Maradol con el gen truncado p1 de PRSV-P	62
Inducción de callos, regeneración de plantulas in vitro y evaluación genética usando RAPD’s en <i>Smallanthus sonchifolius</i> (Poepp & Endl.) H. Robinson.....	65
Propagación vegetativa del sachá inchi (<i>Plukenetia volubilis</i> L.) mediante enraizamiento de estacas juveniles en cámaras de subirrigación	68
Determinación de un método de recolección y conservación de granos de polen en sachá inchi (<i>Plukenetia volubilis</i> L.).....	71
Propagación vegetativa del sachá inchi (<i>Plukenetia volubilis</i> L.) mediante injerto, bajo condiciones controladas en San Martín, Perú	74
Callogénesis embriogénica en hojas inmaduras de sachá inchi (<i>Plukenetia volubilis</i> L.)	76
Resistencia programada al tizón tardío de la papa.....	79

Tecnologías de transformación genética.....	81
---	----

Mejoramiento Genético

Historia del mejoramiento genético de plantas en el Perú.....	84
---	----

Mejoramiento de maíz por tolerancia a aluminio en el CIMMYT.....	90
--	----

Aptitud combinatoria general y específica del contenido de antocianina en maíz morado (<i>Zea mays</i> L.).....	94
--	----

Evaluación de híbridos dobles experimentales promisorios de maíz amarillo duro (<i>Zea mays</i> L.) en Oxapampa, Pasco, Perú.....	96
--	----

Diversidad de razas de maíz en sierra central del Perú.....	99
---	----

Preparando las nuevas variedades mejoradas de maíz amiláceo para enfrentar el cambio climático en la sierra alto-andina.....	102
--	-----

El mejoramiento genético del garbanzo (<i>Cicer arietinum</i> L.) y su importancia en las economías regionales del Semiárido Central de Argentina.....	106
---	-----

Evaluación fenotípica de algunas variedades de arroz (<i>Oryza sativa</i> L.) bajo diferentes dosis de nitrógeno en el valle de San Lorenzo, Región Piura.....	109
---	-----

Mecanismos de resistencia a sequía de la quinua (<i>Chenopodium quinoa</i> Willd.).....	111
--	-----

Formación y selección de varietales de quinua grano amarillo (<i>Chenopodium quinoa</i> Wild.), Canaán (2720 msnm), INIA, Ayacucho, Perú.....	115
--	-----

Conservación y mejoramiento genético de la kiwicha (<i>Amaranthus caudatus</i> L.) en la Región Cusco.....	117
---	-----

Selección para rendimiento de clones de camote (<i>Ipomoea batatas</i> L.) en el valle de Cañete mediante el diseño de bloques aumentados.....	122
---	-----

Production of a useful mutant by gamma irradiation in Cangkuang sweet potato variety.....	124
---	-----

Producción de un mutante útil mediante irradiación gamma en la variedad de camote Cangkuang.....	127
--	-----

Evaluación y selección en colecciones básicas de camu camu (<i>Myrciaria dubia</i> H.B.K. Mc Vaugh) en Loreto, Perú.....	130
---	-----

Comparativo de 37 clones de camu camu (<i>Myrciaria dubia</i> H.B.K. Mc Vaugh) en Loreto, Perú.....	133
--	-----

Mejoramiento genético de papa (<i>Solanum</i> ssp.) para condiciones áridas de la Irrigación Majes, Arequipa, Perú.....	136
Selección de cultivares de Arracacha: Integrando variables ecofisiológicas y de crecimiento.....	138
Mejoramiento Genético del Cacao (<i>Theobroma cacao</i> L.) Situación Actual y Perspectivas Futuras.....	140
Parámetros genéticos en ocho variedades de haba (<i>Vicia faba</i> L.) a través de ambientes en la región Centro Norte del Perú	143
Semillas	
Calidad de semillas de haba (<i>Vicia faba</i> L.) por clases, categorías y tamaños.....	147

Recursos Genéticos y Bioprospección

Caracterización preliminar morfológica de siete accesiones introducidas de tomate de cáscara (*Physalis ixocarpa* Brot.) en Pasco, Perú

David PONCE AGUIRRE¹, Lilo MÁRQUEZ RUMÍ², Aureliano PEÑA LOMELI³

¹Facultad de Ciencias Agropecuarias, Escuela de Formación Profesional de Agronomía, Universidad Nacional Daniel Alcides Carrión (UNDAC), Pasco, Perú; ²Granja Experimental de Huariaca, UNDAC, Perú; ³Departamento de Fitotecnia Universidad Autónoma Chapingo (UACH), México

¹davidponce67@hotmail.com, ²lilomarque@hotmail.com, ³apeña@hotmail.com

Resumen

Con el objetivo de incorporar germoplasma exótico de Tomate de Cáscara (*Physalis ixocarpa* Brot.) a poblaciones locales de Aguaymanto (AG) o Capuli (*Physalis peruviana* L.), se introdujeron siete accesiones cultivadas de Tomate de Cáscara (TC) de la Universidad Autónoma Chapingo (CHP) de México. En condiciones de campo, en Tinyaco (Yanahuanca) y Huariaca (Pasco) las plantas de TC crecieron, desarrollaron, fueron precoces y produjeron frutos normalmente (medianos a grandes), indicando su potencial de adaptación a las condiciones climáticas del cultivo. En invernadero, las plantas de TC presentaron el mismo comportamiento, excepto que produjeron frutos partenocárpicos (sin semillas) posiblemente por falta de agentes polinizantes (insectos) confirmando que esta especie es alógama obligada. Las cruces inter-específicas entre *P. ixocarpa* x *P. peruviana*, en su mayoría no fueron exitosas probablemente por la presencia de alelos de autoincompatibilidad en el TC y diferentes niveles de plodía en AG. Sin embargo, se obtuvo una sola cruce (CHP-3 x DPA-1) y este híbrido inter-específico será evaluado en la siguiente etapa de investigación.

INTRODUCCIÓN

Physalis pertenece a la familia de las Solanáceas y está constituida por 100 especies conocidas como plantas anuales y perennes. De éstas, dos son cultivadas como hortalizas: *Physalis peruviana* L. y *Physalis ixocarpa* Brot. (Legge, 1974; Quirós 1984; Abak 1994). El centro de origen y diversificación del Aguaymanto, Capuli o Uchuva (*Physalis peruviana* L) está en los Andes Centrales de Colombia y Perú. La especie se distribuye en las zonas tropicales y subtropicales en un rango altitudinal comprendido entre los 1500 y 3000 msnm (Fisher y Martínez, 1991). Esta fruta en estado maduro tiene un sabor agridulce y es apetecida por su alto contenido de vitaminas C y A (Mora *et al.*, 2006). *Physalis peruviana* L. presenta diferente número de ploidía, los ecotipos silvestres Calera Choachi y Villa de Leiva presentan una dotación cromosómica de $2n=2x=24$ cromosomas, mientras que el ecotipo Colombia tiene $2n=32$ y el ecotipo Kenia $2n=4x=48$ cromosomas. Estas variaciones cromosómicas repercuten en las características fenotípicas (Nohra *et al.*, 2006). Las características botánicas de *Physalis peruviana* L. son las siguientes: planta arbustiva que crece normalmente hasta un 1 m de altura, tiene flores amarillas acampanadas que son polinizadas por insectos y por el viento, el fruto está cubierto por el cáliz y mide de 1,25 a 2 cm de diámetro, cada fruto contiene 150 a 300 semillas (Menzel, 1951).

Por otro lado, el Tomate de Cáscara, Tomate verde o Tomate de bolsa (*Physalis ixocarpa* Brot.) es originario de México. Se ha cultivado desde épocas prehispánicas por los aztecas para el consumo del fruto en forma de salsa. *Physalis ixocarpa* es diploide $2n=2x=24$, con flores hermafroditas, presenta autoincompatibilidad producida por dos series alélicas y es infértil cuando uno o más alelos están en estado homocigota, convirtiéndola en alógama. Es difícil la obtención de líneas endogámicas para la hibridación clásica (Pandey, 1957; Santiaguillo *et al.*, 2004). Sus características botánicas son las siguientes: planta de porte mediano (40 cm de altura), hojas pecioladas y con bordes dentados, flores amarillas acampanadas polinizadas por insectos y el viento, el fruto está cubierto por el cáliz, mide de 4 a 5,5 cm de diámetro y contiene 40 a 50 semillas por fruto (Peña y Márquez, 1990). Los objetivos fueron: evaluar, caracterizar agromorfológicamente, de manera preliminar, el germoplasma exótico en condiciones de campo e invernadero y realizar cruces inter-específicas tentativas entre exóticos x adaptados (*P. ixocarpa* x *P. peruviana*) con miras a mejorar las características del fruto y el ideotipo del germoplasma local.

MATERIALES Y MÉTODOS

Materiales Genéticos. Se usaron siete accesiones introducidas cultivadas (*Physalis ixocarpa* Brot.) de Tomate de Cáscara (TC) provenientes de la Universidad Autónoma Chapingo (CHP) de México. En la campaña 2006-2007, se sembraron en condiciones de campo las entradas de TC: CHP-1, CHP-2, CHP-3, CHP-4, CHP-5, CHP-6, y CHP-7; así mismo, se utilizaron accesiones locales (*Physalis peruviana* L.) de Aguaymanto (AG): DPA-1, DPA-2, DPA-3, DPA-4, DPA-5, DPA-6, DPA-7, DPA-8, en parcelas de observación en surcos de 5,0 m de largo, con

distanciamiento de 1,00 m x 0,50 m en el campo de Tinyacu en Yanahuanca (3200 msnm) provincia de Daniel Alcides Carrión, en Pasco (3400 msnm). Nuevamente, en la campaña 2007-2008, se volvieron a sembrar los mismos materiales en condiciones de campo y además en invernadero (macetas) en Huariaca (2800 msnm) provincia de Pasco. Las semillas de cada accesión se almacenaron en fuentes con tierra orgánica preparada y el riego fue por aspersión. Las plantas germinadas se trasplantaron a bolsas individuales de polietileno de 0,45 x 0,25 m con tierra negra humus de lombriz y fertilizante balanceado 20N-20P-20K.

Caracterización Agromorfológica. Se evaluaron los caracteres morfológicos de planta y frutos: peso de fruto individual en gramos, diámetro del fruto en cm, longitud de las hojas en cm, ancho de las hojas en cm, altura de planta en m y diámetro de la corola de la flor en cm.

RESULTADOS Y DISCUSIÓN

En condiciones de campo, en las dos localidades de evaluación (Yanahuanca y Huariaca) de la Región Pasco, el germoplasma de TC creció, desarrolló, fue precoz y produjo frutos de tamaño medianos a grandes, indicando su potencial de adaptación a las condiciones climáticas de estas zonas de cultivo. Por el contrario el germoplasma local de AG fue tardío y de frutos pequeños. En invernadero (Huariaca) se observó que las plantas de TC presentaron el mismo comportamiento, excepto que produjeron frutos partenocárpicos (sin semillas) posiblemente por falta de agentes polinizantes (insectos) sugiriendo que esta especie es alógama obligada. Las cruza artificiales inter-específicas entre *P. ixocarpa* x *P. peruviana*, en su mayoría no fueron exitosas probablemente por la presencia de alelos de autoincompatibilidad en el TC y diferentes niveles de plodia en AG. Sin embargo, sólo una cruza resultó exitosa (CHP-3 x DPA-1) y este híbrido inter-específico en estos momentos viene siendo evaluado en el rendimiento de frutos y heterosis. De acuerdo a la literatura revisada, no existe información sobre el éxito de cruzabilidad entre estos dos tipos de materiales.

Cuadro 1. Caracteres morfológicos de siete accesiones introducidas de Tomate de Cáscara (*Physalis ixocarpa* Brot.) en condiciones de invernadero en Huariaca (Pasco, Perú).

Fig. 1. Tomate de Cáscara (*P. exocarpa* Brot).



Fig. 2. Aguaymanto (*P. peruviana* L.).



REFERENCIAS

- Abak, K; Guller, HY; Sari, N; Paksoy, M. 1994. Earlines and yield of *Physalis* (*P. ixocarpa* Brot. and *P. peruviana* L.) in greenhouse, low tunnel and open field. *Acta Hort.* 366: 301-306.
- Legge, AP. 1974. Notes on the history cultivation and uses of *Physalis peruviana* L. *J. Royal Hort. Soc.* 99(7): 310-314.
- Fisher, G; Martínez, O. 1991. Calidad y madurez de la Uchuva (*Physalis peruviana* L.) en relación con la coloración del fruto. *Agronomía Colombiana* 16 (1-3): 35-39.
- Kamla, KP. 1957. Genética de autoincompatibilidad de *Physalis ixocarpa* Brot. *Amer. Bot.* 44: 879-887.
- Menzel, YM. 1951. The cytotaxonomy and genetics of *Physalis*. Reprint From *Proc. Amer. Philos. Soc.* 95(2): 132-183.
- Mora, AR; Peña, LA; López, GE; Ayala, HJJ; Ponce, AD. 2006. Agrofología de *Physalis peruviana* L. en invernadero y fertirriego. *Revista Chapingo Serie Horticultura* 12(1): 57-63.
- Nohra, C; Rodríguez, C; Bueno, ML. 2006. Estudio de la diversidad Citogenética de *Physalis peruviana* L. (Solanaceae). *Acta Biol. Colomb.* 11(2) Bogotá.
- Pandey, KK. 1957. Genetics of self-incompatibility in *Physalis ixocarpa* Brot. *A New System Amer. J. Bot.* 44: 979-887.

- Peña, LA; Márquez, SF. 1990. Mejoramiento genético en Tomate de Cáscara (*Physalis ixocarpa Brot.*). Revista Chapingo 71-72: 84-88.
- Quirós, FC. 1984. Overview of the genetics and breeding of husk tomato. Hort. Science 19(6): 872-874.
- Santiaguillo, HJF; Cervantes, ST; Peña, LA. 2004. Selección para rendimiento y calidad de fruto de cruza planta x planta entre variedades de Tomate de Cáscara. Rev. Fitotec. Mex. 27(1): 85-91.

Colección, caracterización morfológica y molecular en poblaciones silvestres y cultivadas nativas de maca (*Lepidium* ssp.)

David PONCE¹, Rommel AGUILAR², Alberto SALAS³, William ROCA⁴

¹Escuela de Formación Profesional de Agronomía, Universidad Nacional Daniel Alcides Carrión (UNDAC), Pasco, Perú; ²Escuela de Formación Profesional de Agronomía, UNDAC, Paucartambo, Perú; ³División de Conservación y Caracterización de Recursos Genéticos, Centro Internacional de la Papa (CIP), Lima, Perú; ⁴Departamento de Economía, CIP, Lima, Perú
¹davidponce67@hotmail.com, ²raguilar@hotmail.com, ³asalas@cgiar.org, ⁴wroca@cgiar.org

Resumen

Con el objeto de conocer la biodiversidad del germoplasma de Maca (*Lepidium* ssp.), se colectaron, caracterizaron (morfológica, molecular y citológicamente), evaluaron, clasificaron y analizaron dos grupos de accesiones silvestres y cultivadas de Maca. Se acopiaron 374 silvestres de Maca en 12 Departamentos del País, las especies silvestres presentan niveles de ploidía tetraploides ($2n=4x=32$) y octaploides ($2n=8x=64$) mientras que las cultivadas fueron todas octaploides. La caracterización morfológica y molecular (AFLP) coincidieron en identificar 16 grupos diferentes (morfotipos) de especies conocidas o desconocidas de *Lepidium* para el país; de los cuales el grupo 13 (especies cultivadas y silvestres) está fenotípicamente relacionada con los grupos 8 y 12 que básicamente están constituidos por especies silvestres, posiblemente de *Lepidium meyenii* Walp. Molecularmente el grupo 12 de especies silvestres, está genotípicamente más relacionada con las especies cultivadas y los demás grupos no tienen ninguna relación con los cultivados.

INTRODUCCIÓN

El género *Lepidium* de la familia Brassicaceae está constituido por aproximadamente 175 especies distribuidas en distintas partes del mundo (Mummerhoff *et al.*, 1995; Quirós *et al.*, 1996), pero sólo en el Perú existe la única especie cultivada conocida como “Maca” (*Lepidium meyenii* Walp. o *Lepidium peruvianum*) que se cultiva por sus raíces-hipocótilos suculentos, carnosos y dulces, en las zonas más frías y altas de la región central andina (León, 1964) y posee propiedades nutracéuticas y anticancerígenas como el benzyl glucosinolato y alilglucosinolato (Quirós *et al.*, 2001).

En nuestro país, las especies de *Lepidium* andinos han sido reportadas a partir de los años 50 en diferentes zonas de diversos departamentos (MacBride, 1938; Weberbauer, 1945). Estos materiales silvestres son los parientes cercanos de la Maca cultivada que se encuentra en peligro de extinción debido a la destrucción de su hábitat natural (Toledo *et al.*, 1998). Según Brako y Zarucchi (1993), en el Perú existen 15 especies de *Lepidium* silvestres, pero es poco o casi nada lo que se ha estudiado en cuanto a sus propiedades medicinales, nutracéuticas. El cultivo de Maca en la Meseta del Bombón es exclusivamente orgánico, prescindiendo del uso de agroquímicos. En los últimos años se ha observado una baja significativa del rendimiento de raíces-hipocótilos frescos o secos, debido a la presencia de enfermedades, plagas de campo y almacén, factores climáticos adversos (sequía, heladas muy intensas), ciclo tardío prolongado y uso de antiguas variedades nativas (Ponce, 1999). Así mismo, existe la exigencia y demanda de parte de las empresas importadoras, de contar con un producto de alto contenido de glucosinolatos y otros metabolitos primarios y secundarios (Johns, 1981; Clement, 2010). Por eso, es conveniente la obtención de una variedad genéticamente mejorada para solucionar este problema. Obviamente, se necesita explorar y conocer el germoplasma existente con miras a la incorporación de genes de especies silvestres a la Maca cultivada, en búsqueda de la solución a los problemas del cultivo. Los objetivos fueron: coleccionar, evaluar, clasificar, agrupar y analizar el germoplasma silvestre y cultivado de Maca para su mejoramiento genético.

MATERIALES Y MÉTODOS

Materiales Genéticos. Se usaron dos tipos de germoplasma de Maca: accesiones silvestres y cultivadas. El material silvestre (374) se obtuvo de una colección nacional y el cultivado (114) del Banco de Germoplasma de la Universidad Nacional Daniel Alcides Carrión de Pasco (UNDAC).

Colección. En 2004-2005 se realizó una expedición científica de colección en las partes más altas (mayor a 2500 msnm) de las zonas: sur, norte y centro del país, en los departamentos de Ayacucho, Apurímac, Cusco, Puno, Arequipa, Moquegua, La Libertad, Ancash, Cajamarca, Junín, Huánuco y Pasco. Se colectó plantas vivas y semillas de especies silvestres de Maca y se trasladaron a los invernaderos del CIP Huancayo para su conservación, caracterización, multiplicación y evaluación.

Caracterización Morfológica, Citológica y Molecular. Caracterización morfológica: Se usaron 98 descriptores fenotípicos de planta, raíz, semilla y otros órganos de la planta, de características cualitativas o cuantitativas. Caracterización citológica: Se hizo el conteo cromosómico mediante citometría de flujo y los resultados se contrastaron con la Técnica de la Punta de Raíz. Caracterización molecular: Se identificaron grupos genéticos a través de marcadores moleculares AFLP. En 2006-2007, los dos grupos de materiales silvestres y cultivados fueron sembrados en campo en Huancayo-Junín y Ninacaca-Pasco e invernadero del CIP Huancayo. En las tres caracterizaciones se siguieron los procedimientos, protocolos y recomendaciones establecidas para cada uno de ellos. Los datos morfológicos y moleculares fueron analizados mediante la técnica multivariada (conglomerados y dendogramas) usando el paquete NTSYS, v2.1. Adicionalmente, para identificar las especies, se elaboraron herbarios de especímenes silvestres y cultivados.

RESULTADOS Y DISCUSIÓN

Se colectaron 374 accesiones silvestres de Maca. La Región Central (Huánuco, Pasco y Junín) presenta la mayor cantidad de especímenes silvestres con respecto a las regiones Norte y Sur del país. En los Departamentos de Junín y Pasco, se encontraron 53 y 47 accesiones silvestres (Fig. 1). En la Región Sur, en los Departamentos de Ayacucho y Apurímac, se encontró la menor cantidad de especímenes silvestres. A pesar que no se previó realizar colectas de material cultivado, se encontró que el germoplasma cultivado de Maca está distribuido en la Meseta del Bombón y también en la Zona del alto Cunas de la Provincia de Chupaca (Junín), sugiriéndose como Centros Primario y Secundario de Domesticación de la Maca cultivada, respectivamente.

La caracterización citológica de los materiales silvestres y cultivados indicó que los silvestres fueron tetraploides ($2n=4x=32$) y octaploides ($2n=8x=64$), mientras que los cultivados fueron todos octaploides. Los resultados de la caracterización morfológica (descriptores) y molecular (AFLP) fueron similares y coincidieron en identificar 16 grupos diferentes (morfortipos) que posiblemente sean especies distintas de *Lepidium*, de los cuales el grupo 13 (especies cultivadas y silvestres) está fenotípicamente bastante relacionada con los grupos 8 y 12, que básicamente están constituidos por especies silvestres, posiblemente de *Lepidium meyenii* Walp. Asimismo, los resultados de la caracterización molecular señalan que el grupo 12 está genotípicamente más relacionado a las especies cultivadas y los demás grupos no tienen ninguna relación con éste.

Fig 1. Colección de especies silvestres de maca.



Fig 2. *Lepidium* sp. (Moquegua, Perú).



REFERENCIAS

- Brako, L; Zurucchi, 1993. Catálogo de las Angiospermas y Gimnospermas del Perú. Missouri. Bot. Garden. Vol. 45. Monographs in Systematic Botany.
- Clément, C; Díaz, D; Manrique, I; Avula, B; Khan, IA; Dante, D; Ponce, A; Kunz, C; Mayer, AC; Kreuzer, M. 2010. Secondary Metabolites in Maca as Affected by Hypocotyl Color, Cultivation History, and Site. Agronomy Journal 102(2): 431-439.
- León, J. 1964. The "Maca" (*Lepidium meyenii*), a little know food plant of Peru. Econ. Bot. 18(2): 122-127.
- MacBride, JF. 1938. *Lepidium meyenii* Walp. In Field Museum of Natural History (ed.). Flora of Peru, Volume XIII: 949-950. Chicago.
- Mummerhoff, K; Kuhnt, E; Koch, M; Zunk, K. 1995. Systematic Implications of chloroplast DNA variation in *Lepidium* section Cardamon, *Lepiocardamon* and *Lepia* (Brassicaceae). Plant Systematics and Evolution 196: 75-88.
- Johns, T. 1981. The Añu and the maca. J. Ethnobiol. 1(2): 208-212.
- Ponce, ADD. 1999. Variabilidad de familias S₁ y Selección combinada por peso de raíz-hipócotilo en una población selecta de Maca (*Lepidium meyenii*) de fase vegetativa En: Raíces y Tubérculos Andinos. Avances de

- Investigación. T. Fairlie, M. Morales B., M. Holle (Editores). CIP. Consorcio para el Desarrollo Sostenible de la Ecorregión Andina. pp:177-190.
- Quirós, CF; Epperson, A; Hu, JJ; Holle, M. 1996. Physiological and cytological characterization of maca, *Lepidium meyenii* Walp. Econ. Bot. 50: 216-223.
- Toledo, J; Dehal, P; Jarrin, F; Hu, J; Hermann, M; Al-Shehbaz, I; Quirós, CF. 1998. Genetic variability of *Lepidium meyenii* and other Andean *Lepidium* species (Brassicaceae) assessed by molecular markers. Annals of Botany 82: 523-530.
- Weberbauer, A. 1945. El Mundo vegetal de los Andes Peruanos. Ministerio de Agricultura. Lima. Perú.

Análisis de la variabilidad genética del maní cultivado (*Arachis hypogaea* L.) del distrito de Iparia, río Ucayali, Perú

Jaime Alberto MORI CASTRO¹, Carmen MORI RENGIFO²

¹Universidad Arzobispo Loayza, Lima, Perú; ²Carrera Profesional de Ingeniería Agroforestal Acuícola, Universidad Nacional Intercultural de la Amazonía, Pucallpa, Perú

¹morijaime@hotmail.com, ²carmenbiwi@hotmail.com

Resumen

Con la finalidad de conocer la variabilidad genética del maní en una de las cuencas del río Ucayali, se ha colectado y caracterizado 67 entradas de maní que se siembran en el distrito de Iparia. Se han identificado 5 variedades nominales y 10 morfotipos que corresponden a dos subespecies *Hypogaea* y *Fastigiata* (*A. hypogaea* subsp. *fastigiata* var. *peruviana*, *A. hypogaea* subsp. *hypogaea* var. *hirsuta*, y *A. hypogaea* subsp. *fastigiata* var. *vulgaris*).

Abstract

In order to know the groundnut genetic variability from one of the Ucayali river basins, 67 entries of groundnuts cultivated in Iparia district, were collected and characterized. Five nominal varieties and ten morphotypes which corresponds to the 2 subspecies *Hypogaea* and *Fastigiata* (*A. hypogaea* subsp. *fastigiata* var. *peruviana*, *A. hypogaea* subsp. *hypogaea* var. *hirsuta*, y *A. hypogaea* subsp. *fastigiata* var. *vulgaris*), were identified.

INTRODUCCIÓN

El maní (*Arachis hypogaea* L.) es la leguminosa de grano más cultivada en el mundo y, por ser originaria del continente sudamericano, tiene una larga trayectoria en nuestro país desde tiempos prehistóricos. En la costa de Perú, donde las condiciones secas favorecen la preservación de restos biológicos, se han encontrado muestras arqueológicas de maní domesticado que datan de aproximadamente cinco mil años A.C. (Pearsall, 1992), y en la actualidad existe una variabilidad espectacular de razas nativas de maní, a tal grado que el país es uno de los más ricos del mundo en diversidad de esta planta. Esta variabilidad se manifiesta principalmente en la selva y la costa peruanas, donde los climas cálidos favorecen su producción (Mori, 2003). La variabilidad genética de los maníes en la amazonía se presenta en los diversos colores de semilla, formas de vaina, tamaños, hábitos de las plantas, y otras variables morfológicas, que para cualquier estudio agronómico que se desea realizar sobre un cultivo, es necesario contar con una identificación precisa del material con el cual se está trabajando. Este trabajo tiene como finalidad analizar la variabilidad genética del maní del distrito de Iparia en la cuenca del Ucayali.

MATERIALES Y MÉTODOS

Material Genético. Se utilizó 67 entradas de maní cultivadas en las comunidades del distrito de Iparia en el departamento de Ucayali.

Caracterización morfológica. La caracterización morfológica *ex situ* se efectuó utilizando los descriptores del IPGRI (1982), y se instalaron en campo experimental conforme se iban colectando. El procedimiento descriptivo se basó en las características morfológicas, productivas, especialmente aquéllas como color de hoja, tallo, flores y frutos entre otras.

RESULTADOS Y DISCUSIÓN

Las 67 entradas colectadas se caracterizaron previamente en un campo experimental usando 57 descriptores morfológicos. Previamente se realizó una encuesta a cada agricultor en las comunidades visitadas (Fig. 3). Según la caracterización morfológica se han identificado 10 morfotipos, mediante el análisis de conglomerado (cluster analysis) (Fig. 2). La divergencia entre la identificación campesina y científica fue en 5 morfotipos (e.g. las variedades nominales coloso, pintadito, rojito, angelito y moradito forman nuevos morfotipos) (Fig. 1), obteniéndose que en ambos casos se presenta mucha diferencia y la caracterización morfológica muestra variación dentro de algunas de las variedades nominales.

Fig. 1. Variedades sembradas por los agricultores.

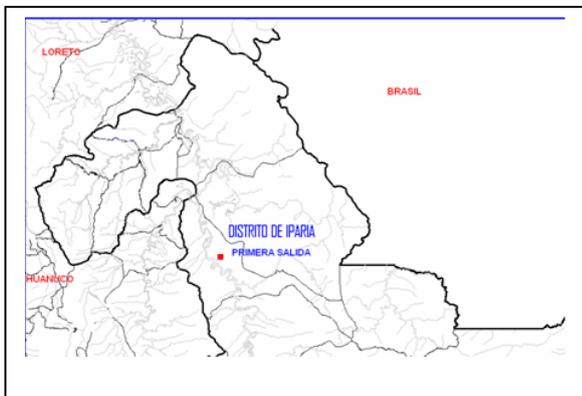
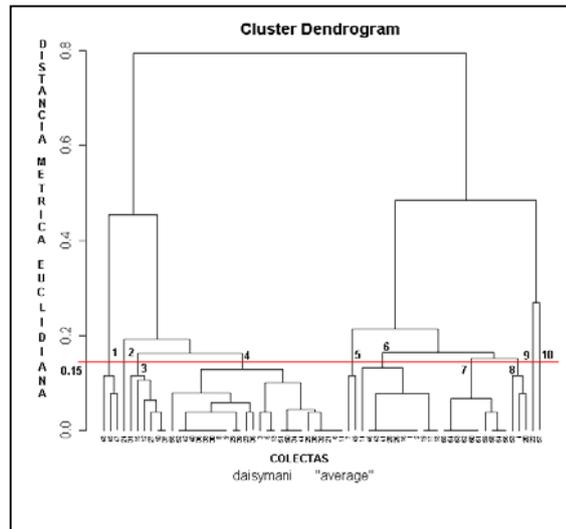


Fig. 2. Dendrograma de 67 entradas de maní.



maní.

Fig. 3. Mapa del distrito de Iparia donde se realizaron las colectas de

REFERENCIAS

- IPGRI. 1982. Descriptores para Maní. Internacional Plant Genetic Resources Institute, Roma, Italia. 115 pp.
- Mori Castro, JA. 2003. Análisis de la Diversidad Intraespecífica del Maní (*Arachis hypogaea* L.) en las Cuencas del Río Aguaytía y Río Ucayali, en la Región Ucayali, Perú. Tesis M.C., Universidad Peruana Cayetano Heredia, Lima, Perú. 200 pp.
- Pearsall, DM. 1992. The origins of plant cultivation in South America. En: Cowan CW and Watson PJ, editors. The Origins of Agriculture, an International Perspective. Smithsonian Institution Press, Washington and London, pp. 173-205.

Conservación de germoplasma de tarwi (*Lupinus mutabilis* Sweet) en el CICA-FAZ-UNSAAC

Pompeyo COSIO¹, Maywa BLANCO², Jean Pierre BAUDOIN³

^{1,2}Centro de Investigación en Cultivos Andinos (CICA), Facultad de Agronomía y Zootecnia, Universidad Nacional de San Antonio Abad del Cusco (UNSAAC), Cusco, Perú

¹teocosio@gmail.com, ²maywa_bz@hotmail.com, ³jeanpierreboudoin@yahoo.fr

Resumen

El Banco de Germoplasma del CICA conserva 1209 accesiones de tarwi recolectada en toda la zona andina de Sudamérica. Entre 2008 y 2009 se refrescaron todas las accesiones. Este material viene siendo utilizado para seleccionar ecotipos y plantas individuales precoces, cuya mezcla masal constituye un nuevo compuesto de tarwi precoz para la Región Cusco.

INTRODUCCIÓN

Entre los objetivos del Programa de Investigación en Tarwi del CICA se tiene la conservación de 1209 accesiones de germoplasma de tarwi (*Lupinus mutabilis* Sweet.), caracterización y evaluación de las accesiones, mejoramiento para cultivares de alto rendimiento por componentes de rendimiento y generación de compuestos precoces. Se ha generado cultivares como Carlos Ochoa y Fortunato L. Herrera, de amplia distribución en la Región Cusco. Frente al cambio climático, se requiere con urgencia cultivares precoces de amplia base genética para mitigar sus efectos.

MATERIALES Y MÉTODOS

El Programa de Tarwi se conduce en base a los estándares establecidos por el IPGRI, para manejo de bancos de germoplasma.

Material genético. Se conserva 1200 accesiones de tarwi procedentes de la región andina de Sudamérica, teniendo como actividades básicas:

- Refrescamiento cada tres años de 400 accesiones.
- Caracterización usando los Descriptores IPGRI.
- Evaluación para características como proteína y aceite.
- Utilización del germoplasma en mejoramiento genético.

RESULTADOS Y DISCUSIÓN

El tarwi constituye un cultivo potencial para el futuro en los Andes, por sus cualidades nutritivas y área de adaptación. El CICA-FAZ-UNSAAC, viene utilizando gradualmente el germoplasma disponible para generar cultivares adaptados a los cambios ambientales actuales.

Estado de conservación. Considerando los tres últimos años de refrescamiento de accesiones, se tiene que entre 2006 y 2007, 2007 y 2008, 2009 y 2010, se refrescó 300, 600 y 300 entradas, respectivamente. De esta manera se realizan ciclos de tres años para refrescar todas las accesiones.

Caracterización. Se completó la caracterización de las 1200 entradas en el 2005. La estrategia utilizada para cumplir con este objetivo es mediante trabajos de tesis de grado para ingeniero agrónomo, por tanto queda pendiente la tarea de sistematización para la publicación de los catálogos de caracterización.

Evaluación. Se ha evaluado el 60% de entradas para contenido de proteína y aceite, y 25% para resistencia a antracnosis (*Colletotrichum gloeosporoides*).

Actualmente, se tiene 1051 accesiones de la CTC, en perfecto estado de refrescamiento y con una viabilidad de semilla superior a 95%, y disponibilidad variable entre uno a dos kilogramos de semilla.

El Banco de Germoplasma de Tarwi, tiene algunas limitaciones respecto a instalación de instrumentos de control ambiental y envases apropiados. Esto se viene superando puntualmente con la contribución de CIUF-FUNSAAC (Fundación UNSAAC-UNIVERSIDADES FRANCÓFONAS DE BÉLGICA).

Cuadro 1. Estado de refrescamiento del germoplasma de tarwi sobre 1200 entradas sembradas.
2006 – 2009. (CTC=Colección Tarwi Cusco).

Tipo de germoplasma (Claves: O. Blanco)	Nº de accesiones conservadas
CTC - (Clave de accesión)	1051
CTC – S MAS (Selección masal para rendimiento)	2
CTC- H - (híbridos para rendimiento)	20
CTC - L (Línea pura para rendimiento)	71
CTC – N (Nº de granos/vaina)	5
CTC - P – (Ecotipos precoces)	13
CTC - SCG (Selección de ecotipos por color de grano)	14
CTC - AA(Ecotipos con alto contenido de proteína)	14
CTC - AP (Ecotipos con alto contenido de proteína)	19
Total	1209

Fig. 1. Fotografías sobre manejo de la variabilidad de tarwi.



Parcelas de refrescamiento



Aislamiento de accesiones



Barreras físicas de aislamiento de accesiones

REFERENCIAS

- Blanco, O. 1980. Aspecto de la agricultura andina. El medio, el suelo y los cultivos. Cusco, Perú.
- Camargo, JS. (1984). Evaluación de los Caracteres Botánicos de 298 Entradas de la Colección Tarwi Cusco (*Lupinus mutabilis* Swet.). Tesis Ing. Agr. UNSAAC. Cusco, Perú.
- Chacón, L. 1987. Evaluación Agrobotánica de 86 Entradas del Germoplasma de Tarwi (*Lupinus mutabilis* Swet.) de la Colección Tarwi Cusco (CTC)". Tesis Ing. Agr. UNSAAC. Cusco, Perú.
- Consejo Internacional de Recursos Filogenéticos. 1981. Descriptores de *Lupinus*. Secretaria del CIRF. Roma.
- Gutiérrez, L. 1988. Evaluación Agrobotánica de 55 Entradas del Germoplasma de Tarwi (*Lupinus mutabilis* Swet.). Tesis Ing. Agr. UNSAAC. Cusco, Perú.
- Huamán, G. 1999. Selección y caracterización de entradas precoces de tarwi (*Lupinus mutabilis* Sweet.) bajo condiciones del Centro Agronómico K'ayra. Tesis Ing. Agr. FAZ-UNSAAC. Cusco
- Ortiz, W. 1997. Caracterización Agrobotánica de 87 Entradas de (*Lupinus mutabilis* Sweet.), de la Colección Tarwi Cusco. Tesis Ing. Agr. UNSAAC. Cusco, Perú.
- Pumacallahui, D. 1999. Caracterización Agrobotánica de 95 Entradas de Tarwi (*Lupinus mutabilis* Sweet.) de la Colección Tarwi Cusco. Tesis Ing. Agr. UNSAAC. Cusco, Perú.
- Ramos, E. 2009. Refrescamiento y selección para tres variables agronómicas en tarwi (*Lupinus mutabilis* Sweet) del Banco de Germoplasma del CICA. Tesis para Ingeniero Agrónomo, FAZ UNSAAC.

Análisis comparativo del contenido de clorofila en 35 morfotipos de lisas (*Ullucus tuberosus* Caldas) en 3 Comunidades Altoandinas de Písaq (Calca, Cusco)

Máximo Américo CHACÓN¹, Nelson CAHUANA², Raúl BLAS³, Jean Pierre BAUDOIN⁴

^{1,2}Cusco Facultad de Ciencias Biológicas, Universidad Nacional San Antonio Abad del Cusco, (UNSAAC), Cusco, Perú;

³Universidad Nacional Agraria La Molina (UNALM), Lima, Perú; ⁴Université de Liège, Bélgica

¹americochacon@hotmail.com, ²nelbyso@hotmail.com, ³rblas@lamolina.edu.pe, ⁴Jean-Pierre.Baudoin@ulg.ac.be

Resumen

Se evaluaron 35 morfotipos de lisas (*Ullucus tuberosus* Caldas) en 3 comunidades altoandinas del Cusco, en 3 épocas fenológicas: desarrollo reproductivo, tuberización y madurez fisiológica; tomando hojas del tercio superior, medio e inferior de la planta. Se determinó que el tercio superior y la época fenológica de tuberización son las que presentan mayor contenido de clorofila.

Abstract

Thirty five ulluco (*Ullucus tuberosus*) morphotypes from 3 highland peasant communities of Cusco were evaluated in 3 phenological stages: reproductive development, tuberization and physiological maturity; sampling leaves from the upper, half and lower thirds of the plant. It was determined that the upper third and the tuberization phenological stage have the highest chlorophyll content.

INTRODUCCIÓN

El olluco o lisa (*Ullucus tuberosus* Caldas) es una especie nativa cultivada en la región alto-andina, ya que constituye uno de los alimentos básicos del poblador de esta región en mérito a su valor nutritivo reflejado en su alto contenido de proteínas y carbohidratos.

Las lisas son tubérculos que han adquirido una gran adaptabilidad a diferentes pisos ecológicos, lo que ha generado una gran variabilidad genética dentro de esta especie.

Se enfoca el estudio de las actividades fisiológicas de esta planta en el contenido de clorofila de las estructuras foliares y cómo éstas varían en los diferentes cultivares. Para esto, se ha elegido las comunidades campesinas de Amaru, Paru-Paru y Viacha, pertenecientes al distrito de Písaq en la provincia de Calca, departamento del Cusco, debido a que estas comunidades aún conservan la variabilidad genética de este cultivo alto-andino.

MATERIALES Y MÉTODOS

Elección del material biológico. Se procedió a una colecta general del cultivar en las 3 comunidades campesinas, de acuerdo a sus características agronómicas y beneficios agrícolas que tiene para el agricultor.

Caracterización y evaluación morfológica. Se realizó la caracterización morfológica utilizando los descriptores establecidos por el IPGRI, tomando en cuenta 28 caracteres. Se realizó un análisis multivariado, que determinó 35 morfotipos.

Diseño experimental. Se utilizó el Diseño de Bloques Completamente Randomizado (DBCR), con 35 tratamientos y 3 bloques; 1 bloque con 5 tratamientos en la comunidad de Amaru, 1 bloque con 10 tratamientos en la comunidad de Paru-Paru y 1 bloque con 20 tratamientos en la comunidad de Viacha.

Evaluación del contenido de clorofila. Se evaluó el contenido de clorofila de las hojas de lisas en campo, usando un instrumento medidor de clorofila (SPAD-502), en aquéllas con las mejores características morfológicas (vigor y desarrollo), a tres niveles en cada planta, tomando: tercio superior, tercio medio y tercio inferior. Se realizaron 6 mediciones por hoja, en 5 diferentes hojas por tercio con 3 repeticiones por tratamiento (morfotipo), las mediciones se realizaron en 3 épocas fenológicas: desarrollo reproductivo, tuberización y madurez fisiológica.

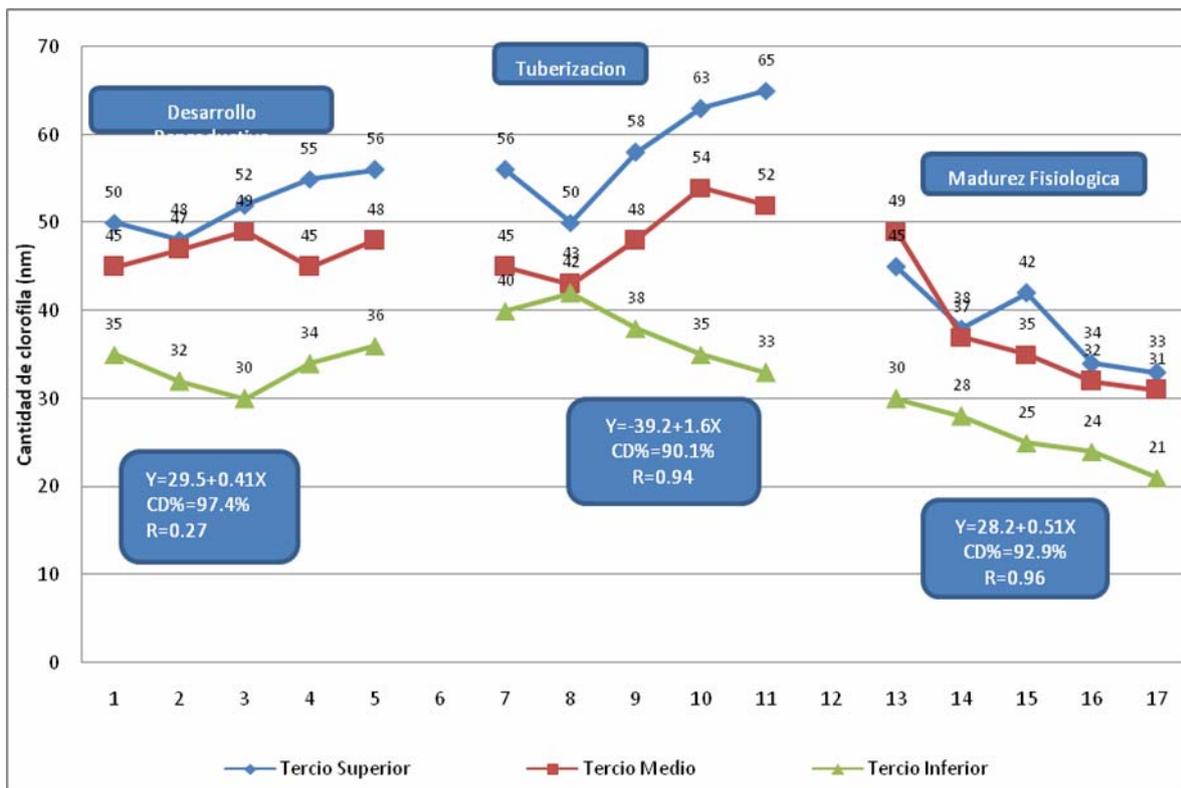
RESULTADOS Y DISCUSIÓN

Del análisis de varianza se distingue que el contenido de clorofila promedio de las hojas de lisas varía en cada tercio de la planta, así mismo se determinó que existen diferencias estadísticas en el contenido de clorofila promedio de las hojas de lisas cuando se agrupan por morfotipos. Estos se realizaron con un 95% de nivel de confianza y con un

coeficiente de variabilidad de 97,47%, valor aceptable que indica que existe una alta confiabilidad en los resultados. La prueba estadística también establece los valores de 55,46 para el tercio superior, 51,06 para el tercio medio y 42,1 para el tercio inferior.

Del mismo modo, existen diferencias en el contenido de clorofila promedio cuando los tratamientos se evalúan en diferentes épocas fenológicas, a 95% de nivel de confianza y coeficiente de variabilidad de 97.03%. Así mismo, se establece valores promedios de contenido de clorofila para las épocas fenológicas de desarrollo reproductivo de 52,8, tuberización de 57,2 y finalmente 45,8 para madurez fisiológica. Se determinó que el morfotipo 5 de la localidad de Viacha (VI-060, VI-092) es la que mayor contenido de clorofila presenta y el morfotipo 1 de la localidad de Paru-Paru (PA-276) es la que presenta menor contenido de clorofila.

Fig. 1. Contenido de clorofila en hojas de *Ollucus tuberosus* según época fenológica.



CONCLUSIONES

Se ha determinado que existen diferencias significativas en el contenido de clorofila, en los 35 tratamientos de lisas (*Ollucus tuberosus* Caldas) al ser evaluadas por morfotipos, para las comunidades de Amaru, Paru-Paru y Viacha Písaq-Calca-Cusco.

Se ha establecido que el tercio superior es el que presenta mayor contenido de clorofila, seguido del tercio medio y finalmente el tercio inferior. Así mismo, se establece que la época fenológica de tuberización es estadísticamente superior en contenido de clorofila seguida de la época de desarrollo reproductivo y madurez fisiológica, a 95% de nivel de confianza, para las comunidades de Amaru, Paru-Paru y Viacha.

Variabilidad morfológica de cultivares de *Oxalis tuberosa* mol. (oca) en tres comunidades campesinas del distrito de Pisac (Calca, Cusco)

Iramí Mary PÉREZ¹, Máximo Américo CHACÓN¹, Raúl BLAS², Jean Pierre BAUDOIN³

¹Universidad Nacional San Antonio Abad del Cusco Facultad de Ciencias Biológicas, Cusco, Perú; ²Universidad Nacional Agraria de la Molina, Lima, Perú; ³Université de Liège, Bélgica

¹irami.bio@hotmail.com, ¹americochacon@hotmail.com, ²rblas@unalm.edu.pe, ³Jean-Pierre.Baudoin@ulg.ac.be

Resumen

El presente trabajo se desarrolló en las comunidades campesinas de Amaru, Paru Paru y Viacha. Tuvo como objetivo caracterizar la variabilidad morfológica del germoplasma de oca (*Oxalis tuberosa* Mol.). El germoplasma colectado y mantenido *in situ*, consta de 519 entradas iniciales. La caracterización de la planta se realizó *in situ* en plena floración y la caracterización del tubérculo se llevó a cabo inmediatamente después de la cosecha. En el agrupamiento, se definieron 95 morfotipos en las tres comunidades campesinas, 12 morfotipos en la comunidad de Paru Paru, 25 en la comunidad de Viacha y 71 en la comunidad de Amaru.

Abstract

This research was developed in the peasant communities of Amaru, Paru Paru and Viacha. The objective was to characterize the morphological variability of oca germplasm (*Oxalis tuberosa* Mol.). The collected germplasm is conserved *in situ* and comprise 519 accessions. Plant characterization was made *in situ* during flowering stage and tuber characterization was achieved immediately after harvesting. 95 morphotypes were defined for all the peasant communities: 12 morphotypes from Paru Paru, 25 from Viacha and 71 from Amaru.

INTRODUCCIÓN

La oca (*Oxalis tuberosa* Mol), especie cultivada en las regiones altoandinas, constituye un recurso fitogenético muy utilizado por los habitantes andinos, por su valor nutricional, gran capacidad de adaptación a diferentes tipos de suelo y factores ambientales adversos. El objetivo de este trabajo fue caracterizar la variabilidad morfológica del germoplasma de oca (*Oxalis tuberosa* Mol.) de las comunidades campesinas de Amaru, Paru Paru y Viacha del Distrito de Pisac, Cusco.

METODOLOGÍA

Para el tamaño muestral se realizó una selección del tamaño de la población considerándose para la exploración y colecta a 54 familias en la comunidad de Amaru, 45 Paru Paru y 34 en Viacha.

Caracterización morfológica. Se utilizó el descriptor consensuado de Oca, tomando en cuenta 18 caracteres de acuerdo a IPGRI (2001). Para ayudar con la discriminar morfotipos se utilizó la tabla de colores de la Real Sociedad de Horticultores (RHS Colour Chart, 2005). La caracterización morfológica se realizó cuando más del 50% del cultivo se encontró en plena floración, y la caracterización de los tubérculos se llevó a cabo inmediatamente después de la cosecha

Análisis de datos. Los datos de caracterización permitieron definir morfotipos, para lo cual se realizó el análisis estadístico usando técnicas univariadas y multivariadas. Para el análisis estadístico descriptivo se utilizó el programa Excel, y para el análisis de componentes principales y de agrupamiento (cluster analysis) se utilizó el programa NTSYS v 2.1p.

RESULTADOS Y DISCUSIÓN

De la visita y encuesta a 75 familias se colectaron 519 entradas de oca en las tres comunidades campesinas.

Caracterización morfológica del germoplasma de oca. Las entradas de oca sembradas constaron de 519 entradas iniciales; sin embargo la caracterización se realizó sólo en 488 entradas, debido a que no emergieron 31 entradas, que representan el 5,97% de todo el germoplasma analizado.

Análisis porcentual de los descriptores. Color de los tallos aéreos: Se tiene 45,4% con tallos verde amarillentos, 23,2% verde grisáceo predominante con rojo grisáceo, 15,7% tallos púrpura grisáceos, 9,3% púrpura rojizo y 6,5%

púrpura grisáceo. El 69,4% presenta pigmentación en las axilas y el 30,6% no la presenta. El 24,1% presenta follaje de color verde amarillento, el 46,3% verde amarillento oscuro, el 29,6% verde amarillento oscuro con púrpura grisáceo. Color del envés de los folíolos: El 71,30% presenta el envés de los folíolos verde amarillento, el 2,78% verde amarillento con nervaduras rojo grisáceo; el 23,15% verde amarillento oscuro con púrpura grisáceo irregularmente distribuido y el 2,78% púrpura rojizo con verde amarillento irregularmente distribuido. Color del pecíolo: El 18,52% presenta color de pecíolos verde con estipulas blancas; 3,15% verde con estipulas púrpura grisáceo claro; 41,67% verde con estipulas púrpura grisáceo y la presencia del color rojo grisáceo con estipulas púrpura grisáceo oscuro es del 6,67%. Color de la flor: El 19,44% muestran flores amarillas y el 58,33% flores de color naranja amarillentas. Heterostilia de las flores: El 25,00% de las plantas tenían flores brevistilias, el 40,74% mesostilias y el 12,04% longistilias. Forma de la corola: El 7,41% se reporta flores con forma rotada, el 56,48% semiestrellada y el 13,89% pentagonal. Color de los sépalos: El 48,15% presenta color verde; el 16,67% verde predominante con púrpura grisáceo y el 12,96% púrpura grisáceo. Color predominante de la superficie de los tubérculos: Se ha registrado los colores blanco amarillento con 21,29%; amarillo con 24,07%; naranja amarillento con 27,78%; rojo naranja con 2,78%; rojo naranja oscuro 0,93%; rojo pálido con 4,63%. Color secundario de la superficie de los tubérculos: El 25,93% de los tubérculos tiene ausencia de color secundario; el 0,93% presenta naranja amarillento, 1,85% rojo claro; 9,26% rojo pálido; 7,41% rojo; 3,70% rojo grisáceo; 12,96% púrpura rojizo y 37,96% púrpura grisáceo. Color secundario de la superficie de los tubérculos: Se registro un 25,93% con ausencia distribución del color secundario; 23,15% con pigmentación en las yemas; 3,70% alrededor de los yemas; 1,85% sobre tuberizaciones; 37,96% en ojo e irregularmente distribuidos; 1,85% irregularmente distribuidos. Color predominante de la pulpa de los tubérculos: El 1,85% presenta color blanco; 31,48% blanco amarillento; 38,89% amarillo y el 27,78% con color naranja amarillento. Color secundario de la pulpa de los tubérculos: El 43,52% tiene ausencia de coloración en la pulpa, axial mismo el 0,93% tiene color rojo claro, 0,93% rojo pálido; 19,44% rojo; 19,44% púrpura rojizo y el 15,74% púrpura grisáceo. Distribución del color secundario de la pulpa de los tubérculos: El 42,59% carece de coloración en la pulpa, el 29,63% presenta coloración en el anillo vascular; el 24,07% en el anillo vascular y corteza, y el 3,70% en la medula y la corteza. Forma de los tubérculos El 1,85% está representado por la forma ovoide, el 77,78% claviforme; 0,93% alargada y el 20,37% cilíndrico.

Tabla 1. Análisis de la colección y conservación de germoplasma de oca por comunidad

Comunidad Campesina	Nº familias por Comunidad	Nº muestral por comunidad	Nº fam. Identificadas con cultivos de oca	Nº de entradas por comunidad
Amaru	*202	54	11	379
Paru Paru	*130	45	39	31
Viacha	*66	34	25	109
Total	398	130	75	519

La comunidad campesina de Paru Paru cuenta con 12 morfotipos, mientras que la comunidad campesina de Viacha cuenta con 25 morfotipos. Por otro lado, la comunidad campesina de Amaru cuenta con 71 morfotipos. De los 95 morfotipos determinados tres están distribuidos en las tres comunidades campesinas, 7 en dos comunidades y el 89,47% son morfotipos únicos para cada comunidad.

Formación de compuestos raciales de maíz precoz (*Zea mays* L.) para comunidades altas de Cusco

Pompeyo COSIO¹, Wilfredo CATALÁN², Jean Pierre BAUDOIN³

^{1,2}Centro de Investigación en Cultivos Andinos (CICA), Facultad de Agronomía y Zootecnia, Universidad Nacional de San Antonio Abad del Cusco (UNSAAC), Cusco, Perú

¹teocosio@gmail.com, ²maywa_bz@hotmail.com, ³jeanpierreboudoin@yahoo.fr

Resumen

Dos compuestos raciales de maíz precoz fueron evaluados mediante herramientas estadísticas, y comparados con los del Testigo (Maíz Blanco K'ayra) con el fin de determinar la respuesta productiva de los dos compuestos nuevos, bajo diferentes ambientes, durante los tres últimos años. Las diferencias significativas interraciales encontradas, permiten incorporar estos compuestos de amplia base genética a la agricultura de las comunidades altas de la Regional del Cusco. Los compuestos raciales formados a la fecha serán fortalecidos permanentemente con nuevas poblaciones precoces para mantener la sostenibilidad de estos cultivares.

INTRODUCCIÓN

La producción de maíz en altitudes superiores a 3400 metros, presenta características propias de adaptación a factores ambientales adversos, con una serie de modificaciones genéticas, morfológicas y fisiológicas, entre los que se puede mencionar, la alta heterogeneidad, el menor tamaño de la planta y el ciclo vegetativo corto.

El maíz es un alimento fundamental en la dieta del poblador, razón por la cual lo cultiva aún en las condiciones más desventajosas en comunidades por encima de 3400 msnm, pero con rendimientos mínimos. Frente a esto, es necesario proporcionar alternativas de cultivares de amplia base genética y precoces, para mejorar su productividad, objetivo de esta investigación.

Este proyecto será sostenible en el tiempo, ya que la formación de compuestos raciales de maíz precoz permite reunir los caracteres favorables presentes en los diferentes cultivares de maíz andino. Estos últimos tienen fenotipos afines como ciclo vegetativo, color de grano y composición de endospermo, prioritariamente; y tanto la alogamia como los efectos heteróticos y plasticidad genética de estos genotipos, se consideran la base para el mejoramiento del rendimiento de maíz en comunidades alto andinas.

MATERIALES Y MÉTODOS

El Programa de Maíz del Centro de Investigación en Cultivos Andinos (CICA) de la Facultad de Agronomía de la UNSAAC, identificó plantas y ecotipos precoces de maíz de altura, en 480 accesiones del Banco de Germoplasma de Maíz del CICA-FAZ-UNSAAC, que permitieron formar el Compuesto Racial Blanco y el Compuesto Racial Amarillo.

Los objetivos fundamentales en el presente trabajo fueron:

Formar dos compuestos raciales de maíz con amplia base genética y ciclo vegetativo precoz a partir de los cultivares precoces seleccionados del Banco de germoplasma de maíz del CICA.

Determinar las características agronómicas para rendimiento de dos compuestos raciales de maíz precoz, en siembra tardía y en condiciones ambientales de comunidades andinas del Cusco.

Evaluar el rendimiento de grano de dos compuestos raciales de maíz precoz, en comparación con un cultivar tradicional de amplia adaptación de la zona.

RESULTADOS Y DISCUSIÓN

El Compuesto Racial Blanco es producto de la recombinación balanceada de 10 ecotipos precoces de maíz con endospermo blanco, componentes de la raza Cusco Amiláceo y Raza Huancavelicano. Su fenología varía entre emergencia hasta 16 días, desarrollo vegetativo hasta 83 días. La floración es a los 104 días y su ciclo vegetativo promedio es de 170 días. La longitud de mazorca promedio es de 12,61 cm, el diámetro de mazorca es de 5,24 cm. El número de granos por hilera es de 22,38, tiene peso de cien granos de 36,84 g, y rendimiento de 4,484 t/ha.

El Compuesto Racial Amarillo es producto de la recombinación balanceada de 14 ecotipos precoces de maíz con endospermo amarillo, componentes de la raza Cusco Cristalino y Morocho Ayacuchano. Su fenología varía entre emergencia hasta 12 días, desarrollo vegetativo hasta 79 días. La floración es a los 97 días y su ciclo vegetativo promedio es de 176 días. La longitud de mazorca promedio es de 13,60 cm, el diámetro de mazorca es de 5,01 cm. El número de granos por hilera es de 22,82, tiene peso de cien granos de 43,64 g, y rendimiento de 4,656 t/ha.

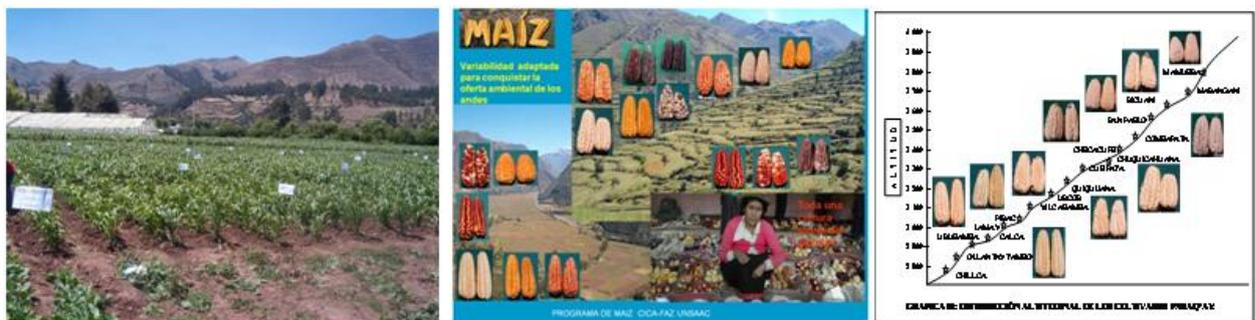
Cuadro 1. Acciones integrantes del Compuesto Blanco Precoz

Clave	Ecotipo	Ciclo vegetativo (días)
CMC 040	Paraqay	160
CMC 041	Paraqay	158
CMC 074	Yurac	170
CMC 085	Yurac paru	145
CMC 088	Almidón	170
CMC 105	Surphu	170
CMC 106	Quisillo caspi	155
CMC 110	Quesillo ccapchi	155
CMC 167	Blanco almidón	160
CMC 198	Huayra sara	175
Más selección de plantas individuales precoces de otras entradas		

Cuadro 2. Acciones integrantes del Compuesto Amarillo Precoz

Clave	Ecotipo	Ciclo vegetativo (días)
CMC 039	Q'ello	140
CMC 046	Morocho amarillo	130
CMC 048	Parakay	135
CMC 054	Amarillo morocho	130
CMC 055	Morocho	125
CMC 059	Q'ello morocho	135
CMC 061	Mezcla	140
CMC 063	Q'ello	125
CMC 068	Morocho	135
CMC 086	Q'ello	125
CMC 108	Sintoves	135
CMC 186	Q'ello	140
CMC 194	Q'ello wayra	135
CMC 195	Q'ello paru	125
Más selección de plantas individuales precoces de otras entradas		

Fig. 1. Fotografías y cuadro sobre mejoramiento para precocidad.



Ensayos de rendimiento de compuestos precoces

Condiciones para los que se mejora

Variación altitudinal de variedades

REFERENCIAS

- Chura, J; Nakaodo, J; Fegan. 2004. Mejoramiento genético del maíz en la costa. Programa Cooperativo de Investigación en Maíz. Universidad Nacional Agraria La Molina.
- Grobman, A; Salhuana, W. 1961. Races of maize in Perú origins. National research council Washington, D.C.
- Manrique, A. 1997. El maíz en el Perú. Lima.
- Salhuana, W. 2004. Diversidad y descripción de las razas de maíz en el Perú. Programa Cooperativo de Investigación en Maíz. Universidad Nacional Agraria La Molina.
- Revilla, P; Sevilla, R. 2004. Mejoramiento del maíz en la sierra del Perú. Programa Cooperativo de Investigación en Maíz. Universidad Nacional Agraria La Molina.

Formación de compuestos varietales de granos andinos para generar variedades con orientación participativa

Angel PÉREZ, Gilberto GAMARRA

Resumen

Para formar compuestos varietales que servirán como base para generar variedades mejoradas en forma participativa con los agricultores, se realizó una colección que albergara parte de la diversidad de especies de granos andinos, quinua y tarwi, en Junín y Huancavelica. Después, se caracterizó la variabilidad en dos localidades; en base a los caracteres de planta, se conformaron 5 grupos de quinua y 5 de tarwi. Posteriormente, se corroborará la clasificación preliminar con los datos de grano después de la cosecha, para luego formar compuestos que se seleccionarán con la participación de los agricultores.

Abstract

The purpose of this research was to generate improved varieties from a collection representing a part of the diversity of grains of quinua and tarwi which were collected in several locations of Junin and Huancavelica. Characterization of the variability was achieved and collections were grouped based on plant morphology: 5 groups of quinua and 5 of tarwi. After grain harvesting, classification will be done to produce new groups which will be used for participatory selection from farmers.

MATERIALES Y MÉTODOS

Los compuestos se formarán con todo el material colectado en Junín y Huancavelica. Para el caso de la quinua (*Chenopodium quinoa*), se colectó en campo aproximadamente 20 panojas de 16 campos de agricultores y 64 muestras de grano en almacén (80%) y en ferias locales (20%). Las colectas hechas en panoja se caracterizaron por forma, tipo y color; y posteriormente se tomaron los datos de diámetro, espesor y color de grano. En las colectas hechas en grano se caracterizó el grano con los tres descriptores.

El tarwi se colectó en campo de 19 muestras, cosechando toda la inflorescencia del eje central de la planta y las otras 70 muestras se colectaron de 80% procedente de almacén de agricultores y 10% de ferias locales.

En las 19 muestras cosechadas en campo, se registraron las siguientes características: Largo de vaina, ancho de vaina, constricción de la vaina y número de granos por vaina. Además en todas las colecciones se caracterizó el diámetro, espesor y color de grano. En octubre del 2009 se sembró en 2 localidades: EEA Santa Ana del INIA y EEA El Mantaro de la UNCP. Todas las colecciones de las 2 especies, quinua y tarwi, se caracterizaron en campo según los descriptores del IBPGR (1981).

RESULTADOS

La clasificación hecha en planta, resultó en 5 grupos de quinua y 5 de tarwi. Esa información y la registrada en grano después de la cosecha, servirá para hacer la clasificación varietal.

DISCUSIÓN

Debido a la colección parcial es posible que no se encuentren otras formas menos frecuentes en las variedades cultivadas. Posteriormente, se precisará la clasificación con métodos moleculares y con ayuda de técnicas estadísticas de agrupamiento.

REFERENCIAS

Concejo Internacional de Recursos Filogenéticos. 1981. Toma Descriptores de Lupinus, Rome
IBPGR. 1981. Quinoa descriptors for coding of genetic data, Roma.

Clasificación intraespecífica de 14 árboles híbridos seleccionados de cacao (*Theobroma cacao* L.) mediante análisis de conglomerados, en Tulumayo

¹ Patricia GARCÍA, ² Luis GARCÍA

Universidad Nacional Agraria de la Selva, Facultad de Agronomía, Tingo María, Huanuco, Perú
¹vanegar273@hotmail.com, ²lugarc01770@gmail.com

Resumen

Con el objeto de caracterizar morfológicamente y clasificar taxonómicamente 14 genotipos de cacao mediante el análisis de conglomerados, se realizó un ensayo en Tulumayo, de octubre 2007 hasta abril 2008. Como material genético se utilizaron 14 árboles híbridos de cacao que fueron caracterizados utilizando 15 descriptores morfológicos estándar de flores, frutos y semillas (14 cualitativos y 1 cuantitativo). Sólo para el descriptor número de óvulos/ovario (NOO), se utilizó la media, desviación estándar y el coeficiente de variación. Para el análisis de conglomerados se utilizó la distancia Euclideana, el método del ligamiento promedio (UPGMA) y el coeficiente copenético, mediante el software PAST v.1.43. La caracterización morfológica de flores mostró ligera a moderada variación fenotípica, en cambio, la variación del NOO, fue amplia. Los caracteres morfológicos de frutos y semillas mostraron una mayor variación cuyos valores dependieron del carácter evaluado. El dendrograma generado por análisis de conglomerados produjo 3 grupos (I, II y III) y una entidad independiente a nivel de afinidad 1,0. En el grupo II, los genotipos (ICS 95 x P 7 y ICS 95 x ICS 6) mostraron la mayor similitud con la menor distancia euclideana. De similar manera, los genotipos (ICS 95 x U 58 y U 68 x ICS 6) y (IMC 67 x ICS 95 y H 12 x ICS 6) en los grupos I y III, presentaron las menores distancias, respectivamente. Se sugiere complementar el análisis de conglomerados con un método de ordenación.

Abstract

With the aim to achieve a morphological characterization and taxonomical classification, 14 genotypes of cocoa were evaluated by cluster analysis in a trial in Tulumayo from October 2007 to April 2008. 14 hybrid trees were characterized using 15 standard morphological descriptors of flowers, fruits and seeds (14 qualitative and 1 quantitative descriptors). Only for the descriptor Ovules per Ovary Number (NOO), the mean, standard deviation and coefficient of variation were utilized. For the cluster analysis, the euclidian distance, the unweighted pair-group method using arithmetic average (UPGMA), and copenetic coefficient were chosen utilizing the PAST software v.1.43. The morphological characterization of flowers showed slightly to moderate phenotypic variation, whereas the NOO variation, was wide. The morphological characters of fruits and seeds had a greater variation depending on the evaluated character. The dendrogram generated by cluster analysis produced 3 groups (I, II y III) and one independent entity to 1,0 of affinity level. In the group II, the genotypes ICS 95 x P 7 and ICS 95 x ICS 6 showed the highest similarity with the lowest euclidian distance. Similarly, genotypes (ICS 95 x U 58 and U 68 x ICS 6) and (IMC 67 x ICS 95 and H 12 x ICS 6) in groups I and III, exhibited the lowest distances, respectively. We suggest to complement the cluster analysis with an ordination method.

INTRODUCCIÓN

El cacao (*Theobroma cacao* L.), es una especie originaria de los bosques tropicales de América del Sur, se caracteriza por su amplia diversidad genética a nivel silvestre como cultivado. La caracterización morfológica ha sido usada para evaluar la variabilidad fenotípica entre cultivares de cacao. Los caracteres cuantitativos, tienen la desventaja de que se expresan a la madurez y son influenciados por el ambiente. En cambio, los caracteres cualitativos, por ser muy discriminativos y altamente heredables, facilitan la identificación y diferenciación de cultivares. Por su parte, la taxonomía numérica a través del análisis de conglomerados, facilita el manejo de una gran cantidad de datos permitiendo la clasificación intra e interespecífica del germoplasma; así como, una mejor orientación en el planeamiento de cruzamientos futuros. Vista la necesidad de obtener información sobre la expresión fenotípica y similitud fenética entre genotipos promisorios de cacao de Tulumayo, se planteó el presente estudio con el objetivo de caracterizar morfológicamente y agrupar taxonómicamente 14 árboles híbridos de cacao.

MATERIALES Y MÉTODOS

Material genético. 14 árboles híbridos seleccionados en el Centro de Investigación y Producción de Tulumayo, distrito de José Crespo y Castillo, provincia de Leoncio Prado, departamento de Huánuco.

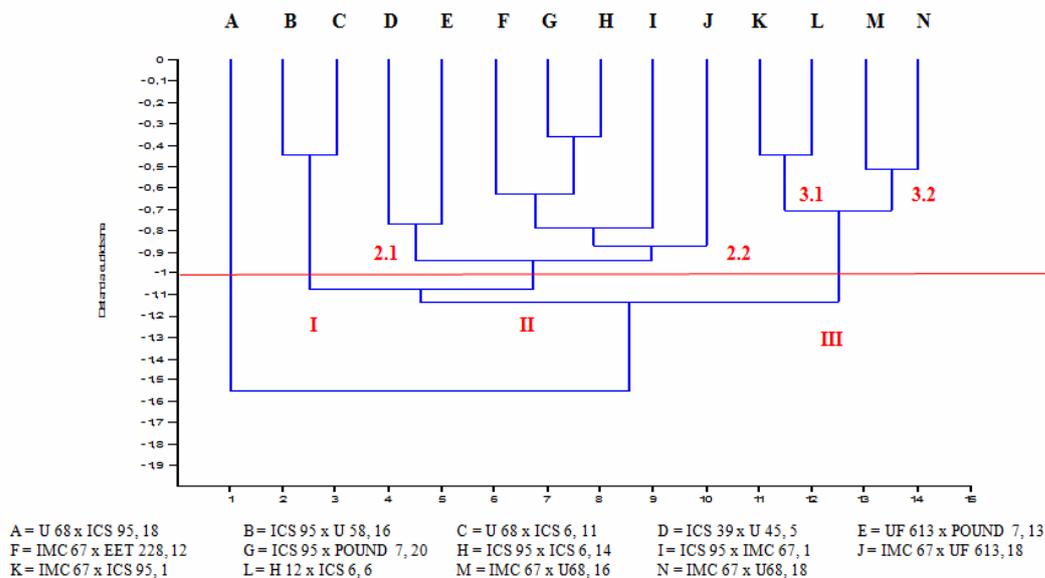
Caracterización morfológica. Se utilizó 15 descriptores morfológicos de flores, frutos y semillas seleccionados de la lista de descriptores morfológicos para cacao propuesto por Bekele y Butler (2000) y Engels *et al.* (1980).

Análisis estadístico. Se realizó el análisis de conglomerados, usando el software PAST (PALaeontological STatistics, v. 1.43, 2006).

RESULTADOS Y DISCUSIÓN

A un nivel de afinidad de 1,0, se determinó 3 conglomerados: El Grupo I, donde ambos genotipos comparten progenitores Trinitarios y Forasteros Alto Amazónicos. Los clones ICS 95 e ICS 6 fueron seleccionados de progenies provenientes de cruza entre Criollos y Forasteros y los clones U 58 y U 68, están muy relacionados ya que fueron colectados en Echarate (Cusco). En el Grupo II, en el subconglomerado 2.1 se presenta similitud entre ellos ya que provienen de progenitores Trinitarios cruzados con Forasteros Alto Amazónicos. En el subconglomerado 2.2, casi todos los genotipos tienen como progenitor común al clon ICS 95 (Trinitario) o derivan de él. En el Grupo III, en el subconglomerado 3.1 los clones IMC 67 y H 12 poseen caracteres morfológicos similares y los clones ICS 95 e ICS 6 tienen una estrecha relación filogenética debido a que comparten genes idénticos por descendencia. En el subconglomerado 3.2, la similitud se explica porque ambos son hermanos completos que provienen del mismo cruce (IMC 67 x U 68) y compartirían muchos genes en común. El árbol híbrido U 68 x ICS 95, 18 (entidad independiente), se vincula con el resto a un nivel lejano de afinidad (1,55), lo que se deduciría que tenga un marcado polimorfismo alélico y/o alto grado de heterocigosidad. El valor del coeficiente de correlación cofenética (CCC=0,87) resultó muy bueno, según la escala de SNEATH y SOKAL (1973), lo cual indicaría una buena representación de la matriz de afinidad por el dendrograma.

Fig. 1. Dendrograma de disimilaridad entre 14 árboles híbridos de cacao, según el método del ligamiento promedio (UPGMA).



CONCLUSIONES

Se determinó 3 grupos o conglomerados y una entidad independiente a un nivel de afinidad de 1,0. En los grupos II y III, la mayor o menor disimilaridad dependió del origen genético de los progenitores.

Los conglomerados formados por los árboles híbridos: (ICS 95 x POUND 7 y ICS 95 x ICS 6), (ICS 95 x U 58, y U 68 x ICS 6) e (IMC 67 x ICS 95 y H 12 x ICS 6), alcanzaron las menores distancias euclidianas y por consiguiente, las mayores similitudes fenotípicas.

REFERENCIAS

- Bekele, FL; Butler, D. 2000. Proposed list of cocoa descriptors for characterisation. En: Working procedures for cocoa germplasm evaluation and selection of the CFC/ICCO/IPGRI project workshop (A.B. Eskes, J.M. Engels & R.A. Lass, Eds.) 1-6 February, 1998. Montpellier, France. IPGRI, 41-48 p.
- Engels, MM; Bartley, DB; Enriquez, G. 1980. Cacao Descriptors, their Stats and *modus operandi*, Turrialba (CR). 30(2): 209-218.
- García, CL. 2009. Catálogo de cultivares de cacao del Perú. Ministerio de Agricultura-DGCA. Lima. 108 p. (en prensa).
- Sneath, PHA; Sokal, RR. 1973. Numerical Taxonomy: The principle and practice of numerical classification. Freeman, San Francisco, Ca. USA, 573p.

Evaluación de 4 clones de camu camu arbustivo *Myrciaria dubia* (H.B.K.) Mc Vaugh, en suelos de restinga, en Ucayali

Carlos ABANTO RODRÍGUEZ¹, Mario PINEDO PANDURO²

¹Instituto de Investigaciones de la Amazonía Peruana (IIAP) Ucayali, Perú; ²Instituto de Investigaciones de la Amazonía Peruana (IIAP) Iquitos, Perú

¹Carforestal24@gmail.com ²mariohpinedo@gmail.com

Resumen

El IIAP, con participación de otras instituciones, ha elaborado un Plan de mejoramiento genético de camu camu, cuya ejecución se dio inicio en 2001 con la selección de 4 plantas de camu camu arbustivo de 8 de años de edad, instaladas en la parte adyacente a los Estanques de piscigranjas en la EE-IIAP-Ucayali. La selección fue realizada en base al rendimiento (kg/pl/año). Luego, estas plantas fueron propagadas mediante injertación, con la finalidad de instalar una prueba clonal y evaluar el comportamiento bajo las condiciones de un suelo de restinga.

Abstract

A Camu Camu Breeding Programme was elaborated by the Instituto de Investigaciones de la Amazonía Peruana (IIAP) along with other institutions, and started in 2001 with the selection of 4 shrubby camu camu plants of 8 years old planted next to the fish farm ponds of the IIAP Experimental Station in Ucayali, Peru. Selection was made according to yield (kg/pl/año). These plants were propagated through grafting to establish a clonal test and to evaluate their behavior in alluvial soil conditions.

INTRODUCCIÓN

El cultivo del camu camu, cada vez está tomando mayor importancia, debido al incremento del mercado local, nacional, e internacional. Es requerido por su elevado contenido de ácido ascórbico. Pese a la importancia y a la presencia de variabilidad genética en las poblaciones naturales, no se han identificado clones o variedades que permitan a los productores obtener sostenidamente altos rendimientos. En ese sentido, el presente trabajo de investigación tiene como objetivo la evaluación del comportamiento de 4 clones en suelos de restinga, los mismos que nos permitirán seleccionar al menos un clon con características de alto rendimiento e identificar la presencia de plantas atípicas.

MATERIALES Y MÉTODOS

Procedencia de los patrones. Los patrones procedían de la mezcla de semillas de las plantas instaladas en el Anexo de Pacacocha. Por esta razón, no se cuenta con el registro del número de semillas por planta.

Procedencia de las yemas. Las yemas utilizadas para el trabajo de injertación fueron de las plantas de camu camu arbustivo seleccionadas por su alto rendimiento en la EE-IIAP-Ucayali, con los códigos 3B-F1, E3-F7, E3-F8 y E3-F10.

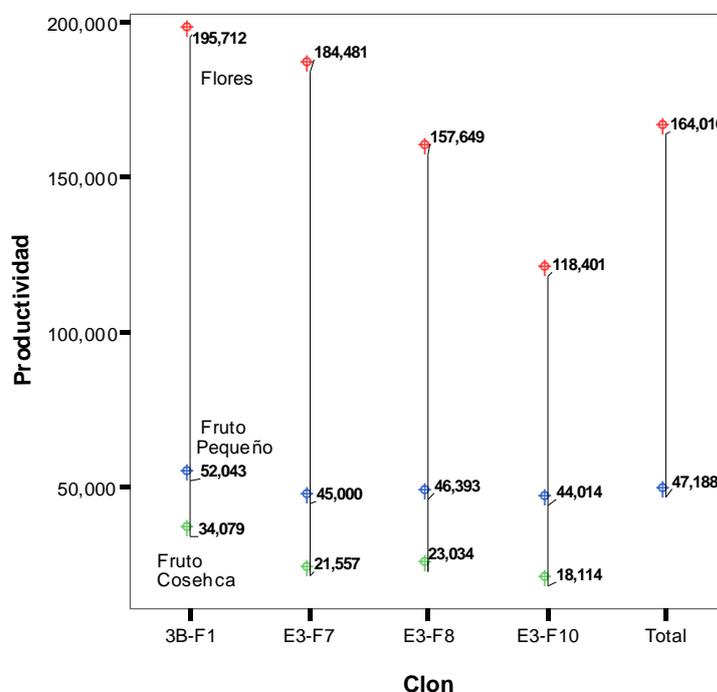
Variables de Evaluación.

Crecimiento vegetativo, N° de Botones florales, N° de Frutos pequeños, N° de Frutos de cosecha, Rendimiento (kg/pl, frutos/pl, peso promedio del fruto/pl).

RESULTADOS Y DISCUSIÓN

A los dos años de haber sido instalados en campo definitivo, se observó los primeros botones florales indicando el inicio de la producción. A partir del Trimestre II del año 2003, las evaluaciones se concentraron específicamente en el comportamiento de la fenología reproductiva de los 4 clones. Cuando observamos el comportamiento de flor, frutos pequeños y frutos de cosecha, se concluye que el camu camu como toda especie frutal presenta alto porcentaje de pérdida de flores que no llegan a ser frutos, debido a que no existen factores como la mayor cantidad de agente polinizador, momento óptimo para la fertilización, etc. que lo promuevan. En la figura 1, el clon 3B-F1 tiene mejores resultados tanto en flores como en frutos pequeños y rendimiento de frutos de cosecha.

Fig. 1. Comportamiento de la producción de flores, frutos pequeños y grandes en 4 clones de camu camu.



CONCLUSIONES

La mayor producción de botones florales del clon E3-F10 respecto a los demás clones, no se reflejó en la producción de frutos de cosecha.

El clon E3-F8, es significativamente mejor en rendimiento.

Durante los 6 años de evaluación se observó que el camu camu cuando es trabajado con material genético selecto es capaz de incrementar su rendimiento hasta un 46,6% año tras año.

Del 100% de la producción de flores sólo el 15% llega a ser frutos cosechados; todo lo demás es eliminado por diferentes factores.

REFERENCIAS

- Flores, PS. 1997. Cultivos de frutales nativos amazónicos. Manual para extensionistas. TCA- SPT. Lima, Perú. 307 p.
- Gutierrez, RA. 1969. Especies Frutales Nativas de la selva del Perú; Estudio Botánico y de propagación por Semillas. Lima (Perú): Universidad Nacional Agraria La Molina. 105 pp.
- IIAP. 1997. Programa de Agroexportación de camu camu. Ministerio de Agricultura. Lima - Perú. 33 pp.
- IIAP. 2003. Plan de Mejoramiento Genético de camu camu arbustivo *Myrciaria dubia* (H:B:K) Mc Vaugh. RPSP/PAJPH. En Preparación 2003.
- Iman, CS. 2001. Cultivo de Camu-camu *Myrciaria dubia* H.B.K. Mc Vaugh en la región de Loreto.
- Oliva, CC; Vargas, VC. 2003. Selección de Plantas madres promisorias de camu camu arbustivo en Ucayali. RPSP/PAJPH. En Preparación 2003.
- Pinedo, PM. 2001. Sistema de producción de Camu-camu en Restinga, IIAP.

Manejo de la producción del chirimoyo (*Annona cherimola* Mill.) frente al cambio climático

Juan TINEO¹, Wilston CISNEROS²

Programa Nacional de Investigación en Recursos Genéticos, EEA Canaan , INIA Ayacucho, Perú
¹jtineo2002@yahoo.es , ²wcisneros2422@hotmail.com

Abstract

In order to solve the problem of fruit set by natural pollination in the cherimoya in the valleys due to temperature increase by climate change has been planned to perform this experiment in the plantations of the national germplasm bank of cherimoya located in Huanchacc (2380 masl.) in Huanta, Ayacucho - Peru. It has been determined that the pruning of fruiting and defoliation manual in the months of August to September, with fresh hand-pollination periods (beginning of the first rainfall) can be improved significantly by increasing fruit set of cherimoya production.

Resumen

Con la finalidad de dar solución al problema del cuajado del fruto por la polinización natural en el chirimoyo en los valles interandinos debido al incremento de la temperatura por el cambio climático se ha planteado realizar el presente experimento en las plantaciones del banco nacional de germoplasma de chirimoyo, ubicado en Huanchacc (2380 msnm.) en Huanta, Ayacucho – Perú. Se ha determinado que con la poda de fructificación y defoliación manual en los meses de agosto a septiembre y con la polinización manual en periodos frescos (al inicio de las primeras precipitaciones) se puede mejorar el cuajado del fruto incrementando significativamente la producción del chirimoyo.

INTRODUCCIÓN

El chirimoyo esta adaptado a un clima subtropical fresco , con temperaturas medias entre 13 y 25 °C , donde la dicogamia es un problema para el cuajado natural del fruto. Con el aumento de la temperatura entre 1,5 a 4,5 ° C en los valles interandinos de la sierra debido al cambio climático, esta situación se ha vuelto aun mas critico, pues a temperaturas mayores de 29 °C, el estigma se seca y disminuye la calidad del polen haciendo imposible la polinización natural, finalmente la flor se seca y cae en su totalidad. Ante esta situación el Programa de Investigación en Recursos Genéticos de la EEA Canaan viene practicando la polinización manual en las plantas del Banco Nacional de Germoplasma de Chirimoyo ubicado en Huanchacc (2380 msnm), Luricocha – Huanta, en Ayacucho-Peru con la finalidad de mejorar el cuajado del fruto y buscar alternativas para hacer frente a los efectos del cambio climático.

El presente trabajo tiene como objetivo, determinar el periodo optimo de la poda de fructificación en el chirimoyo para que el cuajado del fruto no sea afectado por los efectos del cambio climático y el momento optimo de la polinización manual para el cuajado de fruto del chirimoyo en condiciones de valles interandinos

MATERIALES Y MÉTODOS

Material Genético. Se utilizó 7 biotipos promisorios del banco nacional de germoplasma de chirimoyo, ubicado en Huanchacc (2380 msnm.) en Huanta, Ayacucho – Perú

Metodología. La metodología de la presente investigación consistió en realizar la poda de fructificación y defoliación manual (fig 1) en los meses de mayo - junio y agosto - septiembre , así como de polinizar flores en estado pre hembra, hembra y macho y a diferentes horas del día (de 9 a 11.00 am, de 11 a m. a 1.00 pm y de 1.00 a 3.00 pm.) (fig 2 y 3).

Fig. 1. Poda de fructificación y defoliación manual en chirimoyo.



Fig. 2. Flor de chirimoyo en estado pre-hembra y hembra.



RESULTADOS Y DISCUSIÓN

En base a los resultados obtenidos de las diferentes épocas de poda de fructificación y defoliación manual se llego a derterminar que la poda realizada en los meses de agosto y septiembre con la polinización manual en los meses de octubre y noviembre (momento donde el ambiente es mas fresco por la presencia de las precipitaciones) resulto ser la mas eficiente (fig 4) en comparación de la poda en mayo-junio con polinización en los meses de agosto y septiembre donde la temperatura es mayor. Así mismo se determino que la polinización manual se debe realizar en flores pre hembra y hembra, por que en flores en estado macho el cuajado es mínimo. De la misma manera se determino que en los valles interandinos como Huanta , el momento mas adecuado para la polinización manual es de 11.00 am. hasta la 1.00 pm , pasado esta hora las flores entran en estado macho.

Fig. 3. Polinización manual en chirimoyo.



Fig. 4. Fruto polinizado del biotipo PCHI-238.



REFERENCIAS

- Guirado, E; Farré. JM. 2002. Manual Practico de Polinización del Chirimoyo. CSIC-España. 21 pp.
Guirado, E; Farré. JM. 2004. Introducción al Cultivo del Chirimoyo. CSIC-España. 78 pp.
<http://www.cambioclimaticoglobal.com/introduc.html>

Characterization of almond diversity in Lebanon by microsatellite markers

Ali CHEHADE¹, Lamis CHALAK¹, Ahamad ELBITAR¹, Anne ZANETTO²,
Patrick COSSON²

¹Lebanese Agricultural Research Institute (LARI), Lebanon, ²Unité de Recherches sur les Espèces Fruitières et la Vigne, Institut National de la Recherche Agronomique (INRA), Cedex, France

¹abitar@lari.gov.lb

INTRODUCTION

The genus *Amygdalus* is one of the most important components of spontaneous and cultivated fruit trees in Lebanon. Diversity of almond in this country was first reported by Post and Dinsmore (1932), who cited six almond species. They are *Prunus amygdalus* Batsch., *A. korschinskyi* Hand., *A. orientalis* Mill., *A. Kotschy* Boiss, *A. spartioides* Spach and *A. Lycioides* Spach. A recent taxonomic revision by Talhouk *et al.* (2000) confirmed the presence of only *P. amygdalus*, *A. korschinskyi* and *A. orientalis*. In fact, during the last decade, the wild species were threatened by pasture, overgrazing and expansion of agricultural lands. In addition, local varieties were gradually eroded by the recent introductions of foreign cultivars. In this respect, a recent field survey of *Amygdalus* species was conducted in Lebanon. Four wild species, *A. communis*, *A. orientalis*, *A. korschinskii*, *A. spartioides* and more than 15 local varieties were found (Chehade *et al.*, 2001). In this study, we report on a preliminary experiment to optimize microsatellites primers and assess the genetic diversity on wild and cultivated almonds in Lebanon.

MATERIALS AND METHODS

Genetic variation was analysed on 4 wild species (*A. communis*, *A. korshinskyi*, *A. orientalis*, *A. spartioides*) distributed in Lebanon and four local varieties (Khachabi, Baladi, Halwani double kernels, Metwi) (Talhouk *et al.*, 2000, Chehade *et al.*, 2001). DNA extraction was performed using young leaves as described by William *et al.* (1990). Sixteen primer pairs of microsatellites from a CT-enriched genomic library of the peach cultivar (Merrill O'Henry) were used. An amount of 1,5 to 2 µl of the PCR denatured product was loaded in 6% polyacrylamide sequencing gels. To assess the information given by SSR markers, the following parameters were calculated: number of alleles per locus, percentages of observed and expected heterozygosity and power discrimination. Genetic distance was calculated according to Rogers (1972).

RESULTS AND DISCUSSION

Among the primer pairs tested 87,5% gave PCR amplification products on almond species (Table 1). Three PCR amplifications revealed several loci (18,75%).

Among the 11 singles-locus microsatellites, one was monomorphic and one was unreadable. The number of alleles per polymorphic locus ranged from 9 to 20 with an average of 13,3. For single locus SSRs, the allele size ranged from 84 to 212 bp. The expected heterozygosity of polymorphic and readable microsatellites ranged from 0,22-0,91 with an average of 0.78. The observed heterozygosity was lower than the expected for almost microsatellites. The discrimination power ranged between 0,32-0,95 with an average of 0.85. These coefficients were more important than those reported by Dirlewanger *et al.* (2001) for peach and cherry.

The dendrogram based on Rogers distance showed three groups of species at 0,48 coefficient. *A. communis* and *A. korshinskyi* were genetically closer to each other, whereas *A. orientalis* and *A. spartioides* were located in two different groups (Figure 1). On the other hand, the local varieties were clustered in the same group of the wild *A. communis* as normally expected.

Table 1. Number of alleles, size range, observed heterozygosity, expected heterozygosity and discrimination power of microsatellites, sequenced in almonds.

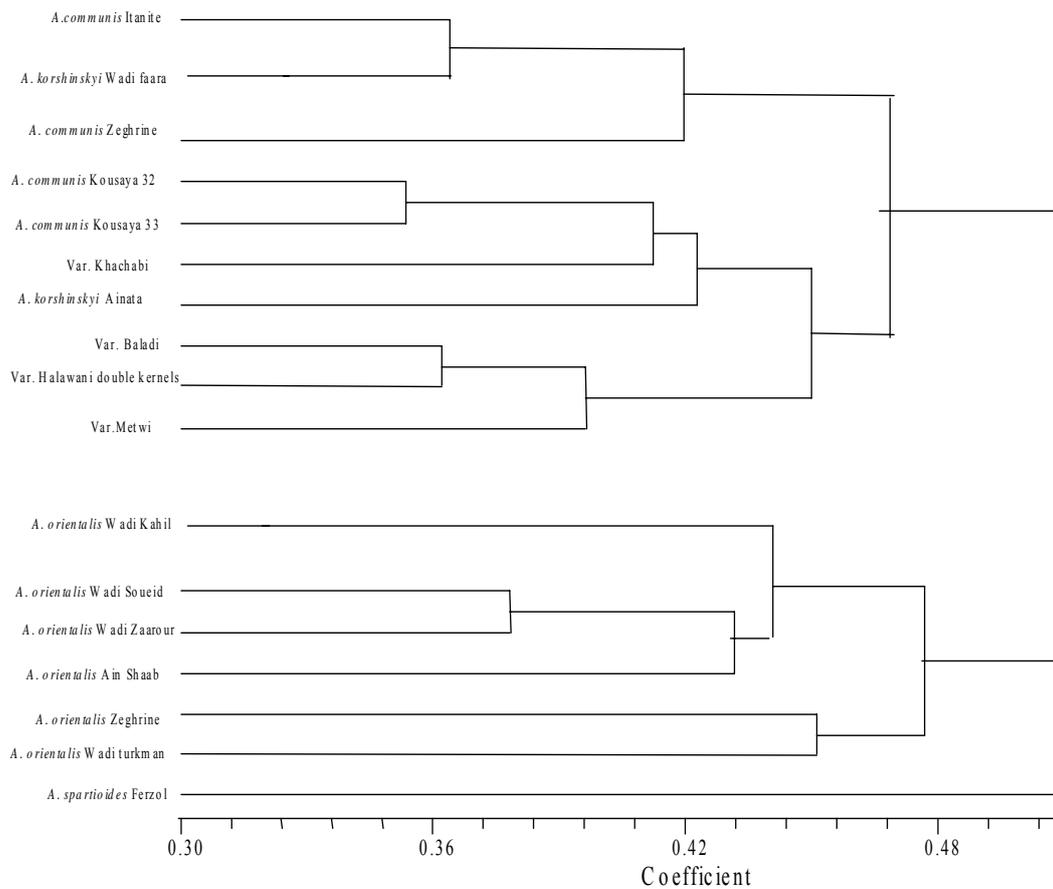
Name of SSR	N° alleles	Size range (pb)	Observed Heterozygosity (Ho)	Expected Heterozygosity (He)	Discriminatory Power
*BPPCT 001	15	130-188	0,83	0,91	0,94
BPPCT 006	M. P.	110-190			
BPPCT 007	13	129-169	0,62	0,87	0,93
BPPCT 008	M. P.	90-140			
BPPCT 010	14	127-167	0,80	0,87	0,94
BPPCT 011	N. A.				
BPPCT 014	9	181-211	0,67	0,74	0,85
BPPCT 016	Monomorphic	140			
BPPCT 017	N. A.				
BPPCT 024	9	84-100	0,19	0,22	0,32
BPPCT 025	20	153-197	0,95	0,91	0,95
BPPCT 026	14	134-212	0,85	0,87	0,94
BPPCT 028	12	154-180	0,89	0,88	0,94
BPPCT 034	M. P.	150-230			
BPPCT 036	Unreadable	180-230			
BPPCT 037	14	133-173	0,60	0,80	0,88
Mean of readable SSR	13,3		0,71	0,78	0,85

M. P.: Multiple producto.

* : Bordeaux *Prunus persica* from a CT-enriched genomic library.

N. A.: No PCR amplification.

Fig. 1. Dendrogram of the Rogers distances between almond species based on microsatellite data.



CONCLUSIONS

In this study, the clustering analysis of almond species based on molecular data confirmed the previous classification of Browicz and Zohary (1996) which was based on morphological characterization, geographical distribution and ecological specificities.

On the other hand, these preliminary results indicated that microsatellites markers seem to be suitable for characterization of almond diversity at both interspecific and intraspecific levels.

REFERENCES

- Browicz K, Zohary D. 1996. The genus *Amygdalus* L. (Rosaceae): species relationships, distribution and evolution under domestication. *Genetic Resources and Crop Evolution* 43: 229–247.
- Cehade, A; ElBitar, A; Chalak, L. 2001. Caractérisation morphologique de la diversité du genre *Prunus* dans la plaine de la Békaa. *Magon* 1: 4-17.
- Dirlwanger, E; Cosson, P; Tavaud, M; Aranzana, MJ; Poizat, C; Zanetto, A; Araús, P; Laigret, F. 2002. Development of microsatellite markers in peach (*Prunus persica* L. Batsch) and their use in genetic diversity analysis in peach and sweet cherry (*Prunus avium* L.). *Theoretical and Applied Genetics* 105(1): 127-138.
- Post, G; Dinsmore, J. 1932. *Flora of Syria, Palestine and Sinai*. American University Press, Beirut, Lebanon.
- Rogers, JS. 1972. Measures of genetic similarity and genetic distance. *Univ. Texas Publ.* 7213:145-153.
- Talhouk, SN; Lubani, RT; Baalbaki, R; Zurayk, R; AlKhatib, A; Parmaksizian, L; Jaradat, AA; 2000. Phenotypic diversity and morphological characterization of *Amygdalus* L. species in Lebanon. *Genetic Resources and Crop Evolution* 47, 93–104.
- Williams, JG; Kubelik, AR; Livak, KJ; Rafalski, LA; Tingey, SV. 1990. DNA polymorphisms amplified by arbitrary primers are useful as genetic markers. *Nucleic Acids Res* 18:6531–6535.

Caracterización de la diversidad del almendro de la República del Líbano mediante marcadores microsatélites

Ali CHEHADE¹, Lamis CHALAK¹, Ahamad ELBITAR¹, Anne ZANETTO²,
Patrick COSSON²

¹Instituto Libanés de Investigación Agraria (LARI) (www.lari.gov.lb), Líbano; ²Unidad de Investigación de las Especies Frutícolas y la Vid (UREFV), Instituto Nacional de Investigación Agraria (INRA) (www.inra.fr), Cedex, Francia

¹abitar@lari.gov.lb

INTRODUCCIÓN

El género *Amygdalus* comprende árboles frutales espontáneos y cultivados de gran importancia en la República del Líbano. La diversidad del almendro en este país fue reportada por primera vez por Post y Dinsmore (1932), quienes citaron seis especies de almendro. Estas fueron, *Prunus amygdalus* Batsch., *Amygdalus korschinskyi* Hand., *A. orientalis* Mill., *A. kotschy* Boiss, *A. spartioides* Spach y *A. Lycioides* Spach. Una reciente revisión taxonómica realizada por Talhouk *et al.* (2000) confirmó la presencia de sólo *P. amygdalus*, *A. korschinskyi* y *A. orientalis*. De hecho, durante la década pasada, las especies silvestres estuvieron amenazadas por las pasturas, el sobrepastoreo y la expansión de tierras agrícolas. Además, las variedades locales fueron gradualmente erosionadas por las recientes introducciones de cultivares foráneos. Al respecto, una reciente investigación en campo sobre las especies de *Amygdalus* en el Líbano, encontró 4 especies silvestres, *A. communis*, *A. orientalis*, *A. korschinskii*, *A. spartioides* y más de 15 variedades locales (Chehade *et al.*, 2001). En el presente estudio, reportamos un experimento preliminar para optimizar iniciadores microsatélites a fin de evaluar la diversidad genética del almendro silvestre y cultivado del Líbano.

MATERIALES AND MÉTODOS

Se analizó la variación genética de 4 especies silvestres (*A. communis*, *A. korshinskyi*, *A. orientalis*, *A. spartioides*) dsitribuidas en el Líbano, y de 4 variedades locales (Khachabi, Baladi, Halwani double kernels, Metwi) (Talhouk *et al.*, 2000, Chéhadé *et al.*, 2001). Se realizó la extracción de ADN usando hojas jóvenes, según lo descrito por William *et al.* (1990). Se usaron 16 pares de iniciadores de microsatélites de una librería genómica enriquecida CT del cultivar de melocotón Merrill O'Henry. Se cargó 1,5-2 µl del producto PCR denaturado en geles de poliacrialmida al 6%. Para evaluar la información generada por los marcadores SSR, se calcularon las siguientes variables: número de alelos por locus, porcentaje de heterocigosidad observada y esperada, y poder de discriminación. Se midió la distancia genética de acuerdo a Rogers (1972).

RESULTADOS AND DISCUSIÓN

De los iniciadores evaluados, 87,5% generaron productos de amplificación PCR, a partir de las especies de almendro (Tabla 1). Tres amplificaciones PCR revelaron varios loci (18,75%). De los 11 microsatélites de un solo locus, 1 fue monomórfico y 1 ilegible. El número de alelos por locus polimórfico fue de 9 a 20, con un promedio de 13,3. El tamaño del alelo de SSR de un solo locus, fue 84 a 212 pb. La heterocigosidad esperada de los microsatélites polimórficos y leídos se encontró dentro del rango de 0,22-0,91 con un promedio de 0,78. La heterocigosidad observada fue menor a la esperada.

El poder de discriminación estuvo en el rango de 0,32-0,95 con un promedio de 0,85. Estos coeficientes fueron más importantes que los reportados por Dirlwanger *et al.* (2001) en melocotón y cereza.

El dendograma basado en la distancia de Rogers mostró 3 grupos de especies a un coeficiente de 0,48. *A. communis* y *A. korshinskyi* fueron genéticamente más cercanos entre sí, mientras que *A. orientalis* y *A. spartioides* se ubicaron en 2 grupos diferentes (Fig. 1). Por otro lado, las variedades locales se ubicaron en el mismo grupo de la especie silvestre *A. communis*, tal como se esperaba.

Tabla 1. Número de alelos, rango de tamaño, heterocigosidad observada, heterocigosidad esperada y poder de discriminación de microsatélites de almendro.

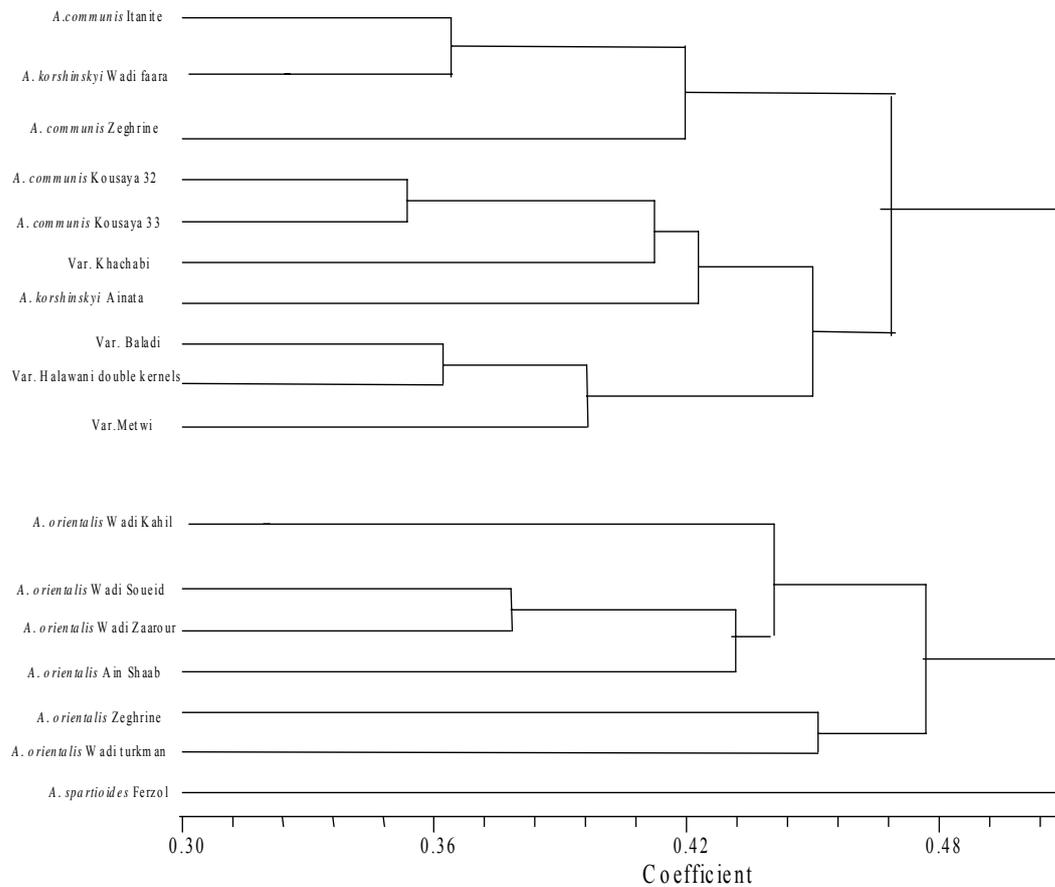
Nombre del SSR	Nº de alelos	Rango de tamaño (pb)	Heterocigosidad observada (Ho)	Heterocigosidad esperada (He)	Poder de discriminación
*BPPCT 001	15	130-188	0,83	0,91	0,94
BPPCT 006	M. P.	110-190			
BPPCT 007	13	129-169	0,62	0,87	0,93
BPPCT 008	M. P.	90-140			
BPPCT 010	14	127-167	0,80	0,87	0,94
BPPCT 011	N. A.				
BPPCT 014	9	181-211	0,67	0,74	0,85
BPPCT 016	Monomórfico	140			
BPPCT 017	N. A.				
BPPCT 024	9	84-100	0,19	0,22	0,32
BPPCT 025	20	153-197	0,95	0,91	0,95
BPPCT 026	14	134-212	0,85	0,87	0,94
BPPCT 028	12	154-180	0,89	0,88	0,94
BPPCT 034	M. P.	150-230			
BPPCT 036	No legible	180-230			
BPPCT 037	14	133-173	0,60	0,80	0,88
Promedio de SSR legibles	13,3		0,71	0,78	0,85

M. P.: Producto múltiple.

* : *Prunus persica* Bordeaux de librería genómica enriquecida CT.

N. A.: No hubo amplificación PCR.

Fig. 1. Dendograma de las distancias de Rogers entre especies de almendro, basado en datos microsatélites.



CONCLUSIONES

El análisis de agrupamiento de las especies de almendro, a partir de data molecular, confirmó la clasificación previa de Browicz y Zohary (1996), la cual se basó en caracterización morfológica, geográfica, especificidades de distribución y ecológicas.

Estos resultados preliminares indicaron que los marcadores microsatélites sugieren ser adecuados para la caracterización de la diversidad del almendro a nivel interespecífico e intraespecífico.

REFERENCIAS

- Browicz K, Zohary D. 1996. The genus *Amygdalus* L. (Rosaceae): species relationships, distribution and evolution under domestication. *Genetic Resources and Crop Evolution* 43: 229–247.
- Cehade, A; ElBitar, A; Chalak, L. 2001. Caractérisation morphologique de la diversité du genre *Prunus* dans la plaine de la Békaa. *Magon* 1: 4-17.
- Dirlwanger, E; Cosson, P; Tavaud, M; Aranzana, MJ; Poizat, C; Zanetto, A; Araús, P; Laigret, F. 2002. Development of microsatellite markers in peach (*Prunus persica* L. Batsch) and their use in genetic diversity analysis in peach and sweet cherry (*Prunus avium* L.). *Theoretical and Applied Genetics* 105(1): 127-138.
- Post, G; Dinsmore, J. 1932. *Flora of Syria, Palestine and Sinai*. American University Press, Beirut, Lebanon.
- Rogers, JS. 1972. Measures of genetic similarity and genetic distance. *Univ. Texas Publ.* 7213:145-153.
- Talhouk, SN; Lubani, RT; Baalbaki, R; Zurayk, R; AlKhatib, A; Parmaksizian, L; Jaradat, AA; 2000. Phenotypic diversity and morphological characterization of *Amygdalus* L. species in Lebanon. *Genetic Resources and Crop Evolution* 47, 93–104.
- Williams, JG; Kubelik, AR; Livak, KJ; Rafalski, LA; Tingey, SV. 1990. DNA polymorphisms amplified by arbitrary primers are useful as genetic markers. *Nucleic Acids Res* 18:6531–6535.

Genetic diversity of loche (*Cucurbita moschata* Duchesne ex Lam.) cultivated in Lambayeque, Peru assessed with SSR markers

Carlos ARBIZU¹, Raúl BLAS², Roberto UGÁS³

¹Facultad de Agronomía, Universidad Nacional Agraria La Molina (UNALM), Lima, Peru; ²Departamento de Fitotecnia, Facultad de Agronomía, Universidad Nacional Agraria la Molina, Lima, Perú; ³Departamento de Horticultura, Facultad de Agronomía, Universidad Nacional Agraria la Molina, Lima, Perú
¹carbizub@gmail.com, ²rblas@lamolina.edu.pe, ³rugas@lamolina.edu.pe

Abstract

The current research contributes to the knowledge of genetic relationships among loche cultivars (*Cucurbita moschata*) grown in Northern Peru. Ninety eight accessions of loche grown in Lambayeque, and Amazonas, Peru representing the geographical distribution of the crop were selectively and randomly taken for genetic diversity studies by means of 18 Simple Sequence Repeats (SSRs) markers. Additionally 10 accessions of *C. pepo* and *C. maxima* were included in this investigation to determine their relationship with loche. A total of 85 bands were detected. Nei's genetic diversity (0.10) indicates that loche grown in Lambayeque and Amazonas has a low genetic diversity. AMOVA results demonstrate genetic difference between loche cultivated in Lambayeque and Amazonas is little. Vegetative propagation by means of stem cuttings and cultivation in a very restricted geographical area would explain the rather low diversity of the crop. This in turn would suggest that the apparent variation observed in fruit shape may be explained by somatic mutation and/or environmental factors.

INTRODUCTION

Loche is the name given to primitive landraces of *Cucurbita moschata*, grown in the Northern Peruvian west coast of Lambayeque (Andres et al., 2006). That is, *loche* is an unknown edible vegetable in other parts of the Americas. Loche has a high culinary importance on typical salty delicious dishes of Lambayeque. Cultivation of loche however has been at risk lately due to the fact that intensive agriculture dedicated to exportation purposes has been expanded in the Peruvian west coast despite the growing demand of loche both within, and outside Peru for gastronomy purposes. (Andres et al, 2006). Currently, we do not know the genetic diversity of *loche* grown in Lambayeque. Also, we do not know the number of cultivars grown in Northern Peru. Therefore, the main aim of this research is to throw light on the genetic diversity of *loche* by means of molecular markers namely Simple Sequence Repeats (SSRs) in order to dynamize *loche*'s conservation and utilization in Peru.

MATERIALS AND METHODS

Ninety eight accessions of *loche* were considered in the current research. Young leaves of ninety five accessions were collected selectively at flowering stage in the rural communities of Pitipo and Illimo, Lambayeque, Peru during the growing season of 2008; fruits of five accessions were acquired selectively in the Mercado Mayorista de Lima, and two in the market of Lambayeque, Peru. They are called "loche de montaña" (*loche* of the Jungle). Also, the fruit of one accession harvested in Puerto Bermudez, Pasco, was included in this investigation. Furthermore, the fruits of ten accessions grown in Lima and Ica taken at random (*C. maxima* and *C. pepo*) were included in this research to determine their genetic relationship with *loche*. DNA of young fresh leaves of the indicated accessions was extracted at the molecular biology laboratory of UNALM, by means of CTAB method in small scale Doyle & Doyle method (1990). Quantification of the DNA was done electrophoretically on a 1% agarose gel alongside cut and uncut DNA. After that, PCR (Polymerase Chain Reaction) was done using 15 SSR primers designed for *C. moschata* and 3 for *C. pepo* by Gong et al. (2008). Then, electrophoresis was carried out in order to visualize SSR markers. Finally, Dice Coefficient using NTSYS ver.2.1 software and Analysis of Molecular Variance using Arlequin ver. 3.5.1.2 software was performed.

RESULTS AND DISCUSSION

It was possible to distinguish, in the dendrogram, 3 major groups. The first group was formed by *Cucurbita moschata* cultivars from Lambayeque, Amazonas and Pasco. The second included all the accessions of *C. pepo*. The third and last group was formed by the *C. maxima* accessions. Regarding the group of *loche*, two big subgroups are formed: (i) *loche* grown in Lambayeque and Amazonas and (ii) *loche* grown in Pasco. The dendrogram of the cluster analysis showed that *Cucurbita pepo* and *C. moschata* had the closest genetic relationship, previous works of Sanjur et al. (2002) and Gong et al. (2008) reported the same results. As expected, molecular variation within *Cucurbita* sp. showed highly significant differences in gene frequencies. AMOVA analysis of the complete dataset revealed that 93.08% of the variation was attributed to between species of *Cucurbita* sp. A F_{st} value of 0.93 indicates a very big genetic difference among these species of *Cucurbita*. In the second AMOVA analysis, variation among loches grown in Lambayeque and Amazonas was 4.17%; 0.29% of the variation was attributed to between loches within Lambayeque and Amazonas. The genetic variation within loches was 95.54%. The F_{st} value of 0.045 shows genetic difference between loches grown from Lambayeque and Amazonas little and not significant. We found that at a similarity coefficient of 100%, *loche* accessions cultivated in Amazonas grouped together with those grown in Lambayeque. The main reason for this is that stem cuttings used by farmers in Bagua are the same as those used in Lambayeque since farmers who decided to live in Bagua took their vegetative seeds of *loche* over there in order to continue *loche*'s cultivation. Therefore, the little difference that is present between *loche* cultivated in these two localities can be explained by environmental factors. The diversity found in *loche* grown in Lambayeque is low as the genetic diversity of Nei or expected heterozygosity is 0.1. This is explained almost by homogenous plant populations observed in the fields of the rural communities of Pitipo and Illimo, Lambayeque. Given the situation that *loche* is vegetatively propagated, very few clones closely related are being grown in the communities of Pitipo and Illimo as well as in other parts of the country. Thus, there is no change for genetic recombination. Variation in *loche* has probably arisen by somatic mutation which are being maintained and propagated by means of stem cuttings, putative outcrossing between cultivated forms or gene flow with wild forms. Furthermore, they may be maintained and propagated by stems cuttings given that the farmers possess a detailed knowledge of *loche* and preserve its diversity from year to year, identifying and conserving new forms which may occasionally occur. Accession of *loche* grown in Puerto Bermudez (Pasco) is grouped separately from loches cultivated in Lambayeque and Bagua. This fruit presented a pear-shape, very small size (about 12 cm.), no warts and green-yellowish color. Apparently, this might be a different landrace of *loche*. Further investigations are necessary to confirm these first results and to elucidate the evolution of the species, which could be considered a genetic model of a vegetatively propagated crop influenced by human selection and cultural practices. This could help to define accurate strategies for the conservation of genetic resources on a large scale in the northern Peru.

REFERENCES

- Casas, A; Ugas, R; Bustamante, F. 2006. *Loche*: A unique pre-Columbian squash locally grown in North Coastal Peru. In: Proceedings of Cucurbitaceae 2006. G.J. Holmes (eds). Universal Press, Raleigh, North Carolina, USA. P. 333-340
- Doyle, J; Doyle, J.L. 1990. Isolation of plant DNA from fresh tissue. *Focus* 12(1):13-15.
- Gong, L; Stift, G; Kofler, R; Pachner, M; Achner, R; Lelley, T. 2008. Microsatellites for the genus *Cucurbita* and an SSR-based genetic linkage map of *Cucurbita pepo* L. *Theor. Appl. Genet.* 117(1): 37-48.
- Sanjur, OI; Piperno, DR; Casas, A; Wessel-Beaver, L. 2002. Phylogenetic relationships among domesticated and wild species of *Cucurbita* (Cucurbitaceae) inferred from a mitochondrial gene: implications for crop plant evolution and areas of origin. *Proc. Natl. Acad. Sci. U.S.A.* 99:535-540.

Genética

Caracterización molecular de bacterias endofíticas diazotróficas aisladas de *Saccharum* sp (caña de azúcar)

Hebert SOTO GONZALES¹, Dante CHOQUEHUANCA PANCLAS², Nicanor BRAVO CHOQUE³, Alvaro SARMIENTO MENA⁴, Buenaventura CARPIO VASQUEZ⁵, Félix RODRÍGUEZ DÍAZ⁶, Heloiza RAMOS BARBOSA⁷

¹Facultad de Ciencias Biológicas, Universidad Nacional del Altiplano (UNAP), Puno, Perú; ² Post-Grado en Biotecnología, Universidad de São Paulo (USP), São Paulo, Brasil

¹hsoto@usp.br, ²dpanclas@hotmail.com, ³nicabravo@latinmail.com, ⁴alsarme@yahoo.es, ⁵bcarpiov@hotmail.com, ⁶ferodi777@hotmail.com⁶, ⁷hrbarbos@usp.br⁷

Resumen

La caña de azúcar se caracteriza por crecer en suelos con bajas concentraciones de fertilizante nitrogenado, es una planta ideal para el estudio de la fijación de nitrógeno, es así que fue investigada la diversidad genética de bacterias endofíticas fijadoras de N₂ utilizando métodos moleculares, en donde fueron aislados de tejidos internos de raíz, tallo y hoja. Con el secuenciamiento del gen ribosómico 16S rADN fue posible identificar 17 géneros (150 bacterias endofíticas diazotróficas): *Acidovorax*, *Acinetobacter*, *Agrobacterium*, *Azoarcus*, *Bacillus*, *Burkholderia*, *Chryseobacterium*, *Dyella*, *Enterobacter*, *Erwinia*, *Gluconacetobacter*, *Herbaspirillum*, *Klebsiella*, *Pantoea*, *Pseudomonas*, *Stenotrophomonas* y *Rhizobium*. De los tres órganos, el mayor número de aislamientos se obtuvo en la raíz (81 cepas), tallo (57 cepas) y la hoja (12 cepas) quien predominó en los tres órganos fueron los géneros *Enterobacter*, *Klebsiella*, *Pantoea*, *Herbaspirillum* y *Pseudomonas*. Los géneros *Rhizobium*, *Gluconacetobacter*, *Herbaspirillum* y *Burkholderia* fueron aislados en tallo y raíz. La detección con la técnica de Dot-Blot del gen *nifH* se detectó un 95,4 % de los aislados bacterianos.

Abstract

Sugar cane it grows in soils with low concentrations of nitrogen fertilizer, is an ideal plant for the study of nitrogen fixation, so that was investigated the genetic diversity of N₂-fixing endophytic bacteria using molecular methods, where were isolated from inner tissues of root, stem and leaf. With the sequencing of 16S ribosomal rDNA gene was possible to identify 17 genera (150 diazotrophic endophytic bacteria): *Acidovorax*, *Acinetobacter*, *Agrobacterium*, *Azoarcus*, *Bacillus*, *Burkholderia*, *Chryseobacterium*, *Dyella*, *Enterobacter*, *Erwinia*, *Gluconacetobacter*, *Herbaspirillum*, *Klebsiella*, *Pantoea*, *Pseudomonas*, *Stenotrophomonas* and *Rhizobium*. Of the three organs, the majority of isolates obtained in the root (81 strains), stem (57 strains) and leaf (12 strains), who prevailed in the three organs were the genera *Enterobacter*, *Klebsiella*, *Pantoea*, *Herbaspirillum* and *Pseudomonas*. The genera *Rhizobium*, *Gluconacetobacter*, *Herbaspirillum* and *Burkholderia* were isolated in stem and root. The detection with the Dot-Blot technique *nifH* gene was detected 95.4% of bacterial isolates.

INTRODUCCIÓN

El elemento nitrógeno a excepción del agua, es considerado el nutriente más limitante para el crecimiento de plantas en su estado natural (Franco & Döbereiner, 1994). En la atmósfera, se encuentra en grandes cantidades y como elemento químicamente es estable, mas no es asimilable por la mayoría de seres vivos, necesitando su transformación para otra forma combinada que posibilite su asimilación. La caña tiene una elevada capacidad fisiológica para la utilización de nitrógeno (Silveira, 1989), absorbiendo el nitrato y convirtiéndolo en contacto con carbohidratos, en aminoácidos (Fernandes & Rossiello, 1995). En estudios sobre el efecto de la fertilización nitrogenada, Azeredo *et al.*, (1986) observaron que en 20%, de 135 experimentos de campo en el Brasil, fueron observados efectos positivos en incremento de la producción. La asociación entre bacterias diazotróficas y caña de azúcar involucran mecanismos singulares, todavía poco comprendidos (James, 2000). Pocos géneros bacterianos endofíticos fueron aislados y estudiados: *Herbaspirillum* sp (Oliveira *et al.*, 2002), *Enterobacter* sp (Rennie *et al.*, 1982), *Erwinia* sp (Rennie *et al.*, 1982), *Burkholderia* sp (Reis *et al.*, 2004), *Klebsiella* sp (Rennie *et al.*, 1982) y las especies de *Pantoea agglomerans* (Loiret *et al.*, 2004), *Bacillus polymixa* (Rennie *et al.*, 1982) y *Gluconacetobacter diazotrophicus* (Perin *et al.*, 2004). El presente trabajo tiene como finalidad analizar el grado de diversidad genética de bacterias endofíticas fijadoras de nitrógeno que están presentes en plantas de caña de azúcar.

MATERIALES Y MÉTODOS

Material Vegetal. Cultivos de plantas de *Saccharum* sp (caña de azúcar) fueron aplicados con fertilización orgánica y nitrogenada provenientes de las haciendas de San Francisco, Santa Olinda y Agua Blanca, São Paulo - Brasil.

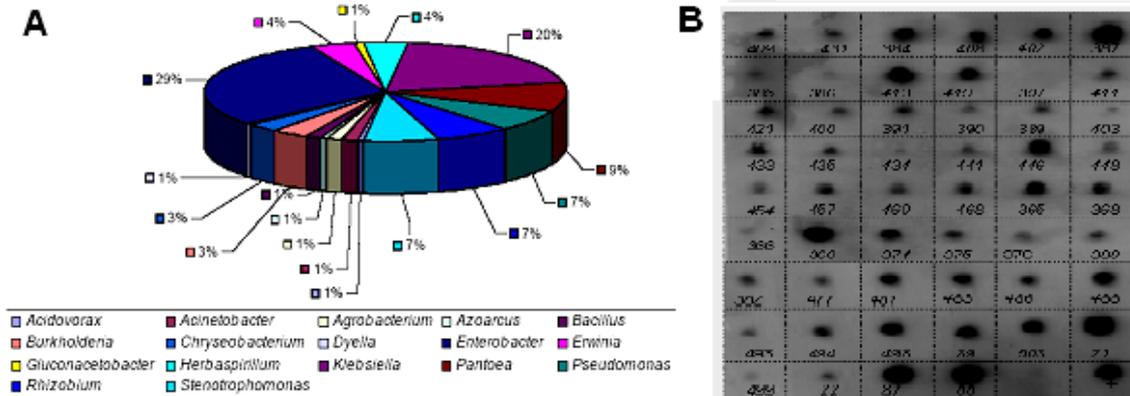
Caracterización morfológica. Se basó en algunas características morfológicas: (a), de las colonias: color, forma, textura, tamaño (b) las células: forma, disposición, las esporas (c) Estructurales: Una característica fisiológica fue considerada: la hora del desarrollo de las colonias y fijación de N₂.

Caracterización molecular. Extracción de ADN de 150 bacterias endofíticas aisladas de caña de azúcar se realizó utilizando el kit comercial de extracción “Wizard Genomic DNA Purification” (Promega, Cat. No. A1120), según instrucciones del fabricante. El ADN se cuantificó utilizando el kit para Cuantificación de ADN Phage λ (Gibco BRL, Cat. No. 14420-012). La amplificación del gen 16S ADNr se realizó mediante la técnica de PCR con primers universales 27F y 1525r (Stackebrandt *et al.*, 1991). El secuenciamiento de ADN, se basó en la incorporación de dideoxinucleótidos marcados con fluoróforos (Sanger *et al.*, 1977). La detección del gen *nifH* de las muestras fue sometida a la técnica de hibridación Dot-blot. Como sonda radioactiva para la detección por Dot-blot, se usó un fragmento purificado de 705 pb de *nifH* amplificado por PCR de *Azospirillum brasilense* SP7 una bacteria fijadora de N₂ y se utilizó controles negativos de ADN de bacterias que no fijan N₂.

RESULTADOS Y DISCUSIÓN

Una planta constituye un complejo micro ecosistema en donde comunidades bacterianas interactúan continuamente, compitiendo por nutrientes y agua en diferentes tejidos del hospedero planta. El número de diferentes especies y la población de una determinada especie dentro de la comunidad son parámetros esenciales para definir su estructura y diversidad (Liu *et al.*, 1979). Estas interacciones pueden ocurrir con microorganismos de vida libre presentes en la rizosfera y los endofíticos están dentro de los tejidos de las plantas sin causar daño en las plantas los géneros de bacterias diazotróficas mas estudiados hasta el momento son: *Herbaspirillum* sp (Dos Reis Jr *et al.*, 2000a), *Azospirillum* sp y *Gluconacetobacter* (Muñoz-Rojas *et al.*, 2005), *Klebsiella* sp y *Enterobacter cloacae* (Lodewyckx *et al.*, 2002), *Pantoea* sp (Loiret *et al.*, 2004) *Burkholderia* sp (Caballero-Mellado *et al.*, 2004), *Bacillus* sp (Lodewyckx *et al.*, 2002). El secuenciamiento del gen ribosómico 16S rADN, es utilizado para la caracterización de la diversidad de organismos endofíticos de café, patata, arroz y trigo (Sessitch *et al.*, 2002; Idris *et al.*, 2004; Verma *et al.*, 2001; Germida *et al.*, 1998). En esta investigación, fueron aislados 150 bacterias endofíticas provenientes de plantas de caña de azúcar (tallo, raíz y hoja) utilizando medios de cultivo selectivos para organismos diazotróficos (NFB, JNFB, LGI y LGD). Para la caracterización se realizó un abordaje polifásico, propuesta por Vandamme (1996). Las técnicas escogidas fueron el secuenciamiento parcial del gen 16S rADN, análisis bioquímico y filogenético. El abordaje polifásico permite la caracterización al nivel molecular, conocer la historia evolutiva del organismo y también proporciona un conocimiento de su fisiología. Varios autores ya utilizan estas técnicas para identificación de microorganismos (Verma *et al.*, 2001). Las secuencias del genes 16S rADN fueron editados para NCBI/Blast (NCBI-Blast, 2007) y el (Ribosomal Database Project II, 2007) para determinar la relación de estos con las secuencias ya depositadas. En total se identificaron 17 géneros: *Acidovorax*, *Acinetobacter*, *Agrobacterium*, *Azoarcus*, *Bacillus*, *Burkholderia*, *Chryseobacterium*, *Dyella*, *Enterobacter*, *Erwinia*, *Gluconacetobacter*, *Herbaspirillum*, *Klebsiella*, *Pantoea*, *Pseudomonas*, *Stenotrophomonas* y *Rhizobium* (Figura 1- A).

Figura 1 (A) y (B). Porcentaje de géneros bacterianos aislados y Detección del gen *nifH* con la técnica de Dot Blot.



De los tres órganos vegetales, el mayor número de aislamientos se obtuvo en las raíces (81 cepas), seguido por el tallo (57 cepas) y hoja (12 cepas). En los tres órganos vegetales, los géneros que más abundaron fueron *Enterobacter*, *Klebsiella*, *Pantoea*, *Herbaspirillum* y *Pseudomonas*. Ya los géneros *Rhizobium*, *Gluconacetobacter*, *Herbaspirillum* y *Burkholderia* fueron aislados sólo en tallo y raíz. El gen *nifH* codifica la Fe-proteína (Fierro-proteína) es parte de el complejo enzimático llamado nitrogenasa que es responsable por la fijación biológica del N₂ (Teixeira, 1997). Este gen esta presente en la mayoría de las bacterias diazotroficas, tiene una secuencia de bases nucleótidicas bien conservada, lo que permite su utilización para estudios de diversidad. En esta investigación el gen *nifH* fue detectado en un 95,4 % (120 bacterias). Se analizaron 120 muestras de bacterias para determinar la presencia del gen *nifH* (Figura1B). En los experimentos de Dot blot fue clasificada visualmente la intensidad de la hibridación considerándose como positivo. Dot-blot fue capaz de detectar el gen *nifH* en la mayoría de las bacterias aisladas (Figura1B) y el hecho que no se haya conseguido el 100 % de bacterias diazotróficas para la presencia del *nifH* sugiere que existe variaciones en la secuencia en estos genes (Gyaneshwar *et al.*, 2001).

REFERENCIAS

- Azeredo, DF; Bolsanello, J; Vieira, J.R. 1986. N₂ na cana planta: doses e fracionamento. STAB, v. 4: 32-36.
- Dos Reis, Jr; Reis, VM; Urquiaga, S; Dobereiner, J. 2000a. Influence of N₂ fertilization on the population of diazotrophic bacteria *Herbaspirillum* spp. and *Acetobacter diazotrophicus* in (*Saccharum* spp.). Plant and Soil, 219: 153-159.
- Fernandes, MS; Rossiello, RP. 1995. Mineral N₂ in plant physiology and plant nutrition. Critical Reviews in Plant Sciences, 14: 111-148.
- Franco, AA; Döbereiner, J. 1994. A biologia do solo e a sustentabilidade dos solos tropicais. Phytopathology. 20: 68-74.
- Germida, JJ; Siciliano, SD; Freitas, R; Seib, AM. 1998. Diversity of root-associated bacteria associated with field-grown canola (*Brassica napus* L.) and wheat (*Triticum aestivum* L.). FEMS Microbiology Ecology, 26: 43-50.
- Gyaneshwar, P; James, EK; Mathan, N; Reddy, PM; Reinhold-Hurek, B; Ladha, JK. 2001. Endophytic colonization of rice by a diazotrophic strain of *Serratia marcescens*. Journal of Bacteriology, 183: 2634-2645.
- Idris, DJ; Pace, B; Stahl, DA; Pace, NR. 2004. Rapid determination of 16S ribosomal RNA sequences for phylogenetic analysis. Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America, 82: 6955-6959.
- James, EK. 2000. Nitrogen fixation in endophytic and associative symbiosis. Field Crops Research, 65: 197-209.

- Liu, HP; Leite, MCC; Wang, SL. 1979. Doenças da cana-de-açúcar no Norte do Brasil. In: Congresso Nacional da Sociedade dos Técnicos Açucareiros do Brasil, 1, São Paulo. Anais... São Paulo: STAB, 227-230.
- Lodewyckx, C; Vangronsveld, J; Porteous, F; Moore, ERB; Taghavi, S; Mezgeay, M; Van Der Lelie, D. 2002. Endophytic bacteria and their potential applications. *Critical Reviews in Plant Sciences*, 21: 583-606.
- Loiret, FG. 2004. A putative new endophytic *Pantoea* sp. from sugarcane. *Journal of Applied Microbiology*, 97: 504-11.
- Muñoz-Rojas, J; Fuentes-Ramirez, LE; Caballero-Mellado, J. 2005. Antagonism among *Gluconacetobacter diazotrophicus* strains in culture media and in endophytic association *FEMS Microbiology Ecology*, 54: 57-66.
- Oliveira, ALM; Urquiaga, S; Döbereiner, J; Baldani, JI. 2002. The effect of inoculating endophytic N₂-fixing nitrogen bacteria on micropropagated sugarcane plants. *Plant and Soil*, 2: 205-215.
- Perin, L; Baldani, JI; Reis, VM. 2004. Diversidade de *Gluconacetobacter* isolada de plantas de cana-de-açúcar. *Embrapa*, 39: 763-770.
- Reis, VM; Estrada-De Los Santos, P; Tenorio-Salgado, SJ; Vogel; Stoffels, M; Guyon, S; Mavingui, P; Baldani, VLD; Schmid, M; Baldani, JI; Balandreau, J; Hartmann, A; Caballero-Mellado, J. 2004. *Burkholderia tropica* sp. nov., a novel nitrogen-fixing, plant-associated bacterium. *International Journal of Systematic and Evolutionary Microbiology*, 54: 2155-2162.
- Rennie, RJ; De Freitas, JR; Ruschel, AP; Vose, PB. 1982. Isolation and identification of N₂-fixing bacteria associated with sugar cane (*Saccharum* sp.). *Canadian Journal of Microbiology*, 28: 462-467.
- Sessitch, A; Reiter, B; Pfeifer, U; Schwab, H. 2002. Response of endophytic bacterial communities in potato plants to infection with *Ewinia carotovora* subsp. *Atroseptica*, *Applied and Environmental Microbiology*, (68)5: 2261-2268.
- Silveira, JAG; Crocomo, OJ. 1989. Sintomas de deficiência de potássio induzidos pelo acúmulo de aminoácidos e amônia em cana-de-açúcar, *Revista Brasileira de Ciência do Solo*, 13: 329-334.
- Stackebrandt, E; Goodfellow, M. 1991. *Nucleic Acid Techniques in Bacterial Systematics*, John Wley & Sons, 23: 329.
- Teixeira, KR. 1997. Bases moleculares e genética da fixação biológica de N₂. *Embrapa-CNPAB*, 32:26.
- Vandamme, P; Pot, B; Gills, M; Devos, P; Kersters, K; Swings, J. 1996. Polyphasic taxonomy, a Consensus Approach to Bacterial Systematics. *Microbiological Reviews*, 60: 407-437.
- Verma, SC; Ladha, JK; Tripathi, K. 2001. Evaluation of plant growth promoting and colonization ability of endophytic diazotrophic from deep water rice, *Journal of Biotechnology*, 91: 127-141.

Biología y autocompatibilidad del polen de sachá inchi (*Plukenetia volubilis* L.)

Hector NORIEGA¹, Manuel Y. RISCO², Danter CACHIQUE¹, Henry RUIZ¹, Reynaldo SOLIS¹, Juan C. GUERRERO³

¹ Programa PROBOSQUES, Instituto de Investigaciones de la Amazonía Peruana, San Martín, Perú; ²Laboratorio de Cultivo de Tejidos Vegetales, Facultad de Ciencias Agrarias, Universidad Nacional de San Martín, Tarapoto, Perú; ³ Departamento de Ciências Biológicas – CEBTEC, Escola Superior de Agricultura São Luiz de Queiroz, Universidade de São Paulo, São Paulo, Brasil

¹risco16@hotmail.com, ³jc.guerrero.abad@usp.br, ²dcachique@gmail.com, ²henryproyecto@gmail.com ²hnoriegav@hotmail.com, ²rsolisleyva@yahoo.com.pe

Resumen

Con el propósito de ampliar estudios sobre biología reproductiva en Sachá Inchi (*Plukenetia volubilis* L.) y determinar un método adecuado para lograr la autofecundación efectiva sobre pies florales femeninos, se ha puesto en estudio la descripción biológica de estructuras internas en botones florales masculinos y la prueba de dos métodos (pincel y sorbete) para lograr la autofecundación. Del estudio sobre la biología reproductiva se conoce que existen 200 botones florales aproximadamente por inflorescencia masculina, 23 anteras por botón floral, 04 tecas por antera, 8 granos de polen por teca. Así mismo los granos de polen se presentan en forma alargada, redondeada hacia los extremos, con un corte transversal medial que va de extremo a extremo, virando de un color transparente a cristalino. Del estudio de autocompatibilidad realizado en 100 pies florales; el método del sorbete resulta ser el más eficiente por mostrar un 90,7% de frutos fecundados en comparación con el 55,20% obtenido por el método de pincel.

Abstract

In order to extend studies about reproductive biology in sachá inchi (*Plukenetia volubilis* L.) and determine an appropriate method to achieve effective self-fertilization of female flowers, we had studied the biological description of internal structures in male flower and tested two methods (brush and straw) to achieve self-fertilization. The study of the reproductive biology allowed us to know that there are approximately 200 flower buds/male inflorescence, 23 anthers/flower bud, 4 nests/anther and 8 grains of pollen/nests. The pollen grains have elongated shape, rounded at the extremes, with a medial cross section that extends from extreme to extreme, turning from transparent color to crystalline. Studies of self-compatibility conducted in 100 flowers indicate that straw method is the most efficient for showing 90,7% fertilized fruits in comparison with 55,20% obtained by the method of brush.

INTRODUCCIÓN

Sachá Inchi (*Plukenetia volubilis* L.), patrimonio cultural de la Amazonía del Perú, utilizada por muchos pobladores de la Amazonía Peruana como parte de su dieta alimenticia, es rica en ácidos grasos esenciales insaturados y viene siendo investigada dentro del proceso de mejora genética. Cabe mencionar que son pocos los trabajos de mejora genética en la especie, existiendo la necesidad de desarrollar e innovar conocimientos y métodos para el mejoramiento genético de sachá inchi. En el presente trabajo de investigación se logra ampliar los estudios sobre biología reproductiva, desarrollada en un inicio por Cachique (2006), enfatizándose el estudio de estructuras masculinas que involucran al polen y el desarrollo de pruebas de autofecundación con métodos sencillos a fin de lograr la autofecundación en sachá inchi.

MATERIALES Y MÉTODOS

Material vegetal. El material vegetal utilizado para ampliar los estudios de biología reproductiva, consistió en racimos florales del estado 4 (Cachique, 2006), colectados del campo de multiplicación del Instituto de Investigaciones de la Amazonía Peruana en San Martín, Centro Experimental PUCAYACU; luego fueron conducidos al Laboratorio de Cultivo de Tejidos Vegetales de la UNSM de Tarapoto, lugar donde se realizó la caracterización de estructuras internas de botones florales comprendidos entre los estados 3 y 4 (Cachique, 2006). Para las pruebas de autofecundación se seleccionaron 100 pies florales femeninos del estado 2 (Cachique (2006) para cada método probado.

Caracterización. Para el conteo de botones florales por inflorescencia, número de anteras, número de tecas, número de granos de polen, dimensiones y caracterización del grano de polen, se utilizó técnicas de microscopía (estereomicroscopio Nikon SMZ645, microscopio Austrius).

Germinación de polen. Se colectaron y se colocaron sobre una solución de sacarosa al 5%, botones florales del estado 4, almacenados a 20 °C. Después de 24 horas los botones florales que alcanzaron la apertura floral fueron desecados por 10 minutos a fin de lograr la dehiscencia de anteras, enseguida se realizó la inoculación de granos de polen sobre un medio de cultivo propuesto por Taylor *et al.*, (1972) en láminas portaobjetos biconcavas e incubados a 20 °C. Después de 24 horas fueron llevados y observados al microscopio compuesto.

Pruebas de autofecundación. Se emascularon plantas adultas con flores pistiladas (estado 2). Para el método del sorbete (cerrado a un extremo) se colocó dentro de él, 8 a 10 flores estaminadas, enseguida se cubrió la flor femenina asegurando la base con algodón y protegiéndola con una bolsa de tela nanzú (9 cm. x 12 cm). Para el método del pincel, se tomaron granos de polen de anteras aperturadas, luego se transfirieron con pequeños roses al estigma de la flor pistilada, protegiéndola con una bolsa de tela nanzú (9 cm x 12 cm).

RESULTADOS Y DISCUSIÓN

De acuerdo a la Figura 1, se reporta en forma concisa la existencia de 23 anteras, conformada por cuatro tecas dehiscentes que protegen 8 granos de polen con dimensiones de 96 x 60 μm . Por otro lado, existe la predominancia de aproximadamente 200 botones por inflorescencia, disponiendo en su totalidad aproximadamente 147 200 granos de polen por cada inflorescencia, siendo numerosa las unidades que podrían estar presentes a nivel de una planta. Este reporte muestra una vez más que la numerosa disponibilidad de granos de polen presentes en una planta de sachá inchi, facilita la polinización cruzada (Cachique, 2006). Para los métodos de polinización controlada se determinó que el método del sorbete resulta ser más eficiente en un 90,70% de frutos fecundados, comparado con un 55,20% de frutos fecundados por el método de pincel.

Fig. 1. A-F: A (10X) botón floral (4^{to} estadio), (10X) exposición de anteras (B), (10X) disponibilidad de cuatro tecas por antera (C), (30X) 8 granos de polen contenidos en una teca (D), (40X) grano de polen con corte transversal (E), (40X) elongación del tubo polínico (12 x 120 μm) en un periodo de 24 horas (F).

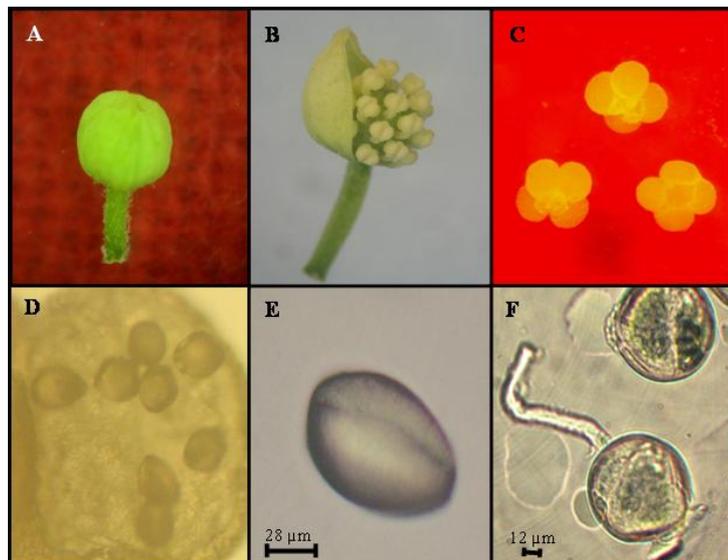


Fig. 2. Método del pincel.



Fig. 3. Método del sorbete.



Tabla 1. Prueba de Duncan ($\alpha=0,05$) para tratamientos correspondiente al porcentaje de frutos fecundados.

Trat.	Descripción de tratamientos	% Frutos fecundados	Signf.
T ₁	Técnica sorbete	90,7	a [‡]
T ₂	Técnica pincel	55,2	b

[‡]Letra indican diferencias significativas ($p<0,05$) entre ellas.

REFERENCIAS

- Cachique, D. 2006. Estudio de la Biología Floral y Reproductiva del Cultivo de Sacha Inchi (*Plukenetia volubilis* L.), E. E. “El Porvenir” – UNSM, Juan Guerra – Perú.
- Taylor, LP; Hepler, PK. 1972. Pollen germination and tube growth. Annual Review of Plant Physiology and Plant Molecular Biology. 48: 461-91.

Determinación del número cromosómico y contenido de flavonoides y fenoles en *Caesalpinia spinosa* “Tara” de la localidad de Humancocha, provincia de Tarma (Junín)

¹Diego ORIHUELA, ²José LINARES, ³Yvette VILLAFANI, ⁴Shary RÍOS, ⁵Raquel ORE, ⁶Juan TRABUCO, ⁷María SILES, ⁸Alberto LÓPEZ

^{1,2,3,4,7,8} Laboratorio de Citogenética, Facultad de Ciencias Biológicas, Universidad Nacional Mayor de San Marcos (UNMSM), Lima, Perú; ^{5,6} Laboratorio de Radicales-Antioxidantes y Productos Naturales, Centro de Investigación Bioquímica y Nutrición, Facultad de Medicina, Universidad Nacional Mayor de San Marcos (UNMSM), Lima, Perú ¹diegoot_13@hotmail.com, ²jrlinearesgonzales@gmail.com, ³holygirl3_666@hotmail.com, ⁴shary49cam@hotmail.com; ⁵kelaore@yahoo.es, ⁷mariansi@hotmail.com, ⁸alopezs@unmsm.edu.pe

Resumen

Con el objetivo de conocer las características citogenéticas y bioquímicas de la Tara, que permitan posteriormente plantear alternativas de mejora para el manejo y conservación de este recurso, es que se presenta en este primer reporte el número y características cromosómicas, así como el contenido de flavonoides y fenoles totales de ejemplares de tara de la localidad de Humancocha (Tarma, Junín). Se reporta un número cromosómico de $2n=24$, siendo la mayoría cromosomas metacéntricos. Los flavonoides totales fueron de 0,755 mg/g en extracto acuoso y 0,530 mg/g en extracto acetónico y los fenoles totales fueron de 403,5 mg/g en extracto acuoso y el extracto acetónico fue de 436,8 mg/g.

Abstract

In order to know Tara cytogenetic and biochemical characteristics, for proposing alternatives to improve the management and conservation of this resource, we presented in this first report, the chromosome number and characteristics, as well as the content of total flavonoids and total phenols of samples of Tara from the locality of Humancocha (Tarma, Junín). A chromosome number of $2n=24$ is reported, most of the chromosomes were metacentric. The total flavonoid content was 0,755 mg/g in aqueous extract and 0,530 mg/g in acetone extract, and total phenol content was 403,5 mg/g in aqueous extract and the acetone extract was 436,8 mg/g.

INTRODUCCIÓN

La tara (*Caesalpinia spinosa*) es una leguminosa originaria del Perú, distribuyéndose en gran parte de la región andina. Los pobladores prehispánicos la utilizaban como sustancia medicinal así como para obtener tintes (De la Cruz, 2004). En el siglo pasado se descubre que posee sustancias útiles para ciertas industrias como la farmacéutica, alimentaria, cosmética entre otras, siendo sus principales productos derivados los taninos y el hidrocoloide. Nuestro país se ha convertido en el primer exportador de productos derivados de tara; sin embargo, a pesar de la importancia económica y ecológica de este recurso no se cuenta aún con información suficiente sobre su variación bioquímica y citogenética que pueda ser relevante para diseñar una estrategia de conservación. Esta información resulta de gran importancia ya que si las poblaciones son pobres en estructura y variabilidad genética y bioquímica, la producción y productividad de taninos serán bajas e insuficientes para satisfacer las demandas de las industrias tánicas y de hidrocoloides. El presente trabajo reporta el número y características cromosómicas, así como el contenido de flavonoides y fenoles totales de ejemplares de tara de la localidad de Humancocha (Tarma, Junín), como parte de un proyecto que busca determinar las características bioquímicas y citogenéticas de poblaciones silvestres de Tara situadas en distintas localidades de la Provincia de Tarma, pero ubicadas a distintas alturas con la finalidad de conocer el efecto altitudinal y el estado de conservación del recurso.

MATERIALES Y MÉTODOS

La colecta del material biológico se realizó en la localidad de Humancocha, perteneciente al distrito de Tarma (Junín), colectándose vainas de *Caesalpinia spinosa* de poblaciones silvestres de la localidad. Para el análisis citogenético, las semillas se sometieron a un proceso de escarificación durante la noche, inmediatamente después de la recolección. Luego se hicieron germinar hasta obtener raíces de 1 cm de longitud, aproximadamente. Las raíces se tiñeron mediante la técnica de orceína lacto acética 2% seguido de squash para obtener los cromosomas. Las placas se fotografiaron a 1000X, con una cámara digital

incorporada al microscopio digital LABO-GERMANY. La clasificación de los cromosomas se hizo siguiendo la nomenclatura de Levan (1964).

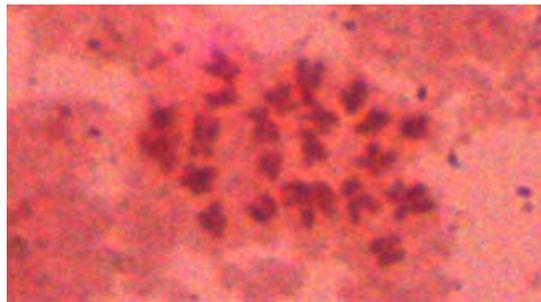
Para el análisis bioquímico, se utilizaron las vainas. Se procedió a la molienda y secado (38° C), y luego fueron procesadas para obtener un extracto acuoso y otro acetónico. La cantidad total de fenoles se determinó con el reactivo de Folin Ciocalteu de acuerdo a Singleton (1999), la cantidad de flavonoides se cuantificó a 730 nm y la de fenoles a 760 nm en un espectrofotómetro a 20 °C.

RESULTADOS Y DISCUSIÓN

El número diploide hallado para *Caesalpinia spinosa* es de $2n=24$ (Fig. 1), encontrándose 8 pares de cromosomas metacéntricos y 4 pares de cromosomas submetacéntricos según la nomenclatura de Levan . Los cromosomas son de tamaño pequeño. Este número coincide con lo encontrado en otras especies de *Caesalpinia*. Se considera que las leguminosas poseen un número base $x=7$ y $x=14$. Sin embargo, la mayoría de especies de *Caesalpinia* muestran $x=12$. Se halló en conteos excepcionales un $2n=22$ junto con $2n=24$, lo cual también ha sido reportado anteriormente en estudios citogenéticos de *C. decapetala* (Cangiano y Bernardillo, 2005).

La fórmula cariotípica muestra cromosomas metacéntricos y submetacéntricos, lo cual es muy común dentro de la subfamilia *Caesalpinioideae* (Cangiano y Bernardello, 2005), considerando a esta subfamilia como primitiva porque sus especies tienden a tener cromosomas pequeños.

Fig 1. Cromosomas metafásicos de *C. spinosa*, $2n=24$, 1000x.



Los fenoles y flavonoides actúan como captadores de radicales libres, por lo cual su presencia indica la existencia de capacidad oxidante de la muestra. Los polifenoles y flavonoides son antioxidantes no enzimáticos que rompen la cadena en la fase lipídica, bloqueando la acción de los radicales libres en las membranas biológicas y las lipoproteínas evitando o previniendo de esa manera el daño oxidativo. La cantidad de flavonoides totales obtenidos del extracto acuoso fue de 0,755mg/g y del acetónico fue de 0,530mg/g. El resultado se expresa como mg de equivalentes de quercetina por gramo de extracto seco de Tara. La cantidad de fenoles totales obtenidos del extracto acuoso fue de 403,5mg/g y del acetónico fue de 436,8mg/g , expresándose como mg de equivalentes de ácido gálico por gramo de extracto seco de Tara. Para el caso de los flavonoides, se obtuvo una mejor extracción en solución acuosa.

REFERENCIAS

- Cangiano, MA; Bernardello, G. 2005. Karyotype analysis in Argentinean species of *Caesalpinia* (Leguminosae). *Caryologia* 58(3): 262-268.
- De la Cruz, P. 2004. Aprovechamiento integral y racional de la tara *Caesalpinia spinosa* – *Caesalpinia tinctoria*. *Rev. Inst. Investig. Fac. Minas Metal Cienc. Geogr.* 7(14) Lima jul-dic. Lima, Perú.
- Levan, A; Fredga, K; Sandberg, A. 1964. Nomenclature for centromeric position on chromosomes. *Hereditas* 52: 201-220.
- Singleton, VL. 1999. Analisis of total phenols and other oxidation substrates antioxidants by means of Folin Ciocalteu reagent. *Meth. In Enzymol.* 299, 152 – 178.

Micropropagación y determinación cromosómica del género *Croton* productor de látex

Astriht RUIZ RIOS¹, María de Lourdes TAPIA Y FIGUEROA²

¹Universidad Nacional de San Martín, Tarapoto, Perú; ²Universidad Nacional Agraria La Molina, Lima, Perú
¹thirtsa_@hotmail.com , ²ltapia@lamolina.edu.pe

Resumen

El presente trabajo de investigación se desarrolló con la finalidad de determinar las diferencias en el desarrollo *in vitro* de yemas provenientes de plantas juveniles de *Croton* productoras de látex, evaluar la respuesta a la aclimatación de plántulas de *Croton* de mejor comportamiento *in vitro* y determinar el número cromosómico de individuos seleccionados del género *Croton* productores de látex.

Abstract

In order to determine differences in the *in vitro* development of *Croton* seedling buds which produce latex, to evaluate the response to *in vitro* seedling acclimatation and to determine the chromosome number of selected individuals from *Croton* latex producer, this research was achieved.

INTRODUCCIÓN

El Perú es un país que tiene amplia diversidad biológica y la propagación de especies que se desarrollan en el bosque en general, tiene a menudo problemas en la producción de plántones, principalmente por el bajo poder germinativo de las semillas y mala aplicación de las técnicas de propagación por estacas e injertos. Esto tiene más trascendencia, cuando se trata de especies que se encuentran en vías de extinción, son valiosas y están sometidas a una alta incidencia de explotación, corriéndose el riesgo de no disponer de árboles semilleros proveedores de material de propagación, como es el caso de la sangre de grado. También existen problemas relacionados con la identificación botánica; hay especímenes que se identifican como *Croton draconoides* por algunos autores y *Croton lechleri* por otros. Además, la calidad del látex está relacionada a tres especies (*Croton draconoides* Muell. Arg., *Croton lechleri* Muell. Arg. y *Croton palanostigma* Klotzch) y existen tres variedades de coloración de látex: ocre, rojo y vino.

MATERIALES Y MÉTODOS

Material vegetal. Plántones de *Croton* productoras de látex rojo y vino ocre.

Medios de cultivo. Se utilizó el medio de cultivo de Murashige y Skoog (1962) con adición de diferentes concentraciones de hormonas de crecimiento previa esterilización por autoclavado a 15 libras de presión por 20 minutos, a 121 °C.

Metodología para la propagación in vitro. Se trabajó con dos tipos de explantes: yemas de plántulas de *Croton draconoides* para determinar el mejor medio de cultivo, y yemas de plántones de *Croton* productoras de látex rojo, vino y ocre, para introducirlos en el mejor medio de cultivo por tratarse del mismo género. Las condiciones de desarrollo en cámara fueron: fotoperíodo de 16/8 horas (luz/oscuridad), temperatura de 25 ± 1 °C y humedad relativa de 90 a 100%.

Aclimatación: Se tomaron 100 plántulas *in vitro* de *Croton* productor de látex vino, con buenas raíces y brotes foliares, utilizando diferentes sustratos previamente autoclavados: tierra agrícola, musgo, arena de río (1:1:1); tierra agrícola, arena de río; tierra agrícola, musgo; musgo, arena de río (1:1).

Caracterización citogenética. Se utilizó meristemos radiculares extraídos de plántones de *Croton* productores de látex rojo, vino y ocre, entre las 10:00 y 11:00 am. Para la prefijación y fijación se utilizó ambush 25EC a 15 µl/100 ml de agua destilada en diferentes tiempos (12, 24 y 48 horas) a 4° C y para la maceración se trabajó con HCl 1N, a temperatura constante y diferentes tiempos (12, 15, 18 minutos). La tinción se realizó con aceto orceína al 2% a diferentes tiempos (20 y 24 horas) y lacto propiónico-orceína entre 3 y 5 horas de coloración, ambos a temperatura ambiente.

RESULTADOS Y DISCUSIÓN

Evaluación del crecimiento de plántula *in vitro* de *Croton* productora de látex. Las plántulas de *Croton* productoras de látex color vino, fueron las que mejor respondieron al cultivo *in vitro*, lo que se manifiesta en el mayor número de hojas, altura y mayor porcentaje de sobrevivencia, en comparación con *Croton* productores de látex color rojo y ocre.

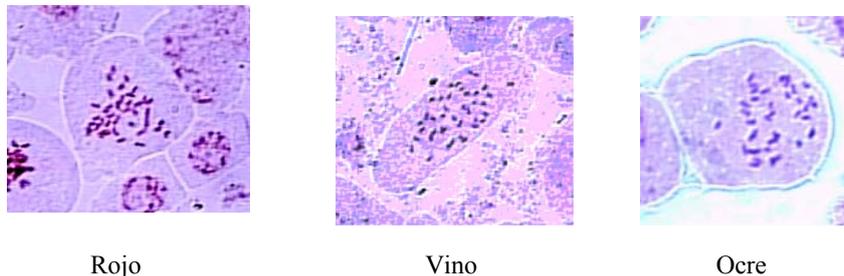
Respuesta a la aclimatación de *Croton* productora de látex color vino. En la aclimatación de plantas de *Croton* productoras de látex color vino se observó que el porcentaje de sobrevivencia, estuvo influenciado por el tipo de sustrato.

El proceso de aclimatación se realizó bajo condiciones de verano, previo enraizamiento de las plántulas en cultivo *in vitro*. El control de patógenos se efectuó con benlate al 0,1% (funguicida), con inmersión de las raíces por 10 minutos previo a la siembra y el uso de biogen 1 al 0,1% como bioestimulante, los cuales fueron muy importantes en la sobrevivencia de las plantas. Se controló la humedad relativa (90 a 95%) para evitar la deshidratación de las plántulas con el uso de riego por nebulización y una temperatura óptima dentro del invernadero. Se evaluó altura de las plantas a los 15 y 30 días de la siembra y porcentaje de plántulas sobrevivientes luego del procedimiento de aclimatación.

Numero cromosómico de individuos seleccionados del género *Croton* productores de látex.

El número cromosómico determinado fue de 40 en *Croton sp* productores de látex rojo, vino y ocre. La hora más adecuada de colección de puntas de raíz es entre las 10:00 y 11:00 am. Durante esta hora ocurre una mayor frecuencia de células metafásicas. El comportamiento de los cromosomas con ambush 25 EC a una concentración de 15 μ l/100 ml por 24 horas fue la más adecuada y se logró una buena pre-fijación y fijación a la vez, pues se obtuvo alta frecuencia de metafase y buena dispersión de los cromosomas.

Fig. 1. Células en estado metafásico de *Croton* productor de látex.



Rojo

Vino

Ocre

REFERENCIAS

- Bidwell, S. 1985. Fisiología Vegetal. 1ra. Edición. AGT Editor SA. 622-625 p.
Darlington, CD; Wylie, AP. 1955. Chromosome Atlas of Flowering Plants. 250 p.
Hartmann, T; Kester, D. 1995. Propagación de Plantas. Principios y Prácticas. México. 42-45 p.

Posibles factores que producen la caída de frutos de *Myrciaria dubia* (H.B.K.) Mc vaugh, “camu camu” durante la fenología reproductiva en la colección “Cinco Cuencas” del Centro Experimental San Miguel - IIAP, Loreto, Perú

Sonia FARRO¹, Mario PINEDO¹, Richard HUARANCA²

Instituto de Investigaciones de la Amazonía Peruana, Programa Manejo Integral del Bosque y Servicios Ambientales, PROBOSQUES, Iquitos, Perú; ²Universidad Nacional de la Amazonía Peruana, Iquitos, Perú
sonifary@hotmail.com, pacc@iiap.org.pe, rijahua@hotmail.com²

Resumen

Se evaluaron plantas de camu camu en cinco cuencas de Loreto (Perú), según el porcentaje de frutos con síntomas de infestación por plagas, la persistencia de frutos en cada una de las cuencas y diámetro de ramas, y la influencia de la precipitación y temperatura en el proceso de caída de frutos según el estado fenológico. En el factor genético, la cuenca del río Putumayo destacó por presentar mayor persistencia de frutos, mayor rendimiento y peso promedio de frutos, así como menor ataque por plagas. Durante el proceso fenológico que duró 12 semanas, la etapa crítica de caída de flores y frutos ocurrió durante las primeras 7, siendo la persistencia de flores del 5,12%. Las plagas observadas son causantes del 9,27% de la caída, siendo el 9,15% causada por *Edessa* sp., y 0,12% por *Conotrachelus dubiae*. El otro 90,73% fue originada por otros factores no determinados. Los factores ambientales de temperatura y precipitación, ejercen una influencia directa e inversamente proporcional a la caída de frutos, respectivamente.

Abstract

Camu camu plants were evaluated in 5 basins of Loreto (Perú), according to the pest infected fruits percentage, fruit persistence in each basin and branch diameter, and precipitation and temperature effects in the process of fruit dropping in phenological stage. In relation to genetic factor, Putumayo River Basin stands out due to the highest persistence of fruits, yield and average fruit weight, as well as the lowest pest attack. During the 12 weeks phenology process, the critical stage of flowers and fruit dropping took place within the first and seventh week, in which flower persistence was 5,12%. Pests produced 9,27% of dropping, 9,15% by the *Edessa* sp. and 0,12% by *Conotrachelus dubiae*. The rest 90,73% was caused by other undetermined factors. Temperature and precipitation environmental factors have a direct and indirect influence on fruit dropping, respectively.

INTRODUCCIÓN

El “camu camu” (*Myrciaria dubia* Mc Vaugh H.B.K.) tiene el contenido de vitamina C más alto que cualquier otra fruta conocida, 3017 mg de ácido ascórbico total/100g de pulpa comestible (Pinedo y De Jong, 2002). La exportación de la pulpa de “camu camu” ha aumentado entre los años 1995-2000, como resultado de su introducción al mercado japonés, aceptación atribuible al contenido de Vitamina C y las funciones nutritivas y metabólicas que esta posee (Pinedo, 2002).

Se ha estimado que el 46% de las flores de *Myrciaria dubia* son polinizadas y el 15% de los frutos inmaduros abortan antes de la madurez. Inga *et al.* encontraron que sólo el 27% de los frutos cuajados persistieron hasta la cosecha en estado maduro. Debido a la importancia que tiene el cultivo del “camu camu” y la poca información existente sobre las causas que producen la caída de frutos, el presente estudio investigó las razones de su ocurrencia durante la fenología reproductiva de este arbusto en una área inundable.

MATERIALES Y MÉTODOS

Se realizó un inventario del estado fenológico reproductivo de las 1200 plantas presentes en el Banco de Germoplasma del Centro Experimental San Miguel (IIAP), procedente de cinco cuencas de Loreto (Putumayo, Napo, Tigre, Curaray e Itaya). De éstas, se eligieron para su evaluación, 25 plantas (cinco por cuenca) en estado de floración incipiente. En cada planta, se marcaron 5 ramas con diámetros entre 1,85 y 3,4 cm. Cada 7 días se evaluaron en cada rama, el número de flores, número de frutos (verdes, pintones y maduros) persistentes, número de frutos caídos. Los frutos caídos se clasificaron según su estado sanitario en: atacados por *Edessa* sp, atacados por *Conotrachelus dubiae* y sanos. Con la información anterior se determinó: producción total de flores, porcentaje de fecundación, porcentaje de frutos abortados y

rendimiento de acuerdo a la cuenca de procedencia. La temperatura media registrada durante el periodo de estudio fue 27,48 °C. La precipitación pluvial, varió a lo largo del periodo de evaluación entre 0,3 mm y 196.6 mm/semana. En el procesamiento de los datos, se efectuaron cálculos estadísticos descriptivos, análisis de varianza y correlaciones, mediante los softwares SPSS e INFO-GEN.

RESULTADOS

Se determinó que en cuanto al factor genético, los individuos procedentes de la cuenca del río Putumayo destacaron por la presencia de mayor persistencia (29,86%) y mayor retención de frutos (31,12% en ramas de 3,4 cm) en las ramas de mayor diámetro.

La fase crítica de caída de flores y frutos durante la fenología reproductiva, ocurrió en las primeras 7 semanas del proceso. La evaluación de la persistencia a nivel de floración nos muestra que el 5,1% de las flores formadas y el 25% de los frutos cuajados llegan a la cosecha. La cuenca que presentó el mayor rendimiento y peso promedio de fruto fue la del Putumayo con 1614 g de producción por rama y 10,95 g por fruto.

Respecto a las causas de la caída de fruta, las plagas observadas son causantes del 9,27% de la caída, de las cuales la principal es *Edessa* sp. El 90,73% se debe a otras causas no determinadas; la plantas del Putumayo presentaron el menor porcentaje de frutos caídos por plagas con el 5,51%. En cuanto a la influencia de los factores ambientales, se observó que la precipitación es inversamente proporcional a la caída de frutos. En cambio, la temperatura ejerció una influencia directamente proporcional ya que en el tiempo de evaluación del estudio, a mayor temperatura correspondió una mayor caída de frutos.

CONCLUSIONES

Las ramas de mayor diámetro, además de producir mayor cantidad de fruto que las ramas más delgadas, también son más eficientes para retener los frutos. El 5,1% de las flores brotadas llegan hasta la maduración del fruto y cosecha. Aunque no se observaron diferencias significativas entre cuencas, el material del río Putumayo mostró la mayor persistencia de frutos a la cosecha (29,86%), siendo el promedio de 25,35%.

La fase crítica de caída tanto de flores como de frutos, ocurrió en las primeras 7 semanas del proceso reproductivo. El 90,73% de la caída de fruto, es atribuible a factores no determinados (nutricionales, hormonales, vientos, lluvias, etc). El 9,27% de la caída fue originada por plagas. La temperatura ejerce una influencia directamente proporcional a la caída de flores, mientras que la precipitación ejerce una influencia inversamente proporcional. Se observaron características superiores en el material del Putumayo, como mayor persistencia de frutos, resistencia a plagas y tamaño grande, las cuales podrían ser estudiadas de manera más profunda para su aplicación en planes de mejoramiento genético y producción de semilla mejorada.

REFERENCIAS

- Inga, H; Pinedo, M; Delgado, C; Linares, C; Mejía, K. 2001. Fenología reproductiva de *Myrciaria dubia* Mc Vaugh H.B.K. (camu camu). Instituto de Investigaciones de la Amazonía Peruana. Programa Manejo Integral del Bosque y Servicios Ambientales – PROBOSQUES. 7pp.
- Pinedo, PM; De Jong, W. 2002. Camu camu (*Myrciaria dubia* McVaugh H.B.K.), arbusto amazónico de áreas inundables con alto contenido de vitamina C. Instituto de Investigación de la Amazonía Peruana. Programa Manejo Integral del Bosque y Servicios Ambientales – PROBOSQUES. 11pp.
- Pinedo, PM. 2002. Sistemas de plantación y mejora genética de camu camu arbustivo – *Myrciaria dubia* – en Loreto, Perú. Instituto de Investigación de la Amazonía Peruana. Programa Manejo Integral del Bosque y Servicios Ambientales – PROBOSQUES. 18pp.

Evaluación del efecto de la azida de sodio en la germinación de las semillas de quinua (*Chenopodium quinoa* Willd) para la inducción de mutaciones

Aura GARCIA¹, Irina PORRAS², Jorge JIMENEZ¹

^{1,2}Escuela de post-Grado, Universidad Nacional Agraria La Molina, Lima, Perú; ³Departamento de Fitotecnia, Facultad de Agronomía, Universidad Nacional Agraria la Molina (UNALM), Lima, Perú

¹auraliz_69@hotmail.com, ²irinicez@lamolina.edu.pe, ³jjimenezd@lamolina.edu.pe

Resumen

La quinua (*Chenopodium quinoa* Willd) es un cultivo nativo de importancia en el Perú por su valor nutritivo y su adaptación a zonas marginales de la sierra peruana. Se hace necesario el empleo de metodologías eficientes para obtener variedades precoces, de alto rendimiento, amplia adaptación, granos de mayor tamaño y bajo contenido de saponina (Gómez *et al.*); que permita tener un mayor volumen de producción fácil de ser comercializado. Los agentes mutagénicos son importantes en el mejoramiento de plantas, principalmente porque pueden causar mutaciones en la estructura genética, aumentando la variabilidad genética y facilitando la tarea de los mejoradores en la búsqueda de genotipos superiores. El objetivo del presente estudio es determinar el efecto de la azida de sodio en la germinación de las semillas de 3 variedades comerciales de quinua (“Rosada de Huancayo”, “Blanca de Hualhuas” y “La Molina 89”) capaz de producir características deseadas agrónomicamente. Se utilizaron 3 niveles de azida de sodio (2.0 mM, 1.0 mM y 0.5 mM) y adicionalmente se tuvieron dos tratamiento control: uno con remojo solo en agua y el otro solo con remojo en solución búfer (pH 3). Se evaluaron cuatro parámetros: germinación, tamaño de raíces, altura de planta y emergencia de plántulas. Se determinó la dosis adecuada de mutagénico que puede causar variaciones favorables en la quinua.

Abstract

The Quinoa (*Chenopodium quinoa* Wild.) is an important native crop in Peru, it has high nutritional value and it is very well adapted to marginal areas of Peruvian highland. It is necessary the use of efficient methodologies in order to obtain early, high yield, wide adaptation, bigger grains and low saponin cultivars (Gomez *et al.*), to increase the grain production suitable for the market. Mutagenic agents are important in plant breeding, mainly because they can cause mutations in the genetic structure, increasing the genetic variability and facilitating the breeding activities searching for superior genotypes. The objective of this study is to determine the effect of sodium azide in the seed germination in three commercial quinoa varieties (“Rosada de Huancayo”, “Blanca de Hualhuas” and “La Molina 89”) suitable to produce desirable agronomically characteristics. It was used three levels of sodium azide (2.0 mM, 1.0 mM and 0.5 mM), one control (just soak in distillate water) and one control buffer solution (pH 3). Four parameters were evaluated: germination percentage, root size, plant height and seedling emergence. The appropriate dose of mutagen was selected having the 20 % reduction or increasing compared with the control.

INTRODUCCIÓN

En el Perú se siembran aproximadamente unas 30,000 ha. de quinua, cantidad insuficiente que no cubre la demanda actual de las exportaciones. La falta de variedades mejoradas es uno de los factores que limitan la productividad de este cultivo. Para la obtención de una variedad comercial se requiere el empleo de cuantiosos recursos humanos y materiales, debido a que en la actualidad son numerosas las características que debe reunir un genotipo para ser introducido en la producción. El mejoramiento mediante inducción de mutaciones ha dado posibilidades de selección de diferentes mutantes en los cultivos. Pero pueden provocar otros efectos colaterales en la planta como cloración, reducción en la germinación, pueden debilitar las plantas, llevando a la esterilidad total o parcial del mismo, puede ser letal, disminuyendo así la oportunidad de conseguir genotipos modificados conforme a la necesidad del mejorador (Silva *et al.*, 1998). La evaluación del efecto de las concentraciones del agente mutagénico Azida sódica en la germinación de las semillas es el paso inicial para la aplicación de los agentes mutagénicos.

MATERIALES Y MÉTODOS

Material Genético. Se utilizó 3 variedades comerciales de quinua: “Blanca de Hualhuas”, “Rosada de Huancayo” y “La Molina 89”

Material experimental. Las semillas de las tres variedades de quinua fueron sembradas en macetas utilizando musgo como sustrato y placas petri.

Tratamientos: Se probaron 3 dosis de Azida de sodio (2.0 mM, 1.0 mM y 0.5 mM) y se tuvieron dos controles (solución buffer pH 3 y agua destilada), es decir se tuvieron 5 tratamientos.

Evaluaciones. Se evaluaron los siguientes factores: Porcentaje de germinación (DBCA, con arreglo factorial, 4 repeticiones) y tamaño de raíces en placas petri; altura de planta y porcentaje de emergencia en macetas. Para la determinación de la dosis adecuada se tomó en cuenta la recomendación del Organismo Internacional de Energía Atómica (Maluszynski *et al.*, 1995), que señala que debe elegirse aquella dosis que ocasione un cambio de por lo menos 20 % con respecto al control en las características evaluadas.

RESULTADOS Y DISCUSIÓN

El análisis estadístico reveló que no existían diferencias significativas para las diferentes fuentes de variación, genotipo y dosis sobre las características evaluadas como porcentaje de germinación y crecimiento de raíces. Sin embargo, de acuerdo con la recomendación del OIEA (Maluszynski *et al.*, 1995), se encontraron diferentes dosis para las diferentes variedades, la respuesta para cada una de las características estuvo muy relacionado al genotipo. Considerando los diferentes concentraciones de azida (2.0 mM, 1.0 mM, 0.5 mM) el porcentaje de germinación fue de 87.17%, 91.47% y 91.25% respectivamente, Silva *et al.*, 1998, evaluando el efecto de la azida sódica (NaN₃) a concentraciones de 10⁻², 10⁻³ y 20⁻³ M observaron efectos drásticos con la concentración 10⁻² M principalmente en la germinación de las semillas, el cual provocó un efecto letal. Por otro lado, se observó que a medida que aumenta la concentración del mutágeno del t2 (1.0 mM) al t1 (2.0 mM) el número de semillas que germinaron fue menor, aunque el t3 (0.5 mM) muestra menor porcentaje de germinación que t2. Santana *et al.*; 1996 manifiestan que altas dosis de mutágeno en el medio de cultivo, trae como consecuencia bajo porcentaje de supervivencia, planteando que concentraciones más bajas, tienen mayor porcentaje de supervivencia, pero con menor probabilidad de encontrar un mutante de valor. En la evaluación de tamaño de raíces, se eligió la dosis de 0.5 mM que corresponde al t3 en las variedades “Blanca de Hualhuas” y “La Molina 89”; para la primera variedad las dosis de 2mM, 1.0mM, 0.5mM de Azida de sodio ocasionaron un cambio de 58.59%, 35.55% y 28.91% respectivamente, y para la segunda variedad ocasionó un cambio de 1.38%, 13.82% y 15.67% respectivamente con respecto al control. En el caso de la variedad “Rosada de Huancayo” las dosis de 2mM, 1.0mM, 0.5mM de Azida de sodio ocasionaron un cambio de 27.34%, 30.10% y 3.11% con respecto al control, se eligió la dosis de 2.0 mM que corresponde al t1. Para el promedio de las tres variedades se eligió la dosis de 1.0 mM (tratamiento 2) que mostró 19.29% de cambio con respecto al control. En la evaluación de altura de planta, para la variedad “Rosada de Huancayo” la dosis de 2.0 mM, 1.0 mM, 0.5mM de Azida de sodio ocasionaron un cambio de 5.02%, 12.60% y 2.1% con respecto al control, se eligió la dosis de 1.0 mM que corresponde al t2. Las dosis de azida de sodio entre 0.5 y 1.0 mM. son las más apropiadas para inducir un cambio genético favorable; sin embargo de acuerdo a los resultados obtenidos es importante tener en cuenta que

REFERENCIAS

- Gómez, L; Romero, L; Jiménez, J; Roldán, A; Eguiluz, A. Mejoramiento de la Quinua (*Chenopodium Quinoa*) mediante Mutaciones Inducidas.
Disponible en: <http://www.rlc.fao.org/es/agricultura/produ/cdrom/contenido/libro14/cap1.5.htm>
- Silva *et al.*, 1998. Agentes mutagénicos da Geração M1 em Trigo Rev. Bras. 126 de Agrociencia v.2 n0 2, 125-129 Mai.-Ago., 1998.
- Santana, I; Nodarse, O; Arencibia, A; Rodríguez, A. 1996. Utilización del α -bromonaftaleno en la inducción de mutaciones en cultivo de tejidos de caña de azúcar. La Habana, Cuba. Caña de Azúcar, Vol. 14(1): 3-14. 1996.
- Maluszynski, M; Ahloowalia, B; Sigurbjorsson, B. 1995. Application of in vivo and in vitro mutation techniques for crop improvement. Euphytica 85: 303-315.

Desarrollo de microsatélites para *Tropaeolum tuberosum* (“Mashua”)

Kelvin HUAMANI¹, Raúl BLAS²

¹Centro Internacional de la Papa, Lima, Perú; ²Instituto de Biotecnología, Universidad Nacional Agraria la Molina, Lima, Perú

¹k.huamani@cgiar.org, ²rblas@lamolina.edu.pe

Resumen

La mashua es un cultivo andino ancestral de múltiple utilidad. Sin embargo, carece de estudios genéticos. Los marcadores SSR son muy versátiles para tales estudios y pueden desarrollarse a partir de la información de 10507 secuencias EST disponibles para el género *Tropaeolum* que se encuentra en la base de datos pública del Genbank. De dichas secuencias, se pudo encontrar 472 pares de iniciadores microsatélite (SSR).

Abstract

Mashua is an ancestral Andean crop with multiple uses. However, genetic studies are scarce. SSR markers are versatile for such studies and can be developed from the information of 10507 EST sequences available for the *Tropaeolum* genera located in the public data base Genebank. From those sequences, 472 SSR primer pairs were found.

INTRODUCCIÓN

La mashua es un cultivo andino ancestral que presenta múltiples propiedades biológicas, siendo su efecto anti afrodisiaco el más conocido. Se suele asociar al cultivo con la oca, olluco y papa, ya que se le da el mismo manejo agronómico. El cultivo es bastante diverso, especialmente en las zonas alto andinas del sur del Perú. La diversidad es conservada en los bancos de germoplasma debido a su gran potencial. Sin embargo, poco se conoce acerca de la genética del cultivo.

En cuanto a los marcadores moleculares, existe una variedad de técnicas que se han incrementado rápidamente después del descubrimiento de la PCR a mediados de 1980. Los marcadores moleculares, basados en la PCR, ampliamente usados son tres: RAPDs (Williams *et al.*, 1990), SSR o microsatélites (Tautz, 1989) y AFLP (Voz *et al.*, 1995). Cada marcador, en cuanto a la técnica, tiene sus propias ventajas y desventajas. Los marcadores SSR requieren información de secuencias para desarrollarlos, aunque muy informativas.

En la actualidad se cuenta con la base de datos Genbank, que contiene 10507 secuencias del género *Tropaeolum*, las que pueden ser usadas con la finalidad de buscar microsatélites para mashua.

MATERIALES Y MÉTODOS

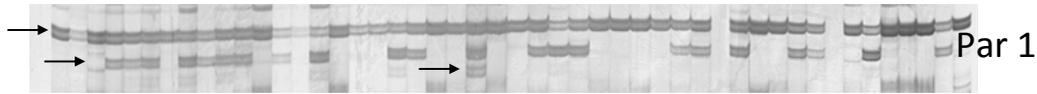
En el 2006 se procedió a la descarga manual de 191 secuencias de *Tropaeolum* (incluyendo a otras secuencias “similares a *Tropaeolum*”), de las cuales se seleccionaron 20 motivos microsatélite para el diseño de iniciadores.

En el 2010 se procedió a la descarga de 10507 secuencias EST mediante un script de python y la eliminación de la redundancia mediante el CAP3, lo cual produjo 971 contigs y 4714 singlets que se utilizaron para la búsqueda de motivos repetidos por el SSR locutor. El diseño de los iniciadores también fue llevado a cabo con el SSR locator (Con un script de perl integrado).

RESULTADOS

De los 20 pares de iniciadores diseñados a partir de los EST del Genbank en el 2006, tres produjeron bandas polimórficas e intensas. En la figura 1 se muestra el polimorfismo de los marcadores microsatélite obtenidos a partir de las secuencias EST del Genbank, para el género *Tropaeolum*, en el 2006. Se muestra las corridas SSR sobre 48 genotipos de mashua provenientes de la localidad de Huánuco.

Fig. 1. Polimorfismo obtenido en 48 entradas de mashua.



De las 10507 secuencias descargadas el 2010, se obtuvo 971 contigs y 4714 singlets empleando el Cap3. Ello resultó en 371 pares de iniciadores SSR que provinieron de los singlets y 101 de los contigs (Tabla 1). Los archivos del proceso de desarrollo de microsatélites se encuentran en el siguiente link.
<https://research.cip.cgiar.org/confluence/display/~KHUAMANI/Microsatelites+para+mashua>
 Esos pares de primers serán sintetizados y probados por intensidad y polimorfismo.

Tabla 1. Selección de secuencias EST en la búsqueda de marcadores microsatélite.

Año	EST	Ensamblaje mediante el Cap3	Diseño de iniciadores
2006	191 EST	-----	20
2010	10507 EST	971 contigs 4714 singlets	101 371

REFERENCIAS

- Tautz, D. 1989. Hypervariability of Simple Sequences as a General Source for Polymorphic DNA Markers. *Nucleic Acid Res*, 17 (16) : 6463-6471.
- Voz, P; Hogers, R; Bleeker, M; Reijans, M; Van der Lee, T; Hornes, M; Frijters, A; Pot, J; Petemamm J; Kuiper, M; Zabeau, M. 1995. ALFP a New Technique for DNA Fingerprinting. *Nucleic Acid Res*, 23 : 4407-4414.
- Williams, JG; Kubelik, AR; Livac, KJ; Rafalski, JA; Tingey, SV. 1990. DNA Polymorphism Amplified by Arbitrary Primers are Useful as Genetic Markers. *Nucleic Acid Res*, 18: 6231-6235.

Identificación y mapeo de caracteres cuantitativos de resistencia a plantas holoparásitas mediante marcadores moleculares

María VALDERRAMA

Programa Profesional de Ingeniería Biotecnológica, Universidad Católica Santa María, Arequipa, Perú; Área de Genética, Escuela de Biología, Universidad Nacional de San Agustín, Arequipa, Perú
marov52@yahoo.com

Resumen

Muchas de las resistencias al ataque de las plantas parásitas están controladas por un sistema poligénico, el que resulta difícil manipular en programas de mejora, por los efectos individuales de cada gen, que conlleva a analizar miles de plantas para obtener el fenotipo recombinante deseado tras un cruzamiento. Para acelerar este proceso, se usa marcadores moleculares a fin de realizar una selección más eficiente. Así, se planteó usar como modelo la búsqueda de genes de resistencia a *Orobanche crenata* (jopo) en *Pisum sp* (guisante) generando una población segregante del cruzamiento de una variedad resistente y otra susceptible, aplicando marcadores moleculares que permitió establecer 17 grupos de ligamiento, sobre los que se buscó la asociación del carácter cuantitativo de resistencia. Se obtuvo un QTL en el grupo de ligamiento II flanqueado por los marcadores OPAE02-525 y OPB15_783 con una longitud de intervalo de 18,4 cM y una acción génica aditiva.

Abstract

Much of the resistance to parasitic plants is controlled by a poligenic system which is difficult to manipulate in improvement programs, due to poligenic systems which are difficult to manipulate for plant breeding programs, due to the individual effects of each gen which leads to the analysis of thousands of plants to obtain the wished recombinant phenotype after a crossing. In order to accelerate this process molecular markers are used to make a more efficient selection. Thus, a model to search genes of resistance to *Orobanche crenata* (jopo) in *Pisum sp* (pea) was proposed. A segregant population from the cross between a susceptible and a resistant variety was generated and molecular markers were applied which allowed the production of 17 linkage groups from which the association with the resistance quantitative character was searched. A QTL in the linkage group II flanked by markers OPAE02-525 and OPB15_783 with a length of interval of 18,4 cM and additive gene action was obtained.

INTRODUCCIÓN

La variación fenotípica debido a la herencia poligénica está condicionada a la variación alélica en distintos loci, cada uno con pequeños efectos relativos denominados QTLs (Quantitative Trait Loci). La mejora de las especies cultivadas poligénicas es un proceso tedioso y caro porque los efectos de los genes individuales que controlan el carácter no pueden ser identificados con rapidez. Pero puede realizarse de un modo más rentable mediante el uso de marcadores que identifiquen las distintas regiones del genoma que influyen en la manifestación del carácter. De esta forma, la selección es más eficiente ya que su expresión es puramente genética y no está enmascarada por el ambiente. El uso de marcadores moleculares en la búsqueda de genes asociados a una resistencia poligénica es recomendado por lo complejo en la manipulación del patógeno o parásito, en la influencia del ambiente o en la expresión de la resistencia en la planta. Son numerosos los estudios de resistencia a enfermedades con marcadores moleculares como los realizados en soja (Yu *et al.*, 1994), guisante (Timmerman *et al.*, 1994) y maíz (Zaitlin *et al.*, 1993). También se han utilizado en la búsqueda de resistencia a plantas parásitas en sorgo (Hausmann *et al.*, 2000) y habas (Román, 2000). La resistencia a jopo, planta parásita que ataca severamente al guisante al igual que a otras leguminosas está controlada por un sistema poligénico y pese a su importancia biológica y económica, resulta difícil de manipular en programas de mejora debido al escaso conocimiento que se tiene de su base genética. Por ello, el objetivo principal del presente trabajo se ha centrado en la búsqueda de marcadores moleculares ligados a los genes de resistencia al jopo (*Orobanche crenata* Forsk.) presentes en los guisantes (*Pisum sp.*).

MATERIALES Y MÉTODOS

Material Genético. Se usó 115 plantas procedentes de la F₂ del cruzamiento de *P. fulvum* (variedad resistente) x *P. sativum* cv Messire (variedad susceptible). El índice de resistencia a Jopo se construyó de los datos obtenidos de sembrar las 115 familias en un diseño alfa látices 13 x 9 con dos repeticiones.

Extracción del ADN. Se usaron hojas jóvenes, de los 115 individuos F₂ y de los parentales, aplicando el protocolo de Lassner *et al.* (1989) modificado por Torres *et al.* (1993). Para la evaluación de la cantidad y calidad, se usó geles de agarosa al 0,8% comparándolo con el peso molecular del Fago lambda de concentraciones conocidas.

Obtención de los grupos de ligamiento. Se utilizaron 666 cebadores RAPD de la casa OPERON Technology, La composición de la mezcla de reacción y las condiciones de amplificación son las descritas por Williams *et al.*, (1990), con ligeras modificaciones de Torres *et al.*, (1993). También se empleó 10 pares de cebadores diseñados por Gilpin *et al.* (1997) y 19 pares de cebadores diseñados por Weeden (1999); el protocolo de amplificación fue tomado de los mismos autores. Para la construcción de los grupos de ligamiento se tomó en cuenta aquellos marcadores que se ajustaron a la segregación 3:1 (RAPD) y 1:2:1 (STS), y se usó el programa MAPMAKER versión 2, considerando los valores de LOD=3 y r=0.4.

Identificación de caracteres cuantitativos (QTL) de resistencia. Para este análisis se utilizaron los datos de los marcadores moleculares de los grupos de ligamiento y los datos obtenidos de índice de resistencia a jopo, utilizando el programa QTL CARTOGRAPHER realizando los métodos Regresión Lineal, análisis de intervalos simple y el análisis de intervalos compuestos.

RESULTADOS Y DISCUSIÓN

Análisis de los marcadores: De los 666 cebadores RAPD se obtuvieron 338 que fueron polimórficos, seleccionando sólo 65 que presentaban 3 o más bandas polimórficas por cebador. Se obtuvo 244 bandas polimórficas claras y consistentes. De los 29 STS testados, 18 mostraron una banda del mismo peso molecular en ambos parentales y 11 resolvieron muchas bandas polimórficas indicando falta de especificidad. A los 18 STS se les sometió a corte con enzimas de restricción (RSA, Hinf I ALU), obteniéndose seis STS codominantes.

Del análisis de segregación de estos marcadores seleccionados, sólo 3 STS y 154 RAPD estuvieron dentro del ajuste esperado. Hay un elevado porcentaje de segregación anómala según Mulcahy (1974) que la atribuye a selección gametofítica o a la competición del polen. Con estas 157 bandas marcadoras se construyó un mapa de ligamiento que constó de 17 grupos de ligamiento, 10 de los cuales tuvieron 5 a 16 marcadores y 7 restantes 2 a 3 marcadores. Estos grupos de ligamiento cubrieron aproximadamente 1603.3 cM del genoma de la especie.

Identificación de QTL: El modelo de regresión simple nos permite encontrar diferencia significativa para tres grupos de ligamiento el II, IX y III, pero los valores de LR más altos corresponden al grupo II (Z12_922, P04_1120, B11_541, AE02_525, B15_783). El método de mapeo de intervalos simples (SIM) nos proporciona los LR más altos para los marcadores ubicados en el Grupo de ligamiento II (P04_1120, B11_541, AE02_525, B15_783), el método de intervalos compuestos nos declara la existencia de un QTL situado entre los marcadores AE02_525, B15_783, ausencia de epistasis, muestra efectos aditivos. Pero el porcentaje de variación explicada por el QTL es baja (15,2%) este valor puede deberse a que en la resistencia a jopo puede estar controlada por muchos genes, como lo ha encontrado por Roman *et al.*, 2001 en *Vicia faba*.

REFERENCIAS

- Gilpin, BJ; McCallum ,JA; Frew, TJ; Timmerman-Vaughn, GM.. 1997. A linkage map of the pea (*Pisum sativum* L) genome containing cloned sequences of known function and expressed sequence tags (ESTs). *Theor Appl Genet* 95: 1289 – 1299.
- Hausmann, BIG,; Hess, DE; Reddy, BVS, Mukuru S. Z, Seetharama N, Kayentao M, Omany G. O, Welz H. G, Geiger H. H . 2000. QTL for striga resistance in sorghum populations derived from IS 9830 and N 13. En: *Proceedings of a Workshop held at IITA, Hausmann BIG, Hess (eds.)*, Ibadan, Nigeria, pp 159 - 171

- Lassner, MW; Peterson, P; Yoder, JI . 1989. Simultaneous amplification of multiple DNA fragments by polymerase chain reaction in the analysis of transgenic plants and their progeny. *Plant Mol Biol Rep* 7:116 - 128
- Mulcahy, DL. 1974. Adaptive significance of gamete competition. En: Linskens H. F (ed.), *Fertilization of higher plant*, 27 - 30. North Holland, Amsterdam.
- Román, B; Torres, AM; Rubiales, D; Cubero, JI; Satovic, Z.. 2001. Mapping of quantitative trait loci controlling broomrape (*Orobanche crenata* Forsk.) resistance in faba bean (*Vicia faba* L.).
- Timmerman, GM; Frew, TJ; Weeden, NF; Miller, AL; Goulden, DS. 1994. Linkage mapping of er, a recessive *Pisum sativum* gene for resistance to powdery mildew fungus (*Erysiphe pisi*). *Theor Appl Genet* 88: 1050 – 1055.
- Torres, AM; Weeden, NF; Martín, A. 1993. Linkage among isozyme, RFLP and RAPD markers in *Vicia faba*. *Theor Appl Genet* 85: 937 – 945.
- Weeden, NF; Tonguc, M; Boone, WE. 1999. Mapping coding sequence in pea by PCR. *Pisum Genetics* 31: 30 – 32
- Yu, YG; Saghai Maroof, MA; Buss, GR; Maughan, PJ; Tolin, SA. 1994. RFLP and microsatellite mapping of a gene for soybean mosaic virus resistance. *Phytopathology* 84: 60 – 64.
- Zaitlin, D; DeMars, S; Ma, Y. 1993. Linkage of rhin, a recessive gene for resistance to southern corn leaf blight, to RFLP marker loci in maize (*Zea mays*) seedlings. *Genome* 36: 555 – 564.

Reverse genetic strategies for vegetatively propagated crops

Bradley J. TILL¹, Souleymane BADO, Owen A. HUYNH, Mirta MATIJEVIC, Joanna JANKOWICZ-CIESLAK

Plant Breeding and Genetics Laboratory, FAO/IAEA Agricultural & Biotechnology Laboratories, Joint FAO/IAEA Division of Nuclear Techniques in Food and Agriculture, International Atomic Energy Agency, Vienna, Austria
¹b.till@iaea.org

Abstract

Induced mutation and natural nucleotide variation are powerful tools for probing gene function and improving traits in plants. Traditional mutagenesis has been widely used in forward genetic strategies and has led to the release of over 3000 mutant plant varieties. Mutagens cause stable point mutations, indels, and larger chromosomal aberrations and thus produce an allelic series of truncation and missense changes that can provide a range of phenotypes. TILLING (Targeting Induced Local Lesions IN Genomes) uses traditional mutagenesis and nucleotide polymorphism discovery methods for a reverse genetic strategy that is high in throughput, low in cost, and applicable to most organisms. In less than a decade, TILLING has moved from a proof of concept to a well accepted reverse genetic method that has been applied to over 20 different species. Large-scale TILLING services have delivered thousands of induced mutations to the international research community. With successes in major crops, it is appropriate to consider reverse genetic strategies for understudied crops important for food security in developing nations. Our group is focusing on vegetatively propagated banana and cassava.

ESTABLISHING REVERSE-GENETICS IN VEGETATIVELY PROPAGATED SPECIES

TILLING combines traditional mutagenesis followed by high-throughput mutation discovery (Colbert *et al.*, 2001; McCallum *et al.*, 2000a). The standard TILLING procedure for crops involves making a large mutant population using a single-seed descent strategy and self-fertilization. Self-fertilization of chimeric M1 plants produces non-chimeric M2 plants. Seed and DNA are stored, creating a library that can be screened for years. Because mutations can be induced randomly throughout the genome, each mutant line will harbor distinct mutations. Any method that can be used to identify single nucleotide mutations and small indels can be used for mutation discovery in TILLING. The first method described was denaturing HPLC (Bentley *et al.*, 2000; McCallum *et al.*, 2000b). A variety of approaches have since been described, including direct sequencing, and enzymatic mismatch cleavage with slab and capillary gel electrophoresis (Tadele *et al.*, 2010). A common approach is enzymatic mismatch cleavage using single-strand specific nucleases followed by denaturing polyacrylamide gel electrophoresis and fluorescence detection using the LI-COR DNA analyzer (Till *et al.*, 2006).

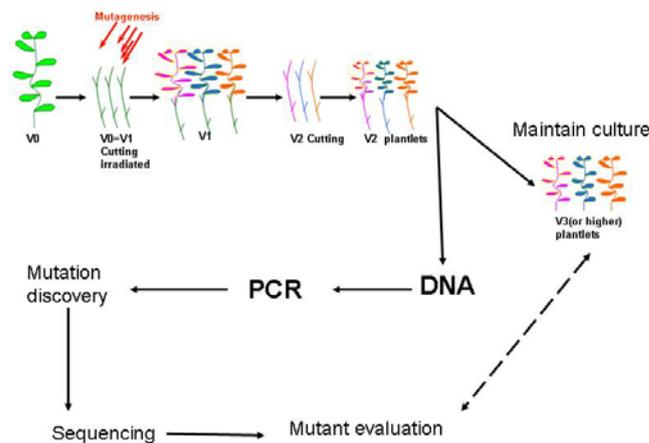
A main concern when considering vegetatively propagated species is the proper dissolution of chimeric tissues to produce a genotypically homogeneous plant. This is challenging because at mutagenesis all cells accumulate different mutations, and plants are only propagated mitotically. To enhance the efficiency of using induced mutations in vegetatively propagated species and to evaluate the efficacy of reverse-genetic strategies in these species, our group has developed mutagenized populations of banana and cassava. Banana populations were produced by isolating meristems and treating with mutagen. To dissolve chimeras, meristems were isolated from plantlets and dissected into two, producing two new plantlets. This process was repeated a total of six times and DNA was isolated from each plant. TILLING screens were performed and induced mutations isolated (unpublished). A similar strategy was performed in cassava using a nodal cutting strategy (Fig. 1). We are in the process of analyzing data from these two projects.

CONCLUSIONS

We expect the pilot work described here to produce valuable information regarding increasing the efficiency of mutagenesis and reverse-genetics for vegetatively propagated species. The spectrum and density of mutations in these populations will inform the scale of future populations. The study of the inheritance of mutations in tissue culture should give information on the long term stability of mutations in

culture. Furthermore, the incidence of accumulation of natural nucleotide polymorphisms will provide important information on the mechanisms of somaclonal variation. We aim to develop protocols and guidelines from this work that can be disseminated to other groups working on vegetatively propagated food security crops.

Fig. 1. A typical TILLING strategy using nodal vegetative propagation. Nodal cuttings (at the V_0 stage) are isolated and mutagenized (becoming the V_1 stage). V_1 tissues are chimeric because of the multicellular composition of the cutting (meristem), making them unsuitable for mutation discovery. V_2 plantlets are produced through nodal cuttings that stimulate secondary meristematic growth thus reducing genotypic complexity of the sample. V_2 plantlets are potentially non-chimeric and likely suitable for TILLING. DNA from each V_2 is collected for mutation screening and V_3 cutting is collected and maintained by subculture as the germplasm stock. DNAs are normalized to a common concentration, arrayed in 96 well plates, and pooled prior to screening to increase screening efficiency. DNAs are screened for mutations by PCR with gene-specific primers of interests followed by mutation discovery via enzymatic mismatch cleavage followed by fluorescence detection using denaturing polyacrylamide gel electrophoresis. Evaluation of the inheritance of induced mutations will provide a means to estimate if the V_2 generation is suitable for TILLING.



REFERENCES

- Bentley, A; MacLennan, B; Calvo, J; Dearolf, CR. 2000. Targeted recovery of mutations in *Drosophila*. Genetics 156; 1169-1173.
- Colbert, T; Till, BJ; Tompa, R; Reynolds, S; Steine, MN; Yeung, AT. 2001. High-throughput screening for induced point mutations. Plant Physiol. 126(2): 80-4.
- McCallum, CM; Comai, L; Greene, EA; Henikoff, S. 2000a. Targeted screening for induced mutations. Nat Biotechnol 18: 455-457.
- McCallum, CM; Comai, L; Greene, EA; Henikoff, S. 2000b. Targeting induced local lesions IN genomes (TILLING) for plant functional genomics. Plant Physiol 123: 439-442.
- Tadele, Z; Mba, C; Till, BJ. 2010. TILLING for Mutations in Model Plants and Crops. In Molecular Techniques in Crop Improvement, S.M. Jain, Brar, D.S., ed. (Springer), pp. 307-332.
- Till, BJ; Zerr, T; Comai, L; Henikoff, S. 2006. A protocol for TILLING and Ecotilling in plants and animals. Nat Protoc 1: 2465-2477.

Estrategias de genética reversa para cultivos de propagación vegetativa

Bradley J. TILL¹, Souleymane BADO, Owen A. HUYNH, Mirta MATIJEVIC, Joanna JANKOWICZ-CIESLAK

Plant Breeding and Genetics Laboratory, FAO/IAEA Agricultural & Biotechnology Laboratories, Joint FAO/IAEA Division of Nuclear Techniques in Food and Agriculture, International Atomic Energy Agency, Vienna, Austria

¹b.till@iaea.org

Resumen

La inducción de mutaciones y la variación natural de nucleótidos son herramientas poderosas para el estudio del funcionamiento de genes y el mejoramiento de plantas. La mutagénesis tradicional ha sido ampliamente utilizada en las estrategias de genética directa y ha conducido a la liberación de más de 3000 variedades de plantas. Los agentes mutagénicos producen mutaciones puntuales estables, indels y mayores aberraciones cromosómicas, generando una serie alélica de cambios trucados y sin sentido que pueden brindar un rango de fenotipos. TILLING (Targeting Induced Local Lesions IN Genomes o Lesiones Locales Inducidas Blanco en Genomas) utiliza la mutagénesis tradicional y los métodos de descubrimiento de polimorfismo de nucleótidos hacia una estrategia de genética reversa que es superior en rendimiento, tiene bajo costo y es aplicable a la mayoría de organismos. En menos de una década, TILLING ha trascendido de una demostración teórica a un método bien aceptado de genética reversa que ha sido aplicado a más de 20 especies diferentes. Los servicios de TILLING a gran escala han proporcionado miles de mutaciones inducidas a la comunidad científica internacional. Con el éxito obtenido en los principales cultivos, es conveniente considerar estrategias de genética reversa para cultivos subestudiados que tienen importancia para la seguridad alimentaria de las naciones en desarrollo. Nuestro grupo de investigación se enfoca en los cultivos de propagación vegetativa de banana y yuca.

ESTABLECIMIENTO DE LA GENÉTICA REVERSA EN ESPECIES DE PROPAGACIÓN VEGETATIVA

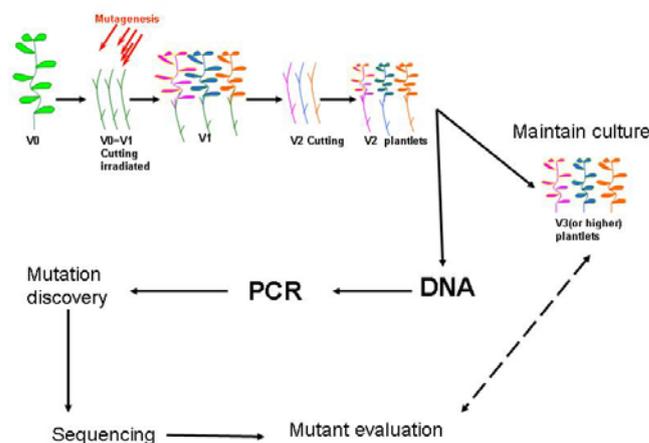
TILLING combina la mutagénesis tradicional seguida de descubrimiento de rendimiento superior de mutaciones (Colbert *et al.*, 2001; McCallum *et al.*, 2000a). El procedimiento estándar de TILLING para cultivos, involucra la producción de una gran población de mutantes mediante una estrategia de descendencia de semilla única y autofecundación. La autofecundación de plantas quiméricas M1 produce plantas no quiméricas M2. Se guardan las semillas y el ADN, creando una librería que puede ser investigada durante años. Debido a que las mutaciones son inducidas al azar a lo largo del genoma, cada línea mutante portará mutaciones distintas. En TILLING, el descubrimiento de mutaciones puede hacer uso de cualquier método que identifique mutaciones de un solo nucleótido y de pequeñas indels. El primer método descrito fue HPLC denaturante (Bentley *et al.*, 2000; McCallum *et al.*, 2000b). Desde entonces, se ha descrito una variedad de alternativas, incluyendo el secuenciamiento directo y el corte enzimático en desapareamientos (EMC o enzymatic mismatch cleavage) con geles de electroforesis convencional y capilar (Tadele *et al.*, 2010). Una alternativa común es el corte enzimático en desapareamientos usando nucleasas específicas a una sola hebra seguido de electroforesis en gel denaturante de poliacrilamida y detección por fluorescencia utilizando el analizador LI-COR de ADN (Till *et al.*, 2006).

Un aspecto importante al considerar especies de propagación vegetativa, es la disolución adecuada de tejidos quiméricos para producir una planta genotípicamente homogénea. Esto es un desafío ya que en la mutagénesis, todas las células acumulan diferentes mutaciones, y las plantas son propagadas sólo mitóticamente. Para incrementar la eficiencia del uso de mutaciones inducidas en especies de propagación vegetativa y para evaluar la eficacia de las estrategias de genética reversa en dichas especies, nuestro grupo ha desarrollado poblaciones mutagenizadas de banana y yuca. Las poblaciones de banana fueron producidas por aislamiento de meristemos y tratamiento con un agente mutagénico. Para disolver las quimeras, se aislaron los meristemos a partir de plántulas que fueron disectadas en dos, produciendo dos nuevas plántulas. Se repitió este proceso un total de seis veces y se aisló el ADN de cada planta. Se realizaron los análisis TILLING y se aislaron las mutaciones inducidas (no publicado). Se llevó a cabo una estrategia similar en yuca utilizando una estrategia de corte nodal (Fig. 1). Actualmente, nos encontramos en el proceso de análisis de datos procedentes de estos dos proyectos.

CONCLUSIONES

Esperamos que este trabajo piloto, produzca información valiosa acerca del incremento de la eficiencia de la mutagénesis y genética reversa para especies de propagación vegetativa. El espectro y densidad de las mutaciones en estas poblaciones indicará el tipo de poblaciones futuras. El estudio de la herencia de las mutaciones en cultivo de tejidos brindará información sobre la estabilidad a largo plazo de las mutaciones en cultivo. Además, la incidencia de la acumulación de polimorfismos naturales nucleotídicos proporcionará información importante acerca de los mecanismos de variación somaclonal. Nuestro objetivo es desarrollar protocolos y guías a partir de este trabajo, que puedan ser difundidas a otros grupos que trabajen en cultivos de seguridad alimentaria de propagación vegetativa.

Fig. 1. Una estrategia típica de TILLING usando propagación vegetativa nodal. Los cortes nodales (en la etapa V_0) son aislados y mutagenizados (convirtiéndose en la etapa V_1). Los tejidos V_1 son quiméricos debido a la composición multicelular del corte (meristemo), siendo inutilizables para el descubrimiento de mutaciones. Las plántulas V_2 son producidas mediante cortes nodales que estimulan el crecimiento meristemático secundario, reduciendo así la complejidad genotípica de la muestra. Las plántulas V_2 son potencialmente no quiméricas y probablemente adecuadas para TILLING. Se colecta el ADN de cada V_2 para la detección de mutaciones, y se colecta los cortes V_3 para mantenerlos mediante subcultivos en calidad de stock de germoplasma. Se normalizan los ADN a una concentración común, se distribuyen en 96 pocillos en placa, y se agrupan previo al análisis para incrementar la eficiencia de la detección. Se analizan las mutaciones de los ADN mediante PCR con iniciadores de interés que son específicos de gen, seguido de descubrimiento de mutaciones vía corte enzimático en desapareamientos, para luego hacer la detección por fluorescencia aplicando electroforesis en gel denaturante de poliacrilamida. La evaluación de la herencia de las mutaciones inducidas constituirá un medio para estimar si la generación V_2 es adecuada para TILLING.



REFERENCIAS

- Bentley, A; MacLennan, B; Calvo, J; Dearolf, CR. 2000. Targeted recovery of mutations in *Drosophila*. *Genetics* 156; 1169-1173.
- Colbert, T; Till, BJ; Tompa, R; Reynolds, S; Steine, MN; Yeung, AT. 2001. High-throughput screening for induced point mutations. *Plant Physiol.* 126(2): 80-4.
- McCallum, CM; Comai, L; Greene, EA; Henikoff, S. 2000a. Targeted screening for induced mutations. *Nat Biotechnol* 18: 455-457.
- McCallum, CM; Comai, L; Greene, EA; Henikoff, S. 2000b. Targeting induced local lesions IN genomes (TILLING) for plant functional genomics. *Plant Physiol* 123: 439-442.

Tadele, Z; Mba, C; Till, BJ. 2010. TILLING for Mutations in Model Plants and Crops. In Molecular Techniques in Crop Improvement, S.M. Jain, Brar, D.S., ed. (Springer), pp. 307-332.

Till, BJ; Zerr, T; Comai, L; Henikoff, S. 2006. A protocol for TILLING and Ecotilling in plants and animals. Nat Protoc 1: 2465-2477.

Biotecnología y Bioseguridad

Transformación genética de papayo Maradol con el gen truncado p1 de PRSV-P

Liz GARCÍA-ZARE¹, Pedro VALADEZ-RAMÍREZ², Salvador GUZMÁN-GONZÁLEZ³ y Laura SILVA-ROSALES⁴

¹Laboratorio de Fisiología y Cultivo de Tejidos Vegetales, Universidad Nacional de Trujillo, Perú; ^{2,3}Laboratorio de Biotecnología, Universidad de Colima, México; ⁴Laboratorio de Interacciones Planta-Virus, CINVESTAV-IPN, Campus Guanajuato, México

¹liz_garciaz@hotmail.com; ²pvaladez84@yahoo.com.mx; ³sguzman@ucol.mx; ⁴lsilva@ira.cinvestav.mx

Resumen

Este estudio se realizó con la finalidad de optimizar la presión de disparo necesaria para los ensayos de transformación genética de embriones cigóticos y somáticos de papayo Maradol con el sistema Helios™ Gene Gun de Biorad y con un cassette de expresión conteniendo el gen truncado *p1* de *Papaya ringspot virus*-P. Ensayos histoquímicos con GUS y de supervivencia en medio de cultivo complementado con higromicina sirvieron como parámetros de evaluación de tal factor físico. La mayor expresión de GUS y el mayor porcentaje de supervivencia en medio de cultivo con higromicina ocurrieron con 200 lb/pulg². El aporte consiste en el uso del sistema biobalístico antes mencionado en papayo, además del gen viral empleado, como caso novedoso.

Abstract

This study was conducted in order to optimize the helium-based shot pressure applied in the current assays of particle bombardment using zygotic and somatic embryos of papaya Maradol as targets with the Helios™ Gene Gun from Biorad and with an expression cassette containing the truncated version of *Papaya ringspot virus*-P's *p1* gene. Histochemical analyses with GUS and survival percentage in culture media with hygromycin were the key evaluation parameters for this physical factor. The highest GUS expression and the highest survival percentage were correlated with the optimal shot pressure. Results showed that 200 lb/pulg² was the optimal value. This work provides and reinforces the ordinary use of this biolistic device in papaya in our labs and the novel application of a non-structural gene of PRSV.

INTRODUCCIÓN

La obtención de plantas de papayo transgénicas resistentes a PRSV-P constituye el método más efectivo para su control en este cultivo. Sin embargo, es necesario primero optimizar los factores físicos y biológicos que influyen en el proceso de la manipulación genética. La presión de disparo es uno de los factores físicos más importantes en biobalística, al influir en el nivel de penetración y distribución de las micropartículas empleadas como acarreadoras del ADN de interés.

MATERIALES Y MÉTODOS

Material vegetal. Se emplearon embriones cigóticos obtenidos de semillas de frutos inmaduros de papayo var. Maradol de 90-100 días de desarrollo colectados de huertas comerciales. Su extracción y cultivo en medio nutritivo se realizaron de acuerdo a Cai *et al.* (1999). Se emplearon además masas de embriones somáticos de tres meses de desarrollo, inducidos a partir de nuevos embriones cigóticos cultivados y mantenidos en las mismas condiciones anteriores.

Vector de transformación. Se utilizó el pCAMBIA1301 recombinante con el cassette de expresión compuesto por el promotor doble 35S de CaMV, la secuencia líder de TEV, una versión truncada en antisentido del gen *p1* de PRSV y el terminador pA 35S de CaMV. Tal vector contiene además el gen *uidA* codificante para GUS y el gen *hpt* que confiere al tejido vegetal resistencia a higromicina. Tal construcción se bautizó como pCAMBIA1301-*p1*.

Transformación genética. Se utilizó el sistema Helios™ Gene Gun de Biorad siguiendo las instrucciones del fabricante. Como caso específico se emplearon 25 mg de micropartículas de oro de 1 µm mezclados con 50 µg de pCAMBIA 1301-*p1*. El sistema se operó a 50, 100, 150 y 200 lb/pulg², con una distancia (pistola-tejido blanco) de 0 cm y disparando por una sola ocasión. Se incluyeron controles negativos

consistiendo de embriones cigóticos intactos (no bombardeados) y además de otras cuatro placas bombardeadas con puras micropartículas (sin ADN).

Tratamientos posbombardeo. Muestras de todos los explantes bombardeados (incluyendo los controles negativos) se procesaron de acuerdo a las instrucciones de un estuche comercial de SIGMA para el ensayo histoquímico con GUS. Se contabilizaron y fotografiaron los explantes con focos azules. Por otro lado, los explantes restantes se subcultivaron mensualmente en medio nutritivo de inducción y mantenimiento con 50 mg/L de higromicina B por hasta un período de tres meses, para finalmente calcular el porcentaje de supervivencia de las mismas. Se consideró como transformado aquel material que mostrara una coloración amarillo intensa. Aquel tratamiento (presión de disparo) que arrojara la mayor cantidad de focos azules y el mayor porcentaje de supervivencia se reconoció como el valor óptimo.

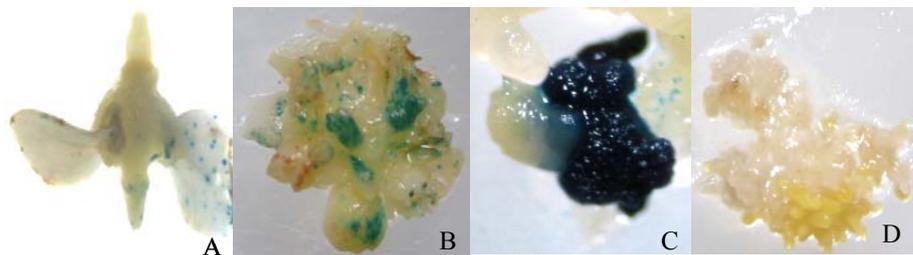
RESULTADOS Y DISCUSIÓN

Material vegetal. La inducción de embriones somáticos ocurrió en el 100% de los embriones cigóticos cultivados, con características adecuadas para el proceso de transformación genética y la regeneración de plantas.

Expresión de GUS. La cantidad de focos azules se correlacionó con la presión de disparo; a medida que se incrementó la presión, también se incrementaron los focos azules. La mayor cantidad de focos azules se registró con 200 lb/pulg² en ambos tipos de embriones, aunque su conteo fue mayor en los embriones somáticos, consistente con lo reportado por Cabrera-Ponce *et al.* (1995). Para los controles negativos no se registró tinción alguna. En el caso de los embriones cigóticos la expresión de GUS fue notoria en los cotiledones, el domo apical o en ambos. El hecho que hubiese expresión en el domo apical es importante, porque esto genera confianza en que todo el callo inducido en medio selectivo sea transformado.

Selección en higromicina. Todos los embriones seleccionados en higromicina formaron callo embriogénico; sin embargo, conforme continuaba el proceso de selección, algunas coloraciones se hicieron evidentes. Tal fue el caso de masas de embriones somáticos blancos y cafés como síntomas de toxicidad del antibiótico y por ende se trató de material no transformado. Por otro lado, las coloraciones marfil y amarillo intenso también fueron registradas. Aún cuando se reporta a la primera coloración como síntoma de supervivencia y de material transformado (Fitch *et al.*, 1990), consideramos prudente considerar como transgénico a únicamente aquel tejido de coloración amarilla. El mayor porcentaje de supervivencia (81%) se registró con 100 lb/pulg², seguido de 61% y 58% con 50 y 200 lb/pulg², respectivamente. Cuantas veces se subcultivaba el material sobreviviente en medio selectivo, la presión de selección fue mayor, pues algunas masas conservaban la coloración u otras se tornaron a blanco y café, de ahí que se haya decidido alargar el proceso de selección por hasta tres meses, para evitar los eventos escape.

Fig. 1. Expresión transitoria de GUS. A. En embrión cigótico. B. En masa de embriones somáticos. C. Expresión estable de GUS en masa de embriones resistente a higromicina. D. Selección en medio con higromicina, mostrando estructuras transformadas (amarillas).



Por el momento, todo el material resistente a higromicina se encuentra en la etapa de germinación con la idea de detectar el transgen específico para corroborar plantas transgénicas.

REFERENCIAS

- Cabrera-Ponce, JL; Vegas-García, A; Herrera-Estrella, L. 1995. Herbicide resistant transgenic papaya plants produced by an efficient particle bombardment transformation method. *Plant Cell Rep.* 15: 1-7.
- Cai, W; Gonsalves, C; Tennant, P; Fermin, G; Souza, M; Sarindu, N; Jan, FJ; Zhu, HY; Gonsalves, D. 1999. A protocol for efficient transformation and regeneration of *Carica papaya* L. *In Vitro Cell Dev. Biol. Plant.* 35: 61-69.
- Fitch, MMM; Manshardt, RM; Gonsalves, D; Slightom, JL; Sanford, JC. 1990. Stable transformation of papaya via microprojectile bombardment. *Plant Cell Rep.* 9: 189-194.

Inducción de callos, regeneración de plántulas *in vitro* y evaluación genética usando RAPD's en *Smallanthus sonchifolius* (Poepp & Endl.) H. Robinson

Germán DE LA CRUZ¹, María de Lourdes TAPIA²

¹Laboratorio de Genética y Biotecnología Vegetal, Escuela de Agronomía, FCA Universidad Nacional de San Cristóbal de Huamanga (UNSCH), Ayacucho, Perú; ²Instituto de Biotecnología, Universidad Nacional Agraria la Molina (UNALM), Lima, Perú

¹german.de.la.cruz@upch.pe; ¹german012@hotmail.com

Resumen

Se evaluó 16 medios de cultivo MS con diferentes niveles de 2,4-D y BA para la inducción de callos *in vitro* a partir de discos foliares, en tres clones de *Smallanthus sonchifolius*, yacón; lográndose en el medio T15 la inducción, proliferación y conservación de callos, subcultivándolos en este medio bajo 22° C y oscuridad total. La organogénesis y regeneración directa de nuevas plántulas a partir de discos foliares de *Smallanthus sonchifolius*, se logró en los medios para inducción de callos T2 y T3 con el clon CAX-8B y en el T3 en el clon HUAN-08. La regeneración indirecta, a través de callos embriogénicos se presentó en los clones AYAC-01 y CAX-8B. Hubo diferencias en los patrones de bandas RAPD's evidenciando la variación genética intraclonal a partir del clon de Ayacucho y Cajamarca.

Abstract

Sixteen media MS had been evaluated using different levels of 2,4-D and BA for *in vitro* callus induction derived from leaf disk in tree clones of *Smallanthus sonchifolius*, yacón. In T15 induction media the callus proliferation and conservation of sub-culturing at 22°C in dark were observed successfully. The regeneration of new plants for direct organogenesis from leaf disk of *Smallanthus sonchifolius* had been achieved on the media for callus induction T2 and T3 in the clone CAX-8B and T2 in the clone HUAN-08. The regeneration for indirect embryogenesis, from callus, was achieved in AYAC-01 and CAX-08-B clones. There were differences in the patterns of bands RAPD's showing the genetics intra-clonal variation in Ayacucho's and Cajamarca's clones.

INTRODUCCIÓN

El yacón produce muy poca semilla botánica y prácticamente sin capacidad de germinación, multiplicándose y propagándose vegetativamente; por lo que el mejoramiento de esta especie vía cruzamiento presenta muchas limitaciones. Por ello el mejoramiento genético del yacón (*Smallanthus sonchifolius*) puede ser enfocado desde el punto de vista biotecnológico a través de la transferencia de genes u otra técnica molecular. Para lo cual es muy importante la etapa de inducción y regeneración de callos *in vitro*, ya que la etapa de micropropagación *in vitro* está prácticamente superada. Sin embargo, aun no se han reportado medios de cultivo y/o protocolos para la inducción y regeneración de callos en esta especie.

MATERIALES Y MÉTODOS

El ensayo se desarrolló entre el laboratorio de Genética y Biotecnología vegetal de la UNSCH – Ayacucho y en el Instituto de Biotecnología (IBT) de la UNALM - Lima, utilizando accesiones de *Smallanthus sonchifolius* procedentes de los Departamentos de Ayacucho (clon AYAC-01), Huánuco (clon HUAN-08) y de Cajamarca (clon CAX-08).

Se inició con la introducción de meristemas *in vitro* de las plantas madre, donadoras de las células y/o tejidos que intervinieron en el proceso, utilizando el protocolo establecido por De la Cruz y Jiménez (1997). A partir de las plántulas establecidas *in vitro* se cultivó discos foliares de 5 mm de diámetro (explante somático) en medios conteniendo diferentes niveles de auxinas y citoquininas (tratamientos) para inducir la formación de callos y/o regeneración directa de plántulas. La distribución de los tratamientos fue de acuerdo al Diseño Experimental Completo Randomizado con arreglo factorial 4(2,4-D) x 4(BA) en cada una de las accesiones de yacón, teniendo como modelo aditivo lineal $Y_{ijk} = U + A_i + C_j + AC_{ij} + E_{ijk}$. Los tratamientos para la inducción de callos y regeneración fueron la combinación de los niveles 2,4-D (0,00; 0,10; 1,00 y 1,50 mg/l) con los niveles de BA (0,05; 0,10; 0,50 y 1,00 mg/l). La capacidad de regeneración de los callos se evaluó en medios sólidos y líquidos de los niveles de AIA

(0,00; 0,10; 0,50 y 1,00 mg/l) en combinación con los niveles de BA(0,00; 0,10; 1,00 y 5,00 mg/g). En la última etapa se evaluó las diferencias genéticas entre las plantas madre y los regenerantes utilizando marcadores RAPD's seleccionados por Mansilla (2001).

RESULTADOS Y DISCUSIÓN

El análisis de los efectos simples de la interacción 2,4-D X BA (p:0.01) y la comparación de medias (DLS 0.01) (Cuadro N°01) reportó que el tratamiento T15 permite la formación de callos con mayor peso fresco a partir de discos foliares. Ninguno de los medios evaluados de regeneración indirecta permitió la obtención de plántulas regeneradas.

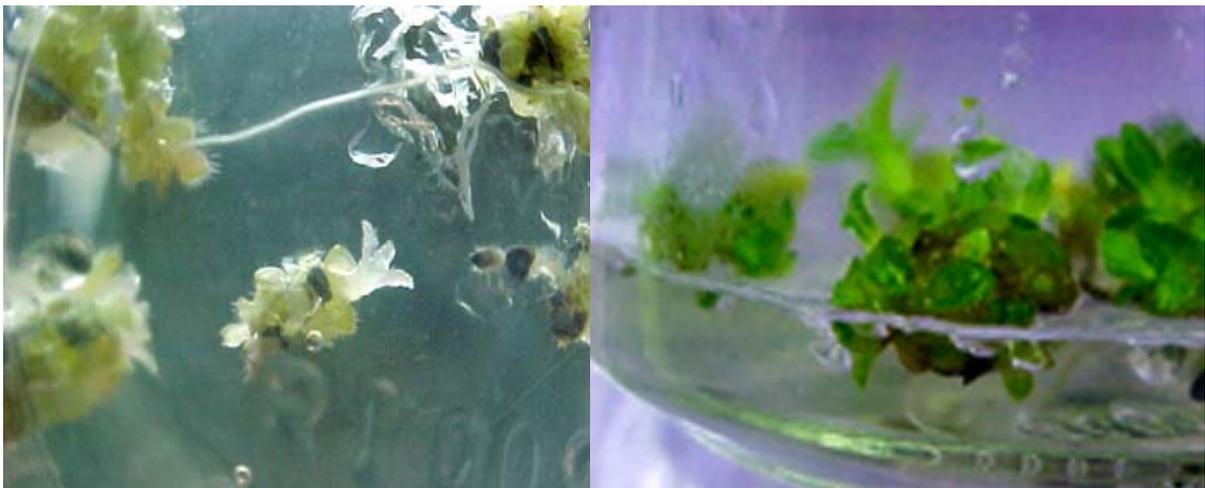
Cuadro 1. Comparación de Medias DLS_{0.01}, del Peso Fresco (mg) de Callos en *Smallanthus sonchifolius*, Clon CAX-08B. La interacción a4c3 corresponde al tratamiento T15 (2,4-D=1.5 ppm + BA=0.5 ppm)

	a1	a2	a3	a4
c1	35,17	47,75	86,96	241,07 ^b
c2	74,40	87,51	87,04	196,94 ^c
c3	99,28 ^b	137,55 ^b	76,56 ^b	552,30 ^a
c4	86,78 ^b	97,31 ^b	56,03 ^b	428,79 ^a

(*)Dos medias con superíndices iguales, no se ha podido probar que sean diferentes estadísticamente. Dos medias con superíndices diferentes, su diferencia es altamente significativa (p:0,01).

La regeneración por organogénesis directa que dio origen a la formación de órganos radiculares sucedió en medios T5, T6, T7 y T8 en el clon HUAN-08. En tanto que en estos mismos medios los clones AYAC-01 y CAX-8B formaron raíces por organogénesis indirecta. La regeneración de nuevas plántulas por organogénesis directa, a partir de discos foliares se logró en los medios T2 y T3 con el clon CAX-08 y en T3 en el clon HUAN-08 bajo condiciones de oscuridad completa y 22°C durante tres meses. El medio E8 permitió la formación de callos embriogénicos y la formación de embriones somáticos globular, acorazonado, torpedo, cotiledonar y proplántulas (Fig. 1).

Fig. 1. (Izquierda) Embriones somáticos inducidos, en diferentes fases a partir de callos en *Smallanthus sonchifolius*, Clon AYAC-01; (Derecha) proplántulas regenerantes.



Se analizaron molecularmente 33 plántulas de yacón: 3 parentales y 22 regenerados por embriogénesis somática indirecta y 8 por organogénesis. Al realizar la caracterización molecular por medio de

marcadores RAPD's utilizando los primers OPR-15, OPA-08, OPB-08 y OPB-18 se detectó variaciones en los patrones de bandas interclonal e intraclonal de los regenerantes por embriogénesis somática indirecta

REFERENCIAS

- De la Cruz, GF; Jiménez, J. 1997. Conservación y Micropropagación *in vitro* de *Polymnia sonchifolia* Poepping & Endlicher. En Libro de Resúmenes IX Congreso Internacional de Cultivos Andinos. Cusco, Perú, Pag. 54.
- Mansilla, R. 2001. Caracterización Genética Molecular de *Smalanthus sonchifolius* (Poepp & End) H. Robinson "yacón" mediante marcadores RAPD's. Tesis. Lic. Biol. UNALM Lima, Perú.

Propagación vegetativa del sachá inchi (*Plukenetia volubilis* L.) mediante enraizamiento de estacas juveniles en cámaras de subirrigación

Henry RUIZ¹, Danter CACHIQUE², Francisco MESÉN³

^{1,2}PROBOSQUES, Instituto de Investigaciones de la Amazonía Peruana, San Martín, Perú; ³Banco de Semillas Forestales del Centro Agronómico Tropical de Investigación y Enseñanza (CATIE), Costa Rica
¹henryproyecto@gmail.com, ²dcachique@iiap.org.pe, ³fmesen@catie.ac.cr

Resumen

En el presente trabajo se evaluó los efectos de dos tipos de sustratos, cinco dosis de ácido-3-indolbutírico, tres longitudes de estacas y cuatro áreas foliares sobre la capacidad de enraizamiento de estacas de *Plukenetia volubilis* L., utilizando cámaras de subirrigación. Se realizaron dos ensayos secuenciales en el vivero del Instituto de Investigaciones de la Amazonía Peruana en San Martín. En el primero se empleó un diseño completamente al azar en parcelas divididas conformado por diez tratamientos, cuatro repeticiones y doce estaquillas por unidad experimental y en el segundo se empleó un diseño completamente al azar con arreglo factorial de tres repeticiones, doce tratamientos y nueve estaquillas por unidad experimental. Se obtuvieron porcentajes de enraizamiento superiores al 90 por ciento. En general la especie puede ser enraizada fácilmente en arena y dosis de AIB de 0.2%, utilizando estacas de 8 cm de longitud con áreas foliares de 50 o 100 cm².

Abstract

This study reports the effects of two rooting media, five concentrations of indolbutyric acid, three cutting lengths and four leaf areas on the rooting ability of juvenile cuttings of (*Plukenetia volubilis* L.), using non-mist propagators. The study was carried out at the Peruvian Amazonian Research Institute in San Martin. Rooting percentages above 90% were obtained. In general, the species can be easily propagated using 8 cm long cuttings with leaf areas of 50 or 100 cm², using sand as rooting medium and a dosis of 0,2% IBA.

INTRODUCCIÓN

El sachá inchi (*Plukenetia volubilis* Linneo), especie nativa de la Amazonía se caracteriza principalmente por ser una fuente importante de omega 3, ya que posee almendras con mayor concentración de ácidos grasos esenciales que ninguna otra especie conocida en el mundo. Sin embargo, su aprovechamiento comercial es aún incipiente, debido a la alta variabilidad genética, que determina una alta heterogeneidad en el rendimiento y contenido de omega 3, lo que vuelve insostenible la producción. Actualmente se está empleando el método de propagación por semilla botánica que aprovecha sólo la porción aditiva de la varianza genética. Sin embargo no es el más indicado para la propagación de plantas madres por estar en función de la recombinación genética. Según Cachique (2006) la planta es de polinización cruzada. En cambio, la propagación vegetativa permite mantener el genotipo intacto y asegurar la conservación de germoplasma valioso; además de multiplicar genotipos superiores y aumentar la ganancia genética en periodos muy cortos (Zobel y Talbert, 1988). Considerando la importancia de sachá inchi en proceso de domesticación y el hecho que aun no se ha definido un método adecuado de propagación por estacas, se realizó la presente investigación con el objetivo de evaluar la influencia de dos tipos de sustrato, cinco dosis de ácido indol-3-butírico, tres longitudes de estacas y cuatro áreas foliares sobre el enraizamiento de estacas juveniles de esta especie, utilizando cámaras de subirrigación.

MATERIALES Y MÉTODOS

El material vegetativo se obtuvo de brotes manejados, localizados en el C.I. "Pucayacu" del IIAP, originados de plantas madres superiores. Para el enraizamiento se utilizaron cámaras de subirrigación que es un propagador basado en el diseño Howland (Mesén *et. al.*, 1996). Para proteger los propagadores de la luz directa del sol y la temperatura, se colocó sobre ellos una malla de 80% de sombra a dos metros del suelo.

En el primer ensayo se probaron dos sustratos para enraizamiento: arena media y grava fina y cinco dosis de (AIB): 0,0; 0,1; 0,2; 0,4 y 0,8%. Se utilizaron estacas basales de 8,0 cm y con una única hoja, la cual fue

podada al 50% para dejar una superficie aproximada de 50 cm². El AIB fue aplicado a la base de las estacas en 10 µl de solución utilizando una micropipeta. Inmediatamente después de la aplicación, se procedió a evaporar el alcohol, antes de colocar en el propagador.

Se utilizó un DCA en parcelas divididas conformado por diez tratamientos, cuatro repeticiones y doce estaquillas por unidad experimental. La parcela grande correspondía a los sustratos y la parcela pequeña a las dosis de AIB.

El segundo ensayo fue realizado un mes después en el cual se evaluaron tres longitudes de estacas: 4,0; 6,0 y 8,0 cm y cuatro áreas foliares: 0, 25, 50 y 100 cm². El proceso de preparación fue similar al descrito anteriormente. La dosis de AIB y el sustrato fueron elegidos de acuerdo a los resultados del primer ensayo. En este caso, se utilizó un diseño completamente al azar con arreglo factorial 3x4 con tres repeticiones.

RESULTADOS Y DISCUSIÓN

Efectos de los sustratos y la dosis de AIB

La prueba de Tukey no detectó diferencias significativas entre sustratos para el porcentaje de enraizamiento, sin embargo, la arena media fue numéricamente superior a la grava fina. Para el número de raíces por estaca, sí detectó diferencias significativas. Asimismo, en las variables longitud de raíz mayor y mortalidad se encontraron diferencias estadísticas.

Estos resultados concuerdan con Wriugh (1964), quien menciona la arena como medio de enraizamiento más conveniente, posiblemente por el mejor balance entre aireación y humedad de las partículas de arena, en comparación a la grava. En cuanto a la prueba de Tukey para dosis de AIB, se puede indicar que en promedio, la dosis 0,2 % presentó el valor más alto numéricamente con 89,58% de enraizamiento, diferenciándose estadísticamente de las demás dosis. En el caso de número de raíces se observa claramente que existe una relación directamente proporcional con la dosis de AIB, obteniéndose el mayor número de raíces para la dosis 0,8 % con una media de 21 raíces. (Leakey *et al.*, 1982 citado por Núñez 1997) mencionan que con respecto a las auxinas, ha sido bien documentado el efecto que tienen las mismas en promover el desarrollo de raíces adventicias en la base de la estaca, por medio de la capacidad de promover la iniciación de primordios radicales y de transportar carbohidratos y cofactores a la base de la estaca.

Efectos de la longitud y área foliar de las estacas

La prueba de Tukey para longitud de estaca en porcentaje de enraizamiento no detectó diferencias estadísticas significativas de la longitud de 8 cm con la longitud de 6 cm diferenciándose estadísticamente de la longitud de 4 cm; en la cual la longitud de 8 cm (87,96%) fue sólo un 6,48% mayor que la longitud de 6 cm y superior en 12,03% a la longitud de 4 cm. Para el promedio del número de raíces, existen diferencias significativas de la longitud de 8 cm con la de 6 cm y 4 cm respectivamente, ya que la longitud de 8 cm logró superar en 25,07 % a la longitud de 6 cm y 68,10% con respecto a la estaca de 4 cm de longitud; estos resultados se pueden atribuir a una mayor cantidad de sustancias de reserva en las estacas de 8 cm de longitud (Mesén y Trejos, 1997).

La prueba de Tukey para el área foliar en porcentaje de enraizamiento no detectó diferencias significativas entre 100, 50 y 25 cm² diferenciándose estadísticamente de 0 cm² (sin área foliar). Las áreas foliares de 100 y 50 cm² presentaron el mayor porcentaje de enraizamiento (100%), superando sólo en un 2,47% al área foliar de 25 cm², y una diferencia bastante alta de 70,37% respecto a las estacas sin área foliar. Para el promedio del número de raíces existen diferencias significativas del área foliar de 100 cm² respecto a las demás áreas, ya que el área foliar de 100 cm² superó a la de 50 cm² en 29,71%, y ampliamente a la de 25 cm² y sin área foliar.

Las hojas tienen efectos contrastantes en el proceso de propagación. Por un lado, el efecto estimulador de las hojas sobre el enraizamiento se ha asociado a la actividad fotosintética de las mismas, lo cual contribuye a proporcionar asimilados a las raíces en desarrollo (Leakey y Coutts, 1989), y a la producción de auxinas y otras sustancias promotoras de enraizamiento (Hartmann y Kester, 1997, Haissig, 1974). El mejor enraizamiento de estacas con mayores áreas foliares, como ocurrió en este estudio, puede atribuirse a la mayor producción fotosintética de las hojas, al mayor suministro de sustancias promotoras del enraizamiento o a ambos factores en conjunto.

REFERENCIAS

- Cachique, D. 2006. Estudio de la Biología Floral y Reproductiva en el Cultivo De Sacha Inchi *Plukenetia volubilis* L. Tesis Ing. Agrónomo, Tarapoto, Perú. Universidad Nacional de San Martín. 70 p.
- Haissig, E. 1974. Influences of auxin and auxin synergists on adventitious root primordium initiation and development. *New Zealand Journal of Forestry Science (N.Z)* 4(2): p 311-323.
- Hartmann, T; Kester, E. 1997. Propagación de plantas: principios y prácticas. Editorial continental S.A. México. 814 p.
- Mesén, F; Leakey, B; Newton, A. 1996. Propagadores de subirrigación: un sistema simple y económico para la propagación vegetativa de especies forestales. En: Avances en la Producción de Semillas Forestales en América Latina. Memorias, Salazar R (ed.), Managua, Nicaragua, 16-20 de octubre 1995. pp. 101-110.
- Mesén, F; Trejos, E. 1997. Propagación vegetativa de San Juan (*Vochysia guatemalensis* Donn. Smith) mediante enraizamiento de estacas juveniles. *Revista Forestal Centroamericana*, 21:19-24.
- Núñez, Y. 1997. Propagación vegetativa del cristóbal (*Platymiscium pinnatum*, Benth); pilón (*Hyeronima alchorneoides*, Allemo) y surá (*Terminalia oblonga*, Ruiz & Pavon) mediante el enraizamiento de estacas juveniles. Tesis Mag. Sc. Turrialba, Costa Rica. Centro Agronómico Tropical de Investigación y Enseñanza. 172 p.
- Wright, W. 1964. Mejoramiento genético de los árboles forestales. FAO. Estudios de Silvicultura y Productos Forestales. N° 16. 436 p.
- Zobel, B; Talbert, J. 1988. Técnicas de mejoramiento genético de árboles forestales. México. Ed. Limusa. 554 p.

Determinación de un método de recolección y conservación de granos de polen en sachá inchi (*Plukenetia volubilis* L.)

Manuel RISCO¹, Danter CACHIQUE², Henry RUIZ², Reynaldo SOLIS², Maria E. RUIZ¹, Juan C. GUERRERO³

¹Laboratorio de Cultivo de Tejidos Vegetales, Facultad de Ciencias Agrarias, Universidad Nacional de San Martín-T, Perú; ²Programa PROBOSQUES, Instituto de Investigaciones de la Amazonía Peruana, San Martín, Perú;

³Departamento de Ciências Biológicas, CEBTEC, Escola Superior de Agricultura São Luiz de Queiroz, Universidade de São Paulo, São Paulo, Brasil

¹risco16@hotmail.com, ³jc.guerrero.abad@usp.br, ²dcachique@gmail.com, ²henryproyecto@gmail.com, ¹mariemiliaruizdlr@hotmail.com, ²rsolisleyva@yahoo.com.pe

Resumen

Con la finalidad de determinar un método de recolección y conservación de granos de polen en sachá inchi (*Plukenetia volubilis* L.), se puso a prueba cinco ecotipos (ecotipo 04, ecotipo 09, ecotipo 14, ecotipo 16, ecotipo 22) en el empleo de dos métodos de colección de granos de polen (antes y después de la antesis) puestos a diferentes condiciones de refrigeración (8°C, -8°C), por periodos de 15, 30 y 45 días. Cabe mencionar que los ecotipos estudiados presentan cierta significancia en la germinación de granos de polen, siendo unos más precoces que otros, asimismo resulta conveniente recolectar botones florales antes y después de la antesis, además resulta adecuado almacenar granos de polen a -8°C cuando se tenga previsto utilizar polen mayor a 30 días de conservación y a 8°C cuando se tenga previsto utilizar polen menor a 30 días de conservación.

Abstract

In order to determine a method of collection and preservation of pollen grains in sachá inchi (*Plukenetia volubilis* L.), we tested five ecotypes (ecotype 04, ecotype 09, ecotype 14, ecotype 16, ecotype 22) in the use of two pollen collection's methods (before and after anthesis) placed at different temperatures (8°C, -8°C) for periods of 15, 30 and 45 days. The ecotypes studied showed some significance in the germination of pollen grains, some ecotypes are more precocious than others. It's suitable to collect flower buds before and after anthesis, also is appropriate to store pollen grains at -8°C when pollen intended for use over 30 days of storage and at 8°C when pollen intended to use is less than 30 days of storage.

INTRODUCCIÓN

Plukenetia volubilis L., especie con amplia potencialidad para la agroindustria de aceites, durante estos últimos años ha establecido mucha importancia debido a sus ácidos grasos polinsaturados tipo omega (3, 6 y 9), que países de la unión europea han visto necesario incorporarlo a la dieta alimenticia, sin embargo para lograr el posicionamiento total es necesario desarrollar estudios que validen la calidad del producto, desde la producción en campo. Los inicios cortos de mejoramiento genético en sachá inchi hace necesario desarrollar metodologías que contribuyan a la mejora genética, tal es así que en el presente trabajo de investigación se plantea determinar un método de colección y conservación de granos de polen en Sachá Inchi, permitiendo así tener a la mano técnicas que permitirán avanzar los procesos de mejora.

MATERIALES Y MÉTODOS

El desarrollo del trabajo de investigación se llevó a cabo en el campo experimental "Pucayacu" del Instituto de Investigaciones de la Amazonía Peruana-San Martín y el Laboratorio de Cultivo de Tejidos Vegetales de la Universidad Nacional de San Martín-Tarapoto. Consistió en recolectar botones florales de cinco ecotipos de sachá inchi (ecotipo 04, ecotipo 09, ecotipo 14, ecotipo 16, ecotipo 22), bajo dos formas (antes de la antesis y después de la antesis).

La recolección antes de la antesis consistió en coleccionar inflorescencias masculinas del estadio 04 (Cachique, 2006) colocadas dentro de sobres de papel kraft y conducidas al laboratorio, enseguida se separaron botones florales próximos a aperturarse y se colocaron en una solución de sacarosa al 5% conservado a 20°C por un lapso de 24 horas. Asimismo la colección después de la antesis consistió en

colectar flores estaminadas entre los estadios 01 y 02 (Cachique, 2006) y con la ayuda de una pinza y una espátula se sujetó la flor estaminada y se generó golpes suaves con la finalidad de que los granos de polen caigan por caída libre dentro de contenedores herméticos de (50mm x100mm, 1mm x 30mm), realizando el mismo procedimiento para los botones florales que estaban acondicionados en una solución de sacarosa al 5%

Los contenedores fueron acondicionados a dos temperaturas (8°C y -8°C) y la prueba de germinación se realizó en 15, 30 y 45 días, el medio de cultivo para la germinación estuvo compuesto de acuerdo a lo propuesto por Taylor *et al.* (1972), colocando el medio de cultivo sobre la superficie cóncava de un porta objetos biconcavo e inoculando cierta cantidad de granos de polen que sujetaba la punta de un pincel. Las láminas porta objetos inoculadas fueron incubados sobre una cámara fría a 20°C. Se evaluó el porcentaje de germinación bajo los diferentes periodos de almacenamiento, así mismo la descripción morfológica de estructuras reproductivas masculinas.

RESULTADOS Y DISCUSIÓN

Independientemente de los efectos principales sobre los momentos de cosecha de polen (antes de la antesis y después de antesis) y temperaturas de conservación (8 °C, -8 °C) estadísticamente no mantienen un efecto significativo que pueda repercutir en la germinación de polen almacenado bajo los diferentes periodos estudiados, sin embargo existe mayor eficiencia en la germinación del polen que es colectado antes de la antesis, y resulta tener mejor conservación a los 8 °C si pretendemos utilizar polen almacenado hasta los 30 días, posteriormente a ello su conservación resultará óptima a -8 °C. Asimismo se resalta aún más la variabilidad genética del sachá inchi al presentar diferente respuesta fisiológica a nivel intraespecífico (Gráfico 1, Tabla 2 y Tabla 3). La respuesta de viabilidad para la germinación de polen dentro de los periodos estudiados mantiene una máxima viabilidad de germinación hasta los 45 días de almacenado para la mayoría de los ecotipos estudiados posibilitándose el incremento del periodo de almacenamiento, a excepción del ecotipo 04 que expresa su máxima viabilidad a los 30 días, disminuyendo asimismo a partir de los 45 días, estas respuestas obedecen principalmente a metabolitos como ácidos grasos sensibles a cambios físicos (Hanna, 1994).

Fig. 1. Prueba de Duncan ($p > 0,01$) para el efecto principal ecotipos (A), evaluados en diferentes periodos de conservación.

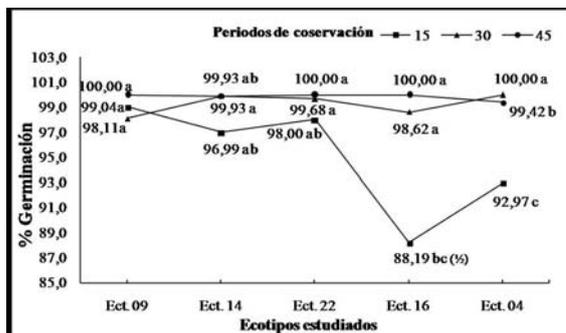


Fig. 2. (½) Prueba de Duncan ($p < 0,01$) letras diferentes (a, b, c) difieren estadísticamente entre sí.

Accesión N° 04: Mishquiyacu-San Martín
 Accesión N° 09: Tumbucumbi-San Martín
 Accesión N° 14: Finto Recodo-San Martín
 Accesión N° 16: Muyny-Loreto
 Accesión N° 22: Tambuyagana-Loreto

Tabla 1. Prueba de Duncan ($p < 0,01$) para la interacción momentos de cosecha x condiciones de conservación (B) x (C), evaluados en diferentes periodos de conservación.

Factor B	Factor C	Periodos de conservación		
		15	30	45
Ant. de la antesis	8°C	97,92 a (9%)	99,32 a	99,89 a
Desp. de la antesis	-8°C	96,18 a	99,2 a	99,95 a
Ant. de la antesis	-8°C	94,59 a	99,89 a	100 a
Desp. de la antesis	8°C	93,84 a	99,55 a	99,91 a

Tabla 2. Prueba de Duncan ($p < 0,01$) para la interacción ecotipos x momentos de cosecha (A) x (B), evaluados en diferentes periodos de conservación.

Factor A	Factor B	Periodos de conservación		
		15	30	45
Ecot. 09	Ant. de la antesis	100 a (4)	100 a	100 a
Ecot. 22	Ant. de la antesis	100 a	100 a	100 a
Ecot. 14	Desp. de la antesis	98,3 ab	100 a	99,74 a
Ecot. 09	Desp. de la antesis	96,22 abc	92,58 a	100 a
Ecot. 04	Desp. de la antesis	95,52 abc	100 a	99,5 a
Ecot. 14	Ant. de la antesis	95,31 abc	99,74 ab	100 a
Ecot. 22	Desp. de la antesis	92,19 bc	98,73 ab	100 a
Ecot. 16	Desp. de la antesis	91,5 bc	100 a	100 a
Ecot. 04	Ant. de la antesis	89,91 bc	100 a	99,34 a
Ecot. 16	Ant. de la antesis	84,42 c	94,54 ab	100 a

Tabla 3. Prueba de Duncan ($p < 0,01$) para la interacción ecotipos x condiciones de conservación (A) x (C), evaluados en diferentes periodos de conservación.

Factor A	Factor C	Periodos de conservación		
		15	30	45
Ecot. 09	-8 °C	99,53 a (4)	97,44 a	100 a
Ecot. 22	-8 °C	98,99 ab	99,61 a	100 a
Ecot. 14	8°C	98,72 abc	99,74 a	100 a
Ecot. 09	8°C	98,36 abc	98,67 a	100 a
Ecot. 22	8°C	96,68 abc	99,74 a	100 a
Ecot. 4	8°C	95,92 abc	100 a	97,74 b
Ecot. 14	-8 °C	94,54 abc	100 a	99,74 a
Ecot. 4	-8 °C	89,30 bc	100 a	100 a
Ecot. 16	-8 °C	88,83 bc	99,35 a	100 a
Ecot. 16	8°C	87,54 c	97,59 a	100 a

REFERENCIAS

- Cachique, D. 2006. Estudio de la Biología Floral y Reproductiva del Cultivo de Sacha Inchi (*Plukenetia volubilis* L.), E. E. "El Porvenir" – UNSM, Juan Guerra – Perú.
- Hanna, W. 1994. Pollen storage in frostless and conventional frost-forming freezers. *Crop Science*. 34:1681-1682.
- Taylor, LP; Hepler, 1972. P. K. Pollen germination and tube growth. *Annual Review of Plant Physiology and Plant Molecular Biology*. v. 48, p. 461-91.

Propagación vegetativa del sacha inchi (*Plukenetia volubilis* L.) mediante injerto, bajo condiciones controladas en San Martín, Perú

Henry RUIZ¹, Leonardo M.D. HIDALGO¹, Marco A. GARCÍA¹, Danter CACHIQUÉ¹, Juan Carlos GUERRERO², Reynaldo SOLIS¹, Francisco MESÉN³

¹Programa PROBOSQUES, Instituto de Investigaciones de la Amazonía Peruana, San Martín, Perú; ²Departamento de Ciências Biológicas (CEBTEC), Escola Superior de Agricultura São Luiz de Queiroz, Universidade de São Paulo, São Paulo, Brasil; ³Banco de Semillas Forestales del Centro Agronómico Tropical de Investigación y Enseñanza (CATIE), Costa Rica

¹henryproyecto@gmail.com, ¹lmdganoza@gmail.com, ¹garciasanchezmarco@gmail.com, ¹dcachique@iiap.org.pe, ²jc.guerrero.abad@gmail.com ³fmesen@catie.ac.cr

Resumen

En el presente trabajo se evaluó los efectos de tres técnicas de injertación y tres sistemas de protección, sobre el prendimiento y crecimiento del injerto en Sacha Inchi (*Plukenetia volubilis* L.). El ensayo se realizó en el vivero del Instituto de Investigaciones de la Amazonía Peruana en San Martín (IIAP); empleando un diseño completamente al azar con arreglo factorial 3x3 conformado por nueve tratamientos, cuatro repeticiones y unidades experimentales de diez plantas injertadas. Al término de 45 días se obtuvo un porcentaje de prendimiento de 100% con púa central, doble lengüeta y empalme protegido con bolsa plástica. La técnica de injertación no influyó significativamente, pero se observó mejor comportamiento en púa central. Se concluye que es posible injertar sacha inchi empleando cualquiera de las tres técnicas con el sistema de protección de bolsa plástica en condiciones de vivero.

Abstract

The effects of three grafting techniques and three security systems on the ignition and growth of the graft in Sacha Inchi (*Plukenetia volubilis* L.) were evaluated. The trial was conducted in the nursery of the Instituto de Investigaciones de la Amazonía Peruana in San Martin, using a randomized complete block design with 3x3 factorial arrangement composed of nine treatments, four replications and experimental units of ten grafted plants. At the end of 45 days, 100% of ignitions was found with barbed central, double tongue and splice protected with plastic bag. The technique of grafting was not significantly, but showed better performances in central stinger. We conclude that it is possible to graft sacha inchi using any of these three techniques with the protection system of plastic bags in nursery conditions.

INTRODUCCIÓN

Plukenetia volubilis, es una especie nativa de la Amazonía con alto potencial para la industria alimentaria, farmacéutica y cosmética, sus semillas son fuentes excepcionales de ácidos grasos polinsaturados con alto porcentaje de omega 3. En los últimos años se ha observado un incremento progresivo de la superficie plantada, pero aún la oferta de semilla mejorada de calidad es exigua y actualmente no se dispone de un protocolo de propagación vegetativa por injerto, el cual es una herramienta en mejoramiento genético para el establecimiento de huertos semilleros clonales. Además, es una alternativa para solucionar problemas fitopatológicos del sistema radicular ya que se combina características del patrón (vigor y resistencia) y del injerto (productividad). Para el desarrollo exitoso existen técnicas y factores que se deben tener en cuenta, entre ellos: compatibilidad entre los tejidos, condiciones fisiológicas del portainjerto, del injerto y un manejo adecuado de las condiciones ambientales (Emhart, 1998; Kalil Filho *et al.*, 2001). Considerando la importancia de la especie y el hecho que aún no existan antecedentes respecto a las técnicas y procedimientos más convenientes para la propagación por injerto, el objetivo de la presente investigación fue desarrollar un protocolo de propagación vegetativa mediante injerto de *Plukenetia volubilis* L., determinando el efecto de técnicas de injertación y sistemas de protección.

MATERIALES Y MÉTODOS

Colecta y preparación de las varas yemeras. El material vegetal fue tomado de individuos de un año y seis meses de la colección del Centro de investigaciones “Pucayacu” del Instituto de Investigaciones de la Amazonía Peruana. Se colectaron brotes vigorosos a primeras horas de la mañana, eliminando las láminas

foliares, dejando trozos de brotes de 30 cm a 40 cm de longitud. Éstos fueron trasladados al área de propagación en hieleras con capas alternas de papel e identificados de acuerdo al origen de la planta.

Portainjertos. Como portainjertos se utilizaron plantas de la misma especie de dos meses de edad. Estas fueron producidas en bolsas almacigueras negras (6 x 12 pulgadas) y al momento de injertar tenían en promedio 80 cm de altura. Previo a la operación del injerto se extrajeron las hojas inferiores y la copa del portainjerto (patrón) dejando un tallo de 12,66 cm de altura con un diámetro del extremo superior promedio de 0,52 cm coincidente con el del injerto.

Injerto. Posteriormente, se procedió a fraccionar los brotes de 40 cm obteniendo 2 a 3 púas de 10 a 15 cm de largo con 3 a 4 yemas axilares potenciales. Los patrones o porta injertos fueron decapitados en la zona de coincidencia de los diámetros con las púas a ser injertadas.

Diseño experimental. La distribución del ensayo siguió un diseño completamente al azar con arreglo factorial 3x3 conformado por nueve tratamientos, cuatro repeticiones y unidades experimentales de 10 plantas injertadas para un total de 360 plantas injertadas, donde se probaron tres técnicas de injertación: púa central, empalme y doble lengüeta y tres sistemas de protección: bolsa plástica, parafina líquida y sin protección. Todo el proceso fue bajo una malla sombreadora de 20% traspaso de luz.

RESULTADOS Y DISCUSIÓN

Efectos de técnicas de injertación. El análisis de varianza en la fuente de variación técnica de injertación, indica que no hubo diferencias estadísticas significativas para todas las variables en estudio. Al analizar la prueba de DLS, no se encontraron diferencias estadísticas significativas en las técnicas de injertación con respecto a todas las variables; mostrando numéricamente mayor porcentaje de prendimiento las técnicas púa central y empalme (56,67%) y mayor porcentaje de mortandad la técnica doble lengüeta (45,83%). Según Hartmann y Kester (1996) el mayor prendimiento en púa central se debe a que los tejidos con capacidad meristemática se colocan en contacto íntimo con tejido similar recién cortado del patrón cicatrizándose muy pronto las heridas. Estos resultados concuerdan con Emhart, 1998 y Kalil Filho *et al.*, 2001, quienes mencionan que el injerto de púa central es uno de los métodos con mayor prendimiento y más empleados para la propagación vegetativa de especies forestales como pinos, eucalipto y caoba. En cuanto al número de brotes y longitud de brotes, también se obtuvo los mejores resultados con la técnica púa central, esto se debe a la cicatrización del tejido patrón y el injerto, donde el cambium forma callo o tejido cicatricial, quedando perfectamente integrados, pudiendo reiniciar su crecimiento, producir brotes, hojas inmaduras (Vázquez *et al.*, 1997).

Efectos de Sistemas de Protección. El análisis de varianza, en la fuente de variación Técnica de Injertación, indica que hubo diferencias estadísticas altamente significativas para todas las variables en estudio. Al analizar la prueba de DLS, se encontraron diferencias significativas en los sistemas de protección, obteniendo la bolsa plástica el mayor porcentaje de prendimiento (100%), mayor número de brotes (2,23) y longitud de brotes (8,17 cm). Según Simon (1998) la bolsa plástica actúa como una cámara húmeda en el injerto limitando el exceso de pérdida de agua, mientras que Koller (1984) indica que la bolsa de polietileno utilizada para cubrir el injerto se destina a mantener la humedad en el aire, evitando la deshidratación de la incisión, sin impedir el intercambio gaseoso de O₂ y CO₂, importante para el éxito del injerto. Los injertos sin protección presentaron mayor diámetro de brotes, debido a que no tuvieron impedimento para su normal desarrollo.

REFERENCIAS

- Emhart, V. 1998. Propagación vegetativa mediante injertos. En: Curso Mejora Genética Forestal Operativa. Roberto Ipinza, Braulio Gutierrez y Verónica Emhart (editores), Valdivia, Chile: 153-166.
- Hartmann, T; Kester, E. 1996. Propagación de plantas: principios y prácticas. Editorial continental S.A. México. 814 p.
- Kalil Filho, AN; Hoffmann, HA; Rodriguez Tavares, F. 2001. Mini-garfagem: Un novo método para a enxertia do mogno sul-americano (*Switenia macrophylla* King). Comunicado Técnico 62. Embrapa Florestas.
- Koller, OC. 1984. Abacaticultura. Porto Alegre: Ed. Da Universidade/UFRGS, 1984. 138p.
- Simon, S. 1998. Tratado de fruticultura. Piracicaba: FEALQ. 760p.
- Vázquez, C; Orozo, A; Sánchez, ME. 1997. La reproducción de las plantas: semillas y meristemas. Fondo de cultura económica. México. 167 pp.

Callogénesis embriogénica en hojas inmaduras de sacha inchi (*Plukenetia volubilis* L.)

Juan C. GUERRERO¹, Reynaldo SOLIS², Henry RUIZ³, Maria E. RUIZ⁴, Danter CACHIQUE⁵

^{1,2,3,5}Programa PROBOSQUES, Instituto de Investigaciones de la Amazonía Peruana, San Martín, Perú; ⁴Laboratorio de Cultivo de Tejidos Vegetales, Facultad de Ciencias Agrarias, Universidad Nacional de San Martín, Tarapoto, Perú
¹jc.guerrero.abad@usp.br, ²rsolisleyva@yahoo.com.pe, ³henryproyecto@gmail.com, ⁴mariemiliaruizdlr@hotmail.com, ⁵dcachique@gmail.com

Resumen

Con el propósito de inducir callo embriogénico en sacha inchi (*Plukenetia volubilis* L.), se estudió el efecto de cinco concentraciones hormonales de thidiazurón bajo tres diferentes periodos de inducción en hojas inmaduras de sacha inchi. El empleo de 0,005 mg/L de thidiazurón bajo siete días a condiciones de oscuridad generó callo embriogénico que garantizó la diferenciación del primer estadio globular. Asimismo, se manifestó callo no embriogénico de consistencia cremosa, cristalina, delgada e irregular. La rizogénesis como producto de la organogénesis indirecta en hojas inmaduras fue una de las más importantes observaciones durante el trabajo de investigación.

Abstract

The objective of this work was to induce embryogenic callus in sacha inchi (*Plukenetia volubilis* L.). We studied the effect of five thidiazuron hormone concentrations in three different periods of induction, in immature leaves of sacha inchi. The use of 0,005 mg/L of thidiazuron in seven days of dark conditions, produced embryogenic callus which guaranteed the differentiation of the first globular stage. We also observed non embryogenic callus which was creamy, crystalline, thin and irregular. Rhizogenesis as a result of indirect organogenesis in immature leaves, was one of the most important observations during this research.

INTRODUCCIÓN

Plukenetia volubilis L., durante estos últimos años viene recobrando importancia en el desarrollo de investigación básica como parte del proceso de domesticación, que involucra su mejora genética mediante técnicas modernas y convencionales. El aprecio de sus ácidos grasos esenciales insaturados tipo omega (3, 6 y 9) la calificó como una especie potencial para la agroindustria y por tanto patrimonio nacional. Sin embargo, existe la necesidad de llevar a cabo más investigación básica y aplicada a fin de lograr el desarrollo de la especie como cultivo. El cultivo de tejidos vegetales como herramienta biotecnológica contribuye a la facilitación de procesos modernos de mejora vegetal, es así que en el presente trabajo de investigación busca determinar una metodología para lograr callogénesis embriogénica a partir de hojas inmaduras, como proceso inicial de la embriogénesis somática.

MATERIALES Y MÉTODOS

Material Genético. Se emplearon explantes de hoja inmadura de 25-26 mm, desinfectados por inmersión con alcohol etílico a 70° por tres segundos seguido de desinfección con 0,5 % de NaOCl por diez minutos.

Medio de Cultivo. El estudio consistió en la evaluación de 12 tratamientos con diferentes combinaciones de dos factores [Thidiazurón (0,000, 0,003, 0,005, 0,008, 0,010 mg/L) – periodos de inducción (5, 7, 10 días)]. El medio de cultivo base estuvo constituido por los compuestos minerales M&S (1962) suplementado con vitaminas DKW (1984), 2,0 mg/L de 2,4-D, 2,0 g/L phytigel ajustado a un pH=5,75. Se inocularon 4 explantes en frascos de 7 onz. que contenían 15 ml de medio de cultivo. Se incubó en condiciones oscuras a 24°C ± 1, con una humedad relativa de 46%. Al término del periodo de inducción, los explantes fueron transferidos e incubados en oscuridad por un periodo de 6 días a un medio de crecimiento secundario de callos (MCSC) constituido por compuestos minerales M&S (1962) suplementado con vitaminas Gamborg (1966), 20,0 g/L de glucosa, 2,0 mg/L de 2,4-D, 0,14 mg/L de kinetina, 50 ml/L de agua de coco y 2,2 g/L de phytigel, todo esto ajustado a un pH de 5,78. Se subcultivó nuevamente durante un periodo de 14 días de oscuridad y luego fueron expuestos a una intensidad

luminosa de 700 lux, sobre un medio de cultivo de desarrollo embrionario (MDE) constituido por sales minerales y vitaminas M&S (1962), suplementado con 1,0 mg/L de ácido nicotínico, 2,0 mg/L de tiamina-HCl, 2,0 mg/L de glicina, 100,0 mg/L de myo-inositol, 1g/L de glucosa, 30,0 g/L de sacarosa, 2,0 g/L de carbón activado y 2,0 g/L de phytagel, todo esto ajustado a un pH de 5,76.

RESULTADOS Y DISCUSIÓN

El porcentaje de inducción de callos evaluados en todos los tratamientos demostró que a los 9 días de inducción existió un 100% de reactividad callogénica. Asimismo, el peso de callo fresco demostró que existió una ganancia de callo promedio en 3,86 a 4,99 mg/día evidenciándose una alta tasa de multiplicación celular. La aparición de estados globulares pro-embrionarios de *sacha inchi* se manifestaron en los tratamientos T2(0,000mg/L – 7 días), T4(0,005mg/L – 7 días), T9(0,008mg/L – 10 días) y T10(0,01mg/l – 5 días), y la conformación del primer estado embrionario (estado globular) se manifestó en el tratamiento T4 (0,005mg/l – 7 días). La exposición de thidiazurón del grupo de las fenilúreas resulta tener cierto comportamiento durante la diferenciación celular, por comportarse mayoritariamente como una citoquinina que regula el comportamiento hormonal en las células (George & Sherrington, 1984; Li *et al.*, 1998).

Fig. 1. A-F: A (10X). Hoja inmadura con 05 días de inducción con crecimiento internerval. B (20X); Meristemoides expresados en organogénesis indirecta (rhizogénesis); C (80X). Callo con estructuras globulares pre-embrionarias en condiciones oscuras; D (50X). Callo compacto no embriogénico con 20 días de incubado en el (MDE); E (60X). Proembrioides globulares pigmentados (expuestos a luz) a los 30 días de incubado en el (MDE); F (80X). Proembrioides globulares con embrioides en estadio globular a los 40 días de incubado en el (MDE). Rh1 = rhizogénesis indirecta, Cp1 = callo



Proembrionario cristalino, Cp2 = callo proembrionario pigmentado, Eg = estado globular.

Cabe mencionar que durante el proceso de inducción de callos se identificaron callos no embriogénicos de consistencia cremosa y cristalina delgada e irregular. La rizogénesis como producto de la organogénesis indirecta en las hojas inmaduras fue una de las más importantes observaciones en este trabajo de investigación.

REFERENCIAS

- Chanatásig, I. 2004. Inducción de la Embriogénesis Somática en Clones Superiores de Cacao (*Theobroma cacao* L.), con Resistencia a Enfermedades Fungosas. M.Sc. Tesis. CATIE. Turrialba -Costa Rica. 33-65 p.
- George, EF; Sherrington, PD. 1984. Plant Propagation by Tissue Culture. Part. 1. The Technology. Exegetics Ltd. 709 pp.
- Li, Z; Traore, A; Maximova, S; Gultinan, MJ. 1998. Somatic Embriogenesis and Plant Regeneration from Floral Explants of Cacao (*Theobroma cacao* L.) Using Thidiazuron. Pennsylvania. Edición P. Ozias-Akins. 1-7 pp.

Resistencia programada al tizón tardío de la papa

María Lupe ROMÁN¹, José CONDORI², José TOVAR³, Marc GHISLAIN⁴

^{1,3,4}Laboratorio de Biotecnología Aplicada, Centro Internacional de la Papa (CIP), Lima, Perú; ²Arkansas Biosciences Institute, EEUU

¹m.roman@cgiar.org

Resumen

El presente trabajo aprovecharía la Respuesta Hipersensible (RH) que *Phytophthora infestans* desencadena en la papa. Para dicho fin, el alelo dominante del gen *Avr3a* de *P. infestans* bajo el funcionamiento del promotor *pgstI*, inducible por cualquier raza de *P. infestans*, será introducido en la variedad Pentland Ace, teniendo esta última en su genoma el gen *R3a*, el cual interactúa con *Avr3a* para desencadenar la RH. Se han obtenido 11 eventos transgénicos, los cuales serán infectados con los aislamientos más virulentos de *P. infestans*, con la finalidad de comprobar el grado de resistencia contra el patógeno.

Abstract

This work would harness the hypersensitive response (HR) that *Phytophthora infestans* triggers in potato. To this end, the dominant allele of the *Avr3a* gene of *P. infestans* under the control of the *pgstI* promoter inducible by any race of *P. infestans*, will be introduced to the variety Pentland Ace. This variety has in its genome the gene *R3a*, which interacts with *Avr3a* to trigger the HR. We have obtained 11 transgenic events, which will be infected with virulent isolates of *P. infestans*, in order to assess the degree of resistance against the pathogen.

INTRODUCCIÓN

La papa (*Solanum tuberosum*), representa el cuarto alimento básico del mundo después del maíz, el trigo y el arroz (FAO, 2006). La papa es susceptible a varias enfermedades. La principal es el tizón tardío, causado por el oomiceto *Phytophthora infestans*. A nivel mundial, este patógeno causa el 10-15% de la pérdida de la producción global por año (Duncan, J. 1999).

Solanum tuberosum cv. Pentland Ace presenta en su genoma el gen de Resistencia *R3a*, al tizón tardío, causado por *Phytophthora infestans*. Los productos del gen *R3a* reconocen los productos del correspondiente gen de avirulencia (*Avr3a*), presente en el patógeno, desencadenando un mecanismo localizado de muerte celular programada denominada respuesta hipersensible (RH), para evitar que la infección se propague a las células contiguas.

El gen *Avr3a* será activado por el promotor *pgstI* (Martini, N. et al. 1993) sólo cuando *P. infestans* ataque a la planta, desencadenando así la RH y obteniendo un cultivar resistente a cualquier raza de este patógeno. Para usar esta estrategia se empleó el transgén *Avr3a* de *P. infestans* cuya secuencia debió ser optimizada para garantizar su expresión en papa.

MATERIALES Y MÉTODOS

Transformación vegetal. Se utilizó el método de Medina-Bolívar y Cramer (2004). Se transformó entrenudos de la variedad Pentland Ace con *Agrobacterium tumefaciens* cepa EHA105 por 24 horas en medio MS. Luego se transfirió los explantes a un medio enriquecido con auxina, giberelina y con el agente selector kanamicina. Este medio fue refrescado cada 15 días, y se cosecharon los regenerantes a partir de las 6 semanas.

Caracterización molecular de regenerantes. Prueba de PCR: se realizó esta prueba con juegos de cebadores para el marcador de selección (*nptII*) y para una porción del *Avr3a* y de su terminador (*Avr3a-tnos*).

Prueba de callos. Se sometió los segmentos de hoja de los regenerantes obtenidos a un medio enriquecido con auxinas y con alta concentración de kanamicina. Se consideró transformado al explante que desarrolló callo.

RESULTADOS Y DISCUSIÓN

Se transformaron 590 explantes de entrenudos. Se cosechó 50 regenerantes de los cuales 11 fueron positivos por PCR y prueba de callos.

Fig. 1 Prueba de PCR. Cebadores Acr3a-tnos. 529 pb. Se observa 4 muestras positivas; 4, 11, 12 y 13. λ : marcador digerido con PstI, B: blanco, C: control negativo, C+: control positivo.

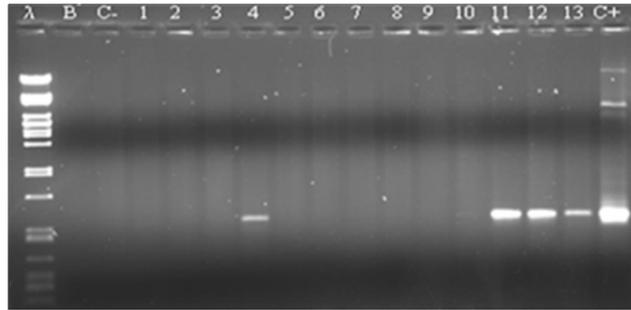
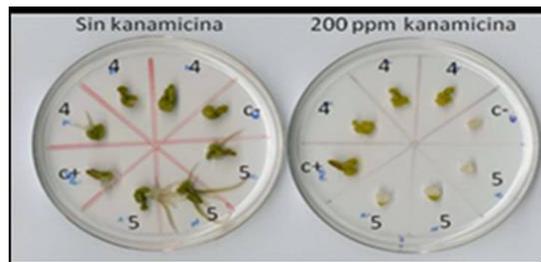


Fig. 2. Prueba de callos. Comparación de la muestra 4 positiva con la muestra 5 negativa.



La utilización de una estrategia que acentúe la RH, podría resultar provechosa, ya que este es el mecanismo natural de defensa de la planta contra el patógeno y ha demostrado su efectividad en la naturaleza. En experimentos futuros se infectará estos eventos con aislamientos virulentos de *P. infestans* para determinar el grado de resistencia. Asimismo, se realizará el análisis del nivel de expresión del transgén de estos eventos.

REFERENCIAS

- FAO. 2006. Tesoro enterrado: La papa. Departamento de agricultura, bioseguridad, nutrición y protección del consumidor. Roma, Italia. pp. 2. Disponible en línea: <http://www.fao.org/ag/esp/revista/pdf/0611-1.pdf> (accedido el 24/06/2008).
- Duncan, JM. 1999. *Phytophthora* - an abiding threat to our crops. *Microbiology Today* 26: 114-116.
- Martini, N; Egen, M; Rüntz, I; Strittmatter, G. 1993. Promoter sequences of potato pathogenesis-related gene mediate transcriptional activation selectively upon fungal infection. *Molecular and general Genetics* 236: 179-186.
- Medina-Bolívar, F; Cramer, C. 2004. Production of recombinant proteins by hairy roots cultured in plastic sleeve bioreactors. *Methods in Molecular Biology*. Vol. 267: Recombinant Gene Expression: Reviews and Protocols, Second Edition.

Tecnologías de transformación genética

Cristina RIVERA

Centro Internacional de la Papa (CIP), Lima, Perú
crivera@cgiar.org

Resumen

La tecnología de transformación de plantas es utilizada para introducir rasgos específicos en las plantas con la finalidad de conseguir mejoras en los cultivos. Esto es posible debido al hecho de que las plantas son totipotentes, lo que permite la regeneración de una planta a partir de una célula. Los primeros éxitos fueron obtenidos haciendo uso de cepas modificadas de *Agrobacterium tumefaciens* para transferir ADN a distintas especies vegetales, y hasta la fecha éste sigue siendo el sistema más eficiente para la introducción y expresión de genes en plantas dicotiledóneas. Mientras que en monocotiledóneas suelen ser transformadas por un proceso de biobalística, utilizando una pistola de genes". En ambos casos, los callos son regenerados en un medio que contiene antibiótico o herbicida para seleccionar los transformantes.

Abstract

The plant transformation technology is used to introduce specific traits into plants with the aim of achieving improvements in crops. This is possible due to the fact that plants are totipotent, which allows the regeneration of a plant from a cell. The first successes were obtained using modified strains of *Agrobacterium tumefaciens* for DNA transfer for different plant species, and to date it remains the most efficient system for introduction and expression of genes in dicots. While in monocots are usually transformed by a biolistic process using a "gene gun". In both cases callus tissue is regenerated on media containing an antibiotic or herbicide to select transformants

INTRODUCCIÓN

A lo largo de los años, el hombre ha manipulado genéticamente a diversas especies vegetales, con el propósito de obtener variedades más productivas, resistentes a enfermedades y a condiciones ambientales adversas. La llamada "Ingeniería Genética – Tecnologías de transformación genética" representa sólo la fase más reciente de esa continua evolución en las capacidades de intervención deliberada sobre material genético de los organismos. Esta biotecnología se basa en la utilización de los métodos de ADN recombinante, los cuales implican la manipulación enzimática de la molécula que contiene la información genética, el ácido desoxirribonucleico (ADN), y hacen posible el aislamiento y propagación de genes específicos, así como su transferencia a otros sistemas biológicos. Con ello, se han abierto posibilidades inusitadas para la generación de líneas transgénicas de plantas con características nuevas y útiles.

MATERIALES Y MÉTODOS

Los elementos básicos que se requieren en trabajos de transformación genética en plantas son:

- 1.- Un sistema de cultivo de tejidos que permita regenerar plantas completas y fértiles.
- 2.- Vectores apropiados, que permitan el clonar del gen de interés y/o su transferencia al tejido blanco de transformación.
- 3.- Un protocolo de transformación (sistema de transferencia de genes y de selección del material transformado)
- 4.- Herramientas de análisis para detectar la presencia del transgen y los productos del mismo en la planta.

Para lograr una planta transgénica deben ocurrir tres procesos en la misma célula:

- a) El transgen debe ser transferido al interior de la célula.
- b) El transgen debe integrarse al ADN celular
- c) Se debe regenerar una planta completa a partir de la célula transgénica.

Dado que las células tienen diferente capacidad de respuesta para cada uno de estos procesos, es importante el desarrollo de un protocolo de transformación eficiente.

Las técnicas que permiten obtener plantas transgénicas son las siguientes:

Transformación de protoplastos. Se lleva a cabo mediante procesos mecánicos y enzimáticos de eliminación de la pared celular (celulasas y pectinasas). Mediante este proceso se obtienen millones de células individuales susceptibles a ser transformadas. Los protoplastos se mantienen en un medio de cultivo y se adiciona el gen que se ha de transferir. Una vez incorporado el ADN, se requiere cultivar los protoplastos para permitir su división, y conseguir la regeneración de la planta que ha incorporado el transgén.

Transformación Biobalística Consiste en la introducción de ADN en células mediante la aceleración (disparo) de muy pequeño tamaño. El microproyectil se pueden cubrir de ADN y se pueden acelerar mediante pólvora, una descarga eléctrica, o utilizando gases a presión. De esta manera se puede introducir DNA en prácticamente cualquier tejido de cualquier especie vegetal.

Transformación de Agrobacterium. *Agrobacterium tumefaciens* es una bacteria que vive en el suelo y tiene la capacidad de infectar las células de las plantas con un fragmento de su ADN bacteriano. Cuando el ADN se integra en un cromosoma de la planta, se apodera efectivamente de la maquinaria celular de esta y la usa para asegurar la proliferación de la población bacteriana. Esta bacteria solo puede infectar una planta a través de lesiones. Cuando la raíz o el tallo de una planta sufre una lesión, emite ciertas señales químicas. En respuesta a esas señales los genes *vir* de *A. tumefaciens* se activan y dirigen una serie de pasos para la transferencia del ADN-T desde el plásmido Ti hasta el cromosoma de la planta.

RESULTADOS Y DISCUSIÓN

La transformación genética mediada por *Agrobacterium*, es una metodología sencilla, barata y con alta eficiencia a diferencia de biobalística. Es por ello, que casi un 65% de los transgénicos son obtenidos mediante esta vía a nivel mundial. La principal ventaja de la transformación mediada por *Agrobacterium* es la inserción de un segmento definido de ADN en el genoma de la planta receptora. La inserción de sólo una o pocas copias del gen dentro del genoma de la planta, conduce a tener menos problemas de co-supresión o silenciamiento. Este procedimiento es muy utilizado en dicotiledóneas y en algunas monocotiledóneas.

En relación a la técnica de transformación de protoplastos existe una carencia de técnicas de cultivo de tejidos que permitan regenerar plantas a partir de células transformadas, lo cual representa un problema para la mayoría de especies de interés agrícola. Sin embargo, recientemente se ha desarrollado métodos que permiten la electroporación de tejido organizado (evitando así el difícil paso de la obtención de protoplastos), cuya implementación resultó en la expresión transitoria de los genes de *B-glucoronidasa* y *neomicina fosfotransferasa* en tejidos de arroz, trigo, maíz y cebada, lo que ha hecho resurgir el interés por estas técnicas y augura mayores éxitos en este campo.

REFERENCIAS

- Calderón, A; Roca, W; Jaynes, J. 1993. Cultivo de Tejidos en la agricultura. Ingeniería genética y cultivo de tejidos. 33: 733-755.
- Debasis, P; Khurana, P. 2003. Genetic transformation of Indian bread (*T. aestivum*) and pasta (*T. durum*) wheat by particle bombardment of mature embryo-derived calli. BMC Plant Biology 2003, 3:5.
- De la Riva, G; González-Cabrera, J; Vázquez-Padrón, R; Ayra-Pardo, C. 1998. *Agrobacterium tumefaciens*: a natural tool for plant transformation. 1998. Electronic Journal of Biotechnology 1 (3): 1-16.
- Hayashimoto, A; Li, Z; Murai, N. 1990. A polyethylene glycol-mediated protoplast transformation system for production of fertile transgenic rice plants. Plant Physiol. 93: 857-863.
- Jackson, J; Linskens. 2003. Genetic transformation of plants. 23: 109-143.
- Kumar, A; Venkatesh, B; Balakrishna, D; Seetharama, N. 2010. Genetic transformation of *Sorghum* (*Sorghum bicolor* L. Moench.). International Journal of Biotechnology and Biochemistry 6 (1): 45-53.
- Valderrama, A; Arango, R; Afanador, L. 2005. Transformación de plantas mediada por *Agrobacterium*: "Ingeniería genética natural aplicada". Rev.Fac.Nal.Agr.Medellín 58(1): 2569- 2585.

Mejoramiento Genético

Historia del mejoramiento genético de plantas en el Perú

Ricardo SEVILLA PANIZO

Secretaría Técnica de Coordinación, CGIAR, Lima Perú

¹stc_cgiar@inia.gob.pe

La gran agrobiodiversidad del país, la presencia de esa diversidad en las culturas, el valor de los cultivos nativos y la riqueza de los conocimientos locales asociados a la biodiversidad, son evidencia de que el mejoramiento genético empezó hace muchos años.

Evidencias arqueológicas

Los restos arqueológicos del maíz aportan evidencias del proceso de evolución. Grobman y Bonavía por ejemplo (1978: Pre-ceramic maize on the North Central Coast of Peru. Nature 276:386-387) describieron con evaluaciones morfológicas precisas, la existencia de tres razas hace cuatro mil años en la costa peruana. En esa época la presencia de maíz no era muy frecuente; hace mil años ya se encuentra maíz en toda la costa peruana. La combinación de esas evidencias con observaciones citológicas muestran que hace aproximadamente 1000 años se introdujo el maíz de Meso-américa (Grobman, Salhuana y Sevilla. 1961. Races of Maize in Peru) y desde esa época las dimensiones de las mazorcas encontradas en sitios arqueológicos de la costa muestran un patrón evolutivo alargando la mazorca y posteriormente ensanchando la mazorca cuando el maíz se cruza con las razas de Sierra con rasgos tiahuanacoides.

Las razas cusqueñas de granos grandes se encuentran moldeadas en huacos Mochica; o sea existían en la costa peruana hace aproximadamente 1,500 años. Los cronistas españoles encontraron maíz con granos tan grandes como habas, que los incas distribuyeron en todo el imperio. Las dimensiones actuales sólo se explican si todos los que producían semilla seleccionaban el mismo fenotipo año tras año. Parece que siguieron rigurosamente las recomendaciones de un profesor de mejoramiento genético de plantas contemporáneo.

Sin embargo no tenemos estudios suficientes como para construir una teoría sobre los patrones evolutivos de las plantas domesticadas en el Perú. No nos queda más que hacer historia sobre lo que conocemos.

Historia contemporánea

La historia del Mejoramiento genético de plantas en el Perú debería de considerar las instituciones tanto como las personas. Las instituciones le dan sostenibilidad al sistema. El año 1902 se crea la Escuela Nacional de Agricultura y Veterinaria en Santa Beatriz que después se transforma en la Escuela Nacional de Agricultura. La Estación Experimental de la Molina se crea en 1926 por iniciativa de Gerardo Klinge en la Sociedad Nacional Agraria. Se financia sobre un impuesto adicional de 5% sobre las bebidas alcohólicas y una contribución voluntaria de agricultores de 10 centavos por quintal de algodón exportado, un centavo por quintal de azúcar producida y cinco centavos por saco de guano. En 1929 se inaugura la EE de La Molina.

En 1943 la Dirección de Agricultura y Ganadería del Ministerio de Fomento y Obras Públicas crea las Estaciones Experimentales en diferentes lugares: Lambayeque, Piura, Moquegua, Arequipa, Jauja, Tingo María. En 1952 se crea el PCEA (Programa Cooperativo de Experimentación Agrícola) cuyos principales programas fueron: arroz, papa, trigo, pastos y forraje, leguminosas de grano y ganadería vacuna. Posteriormente la investigación pasa a la Dirección General de Investigación Agrícola en el MINAG, hasta que se crea el INIA en 1979.

Mejoramiento de los cultivos importantes

Algodón.- Según Abel Basurto (Mejoramiento Actual y Potencial del algodón. En: El Mejoramiento Genético de las Plantas en el Perú. Genética-Perú 3: 73-85), la producción del algodón en el Perú ha pasado

por tres periodos: 1) De 1909 a 1960, periodo de exportación de fibra; se llegan sembrar hasta 275,000 has de algodón en la Costa. 2) Periodo de exportación de hilos; disminuyen las áreas de cultivo; hay sólo 40,000 has en 1984. 3) Periodo de exportación de productos acabados; se exporta sólo el 50% de las necesidades totales.

El mejoramiento de algodón en el Perú se inicia cuando, en los primeros años del siglo XX, Fermín Tangüis selecciona en un campo de algodón una planta por su resistencia al wilt o Marchitez y por su alta producción. De esa planta se desarrolla la variedad Tangüis caracterizada por la resistencia a un complejo de hongos de suelo, alta tolerancia a la escasez de agua y suelos salinos de la costa peruana, alta productividad y fibra larga muy apreciada en mercados especiales. Varias instituciones mejoraron el Tangüis logrando linajes muy superiores, entre ellas se puede citar a la Sociedad Nacional Agraria, bajo el liderazgo del Dr Harlan, donde trabajaron varios genetistas peruanos como César Moran Val; a la EE La Molina, con la dirección de Boza Barducci y luego del Ing Domingo Mendes, a la EE de Cañete de la Asociación de Agricultores de Cañete (Boza Barducci), la Asociación de agricultores de Ica y la Universidad Nacional Agraria, bajo la dirección del Ing Luis Vega Bancalari y en el presente siglo de Abel Basurto Lavanda.

Varios linajes derivados de la variedad Tangüis se sembraron en áreas importantes en la costa peruana; hay varias de la EE de cañete y de la EE de Ica, Massaro LMG 1-72 y UNA 1. La Universidad Nacional Agraria liberó además la variedad Centenario en el año 2003.

La variedad Pima de *Gossypium barbadense* se ha mejorado también en el país; su adaptación es mas para la Costa norte. Las variedades de tipo "Acala" como las variedad del Cerro de *Gossypium hirsutum* han recibido también alguna atención pero su cultivo nunca se difundió como los de otros orígenes y especies *G. barbadense* o *G. hirsutum*.

A partir del presente siglo se probaron híbridos y variedades foráneos. Los híbridos interespecíficos barbadense x hirsutum, distribuidos en el Perú por la empresa Hazera. También se han probado en el Perú variedades de tipo "Upland modernos como los de Deltapine. Toda estas nuevas opciones no se han podido probar extensamente en la práctica porque la reducción del área algodонера ha sido traumática en los últimos años.

Papa.- La historia del mejoramiento de la papa tiene que hacerse considerando que la papa viene evolucionando en el Perú desde su origen, por lo menos 10,000 años. Humberto Mendoza, quien durante muchos años dirigió desde el Centro Internacional de la Papa (CIP) el mejoramiento genético de la papa a nivel mundial y es por lo tanto parcial responsable de la mejora de la productividad de la papa en el Perú, explica la baja productividad de la papa en el Perú comparada con la productividad en otros países: (Producción y mejoramiento de la papa en el Perú. En: El Mejoramiento Genético de las Plantas en el Perú. Genética-Perú 3: 289-314). El 70 % de las áreas paperas en el Perú se encuentran en agro-ecologías donde el cultivo está sujeto a factores limitantes bióticos y abióticos. El 75 % de las áreas de los cultivos están en la Sierra alta y una gran parte de las 266 plagas y enfermedades de la papa se presentan causando daños en el país. Valeriano Huanco (Mejoramiento Genético de la Papa en el Perú. En: El Mejoramiento Genético de las Plantas en el Perú. Genética-Perú 3: 273-288), inicia su historia del mejoramiento de la papa en el Perú contando como Teodoro Boza Barducci y Oswaldo Gonzáles Tafur, realizan la primera introducciones de especies silvestres mexicanas en los años finales de la década de 1920. En 1947 Carlos Ochoa inicia la colección de papas nativas y empieza el trabajo de cruzamientos y posterior selección clonal. Los clones provenientes de la cruce Jiruco x Casablanca destacaron sobre la variedad testigo Casablanca en Junín y los clones de las cruza de Jiruco x Suito destacó en Puno sobre la variedad testigo Yana Imilla. De ahí provinieron las variedades Mantaro y Renacimiento.

A partir de la década de 1950 se inician los cruzamientos entre *Solanum tuberosum* ssp andígena por *Solanum tuberosum* subespecie *tuberosum*. Además el Centro Internacional de la Papa (CIP) desarrolla poblaciones mejoradas de papa utilizando varias especies cultivadas y silvestre de *Solanum* productoras de tubérculos. La generación de variedades mejoradas a partir de estas variedades es un proceso largo y complicado porque es necesario desprenderse en el proceso, de los caracteres de las especies relacionadas, principalmente silvestres, como por ejemplo el sabor amargo que impide su consumo.

Según Huanco, desde el año 1956 se han desarrollado y liberado en el país, 67 variedades hasta el año 2000. Posteriormente, las variedades originadas en el CIP, adaptadas y liberadas por INIA, agregan por lo menos 10 variedades mejoradas mas a esta larga lista de variedades mejoradas. De las 67 variedades liberadas hasta el año 2000 solo 15 permanecen en cultivo.

El impacto del mejoramiento genético de la papa se evidencia comparando la productividad de la década de 1950, 5.5 ton/ha, cuando las variedades mejoradas se empezaron a sembrar, con la productividad actual, 12.9 ton/ha; un aumento de 135%.

Maíz Amarillo Duro.- En el año 1953 en la Escuela Nacional de Agricultura se crea el Programa Cooperativo de la Investigaciones en Maíz (PCIM), con apoyo del Ministerio de Agricultura y financiación parcial de la Fundación Rockefeller. Alexander Grobman su principal promotor y primer Director describe la Fundación y Desarrollo del Programa Cooperativo de Investigaciones en Maíz (PCIM) en la publicación conmemorativa de los 50 años de su creación. En esa descripción se detalla la historia del mejoramiento genético del maíz anterior al PCIM.

Los primeros trabajos de mejoramiento del maíz en el Perú se iniciaron en la década de 1940 con la introducción de variedades de maíz de Cuba. Pompeyo Contreras y José Calzada Benza trabajando en el Departamento de Agronomía de la Estación Experimental Agrícola de La Molina del Ministerio de Agricultura fueron los responsables de ese importante trabajo que permitió contar con variedades mejoradas en esa época. Dos de esas variedades fueron probadas y difundidas en la Selva por Reynaldo Crespo en la Estación Agrícola de Tingo María. Mientras tanto en 1941 en la EE La Molina se iniciaron las investigaciones para producir híbridos, bajo la dirección de Teodoro Boza Barducci, Jefe del Departamento de Genética. Posteriormente, Santiago Bocanegra seleccionó cuatro línea autofecundadas con las que desarrolló los primeros híbridos de maíz que se produjeron en el país.

El sector privado fue muy activo en esa época. En la hacienda Ingenio del valle de Huaura, se generó la variedad Colombiano Fumagalli que fue uno de los progenitores de los híbridos Topcross 1 y Topcross 2 creados en la Estación Agrícola de la Asociación de Agricultores de cañete. En la Sociedad Nacional Agraria trabajaron en esa época dos científicos norteamericanos, Sydney Harland y Edward Nicholson mejorando el maíz a través de algunas variedades sintéticas.

Cuenta Alexander Grobman que cuando visitó la Escuela Nacional de Agricultura, conoció a Víctor Guzmán y Alfonso Cerrate y el trabajo que ellos hacían que resultó en la creación de la variedad sintética NS-50 y NS-54, de la raza Perla. Posteriormente, la variedad sintética NS-54 fue el progenitor de las mejores líneas de Perla con las que se formaron los primero híbridos PM. En el trabajo de formación de los híbridos, la producción de semilla y su distribución hasta sembrar casi toda la costa con semilla certificada de los híbridos PM participaron Miguel Paulette, Wilfredo Salhuana, Federico Scheuch, Antonio Manrique, y Manuel Arca definiendo la tecnología Agronómica.

La historia del mejoramiento del maíz amarillo duro para la Selva tiene dos hechos dignos de citarse: la formación de variedades e híbridos que desarrolló Hugo Sánchez desde el PCIM y la formación del Marginal 28 Tropical por el Programa nacional de Maíz del INIPA.

La historia de formación del PCIM es de lectura obligada, no solo para los mejorados; principalmente para las personas que tienen la responsabilidad de dirigir la investigación en el país y de crear las condiciones para que el proceso funcione con los limitados recursos con los que generalmente cuentan los investigadores. Lo que sigue es parte del proceso actual del mejoramiento del maíz amarillo duro en el país y por lo tanto se describirá posteriormente.

Maíz Amiláceo.- Dos instituciones has trabajado en mejoramiento genético del maíz amiláceo: el PCIM desde su fundación en 1953, con financiación parcial del Ministerio de Agricultura y el INIA, desde la época del INIPA, aproximadamente desde 1980.

Desde su fundación, Alfonso Cerrate y desde 1958, Ricardo Sevilla orientaron el mejoramiento genético hacia la conservación de la diversidad racial, ex situ e in situ. Usaron una gran cantidad de germoplasma para mejorar toda la diversidad del maíz en el Perú. Muchas variedades locales y poblaciones heterogéneas se mejoraron; hay registros de por lo menos 28 de ellas con ganancias de selección entre 5 y 10 % por ciclo. El banco de germoplasma del PCIM, que tiene la responsabilidad de conservar la diversidad genética del maíz en el Perú, fue muy activo en todo este proceso.

El Programa de Maíz del INIA creado mientras participaba junto al PCIM en el Proyecto de Desarrollo de Maíz Amiláceo, usó semillas del banco del germoplasma del PCIM y de otras fuentes para formar los complejos peruanos (CP): CP I: Choclero Precoz, CP II: Choclero Tardío; CP III: Canchero Precoz, CP IV: Canchero Tardío, CP V: Morocho Precoz y CP VI: Morocho Tardío. Varias variedades mejoradas han salido de esos complejos germoplásmicos. Además el INIA ha liberado varias variedades mejoradas por selección de variedades nativas como Amarillo de Oro, Chullpi, Piscorunto y Kcully.

Arroz.- El éxito del Perú en mejoramiento de arroz se debe en parte al apoyo de los Centros Internacionales del CGIAR en el Perú, en el caso del arroz, del IRRI y del CIAT. El Programa Nacional de arroz, esfuerzo conjunto del SIPA, la Universidad Pedro Ruiz Gallo y la Universidad Carolina del Norte, introducen la variedad IR8 proveniente del IRRI. Posteriormente todo el programa de arroz se basó en el uso de variedades provenientes del IRRI y CIAT, que se liberaron en el país con diferentes grados de transformación.

Bruzzone (2002) describe la historia del mejoramiento de arroz en el Perú (Mejoramiento Genético de las Plantas en el Perú. Genética-Perú 3:119-130). Las investigaciones empiezan en 1927 cuando se fundó la estación Experimental Agrícola del Norte o de Lambayeque. Variedades introducidas como Fortuna y Radín China se cruzan en el país a partir de 1943 dando lugar a las primeras variedades generadas en el país por Carlos Castillo y José Hernández como, MIINABIR 2 y EAL 60. En 1966 se introdujo la variedad semi-enana IR8. En 1968 tres instituciones: El Servicio de Investigación y Promoción Agraria del Ministerio de Agricultura (SIPA), la Universidad Nacional Pedro Ruiz Gallo y la Universidad Estatal de Carolina del Norte, forman el Programa Nacional de Arroz (PNA), que introdujo variedades del IRRI que dieron lugar a variedades como Chancay y Naylamp, y posteriormente a través de selección para adaptación, variedades como INTI que se liberó en 1974 y VIFLOR en 1983. A partir de la década de 1980 el CIAT empieza a trabajar en con el PNA principalmente en la Selva. En 1983 se liberó la variedad CICA-8, PA-2 en 1984 y San Martín en 1986, ambas para condiciones de siembra directa. En 1988 se liberan Amazonas y Alto mayo y en 1996 la variedad Capirona. La empresa privada participa en la generación de variedades con germoplasma del PNA o el IRRI y libera las variedades Santa Ana y Oro. En 1995 el IRRI y una empresa privada liberan en el Perú IR-43 que es actualmente la variedad mas sembrada en el país. INIA libera en 2001 la variedad Pítipo.

Bruzzone cita los métodos de mejoramiento que se han usado en la generación de 28 variedades. Cuatro variedades, entre las cuales se encuentran el IR8, CICA8 y IR43 se introdujeron y liberaron sin ninguna transformación; nueve variedades como, Chancay, Naylamp, PA-2 y PA-3 y Selva Alta salieron de líneas avanzadas; Alto Mayo es una población segregante; Capirona y Huallaga-INIA son poblaciones F1; Viflor, San Martín, Amazonas, Costa Norte, Sicán, Oro y Santa Ana, se generaron con el método Masal genealógico e Inti, Urpi, Taymi, Pítipo y Bijao, con el método Genealógico individual.

Cebada.- El mejoramiento genético para la generación de variedades de cebada es descrito por Luz Gómez, Marino Romero, Jorge Jiménez y Ana Eguluz (Mejoramiento Genético de las Plantas en el Perú. Genética-Perú 3:151-156). El Programa de Cereales de la Universidad Nacional Agraria La Molina ha generado la mayoría de las variedades cultivadas actualmente. Las investigaciones de este programa han tenido siempre un apoyo de la empresa privada muy meritorio, ejemplo de lo que debe ser la asociación público-privada. Los autores citan ocho variedades de cebada generadas por ese programa: siete obtenidas con el método de hibridación y una por inducción de mutaciones. Es notable la selección que ha permitido superar el peligro de la roya amarilla.

Frijol.- La historia del mejoramiento genético del frijol en el Perú se detalla con precisión en un hermoso libro editado por CIAT: Mejoramiento Genético del Frijol: Legado de Variedades de América Latina 1930-

1999 de Oswaldo Voyses. El capítulo correspondiente al Perú es dedicado por Oswaldo Voyses a Santiago Bocanegra, quien durante mucho tiempo trabajó en el mejoramiento del frijol en la EE La Molina. El mejoramiento genético para la costa se basó en selecciones e hibridaciones, mientras que el material mejorado para la Sierra proviene de introducciones. Voyses considera tres etapas en el mejoramiento del frijol en el Perú. En la primera etapa que se inicia en la década de 1940, Boza Barducci, selecciona la variedad Canario en la EE La Molina y obtiene en 1944 la variedad Canario LM-1. Este es un hito importante en el mejoramiento de las plantas en el Perú, porque, como el autor lo señala, la variedad americana Enola, patentada en USA aduciendo que el color amarillo es nuevo por el mejoramiento genético, es un plagio de la variedad mexicana Azufrado Peruano 87, producto del cruce de Azufrado 100 x (Canario 107 x Peruano).

En la etapa 1957-1976 se crea el Programa Nacional de Frijol liderado por Santiago Bocanegra, donde participa también Oswaldo Voyses y otros investigadores jóvenes. Se lanzaron variedades desarrolladas por hibridación: Canario Divex 8120, Canario Divex 8130, Canario PF 210, Bayo Chimú y se introdujeron frijoles blancos: Panamito Sanilac, frijoles negros: Caraota LM 58 y rosados para la Sierra: Red Kidney y Puka. Las siguientes etapas son muy productivas; el Programa fue dirigido sucesivamente por Rufino Montalvo, César Apolitano y Ángel Valladolid. En su reseña, Voyses cita 39 variedades de frijol generadas para la Costa: 20 a partir de variedades tradicionales y 19 de origen híbrido, 22 para la Sierra, de las cuales 5 son de ñuña; 4 variedades de frijol para la Selva Baja y seis para la Selva Alta.

En la UNALM, donde el Programa de Leguminosas de grano ha hecho también mucho trabajo de mejoramiento, destaca la utilización de especies relacionadas del frijol (Felix Camarena, Amelia Huaranga, Luis Chiappe, Elvia Mostacero, Jean Pierre Baudoin y Guy Mergeai: "Formación de poblaciones complejas superiores de cruces interespecíficos del género *Phaseolus* y su comportamiento agronómico para zonas Alto-andinas del Perú y América Latina. En: El Mejoramiento Genético de las Plantas en el Perú. Genética-Perú 3:169-203). Se obtuvieron dos variedades de frijol: UNAGEN-1 Y UNAGEN-2, de periodo vegetativo perenne, maduración precoz, resistencia a enfermedades endémicas y fecundación alógama.

Trigo.- El trigo es uno de los cultivos que ha recibido más atención pero su impacto no fue importante. En los años de la década de 1050 el Perú y casi todos los países de Europa occidental producían trigo con una productividad aproximada de 1 tonelada por hectárea. Actualmente el Perú se quedó con la misma productividad y los países europeos se están acercando a las 10 t/ha. Rafael Villanueva describe las investigaciones de trigo en el Perú que ayudan a explicar esa situación. Los investigadores tuvieron que superar la idea de que en el Perú era prácticamente imposible producir trigo. Las investigaciones se concentraron en el estudio de aquellos factores limitantes que impedían el desarrollo del trigo en el Perú: las royas, la calidad del gluten, el abonamiento. El Perú en la Colonia producía trigo en la Costa para sus necesidades y exportaba los excedentes. La roya de la hoja apareció a finales del siglo XVII y desde entonces el trigo se siembra sólo en la sierra.

Pero en varias oportunidades se insiste en el cultivo en la Costa. Por ejemplo la variedad María Escobar que se cultivó en la Costa central hasta 1950, dejó de cultivar por la aparición de raza 17 de roya negra. En pocos años las investigaciones demostraron que la roya puede ser superada con selección; en la EE de La Molina se implementó el proyecto, con apoyo de los fitopatólogos de la Escuela Nacional de Agricultura que permitieron que las nuevas variedades mejoradas sean resistentes a la roya del tallo. Se demostró que la calidad panadera puede ser mejorada por selección y que el abonamiento mejora la calidad panadera, el peso hectolítrico y el porcentaje de proteínas.

Paralelamente se inició el mejoramiento para generar variedades mejoradas. En la década de 1930, Teodoro Boza Barducci y Domingo García estudian la reacción de las nuevas variedades de trigo introducidas a las tres razas de roya de mayor virulencia en el país. La investigación se centraliza en la sierra: el Ing César Tantaleán empieza los cruzamientos y se obtienen varias variedades que permiten promover el cultivo. En 1946 el Departamento de Planes Experimentales del Ministerio de Agricultura inicia los experimentos comparativos de variedades a cargo del Ing José Calzada Benza.

En el resumen histórico que el Ing Rafael Villanueva publicó en el año 2002 en la Historia del Mejoramiento Genético en el Perú, se citan 17 variedades para la costa, 6 introducidas y 11 producidas por hibridación. Los meritorios trabajos del Ing Villanueva para validar los resultados de los estudios para

conocer la herencia de caracteres morfológicos, fenológicos, de calidad de la proteína del grano y de la herencia de varias especies de roya, permitirán avanzar con pasos más seguros en las investigaciones futuras para retomar el mejoramiento del trigo en el país.

Pre-mejoramiento de otros cultivos

Casi todos los cultivos de alguna importancia han recibido atención, pero todavía no se emplean métodos de mejoramiento que permita mejorar el cultivo a través de variedades netamente superiores.

Los granos andinos han recibido mucha atención en el país, principalmente la quinua, la kiwicha y el tarwi. Aunque no hay todavía variedades mejoradas superiores, se ha hecho un excelente trabajo de prospección de manera que cuando se empleen métodos apropiados el mejoramiento estará asegurado. Lo mismo puede decirse de los cultivos de raíces y tubérculos andinos (RTA). Todos esos cultivos son nativos del Perú, consecuentemente el mejoramiento no será fácil y habrá que tomar en cuenta las limitaciones que son conocidas para mejorar cultivos nativos o ancestrales.

En frutales tropicales hay también avances en la prospección de los cultivos o especies silvestre que están en proceso de adaptación. Los éxitos relativos en la adaptación de frutales tropicales, primero por el trabajo pionero de José Calzada Benza y luego por el trabajo en recursos genéticos de esas especies desarrollados por el INIA y el IIAP, marcan la pauta para conseguir variedades mejoradas adaptadas a esas especiales condiciones. Carlos Carvajal trabajando primero en la Universidad Nacional Agraria de la Selva y luego en el IIAR, consigue variedades mejoradas de papaya y cocona evidentemente superiores a las variedades nativas.

Las experiencias del INIA e ICRAF (Centro Internacional para la Agroforestería), en adaptación de especies forestales maderables usando métodos de mejoramiento genético son muy importantes porque permiten mejorar las especies difundiendo semillas seleccionadas directamente de árboles madres, lo que cambia el concepto de que las especies perennes son difíciles de mejorar por su largo periodo vegetativo.

¿Por qué se paró el proceso?

Hay muchas causas que paralizaron el proceso. Una serie de ideas que se desarrollaron a partir de la década de 1990 crearon verdaderas falacias que han impedido la continuación de un proceso que como se ha demostrado empezó bien y generó muchas variedades mejoradas, que aunque no fueron excelentes, mantuvieron a la agricultura peruana en un buen nivel y sobre todo generaron tecnologías sostenibles y rentables.

Las falacias más frecuentes son: La idea de que la tecnología genética se puede importar de países con mayor nivel tecnológico; La idea de que la biotecnología iba a producir todas las variedades mejoradas; La idea de que el sector privado iba a financiar el mejoramiento; La idea de que el mejoramiento genético es a largo plazo; La idea de que las variedades mejoradas sólo pueden ser creadas por mejoradores con un altísimo nivel científico; La idea de que el mejoramiento de las condiciones agronómicas y ambientales, por ejemplo el riego tecnificado, puede compensar la falta de variedades mejoradas... y varias más que tenemos que superar, dándole a los factores que definen la productividad, rentabilidad y sostenibilidad ambiental su debido importancia.

¿Cuáles son las potencialidades del país para superar la crisis?

El Perú puede superar con ventaja la situación actual. Hay aproximadamente 1,000 mejoradores, 600 con maestría en UNALM y aproximadamente 400 de otras escuelas; hay una muy importante experiencia institucional, principalmente de INIA, UNALM y de las Universidades regionales; se cuenta con una gran diversidad dentro de las especies y variabilidad de caracteres de valor y caracteres adaptativos; el sistema de investigación del país incluye a los centros internacionales; hay mucho conocimiento de la adaptación de la diversidad de las especies e institucionalidad para precisarla; y sobre todo, hay la necesidad imperiosa de ser competitivos para lo que tenemos que tener tecnologías agrícolas eficientes, rentables y sostenibles.

Mejoramiento de maíz por tolerancia a aluminio en el CIMMYT

L. A. Narro¹, A. L. Arcos

¹CIMMYT, Programa Regional para Sudamérica, Cali, Colombia

¹l.narro@cgiar.org

INTRODUCCIÓN

El maíz es el cereal con mayor demanda en el mundo, habiendo estimado el Departamento de Agricultura de Estados Unidos en Marzo 2010, una producción mundial para el año 2009/10 en 803 millones de toneladas (mill) Para el año 2050, se estima una demanda de maíz de cerca de 1 200 mill t, mientras que la demanda de trigo será de alrededor de 900 mill t. y de arroz un poco superior a 500 mill t. La mayor demanda de maíz está relacionada directamente con el mayor consumo de carne particularmente en países Asiáticos. El maíz es un ingrediente fundamental para la crianza de aves y cerdos.

Por otro lado, los precios internacionales del maíz se incrementaron considerablemente en los últimos años hasta USD 220 precio FOB en Chicago en el 2008. Se estima que los precios futuros, probablemente hasta el año 2020 serán alrededor de los USD 150, pero no disminuirán a precios menores a USD 100 como eran al inicio de este siglo. Una de las razones para el incremento de los precios de los alimentos fue la demanda de biocombustibles que ocupó parte de la tierra dedicada a producción de alimentos. Para el caso de maíz en los Estados Unidos de América, para el año 2007, se estimó que la cantidad de maíz utilizado en la producción de biocombustibles fue similar a la cantidad de maíz exportado, equivalente a un 40% de la producción en ambos rubros.

Este panorama es una alerta que nos motiva incrementar la producción de alimentos, particularmente maíz, en forma sostenible y rentable, para lo cual se necesita disponer de tecnología adecuada y decisión política oportuna.

Los suelos ácidos en el mundo son una alternativa que puede coadyuvar a este propósito ya que se dispone de 3 950 mill ha con el 16.7% en África, 6.1 en Australia y Nueva Zelandia, 9.9% en Europa, 26.4% en África y 40.9% en América (Von Uexkull and Mutert, 1995). En Sudamérica se dispone de 808 mill ha, distribuidos en Brasil (71%), Colombia (8.3%), Perú (6.9%), Venezuela (6.4%), Bolivia (4.9%) y el resto en los demás países (Cochrane, 1979).

El Centro Internacional para el Mejoramiento de Maíz y Trigo (CIMMYT) viene trabajando en el desarrollo de germoplasma tolerante a suelos ácidos desde la década de los 70's. El objetivo de este escrito es presentar un resumen de las actividades realizadas a la fecha.

MEJORAMIENTO GENÉTICO

Uno de los aspectos más importantes para el éxito en un programa de mejoramiento genético es el germoplasma base para iniciar el proceso de selección/hibridación. CIMMYT empezó la formación de las poblaciones base con germoplasma proveniente del banco de germoplasma del CIMMYT, variedades de los programas nacionales, variedades del CIMMYT (Pandey *et al.*, 1994).

La primera población tolerante a suelos ácidos fue SA3 (Granados *et al.*, 1995) que es de color amarillo y textura cristalina. Granos blancos segregantes de la población SA3 se utilizaron para la formación de la población SA8, que es también de textura cristalina. Posteriormente fueron desarrolladas 4 poblaciones. Las poblaciones SA4 y SA5 son amarillas, mientras que las poblaciones SA6 y SA7 son blancas; en ambos casos, de grano dentado y cristalino, respectivamente (Pandey *et al.*, 1995).

La primera etapa de mejoramiento en cada una de estas poblaciones, consistió en un mejoramiento intra-poblacional, habiéndose utilizado diferentes métodos como selección en base a familias medios hermanos, de hermanos completos y selección en base a progenies auto fecundadas, generalmente S1. Las ganancias de selección obtenidas en los diversos trabajos de selección han sido publicadas por Granados *et al.* (1993), Ceballos *et al.* (1998) reportando ganancias desde 1.1% a 13.96% dependiendo de la población y del método de selección utilizado. Diversas variedades de libre polinización se han generado en cada ciclo de selección como producto para ser utilizado por los agricultores.

Al iniciar la década de los 90s se decidió generar híbridos y por lo tanto definir grupos heteróticos. Para esto fue necesario hacer un estudio dialélico con las diferentes poblaciones disponibles en el programa,

incluyendo también materiales del programa de CIMMYT-México y de Embrapa. Como resultado se observó que la mayor heterosis ocurría en cruzamientos entre las poblaciones SA3 con SA4 en el grupo amarillo y entre SA6 con SA7 en el grupo blanco. No se observó heterosis cuando se hizo el cruzamiento entre la población SA3 con SA5 ni entre la SA7 con la SA8. Por lo tanto, la población SA3 se integró con la población SA5 y la SA7 con la SA8. De esta manera, el grupo heterótico amarillo tipo tuxpeño lo integra la población SA4 mientras que el no tuxpeño lo forma la nueva población SA3. Para el caso de los maíces blancos, el grupo tuxpeño lo integra la población SA6 y el grupo no tuxpeño la nueva población SA7. Con estas poblaciones se ha realizado 4 ciclos de selección recíproca recurrente cuyo avance se está evaluando actualmente.

Al iniciar la década del 2000 se implementó el método de pedigree generándose poblaciones F2 de estrecha base genética, como una alternativa para generar más rápidamente líneas con mayor frecuencia de genes deseables y con mayor heterosis en el momento de la formación de híbridos. Simultáneamente se han producido híbridos entre líneas provenientes de los programas de mejoramiento de CIMMYT-México y CIMMYT-Colombia, maximizando los niveles de heterosis y obteniendo consecuentemente híbridos con mayor potencial de rendimiento.

Recientemente hemos iniciado la producción de líneas endogámicas utilizando la técnica de doble haploides. Para ello se hace el cruzamiento entre una fuente inductora de haploidía (línea o híbrido) y el material superior (híbrido o variedad) del que se quiere derivar líneas puras. Luego de obtenerse los individuos haploides se utiliza colchicina para doblar el número cromosómico y generar de esta forma líneas homocigotas diploides que serán utilizadas en el programa de generación de híbridos. Las primeras líneas tolerantes a suelos ácidos producidas en CIMMYT-México, con esta metodología serán sembradas en Colombia en 2010. El paso siguiente es adaptar un inductor de haploidía para las condiciones tropicales de Sudamérica.

Herencia de la tolerancia a suelos ácidos

Herencia cualitativa y cuantitativa ha sido reportada por diversos autores como responsable de variación por tolerancia a suelos ácidos. Estudios realizados en CIMMYT-Colombia mostraron que en la población SA3 el valor de la variancia genética aditiva (s^2_A) fue similar al de la variancia genética de dominancia (s^2_D) (Duque-Vargas *et al.*, 1994), mientras que en la población SA4 el valor de la s^2_D fue significativamente mayor que el de s^2_A (Borrero *et al.*, 1995). La interacción entre s^2_A y el ambiente fueron significativas, lo que sugiere que es necesaria la prueba de progenies en diferentes ambientes en el mejoramiento por tolerancia a suelos ácidos. El estudio de los efectos genéticos relacionados a rendimiento de grano en suelos ácidos mostró que la dominancia fue el factor más importante, correspondiéndole el 55% de la variación genética, mientras que para la variancia aditiva y de epistasia le correspondió el 22.5% para cada uno (Ceballos *et al.*, 1998). En un análisis dialélico utilizando líneas S1 de la población SA8, se observó que en el método reducido tanto la s^2_A como la s^2_D fueron significativas y explicaron el 37% y el 63% de la variación, respectivamente; similar a los resultados cuando solo se analiza como un dialélico. Cuando se analizan los datos considerando el modelo completo, se observa que tanto la s^2_{AD} como la s^2_{AA} fueron altamente significativas y explican el 79% y el 19%, respectivamente (Narro, *et al.*, 2000). Se estudió también si los efectos maternos tienen algún efecto con la tolerancia a aluminio. Se observó ausencia de diferencias recíprocas tanto para rendimiento como para días a la floración, altura de planta, altura de mazorca y pudrición de mazorca, indicando que la tolerancia a la acidez del suelo es un carácter gobernado por genes nucleares (Salazar *et al.*, 1997).

Métodos de tamizado para selección por tolerancia a aluminio.

Existen diferentes métodos para seleccionar individuos tolerantes a aluminio y estos varían desde la selección en campo hasta métodos de selección en invernadero y laboratorio. Algunos de éstos métodos están reportados en la revisión hecha por Pandey *et al.* (2007), por lo tanto aquí describiremos básicamente la metodología de selección mediante la técnica de calosa que está detallado en Arcos y Narro (2009). La calosa es un polisacárido conocido como 1,3- β -D-glucano lineal, difiere de la celulosa en una ramificación (1,4 3- β -D-glucano). Con frecuencia se encuentra en la pared celular y es insoluble en agua pero parcialmente soluble en fracciones alcalinas. Representa uno de los pocos polisacáridos de la pared celular capaz de ser localizado citoquímicamente formando complejos con anilinas (Kauss, 1985). Se ha reportado producción de calosa debido a un incremento intracelular de calcio, lo que altera la estructura y función de los plasmodesmos y limita el paso del agua y nutrientes entre las células. En monocotiledóneas y

dicotiledóneas se forma calosa en el ápice radicular ante la exposición a Al (Wissemeyer *et al.*, 1987), lo que permite ser utilizado como una herramienta para seleccionar genotipos resistentes a Al en maíz (Horst, *et al.*, 1997; Eticha *et al.*, 2005; Collet, *et al.*, 2002), trigo (Zhang, *et al.*, 1994) y soya (Wissemeyer y Horst, 1995). Para la determinación de calosa se tiene 2 etapas. En la primera etapa se hace germinar las semillas, luego se lleva las plántulas a invernadero donde crecen las plantas en solución nutritiva incluyendo el tratamiento con aluminio hasta cortar los ápices radiculares. Esta etapa tarda aproximadamente una semana. La etapa siguiente es la determinación de calosa de los ápices radiculares utilizando un espectrofotómetro. A menor contenido de calosa mayor tolerancia a aluminio. Por lo tanto, el método servirá para eliminar los individuos más susceptibles y evaluar en campo aquellos tolerantes, a fin de evaluar además otras características agronómicas incluyendo rendimiento de grano.

Desarrollo de cultivares.

La formación de variedades de libre polinización (VLP) se ha hecho en el CIMMYT recombinando las 10 mejores familias de medio hermanos, hermanos completos o líneas con diferente grado de endogamia y luego avanzando hasta la F2 para reducir los efectos heterocópicos. Las primeras VLP tolerantes a suelos ácidos se formaron en 1988. Posteriormente cuando se dispuso de información de habilidad combinatoria general (HCG) de las líneas se procedió a formar sintéticos utilizando las 10 líneas con mejor HCG. Actualmente estamos produciendo híbridos triples y simples. La evaluación de las VLP, sintéticos e híbridos se hace tanto en condiciones de suelo ácido como no ácido (normales) y los avances han sido considerables. Al iniciar el programa, a mediados de los años 70, se estima que el rendimiento de la población base fue de 400 kg/ha similar al rendimiento promedio con cultivares nativos sembrados en suelos ácidos (Salinas y Sánchez, 1976). La primera variedad tolerante a suelos ácidos ICA V Sikuani V110 fue liberada en Colombia en 1994 con un potencial de rendimiento de 3 t/ha. Desafortunadamente este rendimiento no daba un margen de ganancia suficiente comparado con los costos de producción. Por lo tanto fue necesario generar cultivares de más alto potencial de rendimiento siendo la producción de híbridos la alternativa más viable. El primer híbrido tolerante a suelos ácidos liberado en Colombia el año 2000 fue CORPOICA H108 con un rendimiento promedio de 4.8 t/ha (Narro *et al.*, 2001). Actualmente se dispone con híbridos experimentales con un rendimiento potencial de 10 t/ha en condiciones de suelos ácidos lo que significa que hemos multiplicado por 25 el rendimiento de la población base original.

REFERENCIAS

- Arcos, AL; Narro, LA. 2009. Calosa como herramienta de selección para tolerancia del maíz al aluminio. Manual de laboratorio. México, D.F. CIMMYT.
- Borrero, JS; Pandey, H; Ceballos, R; Magnavaca, AFC; Bahia Filho. 1995. Genetic variances for tolerance to soil acidity in a tropical maize population. *Maydica* 40: 283-288.
- Ceballos, H; Pandey, S; Narro, V; Pérez – Velásquez, JC. 1998. Additive, dominant, and epistatic effects for maize grain yield in acid and non-acid soils. *TAG* 96: 662-668.
- Cochrane, TT. 1979. An ongoing appraisal of the savanna ecosystems of Tropical America for beef cattle production. En Sánchez, P.A. y Tergas, L.E. (Eds.) Producción de pastos en los suelos ácidos de los trópicos. CIAT Cali Colombia 1-14 p.p.
- Collet, L ; De Leon, C ; Kollmeier, M; Schmohl, N; Horst, W. 2002. Assessment of aluminum sensitive of maize cultivars using roots of intact plants and excised root tips. *J. Plant Nutr. Soil Sci.* 165, 357-365.
- Duque-Vargas, J, Pandey, S; Granados, G; Ceballos, H; Knapp, E. 1994. Inheritance of tolerance to soil acidity in tropical maize. *Crop Sci.* 34:50-54.
- Granados, G; Pandey, S; Ceballos, H. 1995. Registration of acid soil tolerant maize populations SA-3 and SA-8. *Crop Science* 3: 1236.
- Horst, WJ; Puschel, AK; Schmohl, N. 1997. Induction of callose formation is a sensitive marker for genotypic aluminium sensitivity in maize. *Plant and Soil* 192:23-30.
- Kauss, H. 1985. Callose biosynthesis as a Ca²⁺ regulated process and possible relations to the induction of other metabolic changes. *Cell Sci Suppl.* 2, 89-103.
- Narro, LA; Perez, JC; Pandey, S; Crossa, J; Salazar, F; Arias, MP; Franco, J. 2000. Diallel and triallel analysis in an acid soil tolerant (*Zea mays* L.) population. *Maydica* 45:301-308.
- Narro, LA; Pandey, S; De Leon, C; Salazar, F; Arias, MP. 2000. Implications of Soil-Acidity Tolerant Maize Cultivars to Increase Production in Developing Countries. In: n. AE, J. Arihara, K., A.

- Srinivasan (Eds.) Plant Nutrient Acquisition . New Perspectives. Ed. NIAES. Springer Tokyo. pp 447-463.
- Pandey, S; Ceballos, H; Granados, G. 1994. Development of soil acidity tolerant cultivars for the tropics. Proc. 15th World Congress of Soil Science. Acapulco, Mexico, p.579-592.
- Pandey, S; Ceballos, H; Granados, G. 1995. Registration of Four Tropical Maize Populations with Acid Soil Tolerance: SA-4, SA-5, and SA-7. Crop Science 3: 1230-1231
- Pandey, S; Narro, LA; Friesen, DK; Waddington, SR. 2007. Breeding Maize for Tolerance to Soil Acidity. In: J. Janick (ed) Plant Breeding Reviews. John Willey & Sons, Inc. Hoboken, New Jersey.
- Salazar, F; Pandey, S; Narro, L; Perez, J; Ceballos, H; Parentoni, S; Bahia Filho, AFC. 1997. Diallel analysis of acid-soil tolerant and intolerant tropical maize populations. Crop Sci. 37:1457-1462.
- Von Uexkull, H; Mutert, E. 1995. Global extent, development and economic impact of acids soils. Plant Soil 171: 1-15.
- Wissemeier, AH; Klotz, F; Horst, WJ. 1987. Aluminium induced callose synthesis in roots of soybean (*Glycine max* L.). J. Plant Physiol.129:487-492.
- Wissemeier, AH; Horst, WJ. 1995. Effect of calcium supply on Aluminium-induced Calose Formation, its Distribution and Persistence in Roots of Soybean (*Glycine max* L. Merr). J. Plant Physiol. 145: 470-476.
- Zhang, G; Hoddinott, J; Taylor, G. 1994. Characterization of 1,3 β -D-Glucan (Callose) Synthesis in roots of *Triticum aestivum* in response to Aluminium toxicity. J. Plant Physiol. 144: 229-234.

Aptitud combinatoria general y específica del contenido de antocianina en maíz morado (*Zea mays* L.)

Teodoro NARRO LEÓN¹, Mayar Luis GANOZA²

¹Estación Experimental Baños del Inca de Cajamarca, Instituto Nacional de Innovación Agraria (INIA), Cajamarca, Perú; ²Universidad Nacional de Trujillo, La Libertad, Perú
¹tpnarrol@hotmail.com, ²mayarganoza@hotmail.com

Resumen

Con la finalidad de determinar la aptitud combinatoria general (ACG) y aptitud combinatoria específica (ACE) del contenido de antocianina en cruzamientos dialélicos con seis líneas S₁ de maíz morado, se analizaron 15 cruzamientos utilizando el método de pH diferencial. Fueron identificadas líneas con mayor valor de ACG y ACE para contenido de antocianinas en el grano y en la coronta de maíz morado.

Abstract

In order to determine the general combining ability (GCA) and specific combining ability (SCA) of antocyanine content in diallel crossings of six S₁ purple maize lines, 15 crossings were analyzed using pH differential method. Lines with major value of GCA and SCA for antocyanide content in grain and ears of purple maize were identified.

INTRODUCCIÓN

Las antocianinas son pigmentos naturales que se encuentra en el grano y en la coronta del maíz morado que se cultiva en la sierra y costa del Perú. Alrededor de 20 genes controlan los pigmentos en el maíz morado. Las antocianinas desempeñan diversas actividades biológicas, tales como antioxidante, antimutagénico y anticancerígeno.

MATERIALES Y MÉTODOS

Seis líneas S₁ de un total de 144 fueron seleccionadas en base al mayor contenido de antocianinas y rendimiento de grano. En la Estación Experimental Baños del Inca se efectuaron los cruzamientos dialélicos. Los cruzamientos fueron evaluados en la campana agrícola 2008-2009 en tres Centros Experimentales de la Estación Experimental Baños del Inca, en la Sede de la Estación y en los Anexos de Cochamarca en San Marcos y Pampa Grande, en Cajabamba.

Los análisis de antocianinas se efectuaron en el Laboratorio de Farmacia y Bioquímica de la Universidad Nacional de Trujillo. Para la extracción de antocianinas se utilizó agua desionizada con pH 4, a temperatura de 70° C por 3 a 4 horas. La cuantificación se efectuó mediante el método de pH diferencial. El contenido de antocianina se expresa en porcentaje en relación a 100 gramos de muestra.

RESULTADOS Y DISCUSIÓN

Mayores valores de Aptitud Combinatoria General (ACG) para contenido de antocianina en el grano fueron observados en las líneas 5 y 1, con valores de 0,0250 y 0,0175, respectivamente. Los mayores valores ACG del contenido de antocianina en la coronta fueron observados en las líneas 10, 7 y 1, con valores de 0,2308, 0,0883 y 0,3085, respectivamente. Los resultados indicaron que la línea 1 tiene genes para alto contenido de antocianina en los granos y en la coronta, la línea 5 genes para alto contenido de antocianina en el grano pero no en la coronta, y las líneas 10 y 7, lo inverso.

El mayor valor de Aptitud Combinatoria Específica (ACE) para alto contenido de antocianina en el grano fue observado en el cruzamiento de las líneas 5x1, con 0,1315, debido a los mayores valores de ACG de los progenitores. Para contenido de antocianina en la coronta, mayores valores de ACE fueron observados en los cruzamientos 9x5 y 9x7, con valores de 0,6170 y 0,4795, respectivamente, indicando que genes con efectos de dominancia y epistáticos, podrían determinar el contenido de antocianinas de la coronta del maíz morado.

REFERENCIAS

- Banerjee, S; Farsi, M; Singh, N. 1997. Combining ability analysis of local Indian maize varieties. Heterosis in Crops. The Genetic and Exploitation of Heterosis in Crops. Book of Abstracts. 188-189.
- Dhliwayo, T; Pixley, K; Menkir, A; Warburton, M. 2009. Combining ability, genetic distances and heterosis among elite CIMMYT and IITA tropical maize inbred lines. Crop Science 49: 1201-1210.
- Griffing, J. 1956. Concept of general and specific combining ability in relation to diallel crossing systems. Australian J, Biol. Science 9: 463-493.

Evaluación de híbridos dobles experimentales promisorios de maíz amarillo duro (*Zea mays* L.) en Oxapampa, Pasco, Perú

Manuel SINCHE¹, Javier GONZALES², Julián CHURA³, Jorge NAKAHODO³, Gilberto GARCÍA³, Pilar GÁLVEZ⁴

¹Universidad Nacional Daniel A. Carrión (UNDAC), Oxapampa, Pasco, Perú; ²Escuela de Agronomía, UNDAC, Oxapampa, Pasco, Perú; ³PCIM, Universidad Nacional Agraria la Molina (UNALM), Lima, Perú; ⁴Escuela de Agronomía, UNDAC, Oxapampa, Pasco, Perú

¹manrod03@hotmail.com, ²jjgonzales06@gmail.com, ³jchura2004@yahoo.es, ³nagarciapando@gmail.com, ⁴pgalvezr@gmail.com

Resumen

Por los bajos rendimientos y producción de maíz amarillo duro que se obtiene en Oxapampa, como una alternativa para que el agricultor incremente sus rendimientos, se ha evaluado 15 híbridos dobles experimentales promisorios obtenidos por el Programa de Investigación y Proyección Social (PIPS) en Maíz de la Universidad Nacional Agraria La Molina y 5 híbridos comerciales de maíz amarillo duro como testigos referenciales, en la campaña del 2006 a 2007. Entre los híbridos evaluados, el experimental PMX-7 ocupó el primer lugar en rendimiento en grano con 11,93 t/ha y fue superior en diámetro de tallo y características de mazorca excepto en hileras por mazorca; y, el segundo lugar lo ocupó el testigo referencial DK-5005 con 10,47 t/ha, siendo además superior en precocidad y en todas las características de mazorca.

Abstract

Yellow flint maize has low yield and production in Oxapampa (Perú). In order to increase yield for farmers, the evaluation of 15 double hybrids of promissory maize obtained by the Programa de Investigación y Proyección Social from the Universidad Nacional Agraria La Molina (Lima, Perú) and of 5 commercial hybrids of yellow flint maize as testers, in Oxapampa, during the campaign 2006-2007. Among the evaluated hybrids, the experimental PMX-7 hybrid occupied the first place in grain yield with 11,93 t/ha and was superior in stalk diameter and ear characteristics, except in ear per row; and Tester DK-5505 occupied the second place with 10,47 t/ha, being superior in earliness and all the ear characteristics.

INTRODUCCIÓN

En el Perú, los rendimientos de maíz se han incrementado en la Costa Norte y Sur pero en la selva, caso de Oxapampa, aún se mantienen escasos niveles de productividad, con un rendimiento máximo de 3 t/ha. Una forma de contribuir a la mayor producción es el uso de semilla mejorada, y se puede obtener haciendo evaluaciones de nuevas combinaciones génicas para lograr híbridos de alto rendimiento y así hacer conocer a los agricultores la utilización de semillas de éstos híbridos. El Programa Cooperativo de Investigaciones en Maíz (PCIM), realiza investigaciones en mejoramiento genético, formando híbridos precoces y de porte bajo con alto rendimiento, sin embargo, antes de hacer extensivo el uso de los mismos recomienda una previa y amplia evaluación pertinente. El presente trabajo tuvo como objetivo evaluar la precocidad y componentes de rendimiento de los híbridos dobles experimentales promisorios de *Z. mays*.

MATERIALES Y MÉTODOS

Material Genético. Constituido por 15 híbridos dobles experimentales promisorios obtenidos por el PCIM y 5 híbridos comerciales como testigos referenciales.

Ubicación del ensayo. Se ejecutó en Miraflores, a una altitud de 1834 msnm, en el distrito y provincia de Oxapampa, región Pasco; desde el 08 de julio del 2006 hasta el 15 de enero del 2007.

Diseño experimental. Fue usado el de Bloques Completos al Azar con 20 tratamientos y 4 repeticiones.

Características del experimento. Constituido por cuatro surcos por parcela, 11 golpes de 2 plantas por surco, 0,80 m de distanciamiento entre surcos y 0,40 m entre golpes.

Características evaluadas. Fueron días a floración masculina y femenina, altura de planta e inserción de mazorca, diámetro de tallo (pre cosecha), rendimiento en grano y características de mazorca (post cosecha).

RESULTADOS Y DISCUSIÓN

Tabla 1. Cuadrados medios del análisis de varianza de las variables evaluadas de los híbridos en estudio.

Fuente de Variación.	GL	CUADRADOS MEDIOS										
		Floración Masculina (días)	Floración Femenina (días)	Altura Planta (cm)	Altura Mazorca (cm)	Diámetro Tallo (cm)	Longitud Mazorca (cm)	Diámetro Mazorca (cm)	Hileras/mazorca	Granos/hilerera	Rdto. en grano (t/ha)	
Híbridos	19	19,32**	17,93**	2084,6**	1745,41**	0,05 n.s.	1,84ns	0,12ns	1,76**	11,01**	6,10ns	
Bloques	3	51,60**	20,55**	347,79ns.	411,35ns.	2,09**	1,86ns	0,12ns	0,52ns	5,28ns	13,2ns	
Error.	57	2,72	2,91	165,29	131,73	0,03	1,12	0,07	0,71	4,85	5,47	
CV (%)		1,58	1,60	5,60	9,83	5,87	5,84	5,26	6,06	6,55	25,67	

En la Tabla 1, se indica que existe diferencias altamente significativas entre los genotipos evaluados en la mayoría de características, excepto en diámetro de tallo (DT), longitud (LM) y diámetro de mazorca (DM) y rendimiento en grano, con coeficientes de variabilidad entre 1,58 y 25,67 %.

En la Tabla 2, se observa que los híbridos superiores en rendimiento fueron 4 testigos: DK-5005; AG-001; XB-8010; AG-612, y 9 híbridos experimentales: PMX-7; PMX-3; PMX-2; PMX-14; PMX-4; PMX-11; PMX-12; PMX-8 y PMX-6. El PMX-7 es el híbrido estadísticamente superior en la mayoría de variables evaluadas en post cosecha a excepción de hil/mazorca. Este híbrido es el que tiene mayor rendimiento entre todos los evaluados (11,93 t/ha) pero en las características pre cosecha sólo es superior en diámetro de tallo, indicándonos que no siempre el más precoz es el que nos dará mayor rendimiento. De esta manera, se puede afirmar que los 9 híbridos tuvieron las mejores combinaciones génicas para lograr su expresión en las condiciones de Oxapampa a diferencia del híbrido PM-212 que tuvo menor rendimiento (6,69 t/ha). Los híbridos experimentales presentaron rendimientos muy variados, a pesar de ser sometidos a similares condiciones de clima, suelo y manejo agronómico, confirmando así lo mencionado por Bartolini (1990), quien afirma que existe una estrecha relación entre la constitución genética de un híbrido y las características del ambiente en que debe vegetar. El mayor rendimiento del híbrido comercial DK-5005 confirma lo mencionado por Díaz *et al.* (2009) quienes lo atribuyen a la mayor LM y número de hil/maz; pero en el presente trabajo no fue así para el híbrido PMX-7. Por otro lado, se obtiene bajo rendimiento con los mismos híbridos obtenido por Gonzales *et al.* (2009), en donde el experimental 3 fue estadísticamente superior con 4288,60 kg/ha; de esto podríamos decir que la alta precipitación limitó el desarrollo del cultivo, por la humedad en el suelo que interfiere en la disponibilidad del oxígeno para la respiración de la planta.

Tabla 2. Híbridos estadísticamente superiores en las variables evaluadas. DLS (0,05).

Características	Híbridos												
	Híbridos experimental						Híbridos comerciales						
	PMX 7	PMX 3	PMX 2	PMX 14	PMX 4	PMX 11	PMX 12	PMX 8	PMX 6	DK-5005	AG - 001	XB-8010	AG-612
F. M. días)	105.00	106.0	103.7	105.5	106.5	103.7	106.7	104.7	104.2	100.5	100.2	99.75	104.7
F. F. (días)	107.75	108.5	106.0	107.0	107.2	106.0	107.2	107.2	107.5	102.0	102.0	102.2	107.7
A. P. (cm)	254.05	215.5	251.1	230.3	249.8	214.0	207.8	235.6	257.6	216.5	195.8	180.4	207.4
A. M. (cm)	124.63	97.10	137.0	116.5	134.5	95.45	90.55	125.1	144.8	103.7	97.20	72.00	104.1
D. T. (cm)	2.98	2.73	2.82	2.82	3.09	2.83	2.78	2.68	2.78	2.79	2.73	2.73	2.83
L. M. (cm)	19.17	19.09	18.12	16.58	19.18	17.90	18.17	18.48	18.53	17.88	17.29	17.70	17.95
D. M.(cm)	5.09	5.09	5.26	5.10	5.08	5.22	5.43	5.13	5.05	5.30	4.81	5.01	5.36
Hil/ maz.	13.55	13.65	14.50	14.60	13.75	14.45	13.60	13.35	13.45	15.90	13.80	13.30	14.90
Gran/hil.	36.53	34.88	31.70	31.99	33.17	32.24	32.49	33.25	32.95	36.09	35.10	34.94	34.78
Rdto. en grano (t/ha)	11.93	10.86	10.27	10.17	9.52	9.32	8.97	8.75	8.65	10.47	10.09	8.94	8.88

Los valores en negrita son estadísticamente superiores.

FM (floración masculina); FF (Floración femenina); AP (altura de planta); AM (altura de mazorca)

REFERENCIAS

- Bartolini, G. 1990. El maíz. Mundi Prensa, Madrid.
 Díaz, G; Sabando, F; Zambrano, S; Vásconez, G. 2007. Evaluación productiva y calidad de grano de cinco híbridos de maíz (*Zea mays* L.) en dos localidades en la provincia de Los Ríos. Ciencia y Tecnología 3: 7-15, Ecuador.

Gonzales, J; Párraga, A; Chura, J; Nakahodo, J; García, G; Rodríguez, J; Romero, C. 2009. Comportamiento de híbridos de maíz amarillo duro (*Zea mays* L.) en la localidad de Oxapampa. Pasco, Perú. Trabajo presentado en el VII Congreso Peruano de Genética “Carlos Ochoa Nieves”. Cuzco, Perú.

Diversidad de razas de maíz en sierra central del Perú

César OSCANO¹, Ricardo SEVILLA²

¹Instituto Nacional de Innovación Agraria (INIA), Programa Nacional de Investigación en Maíz. Estación Experimental Agraria Santa Ana, Huancayo Perú; ²Secretaría Técnica de Coordinación, CGIAR, Lima, Perú
¹coscanoar@hotmail.com, ²stc_cgjar@inia.gob.pe

Resumen

Con la finalidad de caracterizar, evaluar y determinar la relación existente entre las razas de maíz de la Sierra Central del Perú (Junín, Huancavelica y Ayacucho), para conservar y utilizar la diversidad genética del maíz, se analizaron muestras de semilla colectadas en campos de agricultores (colecciones). Las razas de maíz fueron representadas por 359 colecciones. En esas colecciones se observaron 17 características asociadas a cuatro componentes principales. Los cuatro componentes constituyen las variables sobre las cuales se realizó el análisis de grupos. Como resultado, en la Sierra Central del Perú se determinaron 12 grupos raciales de maíz.

Abstract

The present study was realized with the objective to characterize, evaluate and determine the relations between races of maize at Central Highland of Peru (Junín, Huancavelica and Ayacucho). Races of maize were represented by 359 samples of seed collected on farms. In those collections 17 characteristics were registered associated to four principal components for group analysis. The cluster analysis shows 12 racial groups of maize in the Central Highland of Peru.

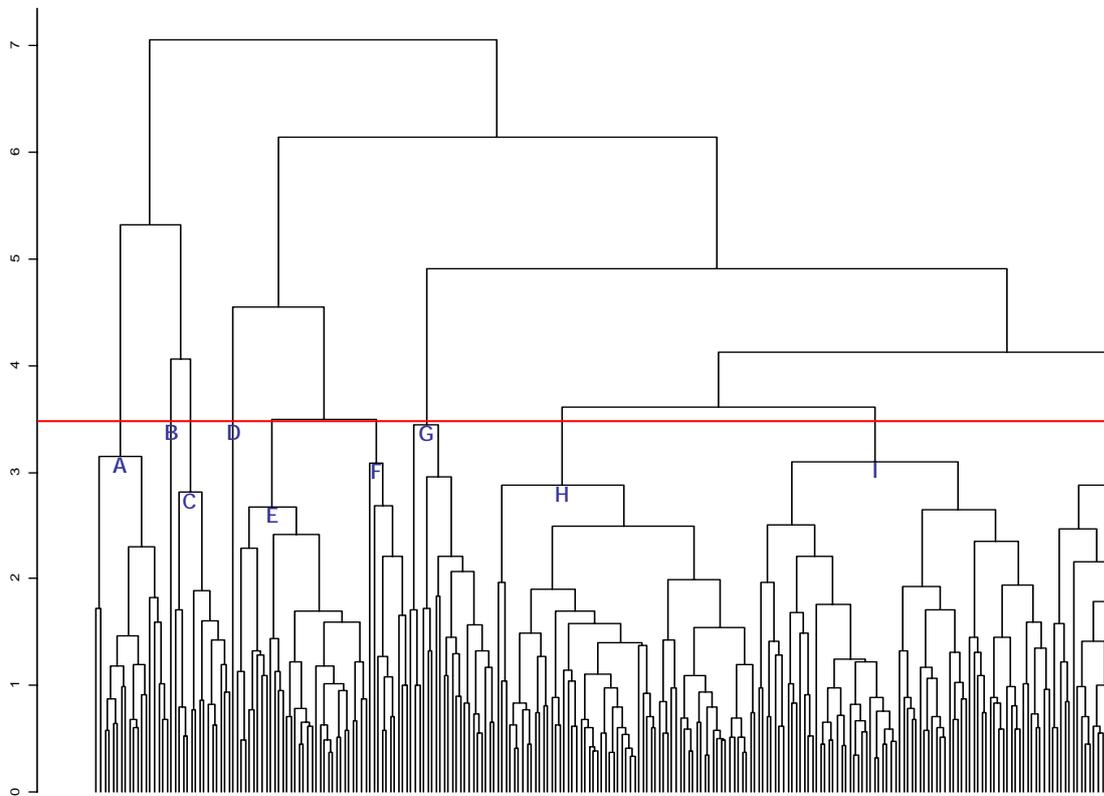
MATERIALES Y MÉTODOS

El material genético incluido en este estudio son las razas de maíz San Gerónimo Huancavelicano, San Gerónimo, Piscorunto, Paro, Morocho, Kulli, Huancavelicano, Granada, Cuzco, Confite Puntiajudo, Confite Morocho, Chimlos y Chullpi (Grobman *et al.*, 1961), representadas por 359 colecciones de la Sierra Central del Perú, en los departamentos de Junín, Huancavelica y Ayacucho (Oscanoa *et al.*, 2004). Del total de las colecciones, 163 fueron de Junín, 128 de Ayacucho y 68 de Huancavelica.

Datos de caracterización y evaluación. La mayoría de los descriptores de caracterización se tomaron sin modificaciones de “Los Descriptores para Maíz” publicado por el IPGRI en el 2001 y tomando en cuenta los criterios de Goodman y Paterniani (1969). Los caracteres registrados fueron: Rendimiento por planta, plantas emergidas, días a floración femenina, acumulación de unidades de calor a floración femenina, índice de nervadura, altura de mazorca, número de hileras de la mazorca, número de granos por hilera, diámetro de la base de mazorca, diámetro de la punta de mazorca, longitud de mazorca, conicidad de mazorca, peso de mazorca, peso de coronta, grosor de grano, diámetro de coronta y disposición de hileras sobre la coronta.

Análisis de conglomerados. Se realizó un análisis de conglomerados (cluster) con el propósito de agrupar las colecciones con mayor objetividad, de forma que éstas establezcan mayor similitud dentro de los grupos en los cuales exista mínima varianza y que estos grupos sean lo más heterogéneos posibles entre ellos, con una máxima varianza, para permitir comprender mejor las relaciones genéticas existentes entre los individuos (Clifford y Stephenson, 1975; Morrison, 1976).

Fig. 1. Dendrograma de 359 entradas de maíz de sierra central del Perú definiendo grupos a una distancia de 3,5.



RESULTADOS Y DISCUSIÓN

Inicialmente se describieron 42 caracteres, de los cuales 17 establecieron mejor las semejanzas entre los individuos; asociados en cuatro componentes principales. Los cuatro componentes presentan autovalores superior a uno; que en conjunto explican el 72% de la variación existente. Estos cuatro componentes constituyen las variables sobre las cuales se realiza el análisis de grupos. El dendrograma que clasifica las 359 colecciones en 12 grupos raciales y sus respectivos sub grupos a una distancia taxonómica de 3,5 se presenta en la Figura 1.

El Grupo A está formado por 18 colecciones correspondientes a la raza San Gerónimo. Hay cuatro que se parecen a las razas San Gerónimo Huanvavelicano, Granada, Paro y Piscorunto. El Grupo C está formado por dos sub-grupos de colecciones de las razas Confite Morocho y Confite puntiagudo, respectivamente. El grupo E está formado por 32 colectas, de las cuales 19 pertenecen a la raza Cuzco; el otro sub-grupo incluye colecciones de varias razas: Morocho, Kulli, Paro y San Gerónimo Huanvavelicano, evidenciando que estas razas tienen caracteres comunes con Cuzco, como el grano grande y las 8 hileras de granos. El Grupo F está formado por 10 colectas pertenecientes a la raza Chimlos, hechas en Santo Domingo de Acobamba, Pariahuanca y Andamarca, lugares ubicados en Junín a una altitud de 2200 a 2900 msnm. El Grupo G está formado por 21 colectas de la raza Chullpi. El Grupo H está formado por 63 colectas, de las cuales 34 pertenecen a la raza Paro, 24 a Morocho, 4 a Huanvavelicano y uno a Chullpi; forma dos sub grupos con las razas Paro y Morocho, respectivamente. El Grupo I está formado por 71 colectas, de las cuales 30% pertenecen a la raza Paro, 25% a Cuzco, 14% a San Gerónimo y Piscorunto, 10% a San Gerónimo Huanvavelicano y 7% a Huanvavelicano. Forman dos sub grupos: las colecciones Paro y Cuzco forman el primer sub grupo; y las razas San Gerónimo, Piscorunto, San Gerónimo Huanvavelicano y Huanvavelicano forman el segundo sub grupo. El Grupo J, formado por 60 colectas, de

las cuales 65% pertenecen a la raza San Gerónimo; hay algunas muestras de las razas Piscorunto, Paro, San Gerónimo Huancavelicano y Chullpi. El Grupo K, formado por 39 colectas, de las cuales 23 pertenecen a la raza Cuzco, 7 a San Gerónimo y San Gerónimo Huancavelicano, 3 a Piscorunto y una a Kculli. El Grupo L está formado por 21 colectas, de las cuales 15 pertenecen a la raza Paro; hay algunas que pertenecen a las razas Morocho, San Gerónimo, Huancavelicano, Granada y Kculli. Los Grupos B y D están formados por una sola colección.

Los resultados evidencian la vigencia de la clasificación racial original (Grobman *et al.*, 1961). Las 359 muestras pertenecen a alguna de las razas colectadas en la década de 1950-1960. Evidencian también que no se ha perdido ninguna raza, que se mantienen *in situ* en sus lugares de origen. Sin embargo, los grupos formados no coinciden plenamente con la clasificación original. Hay varias razones para esa situación, la más importante es que la primera clasificación se basó en la observación fenotípica de las mazorcas tomando en cuenta muchas características a la vez, situación que no captan los métodos de taxonomía numérica. Otra razón es que las razas se clasifican no sólo con criterios morfológicos; se consideran también criterios ecológicos y culturales (Sevilla y Holle, 2004).

La asignación de Paro en diferentes grupos puede ser consecuencia de que la denominación de Paro se atribuye a una gama muy amplia de formas distintas del maíz amiláceo; lo mismo sucede con la raza Morocho. Estas dos razas sin embargo están muy bien definidas y no requieren una reclasificación. El Piscorunto, que en este estudio se ha clasificado casi sin excepción en los grupos definidos como San Gerónimo, coincide con la clasificación que hicieron Blas *et al.*, (2002) usando marcadores moleculares. El San Gerónimo Huancavelicano también se ha incluido sin excepciones en los grupos designados como San Gerónimo, y el Huancavelicano en el grupo Cuzco. Es recomendable clasificar nuevamente la diversidad del maíz de Huancavelica para definir el agrupamiento de variedades comerciales como Carhuay o Montaña y Astilla.

Clasificar la diversidad en razas es recomendable para planear la conservación, formar compuestos para facilitar el mejoramiento participativo, producir semilla y uniformizar los productos de valor para acceder más fácilmente al mercado.

REFERENCIAS

- Blas R; Ribaut, J; Warburton, M; Chura, J; Sevilla, R. 2002. Análisis molecular de razas de maíz peruano con marcadores AFLP y microsatélites. En: Simposio: El Mejoramiento Genético de Plantas en el Perú. Genética Perú 3. SPG. Julio 2001. UNA La Molina. Lima, Perú
- Clifford, HT ; Stephenson, W. 1975. An introduction to numerical classification .Academic Press. New York, USA.
- Goodman, MM; Paterniani, E. 1969 The races of maize. III. Choices of appropriate characters for racial classification. Econ. Botany 23: 265-273.
- Grobman, A; Salhuana, W; Sevilla, R. 1961. Races of Maize in Peru. Nat. Ac. of Science. Nat. Reseach Council. Pub 915. Was. USA
- IPGRI. 2001. Descriptores para Maíz. Instituto Internacional de Recursos Fitogenéticos, Roma, Italia, Centro Internacional de Mejoramiento de Maíz y Trigo (CIMMYT).
- Morrison, DF. 1976. Multivariate Statistical Methods. International Student Edition. Ed. McGraw-Hill Book Co. New York, USA.
- Oscanoa, C; Vilchez, J; Narro, T; Sevilla, R. 2004. Participatory Breeding and Decentralized Seed Production of Maize in the Central Highlands of Peru. Global Maize Genetic Resource Conservation. CIMMYT. El Batán México.
- Sevilla, PR; Holle, M. 2004. Recursos Genéticos Vegetales. Primera edición. Luís León Asociados S.R.L. Lima-Perú

Preparando las nuevas variedades mejoradas de maíz amiláceo para enfrentar el cambio climático en la sierra alto-andina

Ricardo SEVILLA

Universidad Nacional Agraria La Molina (UNALM), Lima, Perú
Stc_cgjar@inia.gob.pe

Resumen

El cambio climático está elevando el nivel del cultivo del maíz amiláceo exponiéndolo a heladas. Después de haber mejorado con métodos de selección intrapoblacional variedades de maíz amiláceo para la Sierra Alta, y en base a los resultados del análisis de cruces dialélicas de seis de esas variedades, se inició la extracción de líneas desde la S1 a la S4. Esas líneas se juntaron por caracteres morfológicos similares al germoplasma andino y por origen, formándose cuatro sintéticos que generarán cuatro variedades después de recombinarlos.

Abstract

The climatic change is moving the level above sea of the Peruvian floury maize increasing the damages from freezing. Several maize populations were improved using methods of population improvement. Six of those varieties were crossed using a diallel model. Based on those results, several cycles of selfing, from S1 to S4 produced lines that were selected for similarity to the Andean germplasm. With the selected lines 4 synthetics were formed which are ready to be recombined.

INTRODUCCIÓN

La agricultura en la Sierra alto-andina se desarrolla sobre los 3,000 msnm, por lo tanto está expuesta a riesgos climáticos que limitan el cultivo y no permiten su tecnificación. En los últimos años, la mayor demanda de productos horti-frutícolas, los bajos precios de los cereales y la revalorización de las tierras con riego, están empujando hacia arriba a los cultivos tradicionales facilitados por el aumento de temperatura de las zonas agrícolas, de manera que el maíz amiláceo se siembra actualmente en zonas más altas. En esas zonas hay mayor frecuencia de heladas o bajas bruscas de temperatura que afectan seriamente a las plantas que no están preparadas para soportarlas (IPG, 2005).

Desde la década de 1980 el Programa Cooperativo de Investigación en Maíz (PCIM) de la Universidad Nacional Agraria La Molina priorizó el mejoramiento del maíz amiláceo para la sierra alta del Perú, concentrando sus investigaciones en el Instituto Regional de Desarrollo de la Sierra de dicha Universidad, en la provincia de Jauja, a 3300 msnm.

La estrategia de la primera etapa consistió en acopiar y cruzar todo el germoplasma conocido con probada tolerancia al frío por variedades peruanas de grano grande harinoso de color blanco. Sevilla (1995, 2006) describió la primera etapa del proceso que formó varias poblaciones con los segregantes de esas cruces.

MATERIALES Y MÉTODOS

En el año 1997 tres variedades productos de ese proyecto: PMS-636, PMD-638 y PMG-639; dos variedades mejoradas con 100 % de germoplasma peruano en su constitución: PMV-662 y el Compuesto Racial San Gerónimo Huancavelicano (CRSG Huanca); y una variedad choclera precoz de grano blanco, del Proyecto Cooperativo de Mejoramiento del CIMMYT para la Zona Andina: Pool Andino, se cruzaron entre sí. El año siguiente, se evaluaron las seis variedades mejoradas y sus 15 cruces directas y recíprocas. Los resultados fueron presentados por Quispe (1999). Los experimentos con cuatro repeticiones se condujeron en la Sierra del Perú en tres localidades: Jauja (3,340 msnm), Chiquián (2,950 msnm) y Ayacucho (2,750 msnm). Una somera descripción de las variedades parentales se muestra a continuación: PMV-662.- Seleccionada de la variedad nativa San Gerónimo del Valle del Mantaro, durante 10 ciclos de selección masal estratificada.

PMS-636.- Sintético formado después de dos ciclos de selección recurrente de líneas per se a partir de la cruz y posterior recombinación de las variedades Blanco Urubamba x San Gerónimo. Tiene cuatro ciclos de selección mazorca-hilera.

PMD-638.- Formada a partir de la cruz de PMS-636 por la Población C tolerante al frío, que a su vez se formó con el germoplasma mundial tolerante al frío cruzado por San Gerónimo. Esa población, denominada Población D, fue seleccionada por Selección mazorca-hilera modificada durante 9 ciclos.

PMG-639.- Formado a partir de la cruz de PMS-636 por germoplasma canadiense y posterior recombinación y selección durante tres ciclos de selección mazorca-hilera.

Compuesto Racial San Gerónimo Huancavelicano.- Formado por la recombinación de las colecciones de la raza peruana del mismo nombre.

Pool Andino.- Formado a partir de variedades de maíces de la zona alto-andina en el Proyecto Cooperativo de CIMMYT para la Zona Andina.

La heterosis para rendimiento no fue lo suficientemente alta como para usarla en la formación de híbridos. Sólo la cruz del Pool Andino por PMD-638 podría ser promisoria. Los efectos varietales fueron significativos en varios caracteres, por la superioridad del Pool Andino. La longitud de la mazorca, en general en las variedades precoces es más chica que lo que el mercado exige, mostró heterosis específica significativa en la cruz de Pool Andino x PMD-638 (Quispe, 1999).

El análisis genético de la tolerancia al frío mostró una vez más que en los primeros estados de desarrollo el germoplasma peruano es susceptible (Sevilla y Nakahodo, 2000). El Pool Andino fue el más tolerante, seguido de PMG-639; las más susceptibles fueron las variedades peruanas. Cuando se cruzó el PMG-639 por el CR San Gerónimo Huancavelicano disminuyó el número de plantas dañadas por el frío, con fuerte efecto materno.

Selección de líneas per se de los segregantes de cruzas dialélicas de seis progenitores de maíz amiláceo tolerantes al frío

En el año 1998 se probaron en dos épocas de siembra, las 15 cruzas que se hicieron en 1997 y sus 6 progenitores: PMV-662, PMS-636, PMD-638, PMG-639, CRSG-Huanca y Pool Andino. En 1999 se autofecundaron las mejores plantas de las 15 cruzas; un total de 507 autofecundaciones. En Noviembre de 1999 se sembraron líneas S1 de las cruzas. Se seleccionó las plantas fenotípicamente por precocidad, altura de la planta y uniformidad. La selección fue por el fenotipo del maíz andino; sólo se seleccionaron y autofecundaron para pasar a la segunda generación de endocria las plantas similares a la raza San Gerónimo, o sea precoz, baja, con pocas hojas, una mazorca por planta implantada en los nudos inferiores del tallo; panoja mediana con un largo pedúnculo.

El número de líneas evaluadas, el número total de autofecundaciones hechas en las mejores plantas de las líneas seleccionadas y el número total de líneas se muestra en el cuadro 1

Cuadro 1. Número de líneas S1 probadas de cada cruz, número de líneas seleccionadas por aspecto de planta y mazorca y número de líneas S2. Junín 2000.

Cruza	N° líneas S1 Probadas	N° líneas seleccionadas		N° líneas S2
		Planta	Mazorca	
PMV-662 x PMS-636	11	3	3	11
PMV-662 x PMD-638	3	2	0	2
PMV-662 x PMG-639	12	8	11	19
PMV-662 x CR SG Huanca	18	17	24	37
PMV-662 x Pool Andino	7	3	4	10
PMS-636 x PMD-638	8	5	9	9
PMS-636 x PMG-639	45	36	52	92
PMS-636 x Pool Andino	21	14	28	50
PMD-638 x PMG-639	11	10	29	26
PMD-638 x CR SG Huanca	21	21	38	60
PMG-639 x CR SG Huanca	4	2	2	7
PMG-639 x Pool Andino	10	5	5	17
CR SG Huanca x Pool Andino	3	2	2	4
PMS-636 x CR SG Huanca	33	18	11	42
Total	207	146	218	386

En la campaña 2002-2003, se hizo la evaluación fenotípica de líneas S2 y se generaron líneas S3. Algunas líneas se autofecundaron nuevamente en la siguiente campaña para formar líneas S4.

Se seleccionó una línea S2 de PMV-662 x PMS-636, 5 de PMV-662 x PMG-639, 8 de PMV-662 x CR SG Huanca, 7 de PMS-636 x PMD-638, 21 de PMS-636 x PMG-639, 18 de PMS-636 x Pool Andino, 19 de PMD-638 x PMG-639, 29 de PMD-638 x CR SG Huanca, 1 de PMG-639 x CR SG Huanca, 5 de PMG-639 x Pool Andino, 2 de CR SG Huanca x Pool Andino y 6 de PMS-636 x CR SG Huanca.

RESULTADOS Y DISCUSIÓN

Se formaron cuatro sintéticos con la denominación común T.F. (Tolerante al Frío). PMS-TF-1, formado por 39 líneas S3: 12 descendientes de PMD-638 x PMG-639, 24 de PMS-636 x PMG-639 y 3 de PMV-662 x PMG-639.

PMS-TF-2, formado por 27 líneas S3: 17 de PMS-636 x Pool Andino, 8 de PMG-639 x Pool Andino, y 2 del CR SG Huanca x Pool Andino.

PMS-TF-3 formado por 17 líneas S3 y S4: 2 de PMV-662 x PMD-638, 4 de PMV-662 x PMS-636, 8 de PMS-636 x PMD-638 y 1 línea S4 de PMV-662 y de las cruzas PMV-662 x PMD-638 y PMV-662 x PMS-636.

PMS-TF-4, formado por 40 líneas S3: 2 de PMV-662 x CR SR Huanca, 9 de PMS-636 x CR SG Huanca y 29 del PMD-638 x CR SG Huanca.

El interés por el uso de la heterosis en zonas limitantes está vigente porque se ha demostrado (Elings y Edmeades, 1997; Betran *et al.*, 1997; Ceballos *et al.*, 1997) que los híbridos pueden ser más estables y tolerantes que sus progenitores a condiciones adversas de clima y suelo y que a bajos niveles de nitrógeno y en suelos ácidos, los efectos no aditivos son mayores que los aditivos, lo que sugiere que la tolerancia a condiciones adversas abióticas se puede inducir con una apropiada combinación híbrida. La calidad de las líneas y su similitud con las variedades nativas peruanas es consecuencia de la atención preferencial que se puso en los caracteres típicos de las razas peruanas de altura durante el proceso de selección intrapoblacional de todas las variedades; la extracción de las líneas empezó después que las poblaciones seleccionadas mostraron que se recuperaron el tipo y morfología del germoplasma peruano.

La heterosis entre líneas se usará en sintéticos; sintéticos formados por muchas líneas no son recomendables en los programas convencionales porque se pierde intensidad de selección. Pero el objetivo de esta investigación no es obtener las variedades más productivas. El objetivo es coincidente con Bernardo (1992): retener en los primeros estados de endocria una mayor proporción de líneas para evitar la pérdida de líneas genéticamente superiores por la baja heredabilidad. Los sintéticos serán repartidos a diferentes lugares de la sierra para que se continúe la selección con miras a formar poblaciones adaptadas a las particulares condiciones del lugar.

Está pendiente la recombinación de los sintéticos, las pruebas comparativas en la mayor cantidad de ambientes posibles y los análisis de habilidad combinatorio con las otras fuentes de líneas: del ciclo 14 de selección del PMD-638, del PMG-639 y de la cruce PMV-662 x PMD-638.

REFERENCIAS

- Bernardo, R. 1992. Retention of genetically superior lines during early generation test-crossing of Maize. *Crop Sci* Vol 32: 933-937.
- Betran, F; Beck, D; Edmeades, G; Ribaut, J; Banzinger, M; Sánchez, C. 1997. Genetic analysis of abiotic stress tolerance in tropical maize hybrids. CIMMYT. *The Genetic Exploitation of Heterosis in Crops*. Pags: 29-29. México.
- Ceballos, H; Pandey, S; Narro, L. 1997. Relative importance of additive, dominant and epistasis effects for Maize yields in acidic and non-acidic soils. CIMMYT: *The Genetic Exploitation of Heterosis in Crops*. Pags: 42-43. México.
- Elings, A; Edmeades, G. 1997. The photosynthesis rate of lines, hybrids and open pollinated varieties of tropical Maize. CIMMYT: *The Genetic Exploitation of Heterosis in Crops*. Pags: 138-139. México.
- Instituto Geofísico del Perú (IGP). 2005. Vulnerabilidad actual y futura ante el cambio climático y medidas de adaptación en la cuenca del río Mantaro. CONAM. Consejo Nacional del Ambiente. Lima, Perú.

- Quispe, J. 1999. Heterosis en variedades precoces de Maíz de Sierra Alta. Tesis Magister Scientiae. UNA La Molina. Lima, Perú
- Sevilla, R. 1995. Germoplasma foráneo de maíz tolerante al frío en los primeros estados de desarrollo para adaptar las variedades de la Sierra del Perú a siembras tempranas. III Reunión Latinoamericana y XVI de la Zona Andina de Investigadores en Maíz. Pags: 149-172. Cochabamba, Santa Cruz. Bolivia.
- Sevilla, R; Nakahodo, J. 2000. Herencia de la tolerancia al frío en el primer estado de desarrollo en el maíz amiláceo de la Sierra del Perú. IV Congreso Peruano de Genética. Pags: 137-139. Agosto 2000. UNA La Molina. Lima, Perú
- Sevilla, R. 2006. Use of native and introduced Maize diversity to improve cold tolerance in Andean Maize. En: Enhancing the use of crop genetic diversity to manage abiotic stress in agricultural production systems. Pags: 84-91. Ed: D. Jarvis, I. Mar and L. Sears. Mayo 2005. Budapest, Hungría. IPGRI. Roma, Italia.

El mejoramiento genético del garbanzo (*Cicer arietinum* L.) y su importancia en las economías regionales del Semiárido Central de Argentina

J. CARRERAS¹, S. BOLOGNA¹, M. ALLENDE¹, S. ÁVALOS¹, N. ATECA¹, V. MAZZUFERI¹, S. GARCÍA², J. RUBIO³

¹Facultad de Ciencias Agropecuarias - Universidad Nacional de Córdoba, Argentina; ²INTA Cerrillos Salta, Argentina;

³Instituto de Formación Agraria, Córdoba, España

juliacarreras@yahoo.com.ar

Resumen

En las poblaciones locales se observó bajos rendimientos, diferencias marcadas en la arquitectura del cultivo, dispar tolerancia al frío y a la fusariosis, alta necesidad de mano de obra y maquinarias no adecuadas para el momento de cosecha. La finalidad del presente trabajo es explorar la variabilidad genética en los caracteres componentes del rendimiento, los factores adversos bióticos y abióticos, en el marco del mejoramiento del manejo del cultivo. A partir de 2002 se ha realizado la introducción de líneas con caracteres de tolerancia a *Fusarium* sp., precocidad, doble vaina a efectos de evaluar su adaptación en tres ambientes Salta, Córdoba, y San Luis. Como resultado de ellos se destacan 6 líneas superiores para rendimiento, y sanidad; las que se encuentran en etapas de multiplicación de semilla y de descripción como futuros cultivares.

Abstract

Local populations in low yields was observed, marked differences in the architecture of crop, tolerance to cold and mixed scab, high need for labor and machinery not suitable for harvest time. The purpose of this paper is to explore the genetic variability in yield components, the adverse biotic and abiotic factors, under the management of cultural breeding. Since 2002 it has made the introduction of lines with characters of tolerance to *Fusarium* sp., earliness, double sheath, in order to evaluate their adaptation in three environments Salta, Cordoba and San Luis. As a result of them stand above 6 lines for performance, and health, those which were in seed multiplication stages and description as future cultivars.

INTRODUCCIÓN

El cultivo de garbanzo se inicia, con la llegada de los inmigrantes españoles y las etnias de los pueblos del medio oriente desde mediados del siglo XIX e inicio del siglo XX. Esto tuvo lugar en Córdoba, donde se fue acumulando variabilidad en las poblaciones locales para los diferentes componentes de la producción. Esta economía regional adquiere importancia con la inauguración de los Diques Cruz del Eje y Pichanas, que proveen agua a un ambiente ideal para el cultivo de una leguminosa de grano seco de invierno. En las poblaciones locales se observó bajos rendimientos, diferencias marcadas en la arquitectura del cultivo, dispar tolerancia al frío y a la fusariosis, alta necesidad de mano de obra y maquinarias no adecuadas para el momento de cosecha.

La finalidad del presente estudio es explorar la variabilidad genética en los caracteres componentes del rendimiento, los factores adversos bióticos y abióticos, en el marco del mejoramiento genético y agronomía de cultivo.

MATERIALES Y MÉTODOS

En 1974 se inicia un programa de mejora genética en garbanzo, cuya sede de trabajo es la Facultad de Ciencias Agropecuarias, de la Universidad Nacional de Córdoba y continúa hasta la fecha. En la población local Saúco se realizó selección individual de líneas. En las hibridaciones, se realizó crianza masal y genealógica combinada para la selección de las líneas. Las introducciones y las evaluaciones de las líneas de los diferentes métodos se evaluaron en ensayos comparativos de rendimientos en Córdoba, Salta, Tucumán y San Luis.

RESULTADOS Y DISCUSIÓN

De la población Saúco se seleccionan líneas puras con buen rendimiento y atributos específicos para despeje de primera vaina, sanidad frente a *Fusarium oxysporum* y *solani*, tolerancia a frío y uniformidad. La línea S-156 expresó un rendimiento promedio de 2000kg/ha, altura de despeje a los 15cm, semilla de color crema y de 49g/las 100 semillas, tolerante a la fusariosis y al frío. Inscripta como Chañaritos S-156, en el Registro Nacional de Cultivares con el N° 374 en el Instituto Nacional de Semillas, de Argentina, en el año 1992,

Mediante hibridación entre progenitores Mexicano y línea S-159. Se obtuvo poblaciones segregantes, donde se seleccionaron líneas con atributos de alta producción, arquitectura de cultivo y mayor tamaño de semilla. La mejor línea fue denominada Norteño, inscripto en el Registro de Cultivares con el N° 1193, en el año 1999. Entre los atributos de Norteño sobresalen el porte semirrecto en estado vegetativo y reproductivo, lo que permite la cosecha mecánica directa, tolerancia a frío y a fusariosis, rendimiento de 2000kg/ha. El color de la semilla es crema clara y de 59g/las 100 semillas (Tabla 1). El destino es para exportación por tener un calibre entre 9-10mm, aspecto importante en las transacciones comerciales, con los países pertenecientes a la cuenca del Mediterráneo.

A partir de 2002 se ha realizado la introducción de líneas con caracteres de tolerancia a *Fusarium* sp., precocidad, doble vaina a efectos de evaluar su adaptación en tres ambientes Salta, Córdoba, y San Luis. Como resultado de ellos se destacan 6 líneas superiores para rendimiento, arquitectura de cultivo y sanidad; las que se encuentran en etapas de multiplicación de semilla y de descripción como futuros cultivares.

La mejora genética interactúa con otras disciplinas y los productores locales, que ayudan a potenciar los atributos de los cultivares, entre ellos se destacan los siguientes: aislamiento e identificación de *Rhizobium* sp; de los agentes responsables de la Fusariosis, la entomofauna de insectos asociada al cultivo en sus diferentes etapas, la anatomía de la semilla y sus cuidados e influencia directa en la tecnología de producción de semilla.

Tabla 1. Caracterización de las poblaciones locales y los cultivares para los principales aspectos agronómicos.

Descriptor	Sauco	Mexicano	Chañaritos S-156	Norteño
Porte	SR-SE	E	SR-SE	SE
Flor	Blanca	Blanca	Blanca	Blanca
Color de semilla	Crema	Blanca	Crema Amarillento	Crema claro
Despeje (cm)	V	17	20	30
Ciclo (días)	150-170	140	160	150
Peso 100 semillas (g)	30	60	49	60
Tolerancia a Fusarium	V	S	T	T
Tolerancia a frío	V	S	T	T
Rendimiento (Kg/ha)	1200	800	2000	2000

SR semirastrero, SE semirrecto, E: erecto. V. variable; S: susceptible; T: tolerante

El ajuste y puesta a punto de un paquete tecnológico aplicado a la siembra directa del cultivo de garbanzo, en seco o con riego y potenciando las virtudes de los cultivares logrados, ha permitido que la provincia de Córdoba, que en la década de 1980 prácticamente se había perdido el cultivo de garbanzo, sea hoy la primera provincia productora del país, con 10.000has distribuidas principalmente en la zona centro-norte fortaleciendo una economía regional emergente.

REFERENCIAS

- Abril, A; Ryan, A; Carreras, J. 1997. Inoculación de garbanzo con *Rhizobium* sp nativos de la provincia de Córdoba, Argentina. Revista Argentina de Microbiología 29:24-31. ISSN 0235-7541
- Ateca, N; Pascualide, A; Carreras, J. 2009. Anatomía vascular de las plántulas de *Cicer arietinum* L., Genotipo MxWR-315-14. Boletín de la Sociedad Argentina de Botánica. 440:43-48.
- Biderbost, E; Carreras, J. 1991. "Chañaritos S-156 Nuevo Cultivar de Garbanzo (*Cicer arietinum* L). En: Agriscientia Vol. VIII /91 : 15 - 18.

- Biderbost, E; Carreras, J. 2005. Registration of Chañaritos S-156. Chickpea. Crops Science. Vol.45.Nº 4:1653.
- Carreras, J; Luque, A; Vargas, S; Gil, S; Benitez, G; Meriles, J; Allende, M; Biderbost, E; Millán, T; Rubio, J. 2005 Especies de fusarium asociadas al amarillamiento del garbanzo en Córdoba Argentina XIII Congreso Latinoamericano de Fitopatologos Villa Carlos Paz. Córdoba.
- Carreras, J; Garcia, S; Gray, L; Collavino, N; Fraile, V; Pastrana, C; Biderbost, E. Norteño cultivar de garbanzo para exportación (*Cicer arietinum* L). 1997. Congreso Argentino de Horticultura.
- Fichetti, P; Avalos, S; Mazzuferi, V; Carreras, J. 2009 Lepidópteros asociados al cultivo de garbanzo (*Cicer arietinum* L.) en Córdoba, Argentina. Boletín de Sanidad Vegetal "Plagas". 35-1:49-58.
- Karrat, M; Gil, J; y J. I. Cubero. 1991. Genetics of grain yield components in chickpea (*Cicer arietinum* L.) J.Genet. & Breed. 45:87-92.
- Mazzuferi, V; Carreras, J; Casanoves, F. 2000. Efecto de la fosfamina en el control del gorgojo del arroz, *Sitophilus oryzae* (L.), (Coleoptera:Curculionidae) en semillas de garbanzo (*Cicer arietinum* L.) y sus consecuencias sobre la viabilidad. Agriscientia Vol.XVII:65-68.
- Saxena, MC; Singh, KB. 1987. The Chickpea. CAB (U.K.)
- Singh, KB. 1997. Chickpea (*Cicer arietinum* L.). Field Crops Research 53:161-170.
- Yadav, SS; Redden, R; Chen, W; Sharma, B. 2006. Chickpea breeding & Management. CABI

Evaluación fenotípica de algunas variedades de arroz (*Oryza sativa* L.) bajo diferentes dosis de nitrógeno en el valle de San Lorenzo, Región Piura

César A. PUICÓN AÑAZCO¹

¹Universidad Nacional de Piura. Facultad de Agronomía, Piura, Perú
cpuicon1506@hotmail.com

Resumen

Con el fin de evaluar el comportamiento genotípico y fenotípico de algunas variedades de arroz a diferentes dosis de nitrógeno; así como determinar la dosis óptima económica y de máximo rendimiento de arroz cáscara, se planteó el presente trabajo, llegándose a concluir que la mejor variedad fue IR-43 con la dosis de 240 kg.N./ha., donde se alcanzó el máximo rendimiento de 11,577 kg./ha., así como los mejores promedios para el resto de sus características fenotípicas. En promedio para las variedades de arroz en estudio, la dosis óptima económica de nitrógeno fue 255 kg./ha., y para máximo rendimiento 263 kg.N./ha.

Abstract

With the purpose of evaluating the genotypic and phenotypic behavior from some varieties of rice to different nitrogen dose; as well as to determine the economic good dose and of maximum yield of rice shell, thought about the present work, being ended up concluding that the best variety was IR-43 with the dose of 240 kg.N./ha., where the maximum yield of 11,577 kg./ha., as well as the best averages for the rest of its characteristic fenotípicas. On the average for the varieties of rice in study, the economic good dose of nitrogen was 255 kg. /ha., and for maximum yield 263 kg.N./ha.

INTRODUCCIÓN

A nivel nacional, el arroz es uno de los cultivos cerealeros, de mayor importancia, tanto por su área de siembra como por sus altos rendimientos por unidad de área y gran demanda como producto de consumo masivo por parte de la población humana; sin embargo a pesar de ello, no se llega a abastecer la demanda nacional, por lo que es necesario buscar alternativas de producción, aplicando ciertas innovaciones tecnológicas en el manejo del cultivo del arroz, tendientes a incrementar su producción y productividad, haciendo uso de variedades de alto potencial de rendimiento a diferentes dosis de nitrógeno.

MATERIALES Y MÉTODOS

El experimento se condujo en el Sector Cruceta, del Valle de San Lorenzo, de la Región Piura, durante la campaña 2009 (Enero-Junio), estudiando cuatro variedades de arroz: Pitipo, IDAL-2, Tinajones e IR-43, con cuatro dosis de nitrógeno (80, 160, 240 y 320 kg. N/ha.). En base a estos factores se evaluó la respuesta genotípica y fenotípica de algunas variedades de arroz, de reciente introducción en el sector antes indicado. Para establecer las dosis óptimas económicas y de máximo rendimiento, derivadas del experimento, se ajustó un polinomio de segundo grado a los resultados de rendimiento de grano de arroz: $Y = a + bX + cX^2$.

RESULTADOS Y DISCUSIÓN

En el Cuadro N° 1, se muestran los datos de rendimiento para los diferentes tratamientos, donde los mayores rendimientos de 9,883 y 9,162 kg./ha., de arroz cáscara, se obtuvieron con las variedades IR-43 y Tinajones, seguidas por Pitipo e IDAL-2, cuyos rendimientos fueron de 8,566 y 8,419 kg./ha., de arroz cáscara. La variedad IR-43, superó en 721; 1,317 y 1,464 kg./ha., de arroz cáscara a las variedades Tinajones, Pitipo e IDAL-2, equivalente al 7.30 %, 13.33 % y 14.81 %, más en el rendimiento, debido a un carácter varietal y mejor adaptación a las condiciones ecológicas de la región Piura.

Los rendimientos mostraron una respuesta cuadrática, por efecto del nitrógeno, incrementándose hasta 240 kg N/ha, (10,536 kg./ha.) para decrecer a 320 kg N/ha, (10,302 kg./ha.), superando a las dosis de 160 y 80 kg N/ha, donde se alcanzaron los menores rendimientos de 9,354 y 5,837 kg/ha.

Para número de panojas/mata, los mayores promedios de 25, 26 y 25 panojas/mata, se obtuvieron con las variedades IR-43, IDAL-2 y Tinajones y la dosis de 240 kg N/ha.; así como para longitud de panoja con 21.49, 19.27 y 19.91 cm., respectivamente. En cambio para número de granos llenos/panoja, los mayores promedios de 122 y 132, se obtuvieron con las variedades Pitipo y Tinajones a la dosis de 240 kg.N./ha.

En lo que respecta a peso de grano, los mayores pesos de 30.33 y 29.95 gramos, se lograron con las variedades IR-43 y Tinajones y la dosis de 240 kg N/ha. En cuanto a calidad molinera, el mayor rendimiento de pila de 77.50%, y porcentaje de grano entero de 64.43%, se obtuvieron con la variedad IR-43 y la dosis de 240 kg/ha.

En términos generales, tanto el rendimiento en grano, como el resto de características fenotípicas, variaron en función de la variedad y de la dosis de nitrógeno, afectándolos significativamente; a parte de los factores edáficos y climáticos, que inciden directamente en el comportamiento agronómico del cultivo de arroz.

De acuerdo al análisis de regresión cuadrática, las variedades difirieron en sus dosis óptimas económicas de nitrógeno (247-261 kg./ha.) y de máximo rendimiento de arroz (255-271 kg./ha.).

La eficiencia de uso del nitrógeno, disminuyó en función del incremento de la dosis aplicada. La eficiencia de uso del nitrógeno (EUN), definida como la producción de grano por unidad de nitrógeno suministrado (aportado por el suelo y el fertilizante) (Moll *et al.*, 1982) disminuyó en función del incremento de la dosis aplicada. Cuadro N° 2.

Cuadro 1. Prueba de Duncan 0.05, para variedades, nitrógeno e interacción, sobre el rendimiento de arroz cáscara (kg/ha), al 14% de humedad.

Dosis de nitrógeno	Variedades				Efecto principal de nitrógeno
	Pitipo	IR-43	Idal-2	Tinajones	
80 kg./ha.	5,708 c	6,256 c	5,491 b	5,894 c	5,837 c
160 "	8,760 b	10,403 b	8,943 a	9,312 b	9,354 b
240 "	9,918 a	11,577 a	9,748 a	10,902 a	10,536 a
320 "	9,877 a	11,298 a	9,493 a	10,540 a	10,302 a
Efecto principal de variedades	8,566 C	9,883 A	8,419 C	9,162 B	

Cuadro 2. Efecto de la dosis de nitrógeno sobre el rendimiento de grano y eficiencia de uso de nitrógeno.

Nitrógeno (kg/ha)	Rendimiento de grano (kg/ha)	Ajuste cuadrático (kg/ha)	EUN (kg grano /kg N)
80	5,837	5,883	73.54
160	9,354	9,216	57.60
240	10,536	10,674	44.48
320	10,302	10,256	32.05

REFERENCIAS

- Dobermann, A; Fairhurst, T. 2000. Rice: Nutrient Disorders y Nutrient Management. International Rice Research Institute. Las Filipinas. Pp.1-11.
- Moll, RH; Kamprah, EJ; Jackson, WA. 1982. Analysis and interpretation of factors which contribute to efficiency of nitrogen utilization. *Agron. J.* 74: 562-564.
- Puicón, AC. 2007. Determinación de la dosis óptima económica de nitrógeno y su influencia en la producción y calidad molinera de dos cultivares de arroz (*Oryza sativa* L.). Trabajo de investigación. Facultad de Agronomía. U.N.P. Piura. 68 p.

Mecanismos de resistencia a sequía de la quinua (*Chenopodium quinoa* Willd.)

Ángel MUJICA¹, Ernesto CHURA², Enrique RUIZ³, Richard MARTINEZ⁴

^{1,2}Proyecto Granos Andinos, Universidad Nacional del Altiplano (UNA), UNA-INCAGRO, Puno, Perú; ^{3,4}Unidad Descentralizada INCAGRO, Puno, Perú

¹amhmujica@yahoo.com, ²ernestochuray@yahoo.com, ³eruizt@hotmail.com, ⁴rmartinez@incagro.org.pe

Resumen

La quinua presenta amplia diversidad y variabilidad genética que ha facilitado durante su evolución ontogénica y filogenética, mecanismos de escape a la sequía, y de tolerancia a bajos potenciales hídricos manteniendo altos potenciales hídricos. De este modo, tanto las variedades cultivadas (Ayara, Kcoyto, Antawara, Pasankalla, Kcancolla, Utusaya, Real, Achachino) como sus parientes silvestres (*C. petiolare*, *C. hircinum*, *C. pallidicaule*, *C. quinoa* subsp *melanospermum*, *C. ambrosioides*, *C. insisum*, *C. carnosolum*), presentan mecanismos de resistencia a sequía que le permiten obtener producciones aceptables en condiciones de déficit hídrico. Para ello, ha desarrollado modificaciones morfológicas (menor tamaño de planta y hojas, reducción del área foliar), anatómicas (mayor desarrollo radicular, aumento de densidad y profundidad radicular), fisiológicas (reemplazo de fotosíntesis laminar por no laminar, movimiento nictinástico), bioquímicas (presencia de oxalato de calcio, mayor termoestabilidad de clorofila) y fenológicas (pronto desarrollo radicular, madurez prematura) que le permite mantener sus funciones vitales y acumular fotosintatos en semillas y órganos de reserva.

Abstract

Wide genetic diversity and variability of quinoa has adapted escape/tolerance mechanisms to overcome drought stress throughout ontogenetic and phylogenetic evolution. Thereby, cultivated varieties (Ayara, Kcoyto, Antawara, Pasankalla, Kcancolla, Utusaya, Real, Achachino) as long as their wild relatives (*C. petiolare*, *C. hircinum*, *C. pallidicaule*, *C. quinoa* subsp *melanospermum*, *C. ambrosioides*, *C. insisum*, *C. carnosolum*), have resistance mechanisms for drought, which allows acceptable yields under water stress conditions. For this purpose, quinoa has developed morphological (lower plant height, lower leaf area), anatomical (higher root development, density and depth), physiological (change of laminar to non laminar photosynthesis, nyctinastic movement), biochemical (calcium oxalate presence, higher chlorophyll thermoestability) and phenological modifications (early root development, plant earliness) which allows resistance to drought conditions in order maintain vital functions and the accumulation of photosynthates in seeds and storage organs.

INTRODUCCIÓN

La quinua es un cultivo ancestral del altiplano, su gran diversidad y variabilidad le permite sobrellevar condiciones extremas de déficit hídrico, estando adaptado a condiciones áridas y semi áridas. Durante su evolución ontogénica y filogenética ha logrado alta resistencia a sequía, dando producciones económicamente aceptables a partir de apenas 153 mm de lluvia anual y la aplicación de tecnología de cultivo propia, como sucede en Colchane, Chile (Mujica *et al.*, 2008). La sequía es uno de los mayores problemas que enfrenta la agricultura moderna, debido al aumento de la desertificación de zonas cultivables y la necesidad mundial de producir alimentos. Para ello, se requiere de cultivos que se puedan cultivar con menor cantidad de agua como la quinua. La sequía, definida agrónomicamente como la falta de humedad que afecta el normal crecimiento, desarrollo y funciones principales de la planta, disminuyendo su rendimiento, puede tener lugar en cualquier etapa fenológica del desarrollo. La quinua reacciona de diferentes formas para contrarrestar estos efectos, mostrando mecanismos de escape, y de tolerancia a la sequía, para mantener altos potenciales hídricos y soportar bajos potenciales hídricos. Es así como durante su evolución ha desarrollado modificaciones morfológicas, fisiológicas, anatómicas, bioquímicas y fenológicas (Mujica, 1988), como defensa para evitar daños severos y muerte paulatina e irreversible.

MATERIALES Y MÉTODOS

Se ha observado y evaluado material genético de parientes silvestres: *C. petiolare*, *C. hircinum*, *C. pallidicaule*, *C. quinoa* subsp *melanospermum*, *C. ambrosioides*, *C. insisum*, *C. carnosolum* en aynokas de comunidades conservacionistas e invernadero (Mujica *et al.*, 2010) y variedades nativas: Ayara, Kcoyto,

Antawara, Witulla, Pasankalla, Kcancolla, Utusaya, Blanca Real, Pandela, Achachino (Mujica, 1982) en aynokas de comunidades campesinas conservacionistas, campos de agricultores dedicados a la quinua y experimentos en estaciones experimentales de Puno, Arequipa, Majes (Costa) y Colchane (Altiplano árido de Chile), durante tres campañas agrícolas: 2006-2009.

RESULTADOS Y DISCUSIÓN

Los mecanismos de resistencia a la sequía que la quinua desarrolla son:

Escape a la sequía. Es la habilidad que tiene la quinua para completar su ciclo antes de que el déficit hídrico en el suelo y en la planta se desarrolle. Para ello, la quinua cumple una determinada fase fenológica en forma rápida o, en todo caso, adapta su desarrollo a las condiciones presentes en ese momento, como el desarrollo fenológico rápido y plasticidad en desarrollo.

Tolerancia a la sequía manteniendo un alto potencial hídrico. Consiste en la habilidad de la quinua para tolerar periodos sin lluvia. Esta tolerancia se puede efectuar: reduciendo el agua transpirada mediante el incremento de la resistencia estomatal o cuticular que consiste en un mecanismo fisiológico por el cual la planta limita la pérdida de agua (May y Milthorpe, 1962); manteniendo la velocidad de absorción del agua; realizando un control estomático mediante la reducción del agua transpirada, incremento de la resistencia estomatal o cuticular, reducción de la radiación solar absorbida a través de movimientos nictinásticos de las hojas; así también, reduciendo el área foliar mediante la eliminación de hojas inferiores menos eficientes fotosintéticamente; además, manteniendo la velocidad de absorción, para ello aumenta la densidad y profundidad de sus raíces, sobre todo en las primeras etapas del crecimiento y como consecuencia incrementa la conductancia de la fase líquida (Mujica y Jacobsen, 1999).

Tolerancia a la sequía soportando un bajo potencial hídrico. Es una característica inherente de la quinua. A pesar de presentar un bajo potencial hídrico, mantiene la turgencia, permitiendo adaptarse a estos potenciales. Así, logra conservar activos los procesos involucrados en el crecimiento, desarrollo y producción, a través de la acumulación activa de solutos junto con una mayor elasticidad de las membranas para el ajuste osmótico. Pero además, también logra la tolerancia sin mantener turgencia, tolerando la deshidratación por altas temperaturas. Los mecanismos de defensa de la quinua para soportar el déficit de humedad los podemos clasificar en: mecanismos de tolerancia, mecanismos de resistencia, y mecanismos de evasión.

Los mecanismos de tolerancia permiten a la quinua mantener la capacidad de tolerar o soportar la sequía o niveles avanzados de deshidratación, conservando su facultad de recuperación debido a cambios en el comportamiento temporal de la planta. Estos cambios le permiten compensar el déficit de humedad, ya sea mediante una menor pérdida de agua por los estomas, o el aumento de la capacidad de absorción de humedad del suelo y ambiente, o simplemente permaneciendo inactiva sin llevar a cabo sus funciones o reduciéndolas al mínimo.

Los mecanismos de resistencia de la quinua le permiten soportar el déficit hídrico, mediante mecanismos controlados por genes involucrados directamente en el proceso de síntesis de proteínas y almidones o por genes acondicionadores (genes de tolerancias al calor, marchitez permanente, presión osmótica, estabilidad de clorofila, desecación de tejidos, etc.) que le confieren a la quinua características especiales de resistencia al déficit hídrico que pueden transmitirse a sus descendientes. Los mecanismos de evasión le permiten a la quinua eludir los efectos de sequía gracias a características propias de la especie o cultivar, tales como la maduración temprana (precocidad), mayor exploración de agua en las profundidades y lateralmente por la extensión rápida de sus raíces, así como otras características que le permiten escapar a la sequía durante las épocas secas.

La quinua es una planta resistente a la sequía, ya que además de sobrevivir bajo condiciones de escasa humedad, es capaz de producir semillas y materia verde, que son aprovechados para el consumo humano y animal, siendo además económicamente aceptables y rentables. Esta resistencia se explica por una serie de modificaciones de la planta: morfológicas (menor tamaño de planta), fisiológicas (cierre estomático temprano), anatómicas (menor número y tamaño de estomas, ubicación de estomas en el envés de las hojas), fenológicas (reducción del período de floración) y bioquímicas (mayor síntesis de prolina), que le permiten contrarrestar factores adversos como la sequía, y así mantener las funciones vitales acumulando fotosintatos en las semillas y órganos de reserva.

Modificaciones morfológicas. Menor tamaño de planta y hojas, menor número de hojas en la planta, reducción del área foliar mediante la eliminación de hojas hasta su completa defoliación, lo cual disminuye drásticamente su área transpiratoria. Se presenta mayor concentración de cristales de oxalato de calcio

alrededor de los estomas. La gran cantidad de estos cristales sobre las hojas dan apariencia de un espejo que refleja la radiación solar recibida, reduciéndola en forma considerable y además permite absorber humedad relativa del ambiente. Presenta hojas con menor ángulo de inserción al tallo, para reducir la intercepción de los rayos solares; también, el doblado de la planta protege la panoja hasta quedar paralela al tallo, el cual tiene mayor consistencia.

Modificaciones fisiológicas. Reemplazo de la fotosíntesis laminar por una no laminar, la cual tiene lugar en la panoja y tallos cuando ocurre la defoliación; movimiento nictinástico de las hojas, produciendo decumbencia de las mismas; protección del ápice vegetativo con las hojas adultas (arrepollamiento); cierre estomático prematuro bajo condiciones severas de déficit de humedad; mayor resistencia estomática lo cual evita la pérdida excesiva de humedad, hipersensibilidad estomática a los primeros síntomas de déficit de humedad; plasticidad en el desarrollo con ritmos variables de crecimiento: crece cuando hay humedad y detiene su crecimiento durante el déficit; pronta recuperación después de un período de sequía; mayor tolerancia a la desecación y a la deshidratación de los tejidos durante la sequía; mayor tolerancia al calor evitando escaldaduras y quemaduras de las hojas por los cristales de oxalato de calcio; asincronía en la floración de la panoja. Una parte de las flores en los glomérulos está en preantesis, la otra en antesis y las demás en formación o llenado del grano, lo cual permite asegurar la producción de semilla en una eventual sequía en dicha etapa fenológica. Además, se presenta germinación de las semillas a altas presiones osmóticas, pudiendo germinar bajo condiciones de escasa humedad, lo cual se puede comprobar al observar la germinación del grano en la propia panoja, cuando existe humedad, baja tasa transpiratoria cuando hay déficit de humedad, por una menor conductancia estomática, pronta recuperación de los tejidos y clorofila cuando la planta se rehidrata, mayor retención de humedad atmosférica en las hojas debido a la presencia de cristales de oxalato de calcio que son higroscópicos, mayor tiempo de supervivencia en el punto de marchitez permanente (PMP), mayor elasticidad de la membrana celular, lo que evita el colapso durante situaciones de déficit de humedad severas, ajuste osmótico, menor contenido de almidón por el consumo de estos carbohidratos durante la respiración. Mantiene la turgencia y por ende las principales funciones vitales, a pesar de la reducción del potencial hídrico, debido a la acumulación activa de solutos en respuesta al déficit de humedad, pre-acondicionamiento. Soporta con mayor eficiencia el déficit de agua cuando ha tenido un pre-acondicionamiento, es decir que ha sufrido situaciones de déficit hídrico en anteriores etapas fenológicas; mayor tolerancia a la sal (por exclusión de algunas sales presentes en el suelo) y al frío, presencia de resistencia ontogenética y filogenética a la sequía. En la diversidad y variabilidad del germoplasma se puede encontrar cultivares con diferentes grados de tolerancia a sequía que nos permiten utilizar estos genes para mejorar la resistencia a este factor adverso.

Modificaciones anatómicas. Mayor desarrollo radicular, aumento de la densidad y profundidad de las raíces, permitiendo una mejor exploración del suelo en busca de agua, menor tamaño de los estomas, mayor número de estomas en el envés que en el haz de las hojas, mayor desarrollo del parénquima de empalizada y menor desarrollo del esponjoso en las hojas, reducción de la capacidad de desarrollo de biomasa.

Modificaciones fenológicas. Pronto desarrollo radicular en las primeras etapas de crecimiento, aumento de la densidad y profundidad de las raíces para alcanzar humedad a mayor profundidad y en zonas aledañas, madurez prematura aumentando su precocidad (escape), desarrollo fenológico rápido, acortando alguna etapa fenológica para asegurar la producción debido al déficit de humedad, reducción del período de floración cuando la sequía ocurre en esta etapa, presencia de resistencia ontogénica. Existen diferentes grados de reacción al déficit de humedad, dependiendo de la fase fenológica.

Modificaciones bioquímicas. Presencia de cristales de oxalato de calcio en hojas, tallos y panojas. Los cristales, por ser higroscópicos, le permiten retener humedad atmosférica. Mayor termoestabilidad de la clorofila, la cual se mantiene estable bajo condiciones de extremo calor, mayor estabilidad de proteínas y ácidos nucleicos en condiciones de calor. Mayor producción de ácido absísico (ABA) que le permite el cierre estomático temprano (Turner, 1970). Mayor liberación de prolina durante el déficit de humedad; producción de betacianinas; movilización de iones K y Ca de las células subsidiarias hacia las células guarda de los estomas si hay déficit de humedad y mayor acumulación de saponina.

REFERENCIAS

- May, LH; Milthorpe, FL. 1962. Drought resistance of crop plants. *Field Crop Abstracts* 15(8), 171-179.
- Mujica, A. 1982. Selección de Variedades de Quinoa (*Chenopodium quinoa* Willd.) en Chapingo, México. Tesis de Maestría en Ciencias, especialidad genética. Colegio de Postgraduados, Chapingo, México. 110 p.

- Mujica, A. 1988. Parámetros Genéticos e Índices de Selección en Quinoa (*Chenopodium quinoa* Willd.). Tesis de Doctor en Ciencias. Colegio de Postgraduados, Chapingo, México. 182 p.
- Mujica, A. y Jacobsen, SE. 1999. Resistencia de la quinoa a la sequía y otros factores adversos, y su mejoramiento. En: I Curso Internacional Fisiología de la resistencia a sequía de la quinoa. Editores: Jacobsen, S. y A. Mujica. Proyecto Quinoa, CIP-DANIDA. Lima, Perú. pp. 71-78.
- Mujica, A; Viñas, O; Mamani, F; De la Torre, J; Jacobsen, S. 2008. Conservación *in situ* de parientes silvestres de quinoa (*Chenopodium quinoa* Willd.) con genes de resistencia a factores abióticos adversos en el altiplano peruano-boliviano-chileno. En: Memorias 13° Congreso Latinoamericano de Genética y VI Congreso Peruano de Genética. Mayo, 2008. ALAG, SPG. Lima, Perú. pp.200.
- Mujica, A; Rosell, J; Chura, E; Ruiz, E; Martínez, R; Cutida, S; Gomel, Z. 2010. Colección, herborización y caracterización morfológica de parientes silvestres de quinoa (*Chenopodium quinoa* Willd.). En. III Congreso Mundial de la quinoa. 16-19 marzo 2010. Memorias.UTO. Oruro, Bolivia. pp.81.
- Turner, NC. 1970. Drought resistance and adaptation to water deficit in crop plants. In: Stress physiology in crop plants (eds., Mussel y Staples). Wiley Interscience, New York.

Formación y selección de variedades de quinua grano amarillo (*Chenopodium quinoa* Wild.), Canaán (2720 msnm), INIA, Ayacucho, Perú

Ana María ALTAMIRANO¹, Miriam DIPAS²

¹Estación Experimental Agraria Canaán, Instituto Nacional de Innovación Agraria (INIA), Ayacucho, Perú; ²Facultad de Ciencias Agrarias, Universidad Nacional San Cristóbal de Huamanga (UNSCH), Ayacucho, Perú
¹aaltamirano@inia.gob.pe, ²dipbemi@hotmail.com

Resumen

Con la finalidad de evaluar y seleccionar cultivares de quinua de grano amarillo, durante la campaña agrícola 2008-2009, se instaló el ensayo de formación y selección de compuestos varietales de quinua en la Estación Experimental Agraria Canaán, Ayacucho (INIA), ubicado en el distrito Ayacucho, provincia Huamanga de la región Ayacucho a 2720 msnm. El material genético estuvo compuesto por 11 entradas de quinua colectada en las provincias de La Mar, Cangallo, Huamanga y Huanta. El diseño experimental empleado fue el de Bloques Completamente Randomizado, usando estadística descriptiva, y la unidad experimental estuvo conformada por un surco de 5,0 m de longitud distanciados a 0,8 m entre surcos y se instaló en la proporción de 1:1, macho: hembra. Al finalizar las evaluaciones se llegó a seleccionar 60 familias de medios hermanos, para continuar su evaluación en la campaña agrícola 2009-2010. El rendimiento en grano de la fracción superior fue de 3273,5 t/ha y el de la población fue 2962,18 t/ha. Los cultivares que alcanzaron mayor ganancia por selección fueron: CQA - 06, CQA - 04, CQA - 07 con 265, 237, 202 y 199 kg/ha, respectivamente y se identificó 19 características morfológicas homogéneas y 6 características variables.

Abstract

In order to evaluate and select cultivars of yellow grain quinoa, during the 2008-2009 agricultural season, a trial of and selection of varieties of quinoa compounds in Canaan Agricultural Experimental Station, INIA Ayacucho, located in the district Ayacucho, province of Ayacucho, region Huamanga at 2720 masl, was arranged. The genetic material consists of 11 entries of quinoa collected in the provinces of La Mar, Cangallo, Huamanga and Huanta. The experimental design was randomized complete block and descriptive statistics was used. The experimental unit consisted of one row of 5,0 m length, 0,8 m between rows, installed in the ratio of 1:1, male: female. At the end of the evaluations 60 families of half-brothers were selected for further evaluation in the crop year 2009-2010. Grain yield of the higher fraction was 3273,5 t/ha and that of the population was 2962,18 t/ha. The cultivars which obtained the greatest gain of selection were: CQA - 06, CQA - 04, CQA - 07 265, 237, 202 and 199 kg/ha, respectively; and 19 homogeneous and 6 variable morphological characteristics were identified.

INTRODUCCIÓN

En la región Ayacucho, la quinua amarilla ocupa el segundo lugar en la prioridad de consumo en las zonas productoras de quinua, después de las quinuas de grano blanco. Esta quinua es preciada por su precocidad, tamaño de grano superior a 1,8 mm y textura suave. Es un cultivar de porte mediano, susceptible a enfermedades foliares principalmente al mildiú. Por estas consideraciones, en la Estación Experimental Agraria Canaán en la campaña agrícola 2008-2009, se formó una población en base a colecciones locales, cuyo proceso de selección continúa con la finalidad de formar una variedad mejorada de quinua amarilla (raza amarilla), con características agronómicas de alta eficiencia productiva y tolerantes a plagas y enfermedades.

MATERIALES Y MÉTODOS

El ensayo fue instalado en la Estación Experimental Agraria Canaán Ayacucho (INIA), ubicada en el distrito de Ayacucho, provincia de Huamanga, región Ayacucho a 2720 metros de altitud. El material genético estuvo compuesto por 11 cultivares de quinua grano amarillo colectada en las provincias de La Mar, Cangallo, Huamanga y Huanta. El diseño experimental empleado fue Bloques Completamente Randomizado usando el método de estadística descriptiva, la unidad experimental estuvo conformada por un surco de 5,0 m de longitud, distanciados a 0,8 m entre surcos, y se instaló en la proporción de 1:1, macho:hembra. El predio empleado fue de textura franco arcilloso, procedente de una rotación de cebada. La siembra se realizó el 01/12/2008; como fuente de nutrientes se utilizaron fertilizantes comerciales como: urea (46 % N) y fosfato diamónico (46 % P₂O₅) a la formulación de 80-80-40 kg/ha de N, P₂O₅ y K₂O,

respectivamente. Para fines de evaluación, las variables de evaluación fueron: días a emergencia, días a seis hojas verdaderas, días a la ramificación, días a panojamiento, días a floración, días a grano lechoso, días a grano pastoso, días a madurez fisiológica, de altura de planta, número de plantas/ml, longitud de panoja, diámetro de panoja, peso grano/panoja, peso de 1000 granos y rendimiento kg/ha.

Caracterización morfológica. La descripción morfológica se realizó haciendo uso de los descriptores morfológicos básicos, para colecciones de quinua del Consejo Internacional de Recursos Fitogenéticos (CIRF).

RESULTADOS y DISCUSIÓN

De las 11 entradas colectadas, los cultivares de quinua presentaron 19 características morfológicas homogéneas (tipo de crecimiento, porte de la planta, formación del tallo, angulosidad del tallo principal, borde de hojas inferiores, color de hojas basales, color del peciolo, tipo de panoja, forma de panoja, color del episperma, aspecto del perisperma, forma del fruto, etc.) y 6 características variables (color e intensidad del color de la panoja antes de la madurez, color e intensidad del color de la panoja en la cosecha, tipo de panoja, forma de panoja, densidad de panoja, color del perigonio) que distinguen a los cultivares.

Selección y respuesta a la selección. De los 11 cultivares en estudio, cuatro cultivares: CQA - 06, CQA - 04, CQA - 07, CQA - 009 con 265, 237, 202 y 199 kg/ha, respectivamente, mostraron mayor ganancia de rendimiento en grano por selección, los cuales representan en promedio 9.6% de mejora respecto al promedio de la población (Tabla 1).

Tabla 1. Rendimiento promedio en grano (kg/ha) y ganancia por selección en 11 poblaciones de quinua (*Chenopodium quinoa* W.), Canaán 2008/2009.

Cultivar	Promedio de selecciones	Promedio poblacional	Ganancia por selección	Promedio población mejorada	Porcentaje de mejora
CQA - 001	3066	2618	157	2775	6
CQA - 002	2085	1796	101	1897	6
CQA - 003	3157	2870	100	2970	4
CQA - 004	3754	3076	237	3313	8
CQA - 005	2279	1737	190	1927	11
CQA - 006	3265	2507	265	2772	11
CQA - 007	2839	2262	202	2464	9
CQA - 008	2857	2803	19	2822	1
CQA - 009	2885	2317	199	2516	9
CQA - 010	3386	3100	100	3200	3
CQA - 011	3016	2821	68	2889	2

REFERENCIAS

- Danielsen, S. y Ames, T. 2000. El mildiu (*Peronospora farinosa*) de la quinua (*Chenopodium quinoa*) en la zona andina. Centro Internacional de la Papa, Lima, Perú.
- Erquinigo, F. 1970. Biología floral de la quinua (*Chenopodium quinoa* Willd.). Tesis Ing. Agro. Facultad de Agronomía. Universidad Nacional Técnica del Altiplano. Puno – Perú.
- Huancahuari, EE. 1996. Caracterización y evaluación de 14 cultivares de quinua (*Chenopodium quinoa* Willd.) en Canaán a 2730 msnm. Tesis para optar el título de Ing. Agrónomo. UNSCH. Ayacucho – Perú.
- Mujica, A. 1988. Parámetros genéticos e índices de selección en quinua (*Chenopodium quinoa* Willd.). Tesis de Doctor en Ciencias. Colegio de Postgraduados, Centro de Genética. Montecillos, México.
- Mujica, A; Canahua, A. 1989. Fenología del cultivo de la quinua. En Curso Taller de Fitopatología de Cultivos Andinos y Uso de la Información Agrometeorológica. PICA. INIIA. Puno, Perú.
- Gandarillas, H. 1967. Observaciones sobre la biología reproductiva de la quinua (*Chenopodium quinoa* Willd.). La Paz, Bolivia.

Conservación y mejoramiento genético de la kiwicha (*Amaranthus caudatus* L.) en la Región Cusco

Aquilino ÁLVAREZ CÁCERES¹; Elisabet CÉSPEDES FLÓREZ²; Luis SUMAR KALINOWSKI³

^{1,2,3}Programa de Kiwicha del Centro de Investigación de Cultivos Andinos (CICA), Universidad Nacional San Antonio Abad del Cusco (UNSAAC), Cusco, Perú
¹aalvarezcaceres@yahoo.es, ²Flocel30@yahoo.es

Resumen

El banco de germoplasma *ex situ* de kiwicha del CICA, cuenta con más de 1600 genotipos, los cuales se guardan con la finalidad de preservar la variabilidad y que sirva como base para los programas de mejoramiento. Así mismo, las variedades liberadas contribuyen a la agricultura regional, como es el caso de la var. Oscar Blanco, e incluso a la agricultura Boliviana. La preservación de germoplasma y generación de variedades mejoradas, se viene realizando desde el año de 1980.

Summary

CICA's kiwicha *ex situ* germplasm bank, has more than 1600 genotypes which are saved in order to preserve the genetic variability and serve as a basis for plant breeding. Released varieties such as Oscar Blanco, contribute to regional and even Bolivian agriculture. Work of conservation and generation of improved varieties has been achieved since 1980.

INTRODUCCIÓN

La kiwicha (*Amaranthus caudatus* L), originaria de la región andina, fue un grano cultivado y consumido por las culturas precolombinas como alimento fundamental debido a su alto valor nutricional. Sin embargo, a la llegada de los españoles, el cultivo y consumo de este grano se prohibió.

Se cultiva desde el nivel del mar hasta los 3300 msnm, siendo los valles interandinos las zonas donde prospera mejor, es decir entre los 2000 a 3000 msnm. Se adapta a los diversos microclimas, tipos de suelos, sistemas de cultivo y usos alimenticios.

La producción de kiwicha actualmente se estima en alrededor de 3000 t/año y las zonas productoras de importancia son la región Cusco, donde se cultiva en las cuencas del Vilcanota y del Apurímac, y las regiones de Arequipa, Apurímac, Ayacucho y Ancash.

Los objetivos del Programa son fomentar el cultivo de la kiwicha a través del desarrollo de variedades mejoradas de alta calidad de expandido de grano, precoces y de alta calidad nutricional, así como de tecnologías de producción adecuadas.

MATERIALES Y MÉTODOS

Material genético. En el banco de germoplasma se tiene material genético colectado desde 1981 a la fecha. Del mismo modo, se tiene almacenado genotipos en proceso de selección y líneas mejoradas (Cuadro 1).

Este material genético fue la base de la variabilidad en los trabajos de mejoramiento genético por el Programa de Investigación, para la formación de las variedades mejoradas. Se muestran características de las tres variedades mejoradas en el Cuadro 02.

Caracterización morfológica. Las caracterizaciones se realizaron en el Centro Agronómico K'ayra, lugar donde se encuentra el Banco de Germoplasma y algunas otras se realizaron en las cuencas del Vilcanota y Apurímac. Se utilizó el descriptor para *Amaranthus*.

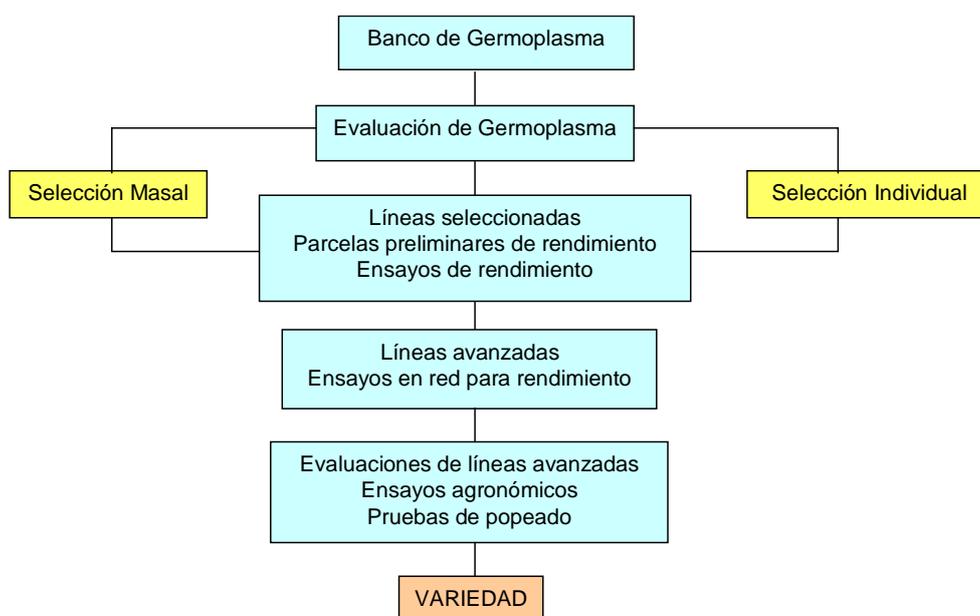
Mejoramiento genético. A partir de la variabilidad de cada entrada se aplicaron los métodos de selección masal e individual (Diagrama 01).

Localidades experimentales. Considerando la diversidad de microclimas existentes en la región sur andina, los ensayos experimentales se realizaron:

En el Centro Agronómico K'ayra, ubicado en el distrito de San Jerónimo, provincia y región Cusco, a 3219 msnm, latitud sur 13°33'24'', longitud oeste 71°52'30'', propiedad de la UNSAAC, sede de la Facultad de

Agronomía y Zootecnia. En la Cuenca del Vilcanota, se realizaron las pruebas en red en campos de agricultores y tesis, desde Ollantaytambo (2600 msnm), provincia de Urubamba hasta Sicuani (3500 msnm), provincia de Canchis. En la cuenca del Apurímac, igualmente se realizaron las pruebas en red en campos de agricultores y tesis, desde Limatambo (1900 msnm), provincia de Anta, hasta Pillpinto (2900 msnm), provincia de Paruro.

Fig. 1. Secuencia del proceso de mejoramiento de la kiwicha en el Programa de Investigación en Kiwicha del CICA.



RESULTADOS Y DISCUSIÓN

La colección de ecotipos de la región andina del país está constituida por el 26%, debido a que existe más facilidades para la realización de las colecciones, mientras que falta de presupuesto dificulta la colección de genotipos provenientes de otros países, y por eso conforman porcentajes no significativos totalizando el 13,40%. Los genotipos y líneas en proceso de selección ocupan el mayor porcentaje, e incluso su número se viene incrementando por el continuo trabajo de selección.

Cuadro 1. Procedencia y número de entradas de germoplasma de kiwicha.

País	N° de entradas	%
Perú	436	26,00
Ecuador	077	4,66
EEUU	070	4,24
Bolivia	028	1,69
México	012	0,72
India	008	0,48
Argentina	007	0,42
Guatemala	003	0,18
Nepal	003	0,18
Venezuela	003	0,18
Brasil	001	0,06
China	001	0,06
Genotipos y líneas en selección	1000	60,60
Total	1650	100,00

Cuadro 2. Variedades mejoradas liberadas de kiwicha.

Variedad	Genealogía	Rendimiento (t/ha)	Adaptación (msnm)	Cualidad
Oscar Blanco	CAC – 038	2 – 3	0 – 3300	Popeado
Noel Vietmeyer	CAC – 043	3 – 4	2000 – 3000	Proteína
CICA 2006	CAC – 403	2 – 3	1000 – 3300	Precocidad

En cuanto a las variedades liberadas por el Programa de Investigación en kiwicha, la variedad Oscar Blanco y la variedad Noel Vietmeyer se liberaron simultáneamente. El cultivo de la variedad Oscar Blanco se ha difundido en mayor medida, debido a su amplio rango de adaptación y su característica de popeado que es la forma preferente de consumo; mientras que la presencia de la variedad Noel Vietmeyer se restringe al Banco, salvo algunas parcelas muy pequeñas, ya que esta variedad es muy tardía y no presenta cualidad de popeado, a pesar que posee altos rendimientos de grano. Sin embargo, puede ser una buena opción en la molinería para la obtención de harina de grano. La Variedad CICA 2006, se liberó en abril del 2006 y es una variedad precoz, de grano blanco que se presta para el popeado.

La variedad Oscar Blanco se mejoró mediante selección individual, a partir de la entrada CAC-038, material genético colectado en la provincia de San Lorenzo, Bolivia, cuyas características son las siguientes:

Raíz: Tipo pivotante, con buena penetración y ramificación, que le permite sostener todo el cuerpo de la planta, evitando el tumbado.

Tallo: Cilíndrico, con surcos superficiales longitudinales, con hendiduras en sectores donde emergen las yemas, de color amarillo pajizo al madurar, con diámetro promedio a la altura del primer nudo basal de 3 cm y una altura promedio de 1,90 m., no presenta ramificaciones. Hojas: De color verde intenso en su fase inicial y verde amarillento al final de su período vegetativo. Alcanzan en el tercio medio de la planta, 8-10 cm de largo y 4-6 cm de ancho, adoptando una forma romboidal, cuyos tamaños varían de acuerdo a la fertilidad del suelo. Pubescencia nula y de borde entero.

Flores: Unisexuales, inflorescencia formadas por un conjunto de flores denominado dicasio, que se presentan en forma variada, con flores masculinas y femeninas en forma sésil o ligeramente pedunculadas.

Inflorescencia. Es amarantiforme, compacto, semidecumbente, en la que las ramificaciones laterales son cortas o ligeramente cortas, la panoja es de color rosado claro.

Fruto: Cápsula pequeña denominado pixidio, unilocular de color rosado claro, a la madurez se abre transversalmente dejando caer la parte superior llamado opérculo, por la que cae con facilidad la semilla.

Semilla: Lisa, de color blanco cremoso, aspecto opaco, de 1 mm de diámetro promedio, siendo el contenido de proteínas de 16%. Período vegetativo: Influidor por la zona ecológica donde se cultiva y fertilidad del suelo, oscilando de 190-230 días.

La variedad Noel Vietmeyer también se mejoró mediante selección individual a partir de la entrada CAC – 043, material colectado en el distrito de Vichay del Callejón de Huaylas, departamento de Ancash, Perú. Sus características son las siguientes:

Raíz: Tipo pivotante, con buena penetración y ramificación, que le permite sostener todo el cuerpo de la planta, evitando el tumbado.

Tallo: Cilíndrico, con surcos superficiales longitudinales, con hendiduras en sectores donde emergen las yemas, de color amarillo pajizo al madurar, con diámetro promedio a la altura del primer nudo basal de 4 cm y una altura promedio de 2,20 m., no presenta ramificaciones.

Hojas: De color verde intenso en su fase inicial y al final de su período vegetativo toma coloración verde grisáceo, alcanzando en el tercio medio de la planta un tamaño promedio de 10-12 cm de largo y de 5-7 cm de ancho, adoptando una forma romboidal, cuyos tamaños varían de acuerdo a la fertilidad del suelo. Pubescencia nula y de borde entero.

Flores: Unisexuales, formadas por un conjunto de flores denominadas dicasio, que se presenta en forma variada, con flores masculinas y femeninas en forma sésil o ligeramente pedunculadas.

Inflorescencia: Amarantiforme, compacta, erecta, en la que las ramificaciones laterales son cortas o ligeramente cortas y la panoja es de color gris claro.

Fruto: Cápsula pequeña denominada pixidio, unilocular de color rosado claro, a la madurez se abre transversalmente, dejando caer la parte superior llamado opérculo, por la que cae con facilidad la semilla.

Semilla: Lisa, de color cristalino, de aspecto translúcido, de 1 mm de diámetro promedio, siendo el contenido de proteínas de 19%.

Período vegetativo: Influido por la zona ecológica donde se cultiva y fertilidad del suelo, oscilando de 210-240 días.

La variedad CICA-2006, mejorada mediante selección individual a partir de la entrada CAC – 403, material colectado del distrito de Tarabuco, Bolivia. Sus características son las siguientes:

Raíz: Tipo pivotante, con buena penetración y ramificación, que le permite sostener todo el cuerpo de la planta, evitando el tumbado.

Tallo: Cilíndrico, con surcos superficiales longitudinales, con hendiduras en sectores donde emergen las yemas, de color amarillo pajizo al madurar, con diámetro promedio a la altura del primer nudo basal de 3 cm y una altura promedio de 1,80 m., no presenta ramificaciones.

Hojas: De color verde claro en su fase inicial y al final de su período vegetativo toma coloración verde amarillento, alcanzando en el tercio medio de la planta un tamaño promedio de 8-10 cm de largo y de 4-6 cm de ancho, adoptando una forma romboidal, cuyos tamaños varían de acuerdo a la fertilidad del suelo. Pubescencia nula y borde entero.

Flores: Unisexuales, formadas por un conjunto de flores denominado dicasio, en forma variada, con flores masculinas y femeninas ubicadas en forma sésil o ligeramente pedunculadas.

Inflorescencia: Amarantiforme, compacta, erecta, en la que las ramificaciones laterales son cortas o ligeramente cortas, la panoja es de color rosado intenso.

Fruto: Cápsula pequeña denominada pixidio, unilocular de color rosado intenso, a la madurez se abre transversalmente, dejando caer la parte superior llamado opérculo, por la que cae con facilidad la semilla.

Semilla: Lisa, de color blanco cremoso, de aspecto opaco, de 1 mm de diámetro promedio, siendo el contenido de proteínas de 16%.

Período vegetativo: Influido por la zona ecológica donde se cultiva y fertilidad del suelo, oscilando de 160-200 días.

REFERENCIAS

- Alvarado, E. 1987. Análisis del crecimiento e intensidad fotosintética en kiwicha var. Noel Vietmeyer. Tesis para optar el grado de Biólogo. UNSAAC.
- Aragón, A. 1998. Efecto de dos ciclos de autofecundación en el rendimiento de grano de kiwicha. Tesis para optar el grado de Ingeniero Agrónomo. FAZ. UNSAAC.
- Auccapure, A. 1997. Estimación de parámetros de estabilidad para rendimiento en cuatro líneas y dos variedades de kiwicha. Tesis para optar el grado de Ingeniero Agrónomo. FAZ. UNSAAC.
- Cama, B. 1991. Evaluación agrobotánica de 16 líneas de kiwicha en paullo grande. Tesis para optar el grado de Ingeniero Agrónomo. FAZ. UNSAAC.
- Cargoso, S. 1989. Evaluación agrobotánica en 185 entradas de Kiwicha (*Amaranthus* sp.) en el distrito de Limatambo. Tesis para optar el grado de Ingeniero Agrónomo. FAZ. UNSAAC.
- Centeno, J. 1991. Evaluación agrobotánica de 16 líneas de kiwicha en condiciones ecológicas de Sicuani, Cusco. Tesis para optar el grado de Ingeniero Agrónomo. FAZ. UNSAAC.
- Florez, H. 1989. Evaluación agrobotánica en 185 entradas de kiwicha en la localidad de Limatambo. Tesis para optar el grado de Ingeniero Agrónomo. FAZ. UNSAAC.
- Gómez, J. 1995. Estudio agrobotánico de cuatro líneas promisorias y una variedad de kiwicha bajo dos densidades de siembra. Tesis para optar el grado de Ingeniero Agrónomo. FAZ. UNSAAC.
- Laime, F. 1999. Estimación de parámetros de estabilidad para rendimiento de dos variedades y cuatro líneas de kiwicha en tres ambientes del distrito de Mollepata. Tesis para optar el grado de Ingeniero Agrónomo. FAZ. UNSAAC.
- Martínez, P. 1991. Evaluación agrobotánica de 105 entradas de kiwicha en la provincia de Calca. Tesis para optar el grado de Ingeniero Agrónomo. FAZ. UNSAAC.
- Mormontoy, F. 1998. Capacidad de expansión del grano en tres líneas de kiwicha en K'ayra. Tesis para optar el grado de Ingeniero Agrónomo. FAZ. UNSAAC.
- Noblega, S. 1989. Evaluación agrobotánica de ciento cincuenta entradas de kiwicha (*Amaranthus* sp) en la Granja K'ayra. Tesis para optar el grado de Ingeniero Agrónomo. FAZ. UNSAAC.
- Peñalva, Y. 1991. Evaluación agrobotánica de 100 entradas de kiwicha en la provincia de Calca. Tesis para optar el grado de Ingeniero Agrónomo. FAZ. UNSAAC.

Zevallos, D. 1999. Componentes primarios y secundarios de rendimiento en siete genotipos de kiwicha (*Amaranthus caudatus* L.). Tesis para optar el grado de Ingeniero Agrónomo. FAZ. UNSAAC.

Selección para rendimiento de clones de camote (*Ipomoea batatas* L.) en el valle de Cañete mediante el diseño de bloques aumentados

Danny BRAVO SAMÁN¹, Sergio CONTRERAS LIZA²

^{1,2}Universidad Nacional José Faustino Sánchez Carrión (UNJFSC), Huacho, Perú
¹dannybs2@hotmail.com, ²sergio_cl2002@yahoo.com

Resumen

Se evaluó el rendimiento de 580 clones experimentales de camote (*Ipomoea batatas* L.) comparándolos con 3 cultivares comerciales mediante el Diseño de Bloques Aumentados de Federer (1961) con el objetivo de seleccionar genotipos superiores en la localidad de San Vicente de Cañete (Lima). Se obtuvieron 27 clones seleccionados por rendimiento de raíces con una intensidad de selección cercana al 5% que superaron estadísticamente a la población base y a los cultivares comerciales testigo, estableciéndose la factibilidad técnica del uso del método de Federer para simplificar el proceso de mejoramiento de clones de camote en condiciones de campo, sin pérdida de precisión en las estimaciones.

Abstract

580 experimental clones of sweet potato (*Ipomoea batatas* L.) were evaluated for root yield, comparing them to 3 commercial cultivars through the Augmented Blocks Design of Federer (1961). The goal of this research was to select superior genotypes at San Vicente de Cañete, located in Lima. 27 selected clones for root yield were superior to the base population and commercial cultivars, and were obtained by near 5% selection intensity. Technical feasibility for using Federer method was established to simplify the breeding process of sweet potato clones at field conditions, without losing accuracy in the estimations.

INTRODUCCIÓN

En la mejora genética vegetal se busca evaluar un número relativamente grande de genotipos producto de la segregación en las poblaciones base. En estas circunstancias es necesario que las condiciones experimentales en campo sean lo más homogéneas posible para poder detectar diferencias entre los genotipos de la población original. Se tiene por entendido (Rojas, 2005) que la heterogeneidad del suelo y los microclimas en las localidades donde se evaluaron los genotipos, son las principales fuentes de variabilidad que pueden enmascarar el efecto diferencial de dichos genotipos. Por ello, se buscan métodos eficientes que sin perder la precisión en los valores estimados y con la mínima variancia del error experimental, puedan proveer de diseños experimentales apropiados para la evaluación preliminar de un gran número de tratamientos que en muchos casos, presentan poca cantidad de semilla o material de propagación. Uno de los diseños experimentales que puede cumplir tales requerimientos es el Diseño de Bloques Aumentados de Federer propuesto inicialmente por este autor en 1961. En esta investigación se pretende determinar la factibilidad del citado método usando un número relativamente grande de bloques en condiciones de campo para poder evaluar el mayor número posible de tratamientos experimentales y compararlos con el rendimiento de raíces de 3 variedades comerciales en el valle de Cañete, Lima.

MATERIALES Y MÉTODOS

Materiales. Se utilizaron 3 variedades comerciales de camote (INA100, Jonathan y Huambachero) y 580 clones experimentales de camote proporcionados por el Programa de Mejoramiento del Centro Internacional de la Papa (CIP).

Metodología. La localidad fue el fundo La Encañada en San Vicente de Cañete y el cultivo se desarrolló entre julio y noviembre del 2009. Se tomó como referencia el Diseño de Bloques Aumentados de Federer (1961), distribuyéndose al azar los 3 cultivares comerciales (testigos) en bloques completos junto a líneas o genotipos experimentales (clones de camote) con una sola repetición, de tal forma que pueda “corregirse” el valor de cada uno de estos genotipos aumentados, en función al efecto del bloque; el número de bloques fue de 20 y en cada uno se distribuyeron 32 tratamientos (3 cultivares + 29 clones). Se utilizó el Análisis de Variancia (Pineda y Wissar, 1984; Bermúdez, 2006) y la prueba de “F” al 1% de probabilidades para

determinar la significación estadística, así como la prueba de “t” de Student al 1% para comparar los promedios de tratamientos ajustados y de cultivares.

RESULTADOS Y DISCUSIÓN

Se encontraron diferencias estadísticas entre tratamientos (cultivares y clones), así como entre bloques aumentados. Ello indica que se pueden seleccionar por rendimiento un grupo de clones experimentales comparándolos a cultivares comerciales de camote. El coeficiente de variabilidad fue de 19,49% y el coeficiente de determinación fue de 99,1%, lo que supone un buen ajuste al modelo estadístico propuesto. (Tabla 1).

Tabla 1. Análisis de Variancia para rendimiento de raíces/planta, kg.

Fuentes de Variabilidad	G.L.	S.C.	C.M.	Fc
Bloques, ignorando tratamientos	19	1,49	0,079**	20,10
*Tratamientos, eliminando bloques	582	15,07	0,026**	6,61
-Variedades	2	0,09	0,047**	11,89
-Clones y variedades vs. Clones	580	14,97	0,026**	6,59
Error	38	0,15	0,004	
Total General	639	16,71		

Se presenta el grupo de 27 clones seleccionados del total de 580, lo que constituye una intensidad de selección 4,7% y un incremento de rendimiento de raíces de 123% con respecto a la población original. (Tabla 2).

Tabla 2. Rendimiento de raíces en kg./planta, en 27 clones de camote seleccionados.

N°Clon	Efecto	Media Ajustada	N°Clon	Efecto	Media Ajustada
1	0,32	0,641	15	0,39	0,711
2	0,32	0,641	16	0,39	0,711
3	0,32	0,641	17	0,39	0,711
4	0,33	0,651	18	0,40	0,721
5	0,33	0,651	19	0,41	0,731
6	0,33	0,651	20	0,42	0,741
7	0,34	0,661	21	0,44	0,761
8	0,35	0,671	22	0,45	0,771
9	0,36	0,681	23	0,45	0,771
10	0,36	0,681	24	0,47	0,791
11	0,37	0,691	25	0,51	0,831
12	0,38	0,701	26	0,52	0,841
13	0,38	0,701	27	0,53	0,851
14	0,39	0,711		Prom.S	0,716

REFERENCIAS

- Bermúdez, J. 2006. Determinación de la adaptación y valor agronómico de nuevo material genético de camote (*Ipomoea batatas*) en el valle de Barranca. Tesis para optar el título de Ing. Agrónomo. UNJFSC. Huacho.
- Federer, WT. 1961. Augmented design with one-way elimination of heterogeneity. *Biometrics* 17:447-473.
- Federer, WT; Raghavarao, D. 1975. An augmented design. *Biometrics* 31: 29-35. *Revista Latinoamericana de la Papa* 12(1):15-34 34
- Pineda, S; Wissar, R. 1984. Estadística aplicada al Fitomejoramiento. En: Manual de Manejo de Germoplasma de Papa. CIP. Lima.
- Rojas, BA. 2005. Bloques Aumentados (Repaso Federer, 1961). *Agrociencia* 39: 693-695. 2005.

Production of a useful mutant by gamma irradiation in Canguang sweet potato variety

Aryanti AMSAL¹, Erwin EL HAFIZH², Tri Muji ERMAYANTI²

¹Centre for the Application of Isotopes and Radiation Technology, National Nuclear Energy Agency (BTNN), Indonesia; ²Research Centre for Biotechnology, Indonesian Institute of Sciences (LIPI), Indonesia
¹aryantia06@yahoo.com

Abstract

To obtain a useful mutant of sweet potato, buds of Canguang sweet potato variety were irradiated with doses of 10 to 40 Gy, which were below the lethal dose of 85,50 Gy. Materials for this study were irradiated buds of M1V3 (third generation of irradiated Canguang variety), which were planted in the field at a distance of 0,25 x 1 m each plant with 3 replications. The variables leaf area, height of plants and tuber shape were observed during plant growing. Harvesting of plants was conducted 4 months after planting. Results show that some useful mutants were obtained by gamma irradiation with doses of 20 to 40 Gy. Irradiation dose of 40 Gy was useful for improving the tuber production, and 30 Gy dose was the best treatment for enhancing sugar and starch content. The highest tuber yield found was 971,86 g/plant compared to only 779,83 g/plant of the original plant.

INTRODUCTION

Sweet potato (*Ipomoea batatas* L.) is one of the most important crops in Indonesia. This crop is used as alternative source of carbohydrate, taking the fourth place after rice, corn and cassava. In Papua Province, sweet potato is used as a staple food and for starch production in some other provinces. The major production of sweet potato in Indonesia is located in West Java, Papua, and East Java Provinces. In 2008, those provinces had a sweet potato yield production of 868745 t from 77424 ha. However, it has decreased by reduction of production fields. For this reason, the production of a new sweet potato variety for improving yield and quality is needed.

Mutation breeding is one of the main approaches for improving varieties of sweet potato. It has been shown that radiation has significant effects on improvement of disease resistance and starch content. According to Wang *et al.* (2006), shoot apices of sweet potato cultivar Kokei N°14 from irradiated plants in different doses, showed a significant increasing in storage root yield from 218,8 g to 649,9 g per mutant plant. Besides, irradiated cell suspension cultures of sweet potato with gamma rays produced homogenous mutants in root skin color and mutants with high dry matter content (Qhingchang, 1998). The aim of this study was to produce a mutant line (with short harvesting period, small leaf area and high production) from Canguang sweet potato variety (good quality but long harvesting period and large leaf area) by gamma rays.

MATERIALS AND METHODS

Sweet potato variety Canguang used in this study, is dark-red in tuber skin color and light-yellow in tuber flesh color; it was obtained by the BTNN Agricultural Department. The materials for this study were M1V3 (third generation of irradiated Canguang variety) buds irradiated with doses of 10 to 40 Gy, using 200 buds per dose. Cultivation of plants was done at a distance between plants of 0,25 x 1 m. Harvesting of plants was done 4 months after planting. Characters of leaf type, tuber shape, and height of plants were observed during plant growing. Yield evaluation was arranged in a randomized block design with 3 replications. Starch, amylose and sugar content were analyzed by using a UV-visible spectrophotometer.

RESULTS AND DISCUSSION

A useful mutant of sweet potato was obtained using doses of 20 to 40 Gy. Figure 1 shows the tuber size of the mutant line from irradiated buds with the dose of 40 Gy.

Canguang variety is one of our varieties obtained from the cross breeding of SRIS 226. It shows a characteristic round to elongated tuber shape, red root skin color, pale yellow flesh color and has 4 to 4,5 months of age. From this research, we found some mutants with round to elongated tuber shape, light red

root skin color, it can be harvested 4 months after planting. It was assumed that irradiation improved not only the tuber size but also decreased the harvesting periods.

Fig. 1. Tubers of Cangkuang sweet potato mutant line.



Table 1. Effect of gamma irradiation on leaf area, height of plant and tuber shape of irradiated and non irradiated sweet potato.

Doses (Gy)	Leaf area (cm ²)	Height of plant (cm)	Tuber shape	Number of tubers/plant
0	101,07	156,85	Elongated	2
10	99,62	186,87	Elongated	2
20	114,27	164,11	Elongated	3
30	110,08	153,38	Round to Elongated	2
40	100,19	145,37	Elongated	3

The average yield, sugar and starch content at each dose is shown in Table 2. From these obtained mutants, two useful mutants named D10.15.2 and A13.15.6 were selected and their tuber weight were 1500 ± 200 g of fresh weight. Irradiation doses from 20 to 40 Gy increased the production of tubers. Ooe *et al.* (2003) reported that irradiated calli with 20 Gy dose of carbon-ion beam can improve the weight of tubers significantly. A major component of the sweet potato storage root is starch. Its starch content is about 80% of dry matter base and 10–30% of fresh weight base. Efficiency in starch accumulation is important for the economic quality of a product and as a factor in the sink potential of a storage root (Nakatani, 2004). In this study, the highest starch content (38,75%) was found in the mutant compared to the original plant which had only 32,67 %. The irradiation treatment also increased sugar content and tuber yield.

Table 2. Tuber yield, amylose, sugar and starch content in mutant line and original plant. (Letter in the same column is significantly different from control at 5 % level)

Doses (Gy)	Tuber yield (g/plant)	Sugar (%)	Starch (%)
0	779,83a	2,93a	32,67a
10	766,75a	2,59b	30,50b
20	875,10b	3,22a	32,90a
30	971,86c	3,82c	38,75c
40	974,86c	3,61c	25,87d

CONCLUSIONS

A useful mutant can be obtained by gamma irradiation with doses of 20 to 40 Gy. The irradiation treatment increased tuber production, sugar and starch content significantly.

REFERENCES

Nakatani, M. 2004. Starch accumulation and dry matter yield in sweet potato. Gamma field Symposia No. 43. Institute of Radiation Breeding, NIAS Japan. p. 49–55.

- Ooe, M; Nagai, J; Shimonishi, K; Hase, Y; Shikazono, N; Tanaka, A. 2003. Mutation induction to sweet potato with ion beam irradiation. JAERI Review – 003.
- Qhingchang, L. 1998. Production of mutants for table and vegetable uses by cell induced mutation in sweet potato.
- Wang, Y; Wang, F; Zhai, H; Liu, Q. 2007. Production of useful mutant by chronic irradiation in sweet potato. *Scientia Horticulturae* 111: 173 – 178.

Producción de un mutante útil mediante irradiación gamma en la variedad de camote Cangkuang

Aryanti AMSAL¹, Erwin EL HAFIZH², Tri Muji ERMAYANTI²

¹Centro para la Aplicación de Isótopos y Tecnologías de Radiación, Agencia Nacional de Energía Atómica (BTNN) (www.batan.go.id), Indonesia; ²Centro de Investigación de Biotecnología, Instituto de Ciencias de Indonesia (LIPI)

(www.lipi.go.id), Indonesia

¹aryantia06@yahoo.com

Resumen

Con la finalidad de obtener un mutante útil de camote, se irradiaron brotes de la variedad de camote Cangkuang con dosis de 10 a 40 Gy, debajo de la dosis letal de 85,50 Gy. Los materiales para este estudio fueron brotes de M1V3 (tercera generación de la variedad Cangkuang irradiada), que fueron sembrados en el campo a una distancia de 0,25 x 1 m cada planta, con 3 repeticiones. Durante el crecimiento de las plantas, se midieron las variables área foliar, altura de planta y forma de tubérculo. La cosecha se realizó 4 meses después de la siembra. Los resultados mostraron que se obtuvieron algunos mutantes útiles mediante irradiación gamma con dosis de 20 a 40 Gy. La dosis de irradiación de 40 Gy fue útil para el mejoramiento de la producción de camote, y la dosis de 30 Gy fue la mejor para el incremento de azúcar y contenido de almidón. El mayor rendimiento de tubérculo encontrado fue 971,86 g/planta en comparación con sólo 779,83 g/planta de la planta original.

INTRODUCCIÓN

El camote (*Ipomoea batatas* L.) es uno de los cultivos más importantes de Indonesia. Este cultivo se utiliza como fuente alternativa de carbohidratos, ocupando el 4to lugar después del arroz, maíz y yuca. En la Provincia de Papua, el camote es usado como alimento básico, y en algunas otras provincias se destina a la producción de almidón. La producción principal de camote en Indonesia tiene lugar en las Provincias de Java Occidental, Papua y Java Oriental. En 2008, esas provincias tuvieron una producción de camote de 868 745 t en 77 424 ha. Sin embargo, ha venido decreciendo debido a la reducción de la producción en campo. Por esta razón, es necesaria la generación de una nueva variedad mejorada de camote para rendimiento y calidad.

El mejoramiento por mutaciones es una de las herramientas para mejorar las variedades de camote. Se ha mostrado que la radiación tiene efectos significativos en el mejoramiento a la resistencia de enfermedades y contenido de almidón. Según Wang *et al.* (2006), los ápices de tallo de plantas irradiadas a diferentes dosis del cultivar de camote Kokei N°14, incrementaron significativamente el rendimiento de las raíces de almacenamiento de 218,8 g a 649,9 g por planta mutante. Además, los cultivos irradiados de células en suspensión de camote utilizando rayos gamma produjeron mutantes homogéneos en color de piel de raíz y mutantes con alto contenido de materia seca (Qhingchang, 1998). El objetivo de este estudio fue producir una línea mutante (con corto periodo de cosecha, pequeña área foliar y alta producción) a partir de la variedad de camote Cangkuang (buena calidad pero largo período de cosecha y gran área foliar) mediante rayos gamma.

MATERIALES AND MÉTODOS

La variedad de camote Cangkuang utilizada en este estudio, tiene tubérculo de piel rojo oscuro y pulpa amarillo claro; fue obtenida por el Departamento de Agricultura de BTNN. Los materiales para este estudio fueron brotes de M1V3 (tercera generación de la variedad Cangkuang irradiada) con dosis de 10 a 40 Gy, usando 200 brotes por dosis. Se sembró a una distancia entre plantas de 0,25 x 1 m. La cosecha de plantas se realizó 4 meses después de la siembra. Durante el crecimiento de las plantas, se midieron caracteres de tipo de hoja, forma de tubérculo y altura de planta. La evaluación de rendimiento fue llevada a cabo bajo un diseño de bloques al azar, con 3 repeticiones. Se analizó el contenido de almidón, amilosa y azúcar usando un espectrofotómetro UV-visible.

RESULTADOS Y DISCUSIÓN

Se obtuvo un mutante útil de camote usando dosis de 20 a 40 Gy. La Fig. 1 muestra el tamaño de tubérculo de la línea mutante a partir de brotes irradiados con la dosis de 40 Gy.

La variedad Cangkuang es una de nuestras variedades obtenidas procedentes de cruzamientos de SRIS 226. Presenta de manera característica: forma de tubérculo redondeado a alargado, piel del tubérculo roja, pulpa amarillo claro y tiene un período de cosecha de 4 a 4,5 meses. En la presente investigación, encontramos algunos mutantes con tubérculos redondeados a alargados, piel rojo claro, período de cosecha de 4 meses. Se asumió que la irradiación mejoró no sólo el tamaño del tubérculo, sino también disminuyó los periodos de cosecha.

Fig. 1. Tubérculos de la línea mutante procedente de Cangkuang.



Tabla 1. Efecto de la irradiación gamma en el área foliar, altura de planta y forma de tubérculo de camote irradiado y no irradiado.

Dosis (Gy)	Área foliar (cm ²)	Altura de planta (cm)	Forma de tubérculo	Número de tubérculos/planta
0	101,07	156,85	Alargado	2
10	99,62	186,87	Alargado	2
20	114,27	164,11	Alargado	3
30	110,08	153,38	Redondeado a Alargado	2
40	100,19	145,37	Alargado	3

En la Tabla 2, se muestra el promedio de rendimiento, contenido de azúcar y almidón en cada dosis. A partir de estos mutantes obtenidos, se seleccionaron 2 mutantes útiles denominados D10.15.2 y A13.15.6, que tuvieron un peso promedio de tubérculo de 1500 ± 200 g de peso fresco. Las dosis de irradiación de 20 a 40 Gy disminuyeron la producción de tubérculos. Ooe *et al.* (2003) reportaron que los callos irradiados con dosis de 20 Gy con haz de iones de carbono, pueden mejorar significativamente el peso de los tubérculos. El almidón es un componente principal de la raíz de almacenamiento del camote. Su contenido de almidón es de alrededor de 80% en base materia seca y 10–30% en base materia húmeda. La eficiencia en la acumulación de almidón es importante para la calidad económica de un producto y como un factor en el potencial de almacenamiento de una raíz de almacenamiento (Nakatani, 2004). En el presente estudio, el mutante presentó el mayor contenido de almidón (38,75%) en comparación con la planta original que tuvo sólo 32,67 %. El tratamiento de irradiación también incrementó el contenido de azúcar y el rendimiento de tubérculos.

Tabla 2. Rendimiento de tubérculo, contenido de azúcar y almidón de la línea mutante y de la planta original.

(La letra de la misma columna es diferente significativamente del control, a un nivel de 5 %)

Dosis (Gy)	Rendimiento de tubérculo (g/plant)	Azúcar (%)	Almidón (%)
0	779,83a	2,93a	32,67a
10	766,75a	2,59b	30,50b
20	875,10b	3,22a	32,90a
30	971,86c	3,82c	38,75c
40	974,86c	3,61c	25,87d

CONCLUSIONES

Se puede obtener un mutante útil mediante irradiación gamma con dosis de 20 a 40 Gy. El tratamiento de irradiación incrementó significativamente la producción de tubérculo, y el contenido de azúcar y almidón.

REFERENCIAS

- Nakatani, M. 2004. Starch accumulation and dry matter yield in sweet potato. Gamma field Symposia No. 43. Institute of Radiation Breeding, NIAS Japan. p: 49–55.
- Ooe, M; Nagai, J; Shimonishi, K; Hase, Y; Shikazono, N; Tanaka, A. 2003. Mutation induction to sweet potato with ion beam irradiation. JAERI Review – 003.
- Qhingchang, L. 1998. Production of mutants for table and vegetable uses by cell induced mutation in sweet potato.
- Wang, Y; Wang, F; Zhai, H; Liu, Q. 2007. Production of useful mutant by chronic irradiation in sweet potato. *Scientia Horticulturae* 111: 173 – 178.

Evaluación y selección en colecciones básicas de camu camu (*Myrciaria dubia* H.B.K. Mc Vaugh) en Loreto, Perú

Ricardo BARDALES¹, Mario PINEDO², José RAMOS³, Sonia FARRO⁴

^{1,2,3}Programa Manejo Integral del Bosque y Servicios Ambientales, Instituto de Investigaciones de la Amazonía Peruana (IIAP), Iquitos, Perú; ⁴Facultad de Ciencias Biológicas, Universidad Nacional de la Amazonía Peruana (UNAP), Iquitos, Perú

¹rbardaleslozano@yahoo.es, ²pacc@iiap.org.pe, ³orionjarc@hotmail.com, ⁴sonifary@hotmail.com

Resumen

En el año 2009, se continuó la evaluación en las colecciones básicas del Centro Experimental San Miguel (CESM), inicialmente con 391 muestras genéticas de *Myrciaria dubia*, con un total de 6504 plantas, colectadas entre los años 2001- 2006, en 5 cuencas (115 familias): Putumayo (25), Nanay (1), Tigre (32), Curaray-Tahuayo (61). En cuanto al contenido de vitamina C se evaluaron 142 plantas que presentaron valores entre 775 mg y 2951 mg, y una alta diferencia significativa entre poblaciones o cochas ($F_c=2,27$ Sig= $<0,032$). Destacó la cocha Tostado de la cuenca del Curaray con una media poblacional de 1528,77 mg/100 mg. Se han seleccionado 14 plantas que presentaron alto contenido de vitamina C (>1800 mg), al igual que 11 individuos con fruto grande ($> 13,0$ g) y 8 con rendimiento de fruta superior a 7 kg por planta, al séptimo año de la plantación.

Abstract

The evaluation of basic collections of *Myrciaria dubia* was made during 2009 in the Centro Experimental San Miguel (CESM), in Iquitos (Perú) which started with 391 samples from 6504 plants collected between 2001 and 2006 in 5 basins (115 families): Putumayo (25), Nanay (1), Tigre (32), Curaray-Tahuayo (61). With respect to vitamin C content, 142 plants were evaluated which had 775 mg and 2951 mg, and high significant difference between populations ($F_c=2,27$ Sig= $<0,032$). Population Tostado from Curaray basin was remarkable, with 1528,77 mg/100 mg of average population. 14 plants which had high vitamin C content (>1800 mg) were selected, as long as 11 individuals with big fruit ($> 13,0$ g) and 8 with fruit yield higher than 7 kg per plant at the 7 days after sowing.

INTRODUCCIÓN

En el Departamento de Loreto existe una amplia distribución de poblaciones naturales de *Myrciaria dubia* en las cuencas de los ríos Nanay, Napo, Ucayali, Marañón, Tigre, Tapiche, Yarapa, Tahuayo, Pintuyacu, Itaya, Ampiyacu, Maniti, Oroza, Putumayo, Yavari y Curaray con una amplia variabilidad fenotípica en las extensas y dispersas áreas de poblaciones naturales. El camu- camu es uno de los recursos naturales de mayor importancia y trascendencia en Loreto y Ucayali, con amplia distribución en el norte de América del Sur, que agrupa a centros importantes de diversidad de la especie.

La amplia base de genes acopiada, que involucra las cuencas de los ríos Ucayali, Putumayo, Curaray, Napo, Tigre, Tahuayo, Itaya y Nanay, representa una reserva valiosa para conseguir atributos favorables para la sostenibilidad en el aprovechamiento de la especie. Entre estos atributos figuran como principales: el nivel de vitamina C, precocidad, estacionalidad, tamaño grande de fruto, así como alto y estable rendimiento. El presente trabajo tiene por finalidad caracterizar y evaluar material genético de camu-camu existente en el Centro Experimental San Miguel (CESM-IIAP) con el fin de identificar consistentemente genotipos superiores que sirvan de base para el desarrollo del programa de mejoramiento y la producción de semilla mejorada.

MATERIALES Y MÉTODOS

Material Genético. Se evaluaron 379 introducciones provenientes de 7 parcelas ocupadas con colecciones básicas o pruebas genéticas en Morona-Nanay (Parcela 6), Putumayo (Parcela 6), Cinco cuencas (Parcela 6), Comparativo de clones (Parcela 6), Comparativo de 108 progenies precoces (Parcela 10), Curaray-Tahuayo (Parcela 10) y Tigre (Parcela 10).

Evaluación Morfológica. Se evaluó Número de ramas / pl, Diámetro de copa/ pl, Altura de la planta/pl, Número de flores / pl, Número de frutos / pl, Peso de frutos / pl, pH en pulpa/pl, Grados Brix en pulpa/pl,

Acido ascórbico en pulpa, Peso de cáscara/pl, Número de semilla / fruto, Peso de pulpa / fruto, Rendimiento en g / pl. Los datos fueron procesados con el paquete Infogen 2009 y el Selegen Reml/Blup (Resende, 2002).

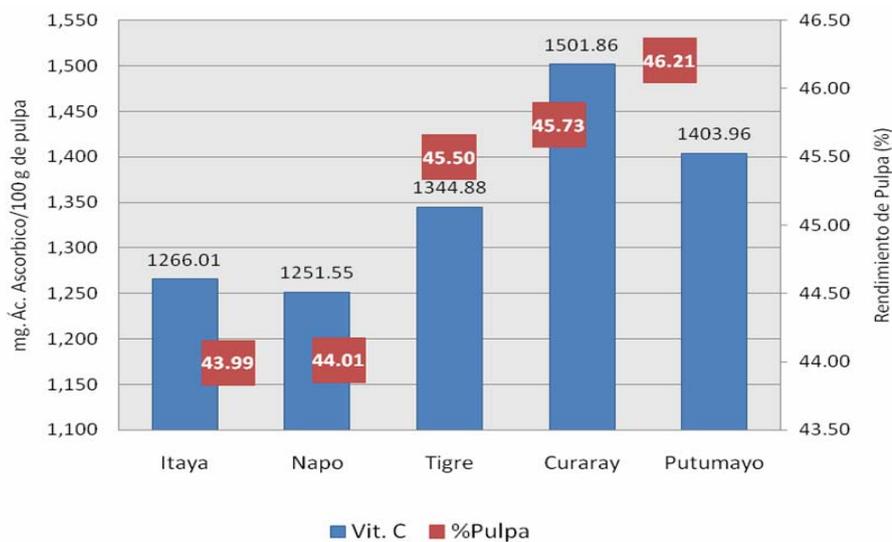
Evaluación Química. Los análisis de ácido ascórbico fueron realizados mediante Cromatografía Líquida de Alta Performance (HPLC) equipado con detector de absorbancia fase reversa, 5 µm columna LiChrocart RP18 (4.0 x 250 mm). El nivel de sólidos solubles fue determinado mediante refractómetro y expresado en Grados Brix (gramos de sacarosa por 100 gramos de líquido). La acidez de la pulpa de “camu camu” se determinó utilizando el potenciómetro estacionario, en unidades de pH.

RESULTADOS Y DISCUSIÓN

En la colección de cinco cuencas, en base al rendimiento superior durante tres años consecutivos fueron seleccionadas las plantas: NY0805 (Napo-Yuracyacu), NY0518 (Napo-Yuracyacu), PC0922 (Putumayo-Cedro) y TT0725 (Tigre-Tipishca) con rendimientos promedio de 6.6, 5.5, 4.0 y 3.8 kg/planta respectivamente.

En el comparativo de 108 progenies, instalado en octubre-2007, se observa una sobrevivencia de 90,82% con un nivel de floración de 14,95%. En este ensayo se encontró alta heredabilidad de “numero de ramas basales” y “número de puntas” con índices de 0,64 (**) y 0,42 (*). Fueron seleccionadas las progenies: 1, 5, 17, 29, 44, 52, 68, 163, 211 y 244.

Fig. 1. Relación del contenido de ácido ascórbico / rendimiento de pulpa en colección de 5 cuencas.



En cuanto a niveles de ácido ascórbico, se han seleccionado en forma individual las plantas: PC0302, NY0413, PC0430, PC0120, PC0214, TH0824 y CC0207 que presentaron alto contenido de vitamina C (>2000 mg).

REFERENCIAS

- Pinedo *et al.*, 2001. Sistema de Producción de Camu-Camu en Restinga, Instituto de Investigaciones de la Amazonía Peruana, Programa de Ecosistemas Terrestres. Loreto, Perú. 141p.
- Pinedo *et al.*, 2004. Plan de Mejoramiento Genético de camu-camu, Instituto de Investigaciones de la Amazonía Peruana, Programa de Ecosistemas Terrestres. Loreto, Perú. 52p.

Comparativo de 37 clones de camu camu (*Myrciaria dubia* H.B.K. Mc Vaugh) en Loreto, Perú

José RAMOS¹, Mario PINEDO²

¹Universidad Nacional de la Amazonía Peruana, Iquitos, Perú, ²Instituto de Investigaciones de la Amazonía Peruana, Iquitos, Perú

¹jramoscar@hotmail.com, ²pacc@iiap.org.pe

Resumen

Con el fin de obtener semilla mejorada de camu camu, en Diciembre 2004 se instaló en el Centro Experimental San Miguel, un comparativo de 37 clones procedente de centros experimentales del INIA, plantaciones de productores y rodales naturales. Estos clones fueron colectados tomando en cuenta su productividad o basados en correlaciones estudiadas con anterioridad como el diámetro de copa y diámetro basal del tallo. Luego de 5 años de evaluación, se seleccionaron como promisorios a los clones 14, 18, 29, 35 y 44. Se encontró diferencia significativa entre clones según el “numero de ramas basales”, no encontrándose tal diferencia en las demás variables evaluadas. Se observa una correlación significativa entre el “numero de frutos verdes” y “diámetro basal promedio”. A los 58 meses de plantación los clones muestran una altura promedio de 3,70 m y un incremento de la floración de 99%.

Abstract

In order to obtain camu camu improved seed, an experiment comparing 37 clones from experimental centers of INIA, farmer lands and natural places, was conducted in the Centro Experimental San Miguel. The clones were collected taking into account the productivity or previous data correlations such as treetop diameter and basal stem diameter. After 5 years of evaluation, clones 14, 18, 29, 35 y 44 were selected as promissories. Significant differences between clones regarding the number of basal branches, were found; but no significant differences were found in the other evaluated variables. A significant correlation between the number of green fruits and the average basal diameter, was found. Clones showed an average height of 3,70 m and 99% increasing of flowering, 58 months after sowing.

INTRODUCCIÓN

El camu camu es un frutal arbustivo nativo de la Amazonía, con elevado contenido de vitamina C de hasta 3133 mg/100 g (Pinedo, 2002) y enorme potencial económico. En estado silvestre habita en las márgenes de ríos de origen amazónico de agua negra, cuya baja posición altitudinal posibilita su inundación durante el primer semestre del año.

En la region Loreto, a partir del año 1985, el Instituto Nacional de Innovación Agraria (INIA) inició trabajos de colecciones sistemáticas en rodales naturales de diferentes cuencas de la amazonía. Estas actividades fueron continuadas en los años sucesivos en alianza con el IIAP. La caracterización y evaluación de este material dio lugar a pruebas más rigurosas para continuar con el trabajo de selección de plantas superiores.

El IIAP, gracias a la investigación sobre propagación clonal por estacas leñosas, iniciada en el año 2003 (Arevalo, D.L.), se pudo iniciar en el año 2004 la colección de material vegetativo de plantas selectas de camu-camu, tanto en parcelas de investigación como en plantaciones de productores. Es así que a fines del año 2004 se instaló en el Centro Experimental San Miguel (CESM), el primer comparativo de clones conocido hasta la fecha. Este experimento cuenta con 37 clones en estudio, los cuales fueron elegidos por su alto rendimiento de fruta, frondosidad, estabilidad de rendimiento, entre otros rasgos. La evaluación de este ensayo se continuó durante 6 años y en el presente informe se da a conocer los avances relacionados con la selección de este material.

MATERIALES Y MÉTODOS

Los 37 clones, fueron instalados en área inundable del CESM, ubicado a 10 km aguas arriba de la ciudad de Iquitos. La unidad experimental corresponde a una planta (o ramete) y cuatro repeticiones en diseño de Bloque Completo Aleatorizado, con un distanciamiento de 3 x 2 m.

La evaluación de los clones se realizó considerando variables vegetativos (altura y diámetro de copa, diámetro basal del tallo), reproductivos (número de flores, número de frutos), físicas (Grados Brix) y químicas (pH y ácido ascórbico).

Para fines de selección, el clon deberá presentar de manera continua uno de los tres caracteres (precocidad, contenido de ácido ascórbico, peso de fruto mayor a 10g) establecidos en el Plan de Mejoramiento Genético del Camu camu (Pinedo *et al.*, 2004) para ser considerado como material promisorio.

RESULTADOS Y DISCUSIÓN

De los 37 clones instalados, luego del análisis de 5 evaluaciones (2005, 2006, 2007, 2008 y 2009) se agrupan como promisorios a los clones 18, 44, 50, 61 y 69 (Pinedo *et al.*, 2008) y en un segundo grupo a los clones 14, 29, 35, 48 y 52, de los cuales, los clones 35 y 69 destacaron por producir flores de manera precoz a los 17 meses de la plantación. Sin embargo, el clon 49, a pesar de no encontrarse en ninguno de los dos grupos anteriormente nombrados, repuntó al mostrar una fructificación relativamente alta en estado verde. Luego de 58 meses de evaluación en campo definitivo, se ha observado un incremento de la floración y fructificación, alcanzado por el 99 % de plantas. Luego de 58 meses desde la plantación, se presentan una altura promedio de 3,70 m, con un rango entre 1,70 y 4,90 m, que en comparación con la altura de hace 12 meses se ha incrementado en 2,20%. Además, se observa un incremento notable de la floración (de 68 % a 99%) y de la fructificación (de 56 a 99 %) al comparar los valores del los años 2008 y 2009.

Tabla 1. Antecedentes y características de los clones selectos.

Código	Procedencia /Río	Productor	Características (apreciación preliminar)
14	Río Amazonas	Plantación IIAP	Hoja muy menuda
18	Río Nanay,	Rodal natural	Hoja menuda, alto ataque de marsonina
29	Río Nanay	Rodal natural	Hojas menudas y alta productividad
35	Río Ucayali Requena-Lago Avispa	Alfredo Mazuca	Fruto pequeño, alto rendimiento, susceptible a <i>Edessa</i>
44	Río Putumayo	Rodal / Natural	Fruto pequeño, aprox. 30% atacado por <i>Conotrachelus</i>
48	Río Putumayo	Rodal / Natural	Hojas medianas, no plagas
50	Río Putumayo	Rodal / Natural	Fruto mediano .Bajo nivel de <i>Conotrachelus</i>
52	Río Putumayo	Rodal / Natural	Fruto grande, pegador de hojas
61	Río Putumayo	Rodal Natural	Hoja menuda, fruto pequeño
69	Río Amazonas	Plantación / M P 4	Alta productividad, fruta grande
49	Río Putumayo	Rodal / Natural	Fruto mediano .Bajo nivel de <i>Conotrachelus</i>

A partir del ranking de las 15 mejores plantas obtenidas de los análisis efectuados durante los años 2005, 2006, 2007, 2008 y 2009, se deduce que los mejores clones son: 14, 18, 29, 35, 44, 48, 49, 50, 52, 61 y 69.

REFERENCIAS

Arévalo, DL. 2004. Efecto del sistema de riego, posición y diámetro de la estaca, en el enrizamiento de *Myrciaria dubia* (H.B.K.) Mc Vaugh Camu-camu. Tesis Ing. Agr. Facultad de Agronomía. Universidad Nacional de la Amazonía Peruana. 125 p.

- Enciso, R. 1992. Propagación del camu-camu (*Myrciaria dubia*) por injerto. Informe Técnico No. 18. Lima (Peru): PICT-INIAA. 17 p.
- Menezes, D. 1988. Efeitos de diferentes reguladores de crescimento sobre o enraizamento de estacas de camu-camu (*Myrciaria dubia* (H.B.K.) Mc Vaugh). FCA/UA. Brasil. 2p.
- Bataglia, A; Ferreira, S. 1998. Propagacao asexuada de camu-camu (*Myrciaria dubia* (H.B.K.) Mc Vaugh) por estaquia. Fornada de Iniciacao Cientifica do INPA. Manaus. Pp 198-200.
- Rodríguez, I; Ferreira, S. 1999. Propagacao asexuada de camu-camu (*Myrciaria dubia* H.B.K. Mc Vaugh) por estaquia. Fornada de Iniciação Científica do INPA. Manaus. Pp 267-270.

Mejoramiento genético de papa (*Solanum ssp.*) para condiciones áridas de la Irrigación Majes, Arequipa, Perú

Giancarlo DEL CARPIO¹, Roxana BARDALES², René CHAVEZ³

¹Servicio Nacional de Sanidad Agraria, SENASA, Perú; ²Escuela de Agronomía, Facultad de Ciencias Biológicas y Agropecuarias, Universidad Nacional de San Agustín (UNSA), Arequipa, Perú; ³Escuela de Agronomía, Facultad de Ciencias Agrícolas, Universidad Nacional Jorge Basadre Grohmann, Tacna, Perú
¹gdelcarpio@yahoo.es, ²roxbaral@yahoo.com

Resumen

Con la finalidad de obtener papas (*Solanum ssp.*) resistentes a estreses bióticos y abióticos en la costa sur del Perú, se realizaron cruzamientos entre variedades del CIP (Perú) y otras variedades procedentes de países extranjeros (Ecuador, India), obteniéndose 12 familias híbridas. Durante todo el periodo de selección (2002–2008) se han logrado seleccionar tres familias híbridas resultantes de los cruces: “UNICA” x “Fripapa”, “India-1039” x “Cardinal” y “BC4061.4” x “India-1039”.

Abstract

In order to obtain biotic and abiotic stress resistant potato (*Solanum ssp.*) in the southern coast of Peru, crossings were performed between the International Potato Center (CIP, Peru) varieties and foreign varieties from Ecuador and India, from which twelve hybrid families were obtained. Three hybrid families from the crosses “UNICA” x “Fripapa”, “India-1039” x “Cardinal” and “BC4061.4” x “India-1039”, were selected within the selection period 2002-2008

INTRODUCCIÓN

En el Perú existe un promedio de 300000 ha de cultivo de papa que se desarrolla en la costa, sierra y ceja de selva alta, desde el nivel del mar hasta los 3500-4000 msnm (Ezeta, 2002). En la irrigación Majes existe cerca de 12500 ha que son suelos áridos con bajos niveles de salinidad y boro, con gran potencial agrícola y cultivados actualmente bajo un sistema de riego tecnificado. Por esto, se clasifica como una zona agroecológica apta para producir papa durante las cuatro estaciones del año, a una altitud promedio de 1400 msnm. Es así que los cultivares de papa cultivada en esta zona deben de ser precoces y tolerantes al calor para que se pueda obtener cuatro cosechas al año. La alta temperatura reinante durante la primavera y el verano es un factor fuertemente limitante para algunos cultivos comerciales, como es el caso de la papa (Chávez, 2002). Asimismo, debe presentar tolerancia o resistencia a las plagas y enfermedades de la zona, las cuales son favorecidas por los factores climáticos (temperatura, humedad relativa, etc). El presente trabajo tiene como finalidad seleccionar familias de papa adaptables a las condiciones bióticas y abióticas de zona árida en Arequipa.

MATERIALES Y MÉTODOS

Material Genético. Se utilizaron variedades de papa tanto del CIP (Perú): “Canchan”, “Javillas”, “María Huanca”, “San Antonio”, “UNICA”, “BC4061.4” y “393351.15 30”; así como de otras partes del mundo: “India-1039”, “Fripapa” y “Cardinal”.

Cruzamientos y Propagación vegetativa. Estos procesos se realizaron en los invernaderos de la Escuela de Agronomía, Facultad de Ciencias Agrícolas de la Universidad Nacional Jorge Basadre Grohmann, Tacna. El material cosechado posteriormente fue llevado a Arequipa.

Propagación vegetativa. El material procedente de Tacna fue plantado en el invernadero de la Escuela de Agronomía, Facultad de Ciencias Biológicas y Agropecuarias, Universidad Nacional de San Agustín (UNSA), Arequipa, para su propagación y posterior plantación en el campo experimental del Centro de Investigación y Extensión de Producción Agropecuaria (CIEPA) UNSA, Sección B – I, Majes.

Selecciones consecutivas. El material propagado de las familias híbridas de papa fue plantado consecutivamente durante el periodo 2005-2008, a partir del cual se obtuvo los resultados.

RESULTADOS Y DISCUSIÓN

De las 12 familias híbridas de papa (Cuadro 1), que se obtuvieron inicialmente en el periodo 2004 – 2005, “Cardinal” x “Fripapa” y ”UNICA” x “India-1039” que presentaron características adecuadas de rendimiento y uniformidad de tubérculo. En el periodo 2005 – 2006, “India-1039” x “Cardinal” y ”María Huanca” x “India1039” presentaron buena uniformidad de tubérculo en cuanto a forma y tamaño; la familia híbrida “BC4061.4” x ”India-1039” presentó bajas poblaciones de *R. solanícola*. En el periodo 2006, ”UNICA” x “Fripapa” presentó buenos resultados en lo que respecta a calidad de fritura, en relación a las demás familias híbridas. En el trabajo de 2007, respecto a uniformidad de tubérculo en color, forma y tamaño, destacaron “UNICA” x “Fripapa” e “India-1039” x “Cardinal”, y de manera conjunta “BC4061.4” x “India-1039” presentaron resistencia al virus SB-29.

Finalmente en el trabajo de 2008, las únicas familias seleccionadas en todo este largo tiempo, fueron “UNICA” x “Fripapa” (principalmente), “India-1039” x “Cardinal” y “BC4061,4” x ”India-1039”, por sus características de tolerancia al calor, precocidad, calidad industrial, cáscara roja, resistencia genética a *Phytophthora infestans* y posible resistencia al nemátodo *Meloidogyne incognita*.

Cuadro 1. Familias híbridas del programa 2002.

Cuadro 1. Familias híbridas de papa.

Nº	Familias Híbridas
1	Canchan X Javillas
2	Canchan X India-1039
3	'UNICA' X Fripapa
4	'UNICA' X India-1039
5	India-1039 X Fripapa
6	India-1039 X Cardinal
7	Cardinal X Fripapa
8	Javillas X India-1039
9	María Huanca X India-1039
10	San Antonio X Fripapa
11	BC4061.4 X India-1039
12	393351.15 X Fripapa

REFERENCIAS

- Ezeta, F. 2002. La Competitividad en el cultivo de papa en Latinoamérica y el Caribe: Implicaciones y Retos Inmediatos. In: Conferencia, XX Congreso de la Asociación Latinoamericana de la Papa. (Quito, Ecuador).
- Chávez, R. 2002. Mejoramiento Genético de Plantas para Zonas Árido Salinas. (Tacna, Perú).

Selección de cultivares de Arracacha: Integrando variables ecofisiológicas y de crecimiento

Ramón E. JAIMEZ

Universidad de Los Andes, Facultad de Ciencias Forestales y Ambientales, Instituto de Investigaciones Agropecuarias,
Mérída, Venezuela
rjaimez@ula.ve

Resumen

Aunque el uso de algunos parámetros ecofisiológicos ha sido utilizado como criterios para la selección de cultivares de mayor tolerancia a diferentes variables abióticas, es necesario que éstas sean relacionadas también con variables de crecimiento y distribución de asimilados y rendimiento final. Es claro que lo que se desea es lograr cultivares que reúnan características de adaptación a determinadas condiciones ambientales y mayores rendimientos. Por ello, es importante evaluar los mecanismos fisiológicos que interactúan en la producción de biomasa y su distribución en varios ambientes.

En el caso del apio o zanahoria blanca (*Arracacia xanthorrhiza* Banc), cultivo tradicionalmente sembrado por pequeños productores en los países andinos de Sur América (Hermann, 1997) y Brasil, existen investigaciones que han evaluado una gran cantidad de cultivares para fines de mejoramiento (Granate *et al.*, 2004, Vásquez *et al.*, 2004), además de conocer las relaciones entre especies y su distribución y ecología para el manejo de germoplasmas (Blas *et al.*, 2008). Recientemente, Jaimez *et al.* (2008) encontraron en cultivares de apio cultivados en la regiones Andinas Venezolanas, que el rendimiento de raíces comerciales está relacionado directamente tanto a las tasas de asimilación de CO₂ promedio y totales (Figura 1), así como al índice de área foliar específica, lo que les lleva a proponer a estas dos variables como criterios de selección. Similares resultados han sido reportados para yuca (*Manihot esculentum*), El-Sharkawy *et al.* (1990), El-Sharkawy (2004, 2006a,b), espárragos (Faville *et al.*, 1999). Para ñame (*Dioscorea* sp) se ha reportado relaciones entre producción de tubérculos y áreas foliares para los últimos meses del desarrollo (Roy Chowdhury, 1998).

Por otra parte, también se ha encontrado que en Arracacha aquellos cultivares con mayores tasas de asimilación, son los que presentan mayor producción de biomasa durante todo el ciclo de crecimiento, además de ser los que presentan mayor precocidad en el crecimiento de raíces. Pareciera que los cultivares con mayor crecimiento inicial de raíces, también son los que tardan menos tiempo en alcanzar el máximo rendimiento de raíces. Un mayor crecimiento inicial de raíces también puede implicar una mayor demanda por asimilados hacia esta parte, la cual puede estar regulada por el tamaño del sumidero (Warlaw, 1990).

En resumen en Arracacha es posible seleccionar cultivares usando como criterio las tasas de asimilación de CO₂, lo cual garantiza mayores biomásas y un rápido crecimiento radicular que influye en una mayor producción final de raíces.

Fig. 1. Relación entre las tasas promedio a) y total (b) de Asimilación de CO₂ de cinco cultivares de *Arracacia xanthorrhiza*: Bandera (x), Bayuelo (▲), Cacho (o), Chamero (●), y Cebollo (Δ) en Santa Rosa (1930 msnm) Venezuela. Las barras corresponden al error estándar.

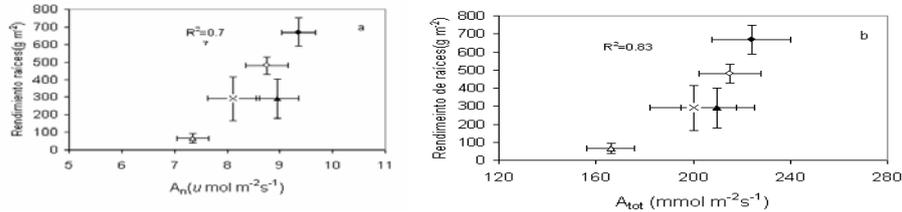
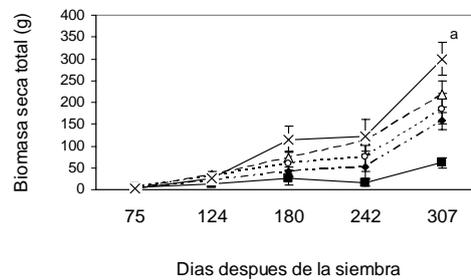


Figura 2: Peso seco total acumulado (a) y relación raíz/peso total seco de cinco variedades de *Arracacia xanthorrhiza* cultivadas a 1930 msnm en Venezuela: Chamero (x), Bayuelo (o), Cacho (Δ), Bandera (●), y Cebollo (□).



REFERENCIAS

- Blas, R; Hermann, M; Baudoin, J-P. 2008. Analysis of the geographic distribution and relationships among Peruvian wild species of *Arracacia*. *Genetic Resource Crop Evolution*. 55: 643-655
- El-Sharkawy, MA. 2006a. International research on cassava photosynthesis, productivity, ecophysiology, and responses to environmental stresses in the tropics. *Photosynthetica* 44 (4): 481-512.
- El-Sharkawy, MA. 2006 b. Utility of basic research in plant/crop physiology in relation to crop improvement: a review and a personal account. *Brazilian Journal of Plant Physiology*. 18(4): 419-446.
- El-Sharkawy, MA; Cock, JH; Lynam, JK; Hernández, ADP; Cadavid, LF. 1990. Relationships between biomass, root-yield and single-leaf photosynthesis in field-grown cassava. *Field Crops Research* 25: 183-201.
- Faville, M; Silvestre, W; Allan, T; Jermyn, W. 1999. Photosynthetic characteristic of three asparagus cultivars differing in yield. *Crop Science* 39: 1070-1077.
- Granate, MJ; Nogueira, M; Rodrigues de Oliveira, L. 2004. Clonal selection in arracacha breeding. *Crop Breeding and Applied Biotechnology* 4: 105-110.
- Hermann, M. 1997. *Arracacha (Arracacia xanthorrhiza* Bancroft) In: M.Hermann and J.Heller (eds) *Andean root and tubers: ahupa, arracacha, maca y yacon*. IPGRI Rome, Italy 75-172.
- Jaimez, RE; Santos, N; Añez, B; Vázquez, J; Espinoza, W. 2008. Photosynthesis of field grown *Arracacia xanthorrhiza* Bancroft cultivars in relation to root-yield. *Scientia Horticulturae* 118: 100-105.
- Roy Chowdhury, S. 1998. Characteristics of dry matter production and partitioning in edible yam (*Dioscorea* spp) cultivars. *Tropical Agriculture* 75: 438-439.
- Vásquez, N; Medina, C; Lobo, M. 2004. Caracterización morfológica de la colección colombiana (Tulia, huilia, Boyaca, Cauca) de *Arracacia xanthorrhiza*. En: Seminario J. (Ed) *Raíces Andinas. Contribuciones al conocimiento y a la capacitación*. Centro Internacional de la Papa. Agencia Suiza para el desarrollo y la Cooperación 166-175.
- Wardlaw I. 1990. The control of carbon partitioning in plants. *New Phytologist* 116: 341-381.

Mejoramiento Genético del Cacao (*Theobroma cacao* L.) Situación Actual y Perspectivas Futuras

Luis Fernando GARCÍA CARRIÓN

Universidad Nacional Agraria de la Selva, Tingo María, Perú
lugarc01770@gmail.com

INTRODUCCIÓN

El cacao (*Theobroma cacao* L) es una especie originaria de los bosques tropicales húmedos de América del Sur. Sus almendras son el insumo básico para la industria del chocolate y derivados, la cosmética y la farmacéutica. El cacao en sistemas agroforestales es clave para amortiguar el impacto ambiental y el alivio de la pobreza rural.

La Amazonía peruana es un espacio megadiverso que alberga una amplia diversidad genética de esta especie y de sus parientes silvestres. Sin embargo, este valioso *pool genético* ante la presión de factores bióticos y abióticos, se están perdiendo gradualmente (erosión genética).

Los programas de mejoramiento genético del cacao (centroamericanos, latinoamericanos, africanos y asiáticos) han partido de una base genética estrecha que fue limitante para tener avances notables en la obtención de germoplasma élite, en términos de productividad, resistencia y calidad.

Actualmente, las herramientas biotecnológicas permiten reorientar, acelerar y potenciar los métodos convencionales de mejoramiento genético; así como, una mejor comprensión de la genómica estructural y funcional de esta especie respecto a genes que controlan caracteres de importancia agroindustrial.

Este trabajo tiene por finalidad compartir conocimientos y experiencias sobre el estado actual y las perspectivas futuras de los recursos genéticos y mejoramiento del cacao peruano.

SITUACIÓN ACTUAL

Recursos Genéticos del Cacao. Nuestro país ostenta una amplia diversidad genética de variedades de cacao (razas nativas, híbridos y clones mejorados), verificables morfológica y molecularmente en las diferentes regiones cacaoteras.

Distribución de las Variedades de Cacao en el Perú. De las 10 zonas cacaoteras del país, el 68% del área cultivada la ocupa la variedad “criolla” propagada por semilla botánica, que incluye: razas nativas (“Porcelana”, “Chuncho”, etc) e híbridos tradicionales (nacionales e introducidos). El 30% corresponde a la variedad CCN-51 (clon) y el 2% a clones Trinitarios (ICS-1, ICS-6, ICS-95, etc.), Forasteros (IMC-67, POUND-7, etc.) y otros clones (EET-400, TSH-565, etc.)

Recolección y Colecciones de Germoplasma de Cacao en el Perú. La introducción de germoplasma de cacao en el Perú se inicia con la llegada de los clones “POUND” a la EEA de Tingo María (década de 1940) colectados en Iquitos. En 1953, el Proyecto Nacional de Mejoramiento de Germoplasma de Cacao, del Ministerio de Agricultura, introduce germoplasma foráneo (clones) de cacao: ICS (ICS 1, ICS 6, ICS-39 e ICS 48); UF (UF-2 y UF-613) y SCA (SCA 6 y SCA 12) procedentes de Trinidad; EET (EET 59, EET 61 y EET 82) de Ecuador, entre otros. Entre 1986 – 1989, F. Coral *et al.* del Programa de las Naciones Unidas para el Desarrollo (PNUD), recolectan germoplasma de cacao de la amazonía peruana e instalan 2 bancos de germoplasma (Tingo María y Cusco) y 5 jardines clonales. El Banco de germoplasma de Tingo María conserva las colecciones: “Huallaga” (63 accesiones), “Ucayali-Urubamba” (48 accesiones), e “Internacional” (49 accesiones). En 1995, Mondragón *et al.*, del Convenio ADEX-AID recolecta germoplasma de cacao en Jaén-San Ignacio (Cajamarca), Bagua, Utcubamba y Condorcanqui (Amazonas), conservando 96 accesiones (“Colección Marañón”). Entre 2005-2007, L. García *et al.*, Coordinador Técnico del proyecto CFC/ICCO/IPGRI (Bioversity)/UNAS, recolecta germoplasma de cacao en Tingo María (Huánuco) y Tocache-Uchiza (San Martín), conservando 90 accesiones (“Colección UNAS”). En el 2008, Meinhardt (USDA/ARS) *et al.*, en colaboración con el Instituto de Cultivos Tropicales (ICT-Tarapoto), recolectan 342 árboles de cacao silvestre en Loreto y conservados como “Colección Amazonas”.

Caracterización y Evaluación de Germoplasma de Cacao. Estas actividades permitieron: Caracterizar 160 accesiones de 3 colecciones: Internacional, Huallaga y Ucayali-Urubamba.

Caracterizar y evaluar 28 árboles híbridos de cacao de distinto origen genético.
Estudiar la fenología de la floración y fructificación de accesiones de cacao.
Evaluar la reacción a la “pudrición parda” y “moniliasis” de accesiones de cacao.
Determinar los porcentajes de grasa de accesiones de cacao.

Documentación de Germoplasma de Cacao. La información obtenida de la caracterización morfoagronómica de las accesiones del Banco de Germoplasma de Cacao, se ha introducido parcialmente en una Base de datos computarizada (MS-Access), y en el Catálogo de Cultivares de Cacao del Perú (en prensa), el cual consta de 73 clones de diferente grupo germoplásmico de cacao.

Mejoramiento Genético del Cacao.

El Programa de Mejoramiento Genético del Cacao de la Universidad Nacional Agraria de la Selva (UNAS)-Tingo María. Tiene como finalidad la obtención de variedades mejoradas que respondan a las necesidades del agricultor, la industria y el consumidor final, en términos de productividad, resistencia a enfermedades y calidad organoléptica. Se sustenta en (i) la amplia diversidad y variabilidad genética de las poblaciones híbridas de cacao dispersos en los agroecosistemas cacaoteros del país, (ii) la existencia de un Banco de germoplasma de cacao en la UNAS, (iii) los avances en mejoramiento genético del cacao en el país y en el extranjero, y (iv) la cooperación científica internacional: IPGRI (Bioversity), CIRAD, CATIE, CEPLAC, etc.

Mejoramiento por Productividad, Resistencia y Calidad.

En la primera etapa, se diseñó un plan de cruzamientos entre progenitores de diferentes grupos germoplásmicos y con lejana disimilaridad genética. Ello posibilitó:

Generar 54 híbridos biclonales distribuidos en 3 grupos: internacionales (I), regionales (R) y misceláneos (M),

Seleccionar 45 árboles híbridos superiores por productividad, resistencia y/o tolerancia a las enfermedades, y calidad organoléptica.

En la segunda etapa, se continuó y potenció la investigación a través del proyecto: “Mejoramiento de la Productividad y Calidad del Cacao: *Un Enfoque Participativo* (CFC/ICCO/IPGRI/Bioversity, 2004-2009). La UNAS, como contraparte del Convenio IPGRI/UNAS, ejecutó actividades de investigación en 3 áreas:

A. Recursos genéticos.

Recolección de 90 árboles promisorios de cacao de campos del agricultor.

Caracterización molecular de germoplasma de cacao mediante marcadores ISSR.

B. Mejoramiento de la productividad y resistencia

Ensayo regional de 22 híbridos de cacao por productividad y resistencia en América.

Evaluación productiva de 29 clones híbridos promisorios de cacao.

Evaluación productiva de 22 clones promisorios de cacao del campo del agricultor.

Evaluación de la compatibilidad/incompatibilidad de selecciones híbridas de cacao.

Evaluación de progenies híbridas de cacao de libre polinización a la “escoba de bruja”.

C. Mejoramiento para calidad organoléptica.

Evaluación de la calidad organoléptica de clones mejorados y selecciones híbridas promisorias de cacao.

Generación de 7 híbridos triples de cacao para calidad organoléptica (en progreso)

PERSPECTIVAS FUTURAS

Recursos genéticos. Realizar la caracterización molecular de las colecciones: Huallaga, Ucayali-Urubamba, Internacional, Marañón y Amazonas.

Repatriar e introducir germoplasma exótico para ampliar la base genética del cacao peruano.

Evaluar y repotenciar los bancos de germoplasma y semilleros clonales de cacao instalados por el PNUD, ICT y SENASA.

Promover el rescate, conservación y utilización sostenible del cacao “criollo” superior, en las regiones cacaoteras del Perú.

Mejoramiento genético.

Potenciar la “selección varietal participativa”.

Identificar nuevas fuentes de resistencia a la “moniliasis” y “escoba de bruja” del cacao.

Ejecutar ensayos multilocales con clones promisorios de cacao en alianza estratégica con el INIA, ICT, u otras instituciones.

Identificar genotipos elites con fina calidad organoléptica (aroma y sabor).

Identificar y propagar genotipos tolerantes al estrés por cambio climático (altas temperaturas, sequía, pH ácido, etc)

Incursionar en la “selección asistida por marcadores” (MAS), para caracteres asociados a la productividad y resistencia (QTL).

Fortalecer e incrementar convenios de cooperación científica con el CIRAD, CATIE, USDA, CEPLAC, entre otros.

Parámetros genéticos en ocho variedades de haba (*Vicia faba* L.) a través de ambientes en la región Centro Norte del Perú

Amélia HUARINGA¹, Félix CAMARENA¹, Angel PEREZ², Elvia MOSTACERO¹, Jorge NAKAHODO¹, Ricardo SEVILLA¹

¹Facultad de Agronomía, Universidad Nacional Agraria La Molina, Lima, Perú; ²Instituto Nacional de Innovación Agraria (NIA), Estación Experimental Santa Ana, Huancayo, Perú
¹ahuarina@lamolina.edu.pe

Resumen

El presente estudio busca estimar la variabilidad genética y la heredabilidad de los caracteres cuantitativos deseables en *Vicia faba* L. Ocho variedades de haba fueron evaluadas en las localidades de Huaraz (Ancash) y Jauja (Junín) en la sierra del Perú. El análisis de variancia indicó que los caracteres fenotípicos fueron altamente significativos para altura de planta, número de ramas y longitud de vaina, mientras que fueron significativos para el carácter vainas por planta. La partición de los componentes de la variancia reveló que el ambiente mostró efectos en el comportamiento de los caracteres ramas por planta, vainas por planta, granos por vaina y el rendimiento de grano. El peso de 100 semillas y la longitud de vaina fueron influenciados genéticamente, mientras que en la altura de planta y granos por vaina es tan importante tanto el componente genético como el componente ambiental. Considerando la amplia variabilidad y los estimados de heredabilidad obtenidas, el peso de 100 semillas y la longitud de vainas registraron una heredabilidad de 94,48 y 76,28%, respectivamente.

Abstract

The present study seeks to estimate the genetic variability and heritability of desirable traits quantitative of *Vicia faba* L. Eight varieties of fava bean were planted in the field at the Huaraz in Ancash and Jauja in Junín, farms from the Universidad Nacional Santiago Antunez de Mayolo and the Universidad Nacional Agraria La Molina. Variation and heritability were studied. Variance analysis indicated that phenotypic traits were significant ($p < 0,01$) for such metric traits as plant height, branches number and pod length, and also for pod per plant. ($p < 0,05$). Variance components revealed that the environment showed major effects on the performance of characters like branches per plant, pod by plant, grain per pod and yield. Weight of 100 seeds and pod length were genetically influenced, while in plant height and grains per plant, both the environment and genetic effects are important. Considering the wide variability and high heritability estimates obtained, the weight of 100 seeds and the pod length registered a heritability value of 94,48 and 76,28%, respectively.

INTRODUCCIÓN

El cultivo de la haba corresponde a la segunda leguminosa más cultivada en la región andina del país y la superficie se incrementa en las principales regiones de Puno, Cusco, Junín, Huancavelica, siendo la superficie cultivada 55213 hectáreas de haba de grano seco en el año 2009 y 13207 hectáreas para cosecha en grano verde. Es sembrado en rotación con los cultivos de papa y cereales. Es de gran importancia social y económica ya que la menestra es ampliamente consumida en la zona altoandina pues provee proteínas y minerales a la población mayoritaria.

A pesar de la importancia señalada, el rendimiento del cultivo de haba varía en cada campaña, pues el cultivo es de secano. En las últimas campañas el rendimiento promedio fue 0,9 t/ha en grano seco y 2,3 t/ha en vaina verde y entre los factores que inciden en el comportamiento se tiene la escasez de variedades superiores, falta de semillas de calidad, susceptibilidad a plagas y enfermedades y factores abióticos como sequías y heladas en el período reproductivo, entre otros. Por tanto, es necesario realizar estudios que conlleven a conocer los componentes genéticos y la heredabilidad de las características componentes del rendimiento. Con esa finalidad se han instalado el ensayo de ocho variedades de haba en las localidades de Huaraz, Ancash y Jauja en Junín durante las campañas 2005 y 2008 para estimar los parámetros genéticos y la heredabilidad de los caracteres de importancia agronómica.

MATERIALES Y MÉTODOS

El material experimental se condujo en Huancayo (3050 msnm), en Taricá (Huaraz, Ancash) y en San Juan de Yanamuelo (San Lorenzo-Jauja, Junín, a 3200 msnm). El material genético lo constituye ocho

variedades de haba tipo mayor. Las variedades Amarilla, Pacae Verde, Blanca de Puno proceden del Programa de Investigación y Proyección Social de Leguminosas de Grano y Oleaginosas de la Universidad Nacional Agraria La Molina y las variedades de haba Señorita, Roja del Centro, Gergona, Penikan INIA y Maní, proceden del Instituto Nacional de Innovación Agraria INIA de la Estación Experimental Agraria Santa Ana en Huancayo.

El diseño empleado fue el de bloques completos al azar, con ocho tratamientos y tres repeticiones. La parcela experimental fue de 9,6 m². Las características evaluadas fueron altura de planta, número de ramas, vainas por planta, longitud de vaina, granos por vaina, peso de 100 semillas y rendimiento de grano seco. Se realizó el análisis de variancia individual y el análisis combinado de estos caracteres para determinar los parámetros genéticos y la heredabilidad de los caracteres evaluados. También se realizó la prueba de comparación de medias según Duncan al 5% ($p=0,05$).

RESULTADOS Y DISCUSIÓN

En el rendimiento de grano seco no se encontró significación estadística para la interacción tratamientos x localidad, tratamientos y bloques en localidades, mientras que en localidades se encontró significación estadística. Es decir, las variedades de haba tienen un diferente comportamiento en el rendimiento de grano seco en las localidades de Huaraz y Jauja (Cuadro 1). Los resultados de los parámetros genéticos estimados se presentan en el Cuadro 2. En el rendimiento de grano seco, la variancia genética es mayor a la variancia genotipo x localidad y a la variancia debido al ambiente; y la heredabilidad es 44,45%, lo que explica el lento avance en el proceso de selección para rendimiento en un programa de mejoramiento genético.

Las variedades de haba evaluadas, Amarilla, Gergona, Blanca de Puno, Penikan INIA, Pacae verde, Roja y Señorita, superaron en rendimiento, en promedio de las localidades evaluadas, a la variedad Maní que rindió 1293,8 kg/ha. El peso de 100 semillas presentó una alta significación estadística para localidades y tratamientos y no se encontró significación para la interacción tratamiento x localidad. Es decir, el peso de 100 semillas varía entre los tratamientos estudiados, así como en cada localidad evaluada. La variancia genética es mayor que los componentes de variancia genotipo x localidades y la variancia ambiental; además, la heredabilidad es de 94,5%, lo cual favorece mayores avances en los procesos de selección.

La variedad de haba Blanca de Puno superó al resto de variedades de haba evaluadas en promedio, de Huaraz y Junín, con peso promedio de 212,7 g. Para el número de vainas por planta, se encontró alta significación estadística en localidad, y una significación estadística en la interacción tratamientos x localidad. Es decir, hay un comportamiento diferente entre los tratamientos para el número de vainas por planta en las localidades de Huaraz y Jauja. Los efectos no genéticos son más altos que el efecto genético para el número de vainas por planta. La heredabilidad es 40,33% lo cual corrobora la naturaleza cuantitativa del carácter. El número de vainas por planta fue estadísticamente superior en la localidad de Jauja, con 12,8 frente a 9,9 registrado en Huaraz.

Para la longitud de vainas, se encontró que la fuente de localidades y la interacción tratamientos x localidades fueron altamente significativos y fue significativo para los tratamientos. Es decir, hay una diferente respuesta en la longitud de vaina entre las variedades de haba, en las localidades de Huaraz y Jauja. También, la longitud de vainas entre las variedades muestra diferencias significativas. El componente genético para longitud de vainas es mayor que los efectos de la variancia de la interacción tratamiento x localidad y de la variancia del ambiente. La heredabilidad de la longitud de vaina es de 76,3%, lo cual significa que la longitud de vaina es un carácter genético y es poco modificado por el ambiente. La longitud de vaina promedio de 10,7 en la localidad de Huaraz fue estadísticamente superior al registrado en la localidad de Junín con 9,1 cm.

El grano por vaina no presentó significación estadística para las fuentes de variación del análisis de variancia combinado. Al analizar los componentes de la variancia fenotípica, el efecto genético resultó ser tan importante como el efecto ambiental. La heredabilidad es de 42,28%. La variedad Penikan INIA registró 2,32 granos por vaina y no difiere estadísticamente de la variedad Amarilla, Blanca de Puno, Pace Verde, Roja, Gergona y Maní pero éstas superan a la variedad Señorita que tiene 1,95 granos por vaina.

Para la altura de planta se encontró alta significación estadística en la interacción tratamiento x localidad y en localidad. Es decir, se encontró una variación en el comportamiento de las variedades para la altura de la planta en las localidades y, una alta variación de la altura de planta por efecto de las condiciones ambientales en cada localidad. La variancia genética es ligeramente superior a la variancia de la interacción y mucho mayor que la variancia ambiental. La heredabilidad es de 47,02%. La altura de planta fue 131,95

cm en la localidad de Huaraz y es superior a la altura de planta registrada en la localidad de Jauja con 67,13 cm.

En el número de ramas por planta se encontró alta significación estadística para la interacción tratamientos x localidad y la fuente de variación de localidades. Al estimar los componentes de variancia fenotípica se encontró un efecto genético igual a cero y una heredabilidad igual a cero. Los efectos ambientales y los efectos de la interacción tratamiento x localidad son relativamente bajos para las condiciones en que se llevó a cabo este estudio. Sin embargo, esta característica tiene gran influencia en el rendimiento final debido a que a lo largo de las ramas se diferencian las inflorescencias, luego el número de vainas por plantas.

CONCLUSIONES

En el rendimiento de grano seco y peso de 100 semillas, no se encontró significación estadística para la interacción tratamientos x localidad. Las variedades de haba evaluadas Amarilla, Gergona, Blanca de Puno, Penikan INIA, Pacae Verde, Roja y Señorita superaron en rendimiento en promedio de las localidades evaluadas a la variedad Maní que rindió 1293,8 kg/ha; mientras que para el peso de 100 semillas la variedad de haba Blanca de Puno superó al resto de variedades de haba evaluadas en promedio de Huaraz y Junín, con peso promedio de 212,7 gramos.

En vainas por planta, se encontró significación estadística para la interacción tratamientos x localidades. Y en los caracteres longitud de vainas, granos por vaina, altura de planta y número de ramas por vaina, se encontró alta significación estadística para la interacción tratamientos x localidades.

La partición de los componentes de la variancia reveló que el ambiente mostró efectos en el comportamiento de los caracteres ramas por planta, vainas por planta y rendimiento de grano. El peso de 100 semillas y la longitud de vaina fueron influenciados genéticamente; mientras que la altura de planta y granos por vaina, fueron tan importantes el componente genético como el componente ambiental. Considerando la amplia variabilidad y los estimados de heredabilidad, el peso de 100 semillas y la longitud de vainas resultaron con efectos genéticos altos, lo cual determina una heredabilidad de 94,48 y 76,28%, respectivamente.

Cuadro 1. Significancia de los análisis combinado de localidades de los caracteres evaluados en ocho variedades de haba en la sierra del Perú.

Fuente	g.l.	Altura de planta (cm)	Número de ramas	Vainas por planta	Longitud de vaina (cm)	Granos/vaina	Rdto. grano seco (kg/ha)	Peso de 100 semillas (g)
Localidades	1	**	**	**	**	NS	*	**
Bloques (localidades)	4	NS	NS	NS	*	NS	NS	**
Tratamientos	7	NS	NS	NS	NS	NS	NS	NS
Trat.x loc.	7	**	**	*	**	NS	NS	NS
Error	28							

Cuadro 2. Estimación de parámetros genéticos en doce variedades de haba *Vicia faba* L.

Parámetros genéticos	Altura de planta (cm)	Número de ramas	Nº de vainas por planta	Granos por vaina	Peso de 100 semillas (g)
σ_g^2	5,941,693	0,00000	280,649	0,00563	95,552,075
σ_{gl}^2	5,683,308	0,13418	281,896	0,00062	2,760,781
σ_c^2	1,010,429	0,16387	133,271	0,00707	2,811,441
σ_{ph}^2	12,635,429	0,29805	695,815	0,01333	101,124,290
H ²	47,02%	0,00%	40,33%	42,28%	94,48%

Semillas

Calidad de semillas de haba (*Vicia faba* L.) por clases, categorías y tamaños

Mirihan GAMARRA¹, Luis SCHUCH²

¹Estación Experimental Andenes, Instituto Nacional de Innovación Agraria (INIA), Perú; ² Programa de Post Grado en Tecnología de Semillas, Universidade Federal de Pelotas (UFPEL), Brasil

¹mgamarra@inia.gob.pe , ²lobs@ufpel.edu.br

Resumen

La calidad de catorce lotes de semillas de haba, del cultivar INIA 409-Munay Angélica, producidas por agricultores y el INIA, y cosechadas en 2005-2006 y 2006-2007 por clases, categorías y dos tamaños, fue evaluada a través de pruebas de vigor de las plántulas. Las pruebas que permitieron diferenciar eficientemente la calidad fisiológica de semillas fueron la velocidad de emergencia y el índice de velocidad de emergencia. El porcentaje de plántulas débiles y anormales fue muy bajo en todos los lotes evidenciando la calidad genética del cultivar. La calidad de los 14 lotes de semillas evaluados, de tamaños mediano y grande cumple con los requisitos establecidos por la Ley de Semillas y las normas vigentes. Los criterios para selección de semillas deberán reconsiderarse, ya que se ha determinado que las semillas de tamaño mediano tienen buena calidad fisiológica y no deberían ser comercializadas para consumo.

Abstract

Quality of fourteen fava bean seed lots from cultivar INIA 409-Munay Angélica, produced by farmers and INIA and harvested by types, categories and sizes in 2005-2006 and 2006-2007 were evaluated through seedling vigor test. Tests which allowed the efficient discrimination of seed physiological quality, were velocity of seedling emergence and index of velocity of seedling emergence. Percentage of weak and abnormal seedlings was very low in all lots showing the cultivar genetic quality. Quality of the 14 medium and big size evaluated lots fulfills the Seed Law and existing standards requirements. Criteria for seed selection will have to be reconsidered, since medium size seeds have good physiological quality and should not be traded for consumption.

INTRODUCCIÓN

En el Perú, el Instituto Nacional de Innovación Agraria (INIA) viene desarrollando cultivares de haba con características apropiadas para el procesamiento y transformación agroindustrial, y oferta semillas de calidad en las categorías básica y registrada. Dicha oferta no cubre la demanda del mercado interno ni externo, que compra grano de haba seco sin tegumento y de grano verde para congelados. El INIA ha involucrado a los agricultores asociados de los departamentos de Cusco y Apurímac en procesos de investigación participativa para desarrollar cultivares, así como en la producción de semillas que ellos ofertan a otros agricultores que demandan semillas de buena calidad y de bajo costo (Gamarra, 2008).

Debido al criterio de tamaño grande de las semillas, considerado un indicador de calidad, la cantidad de semillas ofertada es menor, haciendo que las de tamaño mediano no se comercialicen como semilla. Por otra parte, los agricultores consideran que las semillas de tamaño mediano son buenas y las utilizan con buenos resultados. El presente trabajo se ha realizado con el objetivo de evaluar la calidad de las semillas de haba por clases, categorías y tamaños de semillas, a través de pruebas de vigor basadas en la evaluación de plántulas.

MATERIALES Y MÉTODOS

Se utilizaron catorce lotes de semillas de haba de la Variedad INIA 409-Munay Angélica (Gamarra, 2004). Siete de estos lotes fueron de Clase Certificada y Categoría Básica, tres de Clase Certificada y Categoría Registrada y cuatro lotes de Clase Común. Se incluyó además una muestra de granos de haba con tegumento manchado procedentes de los catorce lotes de semillas y una muestra de granos no considerados semillas seleccionados para consumo. Los lotes de semillas procedieron de campos de producción de agricultores individuales y asociados, así como de campos de producción de semilla del INIA, de las campañas agrícolas 2005-2006 y 2006-2007, de los Departamentos de Cusco y Apurímac.

Se tomaron muestras simples en cada lote de semillas, siguiendo la metodología descrita por Otero y Navia (2005). Se procedió a separar 25 semillas de tamaño grande y 25 semillas de tamaño mediano de cada lote,

de acuerdo a su tamaño o calibre (grande: de 12 a 15 semillas en una onza, mediano: de 16 a 21 semillas en una onza) (Valladolid y Voysest, 2006). Las 50 semillas constituyeron una repetición; se consideraron dos repeticiones por cada lote, se utilizaron bandejas de germinación. Se efectuaron cuatro evaluaciones del número de plántulas emergidas, a los cuatro, ocho, diez y trece días luego de la siembra. A los 20 días de la siembra se evaluó el número de plántulas fuertes, plántulas débiles, plántulas anormales, número de semillas muertas, longitud de raíz, longitud de plántulas, peso fresco y peso seco de la parte aérea de las plántulas, por lote, por repetición y por tamaño de semilla. Luego se realizó el análisis de semillas determinando el porcentaje de emergencia (PE), velocidad de emergencia (VE) e índice de velocidad de emergencia (IVE), de acuerdo a Nakagawa (1994), Amaral (1979) y Baudet y Peske (2005). Con los datos obtenidos se realizaron los análisis de varianza correspondientes que consistieron de las siguientes fuentes de variación: lotes de semillas, tamaños de semillas, interacción lotes por tamaño de semillas y error, con grados de libertad 1, 15, 15 y 32 respectivamente; se realizaron también las pruebas de medias múltiples pertinentes.

RESULTADOS Y DISCUSIÓN

La prueba PE no permitió diferenciar la calidad fisiológica entre semillas con respecto al tamaño. La VE permitió determinar que los granos grandes requirieron mayor número de días para emerger, a diferencia de los granos de tamaño mediano que emergieron en menor tiempo, ya que éstos necesitaron menor volumen de agua por el menor contenido de tejido de reserva. Al analizar el IVE se identificó que el número medio de plántulas emergidas por día en las semillas de tamaño grande fue menor que el evaluado en las semillas de tamaño mediano, lo cual determinó además, que la longitud de la parte aérea de las plántulas haya sido superior a la longitud de las plántulas de las semillas de tamaño grande. El peso total de plántulas frescas, el peso total de plántulas secas y el porcentaje de plantas fuertes, indicaron que la calidad de semillas estudiadas fue buena, específicamente indicaron la buena capacidad de las semillas para favorecer a la plántula a acumular mayor cantidad de biomasa, ya que la muestra de granos con tegumento manchado fue el único lote que presentó los menores valores y con significación para estas variables. El porcentaje de plántulas débiles y anormales fue muy bajo en todos los lotes evaluados, lo cual evidencia la calidad genética del cultivar INIA 409 Munay Angélica. El porcentaje de semillas muertas evaluadas permitió evidenciar que las semillas especialmente de tamaño grande, durante el proceso de trilla estuvieron más expuestas a sufrir daños mecánicos a nivel de cotiledones, los cuales no fueron visibles externamente e incidieron en su menor capacidad para germinar y emerger. Los granos con tegumento manchado mostraron el mayor porcentaje de semillas muertas. De las pruebas efectuadas, se puede concluir que la calidad de los 14 lotes de semillas producidas cumplió con los requisitos establecidos por la Ley General de Semillas y las Normas sobre calidad vigente. Con referencia a los procedimientos actualmente usados para la selección de semillas, tomando en cuenta el tamaño, es necesario reconsiderar el criterio de descartar semillas de tamaño mediano, ya que se observó que este tipo de semillas tienen buena calidad fisiológica, especialmente cuando se trata del cultivar INIA 409 Munay Angélica y no deberían ser comercializadas para consumo.

REFERENCIAS

- Amaral, E. 1979. Algunos Problemas de Estadística Aplicada em Análise de Sementes. Revista Tecnología de Sementes, v. 2, n. 1, p.12-18.
- Baudet, L; Peske, S. 2005. Semillas Ciencia y Tecnología, Pelotas: Brasil, 345p.
- Gamarra, M. 2004. Expediente Técnico de Haba INIA 409 Munay Angélica, Cusco: INIA. 33p.
- Gamarra, M. 2008. Informe Técnico Perú-Holanda, Proyecto Haba: Desarrollo de Variedades Mejoradas, Producción de Semilla y Legumbres de Haba con Organizaciones de Productores en Sierra del Perú. Cusco: INIA, 22p.
- Nakagawa, J. 1994. Testes de Vigor Baseados na Avaliação das Plântulas. In: Vieira, R. D.; Carvalho, N. M. (Eds.). Testes de Vigor em Sementes. Jaboticabal: FUNEP, p.49-85.
- Otero, M.F; Navia, L. 2005. Control de Calidad en Semillas .Modulo 4, UAGRM-UFPEL-ORS-PROSEMILLAS, p 8-9,79 p.
- Valladolid, A; Voysest, O. 2006. Clases Comerciales de Leguminosas de Grano. Chiclayo: Promenestras, 107p.

Homenaje póstumo

Empezamos este primer congreso de mejoramiento genético de plantas y biotecnología agrícola reconociendo y valorando el legado de nuestros fitomejoradores, quienes empezaron el camino de las colecciones, establecimiento de los bancos de germoplasma, implementación de los programas de mejoramiento y han dejado nuevas variedades para la humanidad. Agradecemos profundamente a los fitomejoradores por el servicio tan noble al país, promotores de toma de conciencia sobre el análisis, la conservación y el uso de los recursos genéticos. Al mismo tiempo, moldeadores de los genotipos para la obtención de nuevas variedades competitivas, de alto valor económico, que permiten responder a los retos de mercados más exigentes, al cambio climático y otros factores limitantes de la producción como las plagas y enfermedades.

Este reconocimiento póstumo, es un homenaje simbólico que hacemos a los maestros, mejoradores genéticos de plantas, por su trayectoria como investigadores, generadores de nuevas variedades y pioneros en la formación de los fitomejoradores en el país.

Esperando que en los siguientes congresos de mejoramiento genético de plantas y biotecnología agrícola se institucionalice el premio al fitomejorador en plena actividad como parte de la valoración y estima del profesional agrícola, que finalmente redundará en la obtención de nuevos y mejores variedades para el país.

Raúl Blas Sevillano

Departamento de Fitotecnia

Facultad de Agronomía

Universidad Nacional Agraria La Molina

CARLOS OCHOA NIEVES

1920 – 2008



Natural de Cusco, fue ingeniero agrónomo graduado en la Universidad San Simón de Cochabamba, Bolivia, magíster en Ciencias de la Universidad de Minnesota en los Estados Unidos de Norteamérica, profesor Académico de la Universidad Nacional Agraria La Molina, obtuvo el título de Doctor Honoris Causa, conferido por la Universidad Ricardo Palma y fue Científico Emérito del Centro Internacional de la Papa.

El ingeniero Ochoa, explorador, botánico, genetista y taxónomo de papa con numerosas publicaciones científicas realizadas en el Perú, Argentina y Estados Unidos de Norteamérica, realizó muchas expediciones de colectas de papa en todo el Continente Americano con el propósito de crear el Banco Mundial de Germoplasma de Papa que hoy se mantiene en custodia en la sede central del Centro Internacional de la Papa (CIP). Este Banco de Papa constituye al presente, la fuente genética más valiosa de consulta y disponibilidad para la comunidad científica nacional e internacional, albergando tanto especies cultivadas como silvestres. Estas muestras colectadas fueron taxonómicamente clasificadas en su integridad por Ochoa, con lo que contribuyó en el rescate y caracterización de recursos genéticos de la papa.

El descubrimiento de estas diversas especies de papas constituye un aporte de gran valor para la búsqueda de nuevas fuentes de resistencia en la lucha contra los principales enemigos fungosos, bacterianos, virósicos y otros, que atacan los cultivos de la papa en el mundo entero.

En el marco de su condición de pionero del mejoramiento genético de la papa en el Perú, el ingeniero Ochoa obtuvo las primeras variedades comerciales tales como Renacimiento, Mantaro, Antarquí, Tomasa Condemayta, Yungay y otras, que lograron un impacto substancial en el incremento de la producción de papa en el país, alcanzando rendimientos de treinta a cuarenta toneladas por hectárea en contraste con las cinco a doce toneladas de las variedades nativas tradicionalmente cultivadas.

En cuanto a su experiencia profesional en el ámbito nacional, el ingeniero Ochoa ha sido Jefe del Departamento de Mejoramiento de Plantas del Centro Regional de Investigación y Experimentación Agrícola del Centro (CRIEAC), Estación Experimental del Centro en el Valle del Mantaro, Huancayo, Junín (1947-1955).

Asimismo, cerca de dos décadas (1956-1974) ha sido docente de la Escuela de Graduados de la Universidad Nacional Agraria (UNA), La Molina, Lima, enseñando, Mejoramiento de genético de plantas tuberíferas. También ha sido fundador y profesor del Curso de Enfermedades virósicas en plantas tuberíferas en el Departamento de Fitopatología, Universidad Nacional Agraria (UNA), La Molina, Lima (1958-1961); fundador y director del Programa Nacional de Papa del Ministerio de Agricultura y del Programa de Papa de la Universidad Nacional Agraria (UNA), La Molina, Lima (1956-1973); Jefe del Departamento de Taxonomía en el Centro Internacional de la Papa, Lima (CIP) de 1974 a 1990. Además, fue explorador y colector de especies nativas y silvestres de papa y otros cultivos en los Andes de América del Norte, Centro y Sur (1950-1995).

En el contexto internacional la experiencia profesional del Ing. Ochoa da cuenta de su condición de colaborador asociado en el Departamento de Botánica del Museo Nacional de Historia Natural, Smithsonian Institution; colaborador de la Universidad de Harvard; del Jardín Botánico de Nueva York; del Jardín Botánico de Missouri, San Luis; y por cerca de tres décadas, también

formó parte del Proyecto IR-1, del Departamento de Agricultura de los Estados Unidos de Norteamérica.

Entre los años de 1953 y 1965 trabajó en Alemania en el Instituto Max Planck; en Francia en el Museo de Historia Natural de París; en Inglaterra en el Museo Británico y Kew Gardens y en Suecia en el Instituto de Mejoramiento de Plantas Svalof. Así también, desde 1961 colaboró por muchos años con el Programa holandés de Mejoramiento de Papa, Wageningen. Y de 1978 a 1984 fue colaborador de los Institutos Vavilov y Komarov en St. Petersburgo, Rusia.

Entre las distinciones internacionales recibidas por el ingeniero Ochoa destacan:

- "William L. Brown Award". Premio a la Excelencia en la conservación de los Recursos Genéticos. Genetic Resources Communications Systems, Inc, (GRCS). EEUU. 2001.
- Distinguido Etnobotánico. En reconocimiento a sus meritorias contribuciones en el estudio de plantas económicas. The Society for Economic Botany. EEUU. 1997.
- "Feinstein Hunger Award". Premio por Investigación y Enseñanza, Brown University. EEUU. 1994.
- Medalla Agrícola Interamericana. Instituto Interamericano de Cooperación para la Agricultura. Torrialba, Costa Rica. 1992-1993.
- Alumno distinguido. Patólogo, mejorador, taxónomo y autor. En reconocimiento de una distinguida carrera. Departamento de Patología de Plantas, University of Minnesota. EE.UU. 1993.
- Miembro Honorario Activo de la New York Academy of Sciences. EE.UU. 1993.
- Premio Interamericano de Ciencias: "Bernardo Houssay". Organización de Estados Americanos (OEA), Washington, DC. EE.UU. 1992.
- Medalla "Frank N. Meyer". Recursos Genéticos en Plantas. Crop Science Society of America. EE.UU. 1991.
- Científico Emérito. Centro Internacional de la Papa. "En reconocimiento a su excelente contribución en la investigación de la papa. Lima, Perú. 1988.
- Miembro Honorario Vitalicio. Asociación Latinoamericana de Papa. Lima, Perú. 1988.
- Miembro Honorario Vitalicio. The Potato Association of America. EE.UU. 1987.
- Miembro Honorario. Instituto Ecuatoriano de Ciencias Naturales. Quito, Ecuador. 1970.
- Diploma al Mérito. The Potato Association of America. EE.UU. 1963.
- Diploma de Reconocimiento, Centro Internacional Agrícola. Wageningen, Holanda. 1961.

De otro lado, en el Perú el año 2001 fue condecorado por el Dr. Javier Pérez de Cuéllar, Ministro de Relaciones Exteriores del Gobierno Transitorio de la República del Perú, con la "Orden del Mérito en el Grado de Comendador". Asimismo, en 1999 fue honrado por una moción de Saludo y Reconocimiento presentado por la comisión de Ciencias y Tecnología del Congreso de la República del Perú en mérito de los servicios científicos realizados a lo largo de tres décadas.

El ingeniero Ochoa ha recibido también el Diploma de "Honor al Mérito" en reconocimiento a su permanente contribución científica en el estudio de la flora peruana, por parte de la Universidad Nacional de Cajamarca en 1998. Desde ese mismo año es Miembro Honorario de la Academia Nacional de Ciencia y Tecnología y en 1997 recibió el Trofeo "Bárbara D'Achile"-Defensa del Medio Ambiente, otorgado por el Banco Continental.

Asimismo, la Sociedad de Ingenieros del Perú le otorgó en 1996 un diploma y actualmente conforma el Cuadro de Honor de los Ingenieros más destacados del país.

Por su parte en 1994 el Club Departamental Cuzco, Lima, además de honrarlo con un Diploma de Honor y Medalla, lo nombró "Cusqueño ilustre, defensor de la riqueza botánica del Cusco". Siendo la condecoración más antigua la que recibió en 1964, año en el que fue condecorado con la "Orden del Mérito Agrícola en el Grado de Comendador" por la Presidencia de la República del Perú.

La trayectoria profesional del Ingeniero Carlos Ochoa puede mostrarse también por las múltiples instituciones de la que es miembro activo:

- Botanical Society of America, 1987.
- Kaktten und Andere Sukulenten, Deutsche, 1980.
- Economic Botany Association, U.S.A, 1978.

- Linnean Society of London, 1976.
- Cactus Succulent Society of America, 1975.
- European Potato Research Association, 1974.
- Sociedad Botánica de Argentina, 1960.
- Sociedad Botánica del Perú, 1955.

En lo que respecta a sus principales publicaciones se puede señalar que desde 1951 hasta 1999 ha producido 150 publicaciones en las principales revistas del Perú, Europa y EE.UU., tales como Agronomía, Anales Científicos, Sociedad Peruana de Botánica, Euphytica, American Potato Journal, Phytologia, Boletines e Informes Anuales del CIP.

Entre los libros escritos por el ingeniero Ochoa se cuentan los siguientes:

- Los Solanum tuberíferos del Perú, Editorial Villanueva, Lima, Perú, 1962; 297 páginas
- The Potatoes of South America: Bolivia, Cambridge University Press, U.K. 1990; 512 páginas.
- Las Papas de Sudamérica: Perú. Editorial Allen Press, EE.UU. 1999, 1036 páginas.
- Las Papas de Sudamérica: Bolivia. Editorial Plural, La Paz, Bolivia. 2001; 535 páginas.

ALFONSO CERRATE VALENZUELA
1925 - 1996



El Dr. Alfonso Cerrate Valenzuela nació en el departamento de Ancash, Provincia de Bolognesi, el 2 de agosto de 1925. Realizó sus estudios primarios en Chiquián y sus estudios secundarios en el centenario y glorioso Colegio Nacional Nuestra Señora de Guadalupe. Ingresó a la Escuela Nacional de Agricultura, hoy Universidad Nacional Agraria La Molina, graduándose en 1950 como ingeniero agrónomo. Posteriormente realizó estudios de Post Grado en Iowa State University y en las Universidades de Purdue-Indiana y Nebraska, obteniendo los grados académicos de MSc y PhD en la especialidad de Genética y Mejoramiento de Plantas.

Fue uno de los fundadores del Programa Cooperativo de Investigaciones en Maíz (PCIM), desempeñándose como su Director de 1960 a 1962. Como investigador del PCIM tuvo a su cargo los proyectos de Mejoramiento de Maíces para la Sierra, habiendo participado directamente en la obtención de diversas variedades mejoradas entre las que se pueden citar el maíz Opaco Huascarán PMC 651, PMC 560.

También desarrolló una importante labor en la investigación de cultivos asociados al maíz y frijol e hizo la colección de maíces del Departamento de Ancash, para enriquecer el Banco de Germoplasma, siendo además gestor de la creación del programa de Leguminosas de la UNA. Resultado de su labor de investigación de más de 30 años no sólo son las variedades de maíz logradas, sino además numerosas publicaciones y una activa participación en certámenes nacionales e internacionales, así como asesorías y comisiones diversas.

Lideró la investigación de maíz amiláceo y leguminosas en 7 departamentos de la sierra peruana: Cajamarca, Ancash, Junín, Ayacucho, Huancavelica, Apurímac y Cusco entre 1975 a 1982.

Participó como Líder de los Proyectos de Apoyo a las Empresas Campesinas de la zona del sismo en 1970; y en el Proyecto de Maíz Amiláceo entre la UNA e INIAA (Instituto Nacional Agraria y Agroindustrial), de 1976 a 1980, en siete departamentos de la sierra.

En su afán por sentar las bases de una vía de mayor flujo comercial y turístico, promovió la apertura de la carretera Supe-Rapay-Llaclla con proyección a Chiquián y Chavín de Huántar en 1972-1982.

En su carrera como docente universitario, fue Profesor Principal de cursos de Mejoramiento Genético a nivel graduado y no graduado. Desempeñó la Jefatura del departamento de Fitotecnia de la Facultad de Agronomía. Fue uno de los fundadores de la Escuela de Graduados. En 1984, fue elegido Vicerrector Académico de la UNA- La Molina, cuando era Rector el Ing. Alberto Fujimori, desempeñando dicho cargo hasta mayo de 1989, para retomar sus actividades de investigación en el Programa de Maíz hasta el momento de ser designado por el Gobierno para ocupar el cargo de Director Ejecutivo de INIAA.

Ha sido condecorado en el grado de CABALLERO DE LA ORDEN DE MÉRITO AGRÍCOLA conferido por el Presidente de la República en julio de 1985.

Fue Presidente y Vicepresidente del Directorio de PROCIANDINO (Bolivia, Ecuador, Colombia, Venezuela, Perú) para la Investigación Agrícola entre 1990 a 1995.

Fue miembro del Directorio de PROCITROPICOS (8 Países Amazónicos) desde 1991 y fue miembro del Directorio del Centro Internacional de la Papa-CIP entre 1992 a 1994. Del mismo modo, fue miembro del Directorio del Consejo Nacional de Ciencia y Tecnología (CONCYTEC) de 1992 al 1996.

Entre 1990 al 1991 ocupó el cargo de Vice Ministro de Agricultura y luego asumió la Jefatura del INIA (Instituto Nacional de Investigación Agropecuaria) del 1990 al 1994.

Fue elegido en 1995 Congresista de la República ejerciendo a plenitud acciones a favor de las comunidades altoandinas de Ancash a través de proyectos relacionados a:

- La Construcción y Mejoramiento de vías de comunicación como la de Supe-Rapay-Llaella con proyección a Chiquián y Chavín de Huántar, Pativilca-Conococha-Chiquián, Callejón de Conchudos.
- El Represamiento de la Laguna de Conococha.
- La Defensa de la ecología.
- La Revaloración de semillas de cultivos andinos.
- La Propuesta aprobada de la Ley Marco de Protección de los Recursos Genéticos (Proyecto de Ley No 1607/96-CR).

Luchó por brindar a Chiquián la oportunidad de desarrollarse turística y comercialmente con sus esplendorosos nevados y clima.

Ha recorrido el país en costa, sierra y selva, haciendo colecciones de maíz y menestras, amando todos los parajes de su país con el convencimiento que el Perú tiene una extraordinaria riqueza y por tanto, sólo la unión, la honestidad y el trabajo de los peruanos contribuirán a su pleno desarrollo. Estuvo hasta sus últimos días convencido que se debe hacer un mejor uso de los recursos naturales y económicos, y en que la responsabilidad recae directamente sobre los técnicos y políticos de turno.

Tuvo muchas propuestas en el extranjero. Sin embargo, prefirió contribuir al desarrollo de nuestra patria. Fue un profesional a carta cabal, seguro de que desde el agro se construye una economía sólida con bienestar para todos los peruanos. Consideró por ello que el Investigador debe ser apoyado en primera instancia por las instituciones involucradas en este caso la Universidad, para dar continuidad a programas de investigación en el ámbito alimentario nutricional con énfasis en el desarrollo de conocimientos y tecnologías económicamente viables. Pero también que el Investigador tenga el suficiente coraje y responsabilidad, demostrando lealtad y constancia en su quehacer, valorando y rescatando todo material genético con que cuenta nuestro país. Víctima de una penosa enfermedad fallece en octubre de 1996.

Ha publicado varios artículos entre los que figura:

- Acción de Genes de Híbridos F de Maíz medidos por componentes de Variación y Regresión a un Progenitor Común. Anales Científicos 1968
- Heterosis Intraracial evaluada en compuestos de maíces peruanos presentada a la Reunión Andina de Maiceros realizada en Cochabamba-Bolivia, Marzo 1973
- Cruces Intervarietales de Maíz en la Sierra del Perú. R. Sevilla, A.Cerrate. Ponencia presentada en el Primer Congreso Nacional de Investigadores Agrícolas y Pecuarios del Perú en 1971.
- Comportamiento del Maíz en sistemas de monocultivos y asociado con frijol en tres siembras posteriores. F. Camarena y A. Cerrate en 1978. En Informativo del Maíz Número Extraordinario.
- Cultivos asociados Maíz-Frijol en el Callejón de Huaylas-Perú 1975. A.Cerrate y F. Camarena. En Informativo del Maíz Número Extraordinario de Investigaciones Vol. III Año 1979-80 pág.46-50.

- Mejoramiento de Maíces de altura por selección Masal evaluado en varias localidades, años y niveles de fertilización. R. Sevilla y A. Cerrate. Informativo del Maíz Número Extraordinario.
- Ritmo de Formación de biomasa en 6 variedades de maíz conducidos a dos altitudes sobre el nivel del mar. A. Cerrate y F. Camarena. Anales Científicos XVIII. 199-207 UNA 1980.
- El Cultivo del Lupino o Chocho en el Perú. 1981. A. Cerrate y F. Camarena. Revista Agronómica del Centro Federado de Agronomía UNA-La Molina Vol. XXXV Número 1 y 2, pág. 63-67.
- Informes del avance en el Mejoramiento Fitotécnico y Agronómico del Tarwi (*Lupinus mutabilis* Sweet) por el Proyecto de Menestras de la UNA-La Molina 1974-1979 A. Cerrate y F. Camarena 1981. Copias Mimeografiadas.
- Evaluación de Ocho Variedades de Maíz en sistemas asociados con Frijol en el Callejón de Huaylas, Perú. A. Cerrate y F. Camarena. Informativo del Maíz. Número Extraordinario de Investigaciones Vol. III Año 1979-1980, pág. 151.155.

PIO ANTONIO MANRIQUE CHÁVEZ

1925 - 1999



El Ing. Antonio Manrique Chávez, uno de los más calificados especialistas en maíz del Perú, nació en la ciudad de Arequipa el 20 de mayo de 1925. Provenía de una familia de agricultores y ganaderos en la fecunda campiña arequipeña, donde su padre supo despertar en él su interés por el campo y las ciencias naturales.

Es así como ingresa a la antigua Escuela Nacional de Agricultura, donde se gradúa en 1953 como Ingeniero Agrónomo. Su profunda vocación por la docencia y la investigación lo lleva a vincularse a la Universidad Nacional Agraria La Molina. Entre 1954 y 1962, becado por la Fundación Rockefeller, realizó estudios de especialización y de postgrado en la Oficina de Estudios Especiales de Chapingo en México, el Programa de Maíz de Colombia y la Universidad de Nebraska en Estados Unidos.

Luego, de vuelta en el Perú se desempeñó como catedrático en la Universidad Nacional Agraria La Molina en los cursos de: Mejoramiento Genético de Plantas y el Cultivo del Maíz; y a nivel de graduados en los cursos de: Genética Vegetal Avanzada y Mejoramiento de Maíz. Fue uno de los promotores, luego miembro fundador y Director del Programa Cooperativo de Investigaciones en Maíz de la UNALM desempeñándose como genetista y jefe del Proyecto de Mejoramiento de Maíz Tropical donde cumplió una prolífica labor generando diversos tipos de materiales mejorados de maíz de alto rendimiento, como: híbridos, variedades sintéticas y compuestas, líneas puras y poblaciones. Su labor se proyectó también al extranjero y brindó consultoría técnica al Programa de Maíz de Cuba, y al sector público nacional apoyando al Ministerio de Agricultura. Es autor de numerosos trabajos científicos sobre el mejoramiento genético y agronomía del maíz, y su vasta experiencia en este cultivo ha sido plasmada en el libro “El Maíz en el Perú”. Su carrera se vio recompensada con la Medalla al Mérito Agrícola en el grado de Caballero conferida por el Gobierno Peruano. Falleció a los 74 años en Lima, el 5 de julio de 1999, dejando tras de sí una gran obra científica.

MARINO ROMERO LOLI 1930 - 2005



El Ing. Marino Romero, nació en el distrito de Marcará, provincia de Carhuaz, Región Ancash el 23 de Octubre de 1930. Inició sus estudios superiores en 1950 en la Escuela Nacional de Agricultura, La Molina y en 1954 obtuvo el título de Ingeniero Agrónomo. Entre 1964-1965 obtuvo el grado de Master of Science en Mejoramiento Genético en la Universidad de Nebraska, USA.

En 1955 ingresó a trabajar en el SIPA hasta 1968 en que fue Supervisor Zonal de Experimentación, en la estación de Huancayo. En 1968 ingresó a la docencia en la Universidad Nacional Agraria La Molina, donde fue Profesor Principal del Departamento de Fitotecnia, Jefe del Programa de Cereales y Decano de la Facultad de Agronomía en el período 1986-1990.

Entre sus logros principales se detallan:

- La implementación del Programa de Cereales de la UNALM.
- El desarrollo de 8 variedades de cebada (Zapata, UNA 80, UNA 8270, Yanamucllo 87, Buenavista, UNA La Molina 94, UNA La Molina 95 y UNA LA Molina 96) que se siembran en el 80% del área cebadera nacional, 1 de quinua (La Molina 89), 2 de avena (Gloria G y Gloria F), 1 variedad de trigo (San Lorenzo), contribuyendo al incremento de la producción nacional de los cereales en el Perú.
- Incrementó las colecciones de germoplasma de trigo, cebada, triticale, avena, quinua y kiwicha que actualmente se encuentran conservadas en el banco de germoplasma de la UNALM.

El Ing. Romero en todo momento demostró identidad con el agro nacional, con la universidad y con su profesión. El compromiso con su entorno lo llevó a asumir su transformación, escogió los cultivos más humildes y olvidados como son los cereales, pero que a su vez son los más importantes para la nutrición del peruano de todos los niveles, llegó a plantear soluciones alternativas y liderar el proceso de cambio en beneficio del país, tal como sucedió con el enfrentamiento a la plaga de la roya amarilla que lo llevó a crear la variedad de cebada Zapata, quizás el ejemplo más importante e innovador en la agricultura del Perú, porque con él, La Molina demostró cómo y para qué sirve al Perú.

Lamentablemente el Ingeniero Marino Romero falleció el 2 de setiembre del 2005, luego de recibir el reconocimiento de organismos internacionales como el OIEA e instituciones nacionales y privadas con quienes desarrolló las investigaciones en cereales.

RENE CHAVEZ ALFARO

1944 - 2009



El Dr. René Chávez Alfaro, nació 13 de Junio de 1944 en el distrito de Quillabamba, provincia de La Convención del departamento de Cusco.

Sus estudios superiores los realizó en la Universidad Nacional de San Antonio Abad del Cusco obteniendo el grado de Bachiller en Ciencias Agrarias en 1972 y Bachiller en Ciencias Biológicas en 1970; el título de Ingeniero Agrónomo en 1973, título de Biólogo 1974; obtuvo el grado avanzado de Master en Ciencias (Conservación y Utilización de los Recursos Genéticos de las Plantas) en la Universidad de Birmingham en 1978, el grado de Doctor of Philosophy (Biología de las Plantas) en la Universidad de Birmingham en 1984. Ingreso a la docencia de la Universidad Nacional de San Antonio Abad del Cuzco en 1967 hasta 1980. Desempeñando al inicio en 1967 como ayudante interino de cátedra, en 1972 fue contratado como Jefe de prácticas a tiempo completo, en 1975 como Profesor Auxiliar. En 1980 se traslada a la ciudad de Tacna continuando con la docencia universitaria en la Universidad Nacional Jorge Basadre Grohmann (UNJBG) como profesor Asociado y en 1985 como Profesor Principal. Fue coordinador del Centro de Investigación FAIP en 1980, Director Universitario de Investigación y Director del Programa Académico de Ingeniería en Industrias Alimentarias 1984, Jefe de Departamento Académico de Agronomía 1993, Presidente del Consejo Directivo de la Escuela de Postgrado 1996, Coordinador de Maestría en Desarrollo Agrario ESPG en 2000.

Fue Rector de la UNJBG durante el periodo 2004 al 2008. Según Resolución Rectoral de la UNJBG en 1998, se le declara como Profesor Extraordinario Investigador por su vasta trayectoria profesional y excelencia académica..

Según Resolución de la FCAG. el 2008, se le reconoce y felicita por su destacada labor académica, su trayectoria nacional e internacional como investigador y docente de la Facultad de Ciencias Agrícolas de la Universidad Nacional Jorge Basadre Grohmann de Tacna.

Entre los trabajos de investigación del Dr. Chávez se cuentan los siguientes:

- Clones superiores de papa y camote adaptados a suelos áridos-salinos.
- Caracterización morfológica y molecular de genotipos mejorados de camote (*Ipomoea batatas L.*) para ecosistemas áridos-salinos-bóricos.
- Mejoramiento genético de plantas para el tercer mundo.
- La biotecnología y su potencial aplicación en la agricultura moderna.
- resistencia genética de campo y almacén a la nueva variedad transgénica de papa cv. Costanera a la polilla de la papa (*Phthorimaea operculella Zeller*). En zonas arido salinas.
- Susceptibilidad y resistencia genética de campo al nuevo virus de la papa SB-29 en poblaciones tetraploides de papa en agrosistemas aridos.
- Introducción y evaluación de variedades mejoradas de camote en zonas árido salinas del norte de Chile.
- Pop los caminos evolutivos de la papa silvestre y cultivada.
- Adaptación de maíz energético que se viene desarrollando para zonas de Tacna, Arequipa, Puno y Cuzco.
- Mejoramiento genético de plantas para zonas árido-salinas.

RAUL NIEVES CAMACHO 1946 - 2008



El Ing. Nieves nació en la ciudad de Sullana el 23 de mayo de 1946, Departamento de Piura. Sus estudios superiores realizó en la Universidad Nacional de Piura-Facultad de Ciencias Agrarias (1966-1970). Estudios de maestría en University of Arizona -EE.UU (1976-1978), obteniendo el grado de Master of Science in Agronomy and Plant Genetic.

Estas líneas pretenden recordar y hacer un reconocimiento a nuestro querido profesor, colega y amigo Raúl Nieves Camacho, quien silenciosamente trabajó para mantener la pureza genética del Algodón Peruano y que con su enorme capacidad de enseñar lo que significa la investigación, contribuyó en las definiciones profesionales de muchos de sus alumnos. Nos abandonó físicamente el 7 de junio del 2008, pero sigue con nosotros los que tuvimos la suerte de conocerlo y nutrimos de su alegría, fortaleza, consejos y describirlo como la persona con la que compartimos el inicio de nuestra vida académica.

Humilde, generoso y apreciado en el ámbito profesional, sobre todo en la comunidad algodонера, por su carácter y su perspectiva académica y futurista, que siempre lo situó en la discusión de temas novedosos, temas que en todo momento lo acercaron a la gente, en especial a los agricultores. Sus líneas de investigación fueron en términos generales el mejoramiento genético del algodón en el Perú, liderando proyectos de restauración genética, tanto en el algodón Pima, del Cerro y el Tangüis; así como su adaptabilidad en los valles más representativos de la costa del país.

Conocimos al Ingeniero Nieves, en las aulas de la Universidad Nacional de Piura donde ejercía como docente desde 1972 hasta unos días antes de su fallecimiento, impartiendo los cursos de fitotécnica general, fitotécnica aplicada y cultivo del algodón, investigador de corazón, capaz de contagiar dicha vocación a quienes lo rodeaban, compartiendo anécdotas de sus viajes de estudio al extranjero, conferencias a las que asistía; invitándonos a participar en sus investigaciones y como olvidar su buen humor, sin perder la seriedad y el respeto que sólo él ejercía. Cabe resaltar que el Ingeniero Nieves también se desempeñó como Director de la Escuela de Post-Grado y como jefe del Laboratorio de Fibras e Hilados, desde donde dirigía el “Proyecto de adaptación genotípica del algodón (*Gossypium barbadense* L.) al ambiente ecológico y a altas densidades de siembra”, durante 30 años ininterrumpidos, obteniendo nuevos cultivares de algodón Pima a los que decidió denominar: UNP-1, UNP-2, UNP-3, UNP-4, PP-2-S1-DS-85, HIBRIDO-8, demostrando un profundo desprendimiento humano y una gigantesca gratitud hacia su universidad. Fue presidente creador del Comité Departamental de Semillas de Piura (CODESE) y como jefe del “Programa de Mejoramiento y Genética” de la Fundación para el Desarrollo Algodonero (FUNDEAL) en 1986, logró obtener también los cultivares: FUNDEAL 1, FUNDEAL 2, FUNDEAL 3, FUNDEAL 4, FUNDEAL 5 Y FUNDEAL 6.

La figura del Ingeniero Nieves es fundamental en la historia del algodón Pima peruano, a principios de los ochenta, él fue llamado a formar parte de un selecto equipo de investigadores genetistas algodoneros, en Arizona, EEUU. Después de dos años, Raúl, regresó a su Piura natal y gracias a su devoción por la ciencia, con sus investigaciones, él logró obtener variedades de pima mejorado y perfectamente adaptado, tales como: AGN90, AGN92, N6R135-Resistente al Fusarium y HRC-4, que denominó Pima Vicús o nuevo Pima peruano. La semilla de estas tres primeras variedades se vienen sembrando desde hace 15 años en los valles piuranos, siendo el

Pima Vicús, la que le robaba más horas de sueño a nuestro querido Raúl, ya que con esta variedad se frenaría, la degeneración en la productividad y calidad, que sufría el algodón por falta de control y cuidado. Mientras una planta de algodón Pima mide aproximadamente dos metros, las plantas del Vicús no superan el metro veinte, lo que permitirá la siembra de más plantas por hectárea, aumentando la rentabilidad, el proceso de maduración se acortaría de 210 a 180 días y los agricultores podrán tener hasta tres cosechas en una sola siembra. El Proyecto Vicús viene siendo apoyado desde sus inicios por la Empresa Textil Piura, a través de su Programa de Producción de Semillas Certificadas, que el Ingeniero Nieves lideró durante 18 años y quienes compartieron con él, que el único camino para mejorar la producción del algodón es la investigación. Se espera que a fines del 2010, se esté confeccionando la primera prenda con algodón Pima Vicús, que por su buena calidad, resistencia y productividad, se beneficiarán desde los agricultores hasta las empresas confeccionistas.

Obtendor también de los arquetipos de algodón del Cerro Short Branch (Sh.Br) y Normal Branch (N.Br), que actualmente se encuentran en su fase final para su registro comercial, como parte del proyecto “Generación de líneas genéticamente mejoradas de algodón Tipo Del Cerro (*Gossypium hirsutum* L), para su cultivo en la Costa Norte del Perú” y que se lleva a cabo en Estación Experimental del INIA-Lambayeque. Este fue uno de los últimos proyectos que lideró el Ingeniero Nieves, como respuesta al principal problema de Lambayeque que es la no disponibilidad de semillas mejoradas. Aunque no esté físicamente el Ingeniero Nieves sigue presente y trabajando por el Agro Peruano; ya que gracias a este proyecto, se pondría a disposición de los agricultores algodoneros de Lambayeque nuevas variedades mejoradas de algodón, que permitan hacer de esta especie un cultivo más rentable.

Su capacidad lingüística, le abrió las puertas a una comunicación más amplia, participando en congresos y eventos internacionales como expositor y director científico en Egipto, Estados Unidos, Australia, Argentina, Brasil, Colombia y en numerosos eventos nacionales, sus aportes científicos fueron suficientes para darse a conocer en otras latitudes, siendo su dominio de otros idiomas el elemento clave en la colaboración y discusión con científicos a nivel mundial. Galardonado con la “Bellota de Plata” en el II Congreso Internacional de Algodón y el premio “TACLLA, a lo Mejor del Agro Peruano”, por la Revista AgroNoticias del Perú, entre otras tantas distinciones recibidas, donde apenas queda reflejada su labor científica y trascendente. A la par de sus enseñanzas académicas, el Ingeniero Nieves fue un excelente amigo, que nunca nos privó de un consejo, cuando creyó que lo necesitábamos, en ese sentido inigualable guía; lo que hace más dolorosa su desaparición física.

Por ex-alumnos y colegas de la Universidad Nacional de Piura