**Entendiendo la genética detrás del color en papas tetraploides**

Luis Garreta1, Jhon A. Berdugo-Cely2, Zahara Lasso2, Paula H. Reyes-Herrera2, Ivania Cerón-Souza2

1 Pontificia Universidad Javeriana, sede Cali, Colombia

2 Corporación Colombiana de Investigación Agropecuaria, AGROSAVIA, Centro de Investigación Tibaitatá, Km 14 Vía Mosquera Bogotá, Cundinamarca, Colombia.

Email: [luis.garreta@javerianacali.edu.co,](mailto:lgarreta@gmail.com) [jberdugo@agrosavia.co](mailto:jberdugo@agrosavia.co); [zlasso@agrosavia.co](mailto:zlasso@agrosavia.co); [phreyes@grosavia.co](mailto:phreyes@grosavia.co); i[ceron@agrosavia.co](mailto:ceron@agrosavia.co)

**Palabras claves:** heredabilidad, Asociación de genoma completo, selección genómica, escala del color

keywords: *heritability, GWAS, Genomic Selection, color scale*

**Introducción:**

La diversidad de cultivos es la principal fuente de genes asociados a diferentes características y permite estudiar rasgos de interés agronómico. La papa (*Solanum tuberosum L.*) es una especie con gran diversidad en el acervo genético primario, originaria de los andes. Hoy en día es considerada uno de los cultivos más importantes a nivel mundial y parte de los alimentos de seguridad alimentaria (PNSAN, 2013). El tubérculo además de almidón contiene ciertos componentes con actividad antioxidante que pueden llegar a tener algún impacto sobre la salud humana. De hecho, el pigmento del tubérculo está asociado con antocianinas que además de dar una apariencia visual tienen influencia positiva en la salud y nutrición humana (Hellman *et al.*, 2021).

El color del tubérculo y otros órganos de la papa puede estar influenciado por el genotipo y por el ambiente. Es importante entender cómo la genética influencia el color, no solo por la apariencia (que definitivamente tiene un impacto en el mercado), sino porque puede permitir identificar genes asociados que tengan una asociación con un impacto positivo a nivel nutricional.

La cuantificación del color se ha transformado y está llegando hoy en día a ser cuantificado a nivel de imágenes (Caraza-Hater, 2019). Sin embargo, históricamente en campo se han usado descriptores cualitativos para poder medir el color. En AGROSAVIA, durante los años 2015 al 2017 se midió el color a nivel de tallo, flor (ocho categorías y tres intensidades), fruto, tubérculo (nueve categorías y tres intensidades) y brote a partir de la *Guía de caracterización morfológica* (Gómez 2000) según las etapas fenológicas de las accesiones. Posteriormente para el año 2019, se realizó la caracterización del color de 600 accesiones usando la escala del color RHS (*Royal Horticultural Society*) que tiene un mayor espectro de colores (224 categorías para el violeta).

**Objetivo:** Explorar diferentes mecanismos de asociación entre datos genómicos y fenotípicos de color de flor, tubérculo, tallo y baya para entender su relación.

**Método:** Inicialmente se obtuvo la correlación entre datos categóricos de dos caracterizaciones realizadas en el conjunto de 600 accesiones en años diferentes 2015 al 2017(Gomez, 2000) y 2019 (RHS, 2015). Esta correlación se calculó usando la medida de asociación entre variables nominales “V de Cramer” implementada en el paquete de R “rcompanion” (Cramer, H., 1946). Se tuvieron en consideración solo características con una correlación mayor a 0.6 en estas dos caracterizaciones (similar al procedimiento utilizado por Duanjit *et al.*, 2016) y se utilizó como dato fenotípico final el obtenido con la escala del color RHS ya que es una referencia estándar para registrar colores en las plantas en un amplio espectro y provee valores para otros espacios de colores más dirigidos a la visión humana.

Incluir color secundario de la

El dato fenotípico de la escala del color RHS, se trabajó en el espacio del color CIELAB-LCH (del inglés *Lightness, Chroma and Hue*) Luminosidad, Saturación y Tono porque este espacio se encuentra más estrechamente relacionado con la percepción humana del color (Caraza-Hater, 2019). Posteriormente, se obtuvo la heredabilidad para cada característica como la proporción de varianza fenotípica explicada por efectos aditivos de acuerdo con de los Campos et al., (2015). Además, se realizó Asociación de Genoma Completo (GWAS) usando MultiGWAS (Garreta *et al.*, 2021) junto con un estudio de predicción genómica usando los métodos tanto de la librería BGLR (Pérez y de los Campos, 2014) cómo los de BWGS (Charmet *et al*., 2020), la cual incorpora métodos de máquinas de aprendizaje automático.

**Resultados:**

Al realizar la correlación se obtuvo dos características, color de la pulpa y de la baya, con una correlación menor a 0.6. Sin embargo, para los otros seis fenotipos se obtuvieron correlaciones en promedio iguales a 0.75. Para estos seis fenotipos se obtuvo los siguientes valores de heredabilidad entre 0.47 (color secundario del brote) y 0.95 (color primario de la flor). Además, como resultado del GWAS se obtuvo tanto marcadores significativos para cada una de las características como marcadores significativos comunes entre características. Por último, se realizó predicción genómica para los componentes de color de las características utilizando tanto el conjunto completo de marcadores como los marcadores resultantes de GWAS y se obtuvo habilidades predictivas similares que varían entre 0.35 y 0.84.

**Conclusiones:** El color para algunos órganos de la planta de la papa tiene definitivamente un componente genético. Es importante resaltar el color primario de la flor al cual se asocia la heredabilidad más alta, marcadores fuertemente asociados y la habilidad predictiva de mayor valor. Además, se encontró en algunos casos marcadores comunes entre diferentes características que están siendo estudiados y la selección genómica nos mostró que es posible predecir los componentes de color en algunas características solamente a partir del genotipo. Actualmente estamos revisando si ese componente genético del color se asocia a antioxidantes u otras características nutricionales en las anotaciones genéticas de los genomas de referencia de papa.

**Referencias:**

Charmet, G., Tran, L. G., Auzanneau, J., Rincent, R., & Bouchet, S. (2020). BWGS: AR package for genomic selection and its application to a wheat breeding programme. PLoS One, 15(4), e0222733.

Cramer, Harald. 1946. Mathematical Methods of Statistics. Princeton: Princeton University Press, page 282 (Chapter 21. The two-dimensional case).

de Los Campos, G., Sorensen, D., & Gianola, D. (2015). Genomic heritability: what is it?. PLoS Genetics, 11(5), e1005048.

Duangjit, J., Causse, M., & Sauvage, C. (2016). Efficiency of genomic selection for tomato fruit quality. Molecular Breeding, 36(3), 1-16.

Garreta, L., Cerón‐Souza, I., Palacio, M. R., & Reyes‐Herrera, P. H. (2021). MultiGWAS: An integrative tool for Genome Wide Association Studies in tetraploid organisms. Ecology and Evolution, 11(12), 7411-7426.

Gomez, R. (2000). Guía para las caracterizaciones morfológicas básicas en colecciones de papa. Lima: Centro Internacional de la papa.

Hellmann, H., Goyer, A., & Navarre, D. A. (2021). Antioxidants in potatoes: A functional view on one of the major food crops worldwide. Molecules, 26(9), 2446.

Pérez, P., & de Los Campos, G. (2014). Genome-wide regression and prediction with the BGLR statistical package. Genetics, 198(2), 483-495.