

ESTABLECIMIENTO Y VALIDACIÓN DE LA COLECCIÓN NÚCLEO DEL GERMOPLASMA CUBANO DE PIÑA (*ANANAS COMOSUS* L.) Y ESPECIES AFINES

Daymara Rodríguez Alfonso¹, Miriam Isidró Pérez¹, Odalys Barrios Govín², Lucy Andraca Collazo¹ y Zoila Fundora Mayor²

RESUMEN

Las colecciones núcleo juegan un importante papel en el manejo y conservación de los recursos genéticos. Se establece una colección núcleo para el germoplasma cultivado de piña en Cuba, partiendo de los resultados obtenidos de la caracterización morfoagronómica de 48 accesiones de la colección base. Se realizó un Análisis de Conglomerados a partir de los descriptores seleccionados, siguiendo el criterio de agrupamiento de Ward y se efectuó una selección estratificada de las accesiones. Para validar la colección se comprobó que la diversidad molecular seleccionada fue adecuada. La representatividad de la variabilidad de los atributos cuantitativos y cualitativos se verificó a través del coeficiente de Dhiwan y de la correlación de Spearman, respectivamente. El patrón de variabilidad de la colección evidenció tres clases, correspondientes a tres de los grupos hortícolas reportados. El ACP demostró la baja variabilidad genética presente en el germoplasma de piña. Se seleccionaron 16 accesiones para conformar el núcleo, donde se maximizó la distancia genética, especialmente expresada por los SSR. El criterio del curador y la distribución geográfica permitieron una selección adecuada de los materiales, en su gran mayoría proceden de la región Oriental. Los valores de la variabilidad tanto cuantitativa (Dhiwan no modificado 87 % y Dhiwan modificado 112 %) como cualitativa ($R_s=0,980^{**}$) demostraron la certeza en la selección. La colección núcleo incluyó, además de las accesiones cultivadas, tres especies afines, que representó el 33,3 % de la colección base correspondiente.

Palabras claves: *Ananas comosus*, colección núcleo, germoplasma de piña

Establishment and validation of core collection from Cuban germplasm of pineapple (*Ananas comosus* L.) and related species

ABSTRACT

Core collections are useful tools for management and preserving of genetic resources. A core collection for the cultivated germplasm of pineapple was established from the results obtained on the morphoagronomical characterization of 48 accessions of the base collection. A Cluster Analysis was carried out with the descriptors selected, following the criterion of Ward's cluster, and a stratified selection of the accessions was also performed.

M.Sc Daymara Rodríguez Alfonso, Profesora-Investigadora del Laboratorio de Biotecnología Vegetal, Facultad de Agronomía, Universidad Agraria de La Habana

²Instituto de Investigaciones Fundamentales en Agricultura Tropical "Alejandro de Humboldt" (INIFAT), Calle 2, esquina a 1, Santiago de las Vegas, Boyeros, CP 17200, La Habana.

✉ maviak@unah.edu.cu

In order to validate the collection, the adequacy of the selection for molecular diversity was verified. The representativeness of the variability for quantitative and qualitative attributes was checked by means of Dhiwan's coefficient and Spearman's correlation, respectively. The collection pattern of variability evidenced three groups, corresponding with three of the horticultural groups described in pineapple. The Cluster Analysis demonstrated the low genetic variability of pineapple germplasm. Finally, 16 accessions were selected to form the core, where genetic distance was maximized (especially expressed by the SSR). The curator's criterion and the geographic distribution allowed an adequate material selection, mostly coming from Eastern region. The values of quantitative variability (non modified Dhiwan 87 % and modified Dhiwan 112 %) and the qualitative ones ($R_s=0,980^{**}$) showed the certainty in the selection. The core collection included, besides the cultivated accessions, three related species that represented the 33,3 % of the corresponding collection base.

Key words: *Ananas comosus*, core collection, pineapple germplasm

INTRODUCCIÓN

A comienzos de los años setenta del siglo pasado, los bancos de germoplasma eran inferiores a diez y no llegaban a medio millón de accesiones, sin embargo, en la actualidad, en la base de datos del "Sistema de Información y Alerta Mundial" de la FAO (2010) se encuentran registrados 1 300 bancos de germoplasma, donde se estima que hay 6,1 millones de genotipos conservados. El notable incremento, en número y tamaño, que han experimentado las colecciones se debe al intenso trabajo que se ha realizado en el mundo por conservar los recursos fitogenéticos. Esto hace que se intensifiquen los esfuerzos para que las colecciones tengan un adecuado manejo, mantenimiento sostenible y utilización óptima del germoplasma (Engels y Visser, 2007; Zhang *et al.*, 2011).

El concepto de colección núcleo fue introducido por Frankel (1984), quién la define como "un conjunto limitado de accesiones que, empleando un mínimo de repeticiones, representa la diversidad genética de una especie cultivada y de sus parientes silvestres". Años más tarde Brown (1995) y van Hintum *et al.* (2003) plantean que "en el caso de un banco de germoplasma, una colección núcleo consta de un número limitado de accesiones de una colección, que se escogen para representar el espectro genético de dicha colección y debe incluir el máximo de diversidad genética presente en la colección completa". Esto no quiere decir que la colección núcleo remplace a la colección base o material del cual se obtiene. Es una puerta de

entrada para la utilización de accesiones con caracteres favorables en programas de mejoramiento (Dwivedi *et al.*, 2008).

Diversas han sido las investigaciones que se han desarrollado para el establecimiento de colecciones núcleos en distintas especies: en soya (Wang *et al.*, 2005), arroz (Yan *et al.*, 2007; Zhang *et al.*, 2011), uva (Le *et al.*, 2008), nabo (Carpio *et al.*, 2011), olivo (Haouane *et al.*, 2011; Belaj *et al.*, 2012) y cornejo de Japón (Li *et al.*, 2012), entre otras. En nuestro país también se ha realizado una intensa labor en la creación de colecciones núcleos de granos, oleaginosas y hortalizas: en maní (Fundora *et al.*, 2006), papa (Castillo *et al.*, 2008), maíz (Fernández, 2009) y Capsicum (Barrios, 2010), por solo citar algunas.

En el mundo no hay antecedentes de colecciones núcleo del género *Ananas*, aunque existen importantes colecciones de germoplasma en las que se salvaguardan los recursos genéticos, como la de EMBRAPA en Brasil con más de 800 accesiones, USDA en Hawai con más de 130 accesiones y CIRAD- FLHOR en Martinica con más de 450 accesiones cada una (Bartholomew *et al.*, 2010). De las accesiones conservadas solo existen alrededor de 100 variedades de piña (*Ananas comosus* (L.) Merrill), de las cuales son cultivadas comercialmente entre seis y ocho (Infocomm, 2012).

En Cuba, la colección de germoplasma de piña se encuentra en el Centro de Bioplasmas, provincia Ciego de Ávila. De los cinco grupos hortícolas para piña

establecidos por Py *et al.* (1987) solo está representada por tres, la mayor parte la ocupan las accesiones de Española y en menor medida Cayena y Pernambuco. Estudios de diversidad genética realizados por (Rodríguez *et al.*, 2012) mediante el marcador molecular RAPD demuestran que la base genética de la especie es muy pobre.

El presente trabajo se propuso como objetivo establecer y validar una colección núcleo de piña en la que esté representada la mayor diversidad en un número menor de accesiones, para así favorecer el manejo de los recursos genéticos de la especie en programas de mejora.

MATERIALES Y MÉTODOS

La colección núcleo se desarrolló a partir de los resultados obtenidos de la caracterización morfoagronómica de las 48 accesiones (Tabla 1) que componen la colección base del germoplasma cultivado

de piña, conservada en el Centro de Bioplantas de Ciego de Ávila, durante el período comprendido entre el 2000-2008. Fueron utilizados para la caracterización y evaluación de las accesiones, 16 descriptores mínimos: siete morfológicos: Forma de los ojos, Forma del fruto, Profundidad de los ojos, Color externo del fruto, Color de la pulpa del fruto. Distribución de las espinas y Color de la hoja; y nueve agronómicos: Sólidos solubles, Diámetro del fruto, Diámetro del corazón, Longitud del fruto, Acidez total, Masa del fruto sin la corona, Relación masa de la corona/masa del fruto, Ancho de la hoja y Diámetro de la planta.

Establecimiento de la colección núcleo

Se realizó en primer lugar un Análisis de Componentes Principales (ACP) sobre la base de la matriz de datos estandarizados, en el que se seleccionaron los autovectores, más próximos al mayor valor, los que más contribución tuvieron en porcentaje en cada eje a la variabilidad total y los de importancia en el cultivo.

Tabla 1. Porcentaje de variabilidad explicada en el ACP para los caracteres morfológicos y agronómicos de la colección base (CB) de piña *ex situ* de Cuba

Autovalores iniciales			
Componentes	% Varianza explicada		% Acumulado
CP 1	33,61		33,61
CP 2	25,67		59,28
CP 3	12,50		71,78
Variables analizadas	Porcentaje de contribución relativa		
	CP 1	CP 2	CP 3
Acidez total	-0,387	<u>0,547</u>	-0,320
Ancho de la hoja	<u>0,609</u>	<u>0,584</u>	0,020
Color de la hoja	<u>0,583</u>	0,517	-0,199
Color de la pulpa del fruto	-0,487	<u>0,789</u>	0,020
Color externo del fruto	<u>0,781</u>	0,470	-0,169
Diámetro de la planta	0,404	0,241	<u>0,539</u>
Diámetro del corazón	0,168	<u>0,669</u>	-0,277
Diámetro del fruto	0,080	<u>0,836</u>	-0,105
Distribución de las espinas	<u>0,569</u>	-0,336	0,167
Forma de los ojos	<u>-0,908</u>	-0,070	0,079
Forma del fruto	<u>-0,871</u>	0,290	0,017
Longitud del fruto	-0,183	<u>0,695</u>	0,387
Peso del fruto sin corona	0,097	0,440	<u>0,778</u>
Profundidad de los ojos	<u>0,815</u>	-0,496	0,088
Relación peso de la corona/peso del fruto	0,154	0,044	<u>-0,807</u>
Sólidos solubles	<u>-0,897</u>	-0,164	0,022

Con las variables seleccionadas, se hizo un análisis de conglomerados, empleando los coeficientes de distancia euclidiana y como criterio de agregación, el agrupamiento jerárquico de Ward, utilizando mediante el programa SPSS ver. 11.5.

Para conformar la colección núcleo final, se utilizó una selección estratificada (Balakrishnan y Nair, 2003), basada en el estudio de la colección base con un conjunto de conglomerados con variables múltiples, en el que se emplean datos de evaluación cuantitativos y morfológicos. Con los resultados obtenidos en los análisis multivariados precedentes, el criterio del curador y la representatividad de la procedencia geográfica (Le *et al.*, 2008; van Hintum *et al.*, 2003), se hizo la primera selección de los cultivares. Finalmente, se tuvo en cuenta además el criterio de diversidad molecular mediante la utilización de los patrones de marcadores RAPD y SSR para definir las accesiones que conformarían la colección núcleo final.

Validación de la colección núcleo

La representatividad de la colección núcleo se verificó comparando la variabilidad de los caracteres agronómicos con respecto a la que posee la colección base, mediante la determinación del rango de variabilidad promedio retenido de las variables originales y los coeficientes de variación (CV) para todos los caracteres, respectivamente; se utilizó para ello la metodología propuesta por Dhiwan *et al.* (1995) y Dhiwan modificado (Fundora *et al.*, 2006); en este último método se estimó la variabilidad retenida usando los coeficientes de variación, eliminando así la influencia de la escala de las variables en el resultado.

Se calcularon seguidamente las coincidencias entre las frecuencias de los estados de los descriptores mínimos cualitativos para ambas colecciones, con el objetivo de comparar la variabilidad retenida para los caracteres morfológicos. La comparación se efectuó a partir de la estimación del coeficiente de correlación de rangos para datos no paramétricos de Spearman (Fundora *et al.*, 2006) mediante el paquete estadístico SPSS versión 11.5.

Finalmente se describió la colección núcleo establecida, sobre la base de los atributos estimados. A la cual se adicionaron tres especies silvestres afines que no fueron incluidas en los análisis cuantitativos anteriores pero sí en los moleculares.

RESULTADOS Y DISCUSIÓN

Los resultados del ACP de la colección base se muestran en la Tabla 2, en la que se puede apreciar que la variabilidad total acumulada por las tres primeras componentes fue de 71,78 %; la primera componente aportó el 33,61 %, la segunda 25,67 % y la tercera y última 12,50 %; se señalan las variables que más contribuyeron. La baja variabilidad alcanzada en el análisis de componentes demuestra la escasa diversidad genética que hay en la colección nacional. Además el análisis se llevó hasta la tercera componente por la importancia que tienen los descriptores Masa del fruto sin corona y Relación masa de la corona/masa del fruto en la comercialización (Bartholomew *et al.*, 2010; Li *et al.*, 2010).

Se seleccionaron todas las variables por sus contribuciones a la variabilidad, lo que era de esperar si se tiene en cuenta que estas fueron establecidas como descriptores mínimos para la colección. Al considerar el nivel de truncadura en el valor 15 se formaron tres clases o grupos de variabilidad en la colección base (Figura 1), las cuales están en correspondencia con tres de los grupos hortícolas presentes en el germoplasma cultivado de piña Española, Pernambuco y Cayena. En el estudio de colecciones núcleo, Di Rienzo *et al.* (2008) y Zhang *et al.*, (2012) han sugerido esta forma de agrupamiento, porque permite maximizar las diferencias entre las clases y minimizarlas dentro de ellas. La proporción y los individuos incluidos en cada clase de la colección base, se observan en la Tabla 3.

En la primera aproximación realizada para el establecimiento de la colección núcleo, se seleccionó un 47,9 % de las accesiones. En la segunda aproximación, considerando que el marcador SSR incrementó el valor de la disimilitud genética en algunos casos entre la colección base y la colección núcleo (Figura 2), se revisaron y se reconsideraron las accesiones incluidas.

Tabla 2. Composición de las clases y proporción de las accesiones de los grupos formados en la colección base de piña

Composición de las clases						
Clases	No. Acc.	%	Región del país	No. Acc.	%	Cultivares
I	30	62,5	Occidente	8	26,7	ER 40Cu, ER 44Cu, ER 45Cu, ER 47Cu, ER 53Cu, ER 68Cu, ER 48Cu y ER 46Cu
			Centro	4	13,3	ER 26Cu, ER 51Cu, ER 30Cu y ER 5Cu
			Oriente	11	36,7	ER 16Cu, ER 43Cu, ER 39Cu, ER 61Cu, ER 64Cu, ER 3Cu, ER 33Cu, ER 59Cu, ER 41Cu, ER 63Cu y Ca 15Cu
			Banco de G.	7	23,3	P3 37aC, P3 37bC, ER 1Cu, Hi 12Cu, Hi 25Cu, Hi 13Cu y PR 9Cu
II	7	14,6	Occidente	1	14,3	PB 14Cu
			Centro	2	28,6	PB 49Cu y PB 17Cu
			Oriente	4	57,1	PB 7Cu, PB 60Cu, PB 70Cu y PB 35Cu
III	11	22,9	Occidente	2	18,2	CL 52Cu y CL 67Cu
			Centro	2	18,2	CL 21Cu y CL 50Cu
			Oriente	3	27,3	BR 6Cu, BR 38Cu y MO 42Cu
			Banco de G.	4	36,4	CH 2Cu, MD 22Cu, CL 24Cu y MO 11Cu

Tabla 3. Composición de la colección núcleo

Composición de las clases						
Clases	No. Acc.	%	Región del país	No. Acc.	%	Cultivares seleccionados
I	9	18,8	Occidente			
			Centro	3	33,3	ER 26Cu y ER 30Cu, ER 5Cu
			Oriente	4	44,4	ER 33Cu, ER 63Cu, ER 16Cu y Ca 15Cu
			Banco de G.	2	22,2	P3 37aCu y Hi 12Cu
II	2	4,2	Occidente	1	50,0	PB 14Cu
			Centro			
			Oriente	1	50,0	CC 60Cu
III	5	10,4	Occidente			
			Centro	1	20,0	CL 21Cu
			Oriente	2	40,0	BR 6Cu y MO 42Cu
			Banco de G.	2	40,0	CH 2Cu y CL 24Cu
Total	16	33,3				

Según Carlier *et al.* (2012) y Kolmer *et al.* (2013) los SSR destacan debido a su uso en estudios genéticos, mapeo y mejora, por lo que se han convertido en los marcadores moleculares de consenso para la identificación varietal y caracterización de especies de plantas. Hay que señalar que el cultivar 'Española roja

pinareña' (30Cu) fue excluido del análisis molecular porque su ADN presentó problemas de amplificación, pero se tuvo en cuenta en la formación del núcleo, porque ha sido utilizada como progenitor masculino en programas de mejora genética desarrollados en el país por Benega *et al.* (1999).

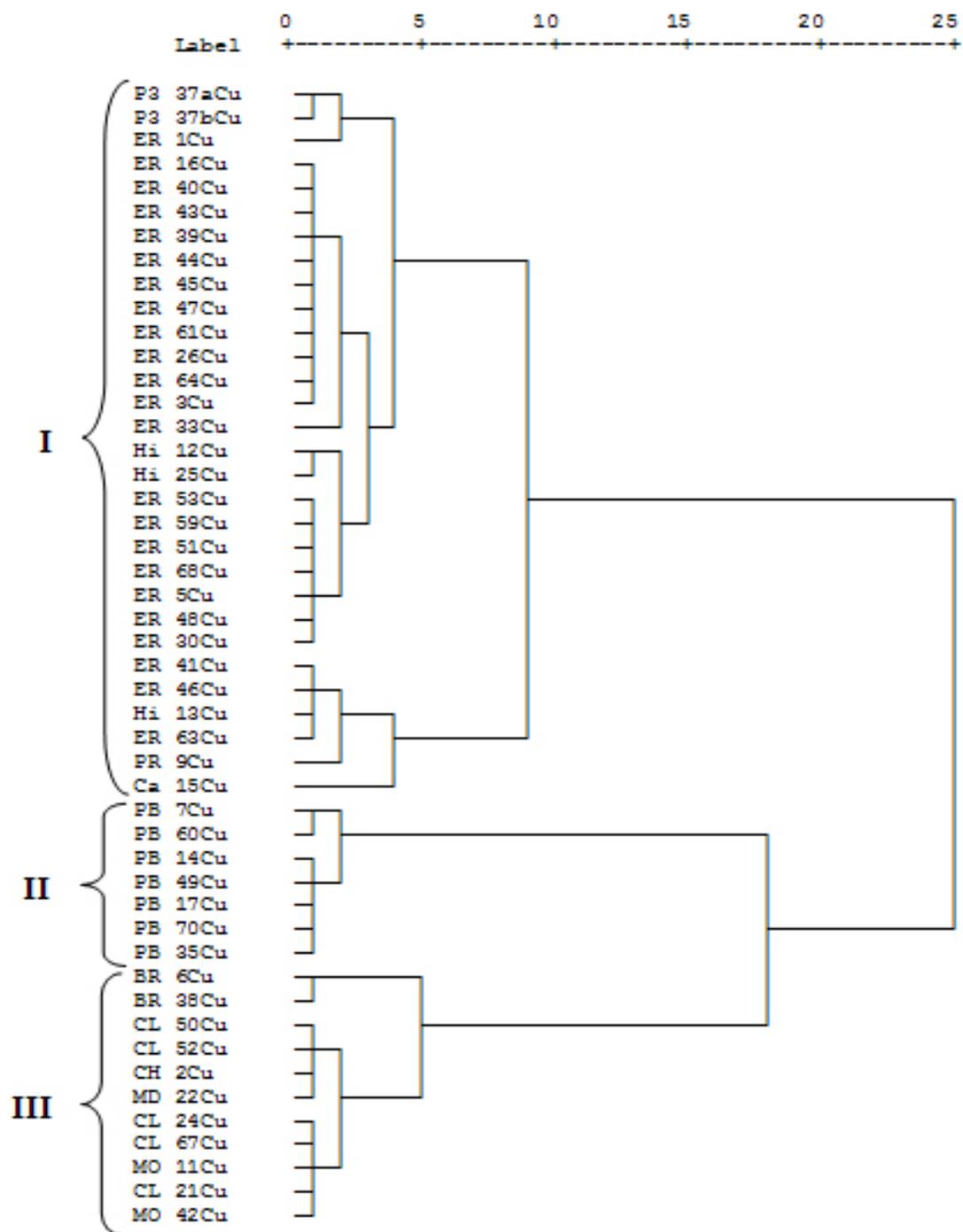


Figura 1. Dendrograma formado con los caracteres morfológicos y agronómicos a partir de la distancia Euclidiana de 48 accesiones de la colección base de piña

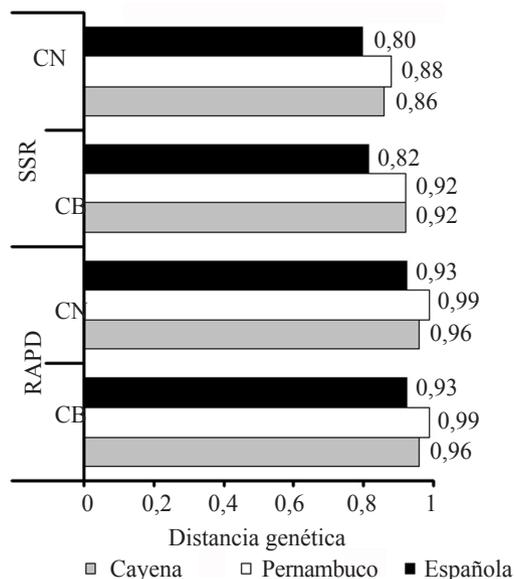


Figura 2. Distancias genéticas a partir de los marcadores moleculares RAPD y SSR de las tres clases formadas en la colección base (CB) y la colección núcleo (CN)

Finalmente, en la propuesta de la colección núcleo de piña quedó representado un 33,3 % de la colección base (Tabla 4). Esta cifra puede parecer elevada cuando se compara con el tamaño del núcleo de otras especies; por ejemplo la Colección Núcleo Internacional de Cebada (1600 accesiones) tiene menos de 0,3 % de las accesiones de cebada conservadas en el mundo; la de sorgo del ICRISAT (*International Crops Research Institute for the Semi-Arid Tropics*, India) es de 1,5 % con 600 accesiones aproximadamente y se formó a partir de una colección de 40 000 accesiones (van Hintum *et al.*, 2003). En estos casos, los conjuntos se obtuvieron de colecciones completas de bancos de germoplasma representativos de la diversidad de todo el mundo, en las que se tuvo la oportunidad de hacer una catalogación muy exhaustiva de los grupos de diversidad existentes.

Considerando conceptualmente el tamaño de las colecciones núcleo, existen criterios muy diversos. Brown y Spillane (1999) expresaron que la mayoría de las colecciones núcleo tienen un tamaño que

oscila entre un 5 y un 20 % de la colección base; en cambio Bhattacharjee *et al.* (2007) han sugerido que se necesitan porcentajes mayores, entre 20 % y 30 %. Otro criterio es que si la colección a partir de la cual se desarrolla una colección núcleo es muy grande, el tamaño porcentual puede ser mucho menor que 5 %, pero cuando las colecciones son pequeñas este valor se incrementa (Castillo *et al.*, 2008).

Validación de la colección núcleo

Las accesiones seleccionadas fueron agrupadas correctamente teniendo en cuenta los criterios morfoagronómicos y moleculares, presentaron una distribución adecuada y contaron con la presencia de más de una accesión de cada grupo horticultural. Este resultado corresponde con los de van Hintum *et al.* (2003), quienes sugirieron que en las colecciones núcleo se deben incluir todos los grupos de variabilidad, aunque alguno de ellos solo esté integrado por uno o dos individuos; una selección diferencial que sea proporcional solo al tamaño del grupo para tener oportunidad de ser escogido, podría eliminar del núcleo una porción importante de variabilidad. En eso consiste precisamente la selección estratificada.

Marcadores RAPD y SSR

Como se puede observar en la Figura 2 las distancias genéticas de las tres clases, coincidentes con los grupos horticulturales, difieren muy poco su valor, solamente se aleja más el grupo Cayena (clase III).

Al seleccionar las accesiones que conformarán la colección núcleo y compararla con la colección base considerando el marcador RAPD, no se obtuvieron diferencias entre ambas, por lo que puede considerarse que está representado en la misma proporción entre los grupos, todo el fondo genético para el marcador estudiado. No sucede así con el marcador SSR, donde los valores en la colección núcleo respecto a los grupos Pernambuco y Española en la diversidad presente se observa una discreta disminución, aunque guardan la misma proporcionalidad y distancia genética entre ellos. Esto indica que la selección ha contemplado genotipos con disimilitud genética, pero que no se ha retenido toda la diversidad. En el grupo Cayena, sin embargo, se maximizó la variabilidad para estos

marcadores. De igual forma Zhao *et al.* (2009) y Borba *et al.* (2009) en arroz (*Oryza sativa* L.); Barrios (2010) en Capsicum Belaj *et al.* (2012) en olivo (*Olea europaea* L.); utilizaron las distancias genéticas para validar la selección de sus colecciones núcleo.

Atributos morfoagronómicos

En el caso de los caracteres cuantitativos analizados (Tabla 4) la retención total de los rangos en la colección núcleo para la variabilidad agronómica fue efectivo tanto para los criterios de Dhiwan con las variables originales como el de Dhiwan modificado, con un valor promedio general de 87 %; los rangos retenidos por grupo de variabilidad en el núcleo seleccionado oscilaron entre 58 % en la clase II y el 94 % para la clase I. El valor bajo observado en la clase II puede explicarse si se tiene en cuenta que del grupo Pernambuco solo se seleccionaron dos accesiones, en el que se sacrificó variabilidad agronómica en función de la inclusión de variantes moleculares importantes y de no aumentar demasiado el tamaño del núcleo. Barrios (2010) también obtuvo bajos porcentajes de retención en las clases formadas con una o dos accesiones. Esto sugiere que en las clases con menor número de accesiones, se debe hacer un ejercicio más minucioso para la selección de estas, cuidando de no afectar el rango de retención de variabilidad de los caracteres cuantitativos.

Tabla 4. Coincidencia entre las clases de la colección base (CB) y las accesiones seleccionadas para integrar la colección núcleo (CN) para los caracteres cuantitativos de piña

	Rango promedio retenido CN (Coef. Dhiwan)	Promedio retenido CN (Coef. Dhiwan mod.)
TOTAL	0,87	1,12
Clase I	0,87	1,22
Clase II	0,58	1,02
Clase III	0,94	1,25

Al utilizar el criterio modificado a partir de los coeficientes de variación, los porcentajes de retención incrementaron considerablemente, con un promedio de 1,12 % y en todos los casos los valores fueron superiores al 100 %, lo que sugiere que la selección efectuada, con el criterio del mejorador y los descriptores agronómicos, maximiza considerablemente la variabilidad. Similar resultado fue obtenido por Fundora *et al.* (2006) en el establecimiento de la colección núcleo de frijol común (*Phaseolus vulgaris* L.).

El comportamiento de los caracteres cualitativos fue muy similar entre las colecciones base y núcleo. De manera general, la retención obtenida entre la colección base y núcleo para estos atributos fue altamente efectiva ($R_s=0,980^{**}$), significativa al 1 % de probabilidad de error, lo que indica una correcta representatividad en la colección núcleo de estos caracteres. La frecuencia de los estados disminuyó o aumentó, independientemente de si procedían de una colección u otra (Figura 3), aún dentro de un mismo atributo. De los 24 estados en los siete atributos en estudio, solo dos estuvieron ausentes, color externo del fruto amarillo dorado y color de la pulpa amarillo oro, ambos presentes en el mismo cultivar (MD-2), el cual, a pesar de ser de gran interés comercial (Bartholomew *et al.*, 2011) no se seleccionó por una decisión del curador de la colección, ya que no hay seguridad de que realmente este sea MD-2. Sin embargo, este cultivar fue incluido en los análisis moleculares, en aras de despejar esta duda; no obstante, las amplificaciones del ADN de este cultivar con los diferentes cebadores de ambos marcadores, presentó dificultades, por lo que no se pudo arribar a conclusiones certeras al respecto.

Diversos son los trabajos en distintas especies en las que la retención de la variabilidad ha demostrado la efectividad de la selección de las accesiones en cuanto a los atributos morfológicos, con valores superiores a 0,900. En la colección núcleo de maní (*Arachis hypogaea* L.), con 26 accesiones, fue de 0,944 (Fundora *et al.*, 2006), en maíz (*Zea mays* L.), con 30 accesiones, fue de 0,95 (Fernández, 2009) y en la de *Capsicum* spp., compuesta por 50 accesiones, se observó una retención de 0,903 (Barrios, 2010).

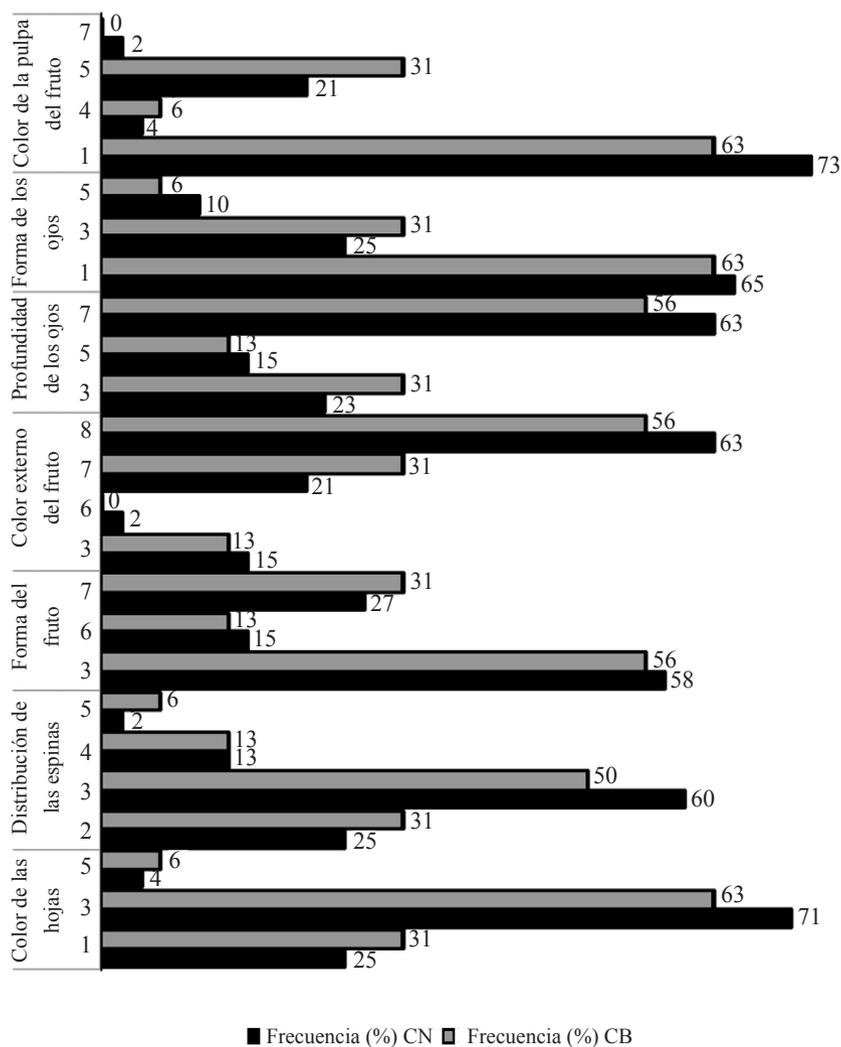


Figura 3. Frecuencia de los caracteres cualitativos en las accesiones de la colección base (CB) y colección núcleo (CN) de piña

Por otra parte, en cuanto a la distribución geográfica de la colección núcleo establecida (Figura 4), están representadas las regiones del país (Occidente, Centro y el Oriente) y además se consideraron las accesiones conservadas ex situ en el banco de germoplasma (que son cultivares introducidos en el país). La zona oriental es la más representada, con un 14,6 %, ya que en esta se encuentra el mayor acervo genético

del país. En esta región se encuentran cultivares como 'Cabezona'(15Cu), un poliploide natural de Gibara. La región con menor representatividad fue Occidente con 2,1 %; en la cual no se encontró variabilidad genética de interés, en la que solo destaca 'Piña blanca' (14Cu), del grupo Pernambuco, colectada en Bolondrón, provincia de Matanzas. Isidrón *et al.* (2003), en prospección realizada en todo el país, determinaron que la mayor diversidad genética se encuentra en la región oriental.

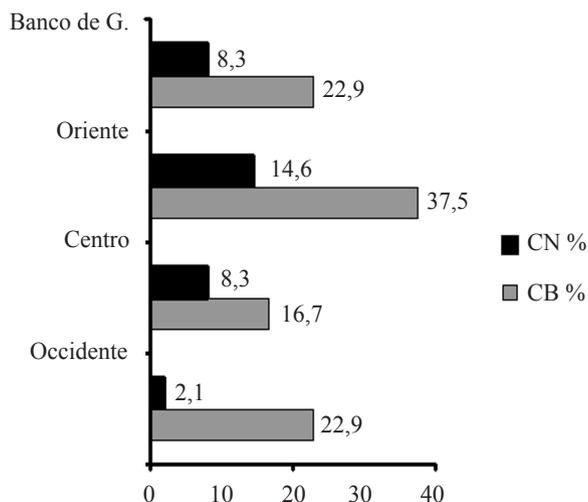


Figura 4. Porcentaje de distribución geográfica de la colección base (CB) y colección núcleo (CN) de piña

Como se puede apreciar la distribución geográfica de la colección núcleo propuesta fue adecuada; este aspecto es muy importante en el establecimiento de las colecciones núcleo (Bhattacharjee *et al.*, 2007; Del Río *et al.*, 2006; Le *et al.*, 2008). Para englobar la mayor diversidad genética posible, la mayoría de las colecciones núcleo ponen en este aspecto el mayor interés.

Los resultados obtenidos en el establecimiento de la colección núcleo permiten demostrar que el muestreo estratificado fue efectivo para la selección de la misma, lo que coincide con lo planteado por Malosetti *et al.* (2000) y Zhang *et al.* (2012), sobre la importancia de este método de selección; estos autores indicaron que la inclusión de la participación del mejorador en el proceso de selección es el método más efectivo, porque estos profesionales agregan información de valor que complementa al análisis estadístico, incrementando así la utilidad de la colección núcleo. Diversos autores han utilizado este método y han obtenido muy buenos resultados como en Capsicum, maní, papa y maíz, por solo citar algunos ejemplos (Fundora *et al.*, 2006; Castillo *et al.*, 2008; Fernández, 2009; Barrios, 2010).

Descripción de la colección núcleo

- Clase I: Constituido por seis cultivares del grupo horticultural Española, el más representado en el país, con buenos rendimientos para las condiciones en los que se planta: un híbrido obtenido del programa de mejora nacional; el poliploide 'Cabezona', planta con un fruto de gran tamaño muy utilizado en el turismo y una variedad somaclonal, que destaca de su progenitor 'Española roja' por sus características mejoradas. Estos cultivares se caracterizan de forma general por tener mayor rusticidad y menor índice de afectación de plagas y enfermedades. Sus frutos son más fibrosos, menos dulces y pequeños, comparados con el resto de los cultivares.
- Clase II: Es el grupo más pequeño, constituido solamente por dos accesiones del grupo horticultural Pernambuco; son cultivares con características genéticas y morfoagronómicas similares. Estos cultivares son los que tienen el mayor riesgo de erosión genética en el país. Presentan frutos de una forma piramidal muy característica y son extremadamente dulces y jugosos.
- Clase III: Constituida por cinco accesiones del grupo horticultural Cayena, el más importante en el mercado internacional. Se encuentra en esta clase, 'Barón de Rothschild', con características morfológicas diferentes al resto en cuanto a la espinosidad de la hoja, dos introducciones procedentes de Brasil y Hawaii respectivamente, de gran importancia para enriquecer la colección cubana; se encuentra también 'Mocaena', cultivado en una zona aislada de Baracoa en la provincia de Guantánamo, que es una planta con características diferentes al resto del grupo y 'Cayena lisa', que frecuentemente ha sido utilizada como progenitora femenina en programas nacionales de mejora. Son característicos de este grupo los frutos con poca fibra, con un dulzor muy agradable al paladar y un color amarillo muy llamativo, tanto en la cáscara como en la pulpa.

Aunque la colección núcleo se estableció con dominio para los cultivares comerciales, por el valor que presentan las plantas silvestres del género, también se incluyeron las especies: 'Branco' (*Ananas bracteatus* L.), (*Bromelia pinguin* L.), (*Bromelia karatas* L.), Curujey (*Tillandsia* sp.) y Piña de ratón (*Bromelia* sp.).

CONCLUSIONES

La metodología utilizada resulta efectiva en la selección de la colección núcleo a partir del germoplasma nacional, constituida por 16 accesiones que representa el 33,3 % de la variabilidad disponible en la colección base.

REFERENCIAS BIBLIOGRÁFICAS

- Balakrishnan, R.; Nair, N. V. (2003). Strategies for developing core collections of sugar cane (*Saccharum officinarum* L.) germplasm-comparison of sampling from diversity groups constituted by three different methods. Plant Genetic Resources Newsletter 134: 33-41.
- Barrios O. (2010). Los recursos genéticos de ajíes y pimientos (*Capsicum* spp.) en Cuba. Tesis presentada en opción al grado científico de Doctor en Ciencias Agrícolas. La Habana, Cuba, 104 pp.
- Bartholomew, D.; Coppens d'Eeckenbrugge, G.; Ching-Cheng, C. (2010). Pineapple. Hortscience 45(5): 740-742.
- Belaj, A.; Domínguez, M.C.; Atienza, S.G.; Urdíroz, N.M.; Rosa, R.D.; Satovic, Z.; Martín, A.; Kilian, A.; Trujillo, I.; Valpuesta, V.; Río, C.D. (2012). Developing a core collection of olive (*Olea europaea* L.) based on molecular markers (DARs, SSRs, SNPs) and agronomic traits. Tree Genet & Genomes 8: 365-378.
- Benega, R.; Cisneros, A.; Hidalgo, M.; Ramos, J.; Martínez, J.; Pérez, G.; Arias, E.; Isidró, M. (1999). Hybridization in pineapple results and strategies to save time for obtaining and releasing new hybrid varieties for growers. Pineapple New 6: 12-14.
- Bhattacharjee, R.; KhairwalBramel, I.S.; Reddy, K.N. (2007). Establishment of a pearl millet (*Pennisetum glaucum* L.) core collection based on geographical distribution and quantitative traits. Euphytica 155(2): 35-45.
- Borba, T.C.; Brondani, R.P.; Rangel, P.H.; Brondani, C. (2009). Microsatellite marker-mediated analysis of the EMBRAPA rice core collection genetic diversity. Genetica 137: 293-304.
- Brown, A. H. D.; Spillane, C. (1999). Implementing core collections-principles procedures, progress, problems and promise. En: Johnson, R. C.; Hodgkin, T. (eds.). Core Collections for today and tomorrow. IPGRI, Rome: 1-9.
- Brown, A.H.D. (1995). The core collection at the crossroads. En: Core collections of plant genetic resources (Hodgkin, T.; Brown, A.H.D.; van Hintum, Th.J.L.; Morales, E.A.V.; eds.). John Wiley and Sons, Reino Unido, 3-19.
- Carlier, J.D.; Sousa, N.H.; Espírito, T.; Coppens d'Eeckenbrugge, G.; Leitão, J.M. (2012). A genetic map of pineapple [*Ananas comosus* (L.) Merr.] including SCAR, CAPS, SSR and EST-SSR markers. Mol. Breed. 29: 245-260.
- Carpio, D.P.D.; Basnet, R.K.; De Vos, R.C.H.; Maliepaard, C.; Visser, R.; Bonnema, G. (2011). The patterns of population differentiation in a Brassica rapa core collection. Theor. Appl. Genet. 122: 1105-1118.
- Castillo, J.G.; Estévez, A.; Salomón, J. L.; Pérez, A.; Ortiz, U.; Fundora, Z. (2008). Establecimiento y validación de una colección núcleo en el germoplasma cubano de papa. Cultivos Tropicales 29(4): 77-84.
- Del Río, A.; Bamberg, J.B. (2006). Geographical parameters and proximity related species predict genetic variation in the inbred potato species *Solanum verrucosum* Schlecht. Amer. Jour. of Potato Research 81(1): 55-62.
- Dhiwan, N.; McIntosh, M.S.; Bauchan, G.R. (1995). Methods of developing a core collection of annual. Medicagos species. Theor. Appl. Genet. 90: 755-761.
- Di Rienzo, J.A.; Balzarini, M.G.; Casanoves, F.; González, L.A.; Tablada, E.M.; Robledo, C.W. (2008). Manual del Usuario. Grupo InfoStat, FCA, Universidad Nacional de Córdoba. Primera Edición, Editorial Brujas Argentina, 173-175.
- Dwivedi, S.L.; Puppala, N.; Upadhyaya, H.D.; Manivannan, N.; Singh, S. (2008). Developing a Core Collection of Peanut Specific to Valencia Market Type. Crop Sci. 48: 625-632.
- Engels, J.M.M.; Visser, L. (eds.). (2007). Guía para el manejo eficaz de un banco de germoplasma. Manuales para Bancos de Germoplasma. No.6. ISBN: 978-92-9043-767-3. Bioversity International, Roma, Italia.
- FAO (2010). The Second report on the State of the World's Plant Genetic Resources for Food and Agriculture, Rome: 370 pp. ISBN 978-92-5-106534-1.
- Fernández, L. (2009). Identificación de razas de maíz (*Zea mays* L.) presentes en el germoplasma cubano. Tesis presentada en opción al grado científico de Doctor en Ciencias Biológicas. Ciudad de La Habana, Cuba 102 pp.

- Frankel, O.H. (1984). Genetic perspectives of germplasm conservation. En: Genetic manipulation: Impact on man and society (Arber, W.; Llimensee, K.; Peacock, W.J.; Starlinger, P.; eds.). Cambridge University Press, Cambridge, Reino Unido, 161-170.
- Fundora, Z.; Rodríguez, A.; Torres, M.A.; Castiñeiras, L.; Barrios, O.; Shagardsky, T.; Cristóbal, R.; Puldón, V.; Alonso, Y.; Pérez, M. F. (2006). Establecimiento de colecciones “núcleo” en especies de hortalizas, granos básicos y oleaginosas. Informe Final Proyecto Programa Nacional Científico-Técnico de Mejoramiento Vegetal y Recursos Fitogenéticos, Cuba: 122-148.
- Haouane, H.; Bakkali, A.E.; Moukhi, A.; Tollon, C.; Santoni, S.; Oukabli, A.; Modafar, C.E.; Khadari, B. (2011). Genetic structure and core collection of the World Olive Germplasm Bank of Marrakech: towards the optimized management and use of Mediterranean olive genetic resources. *Genetica* 139: 1083-1094.
- Infocomm (2012). Pineapple. Disponible en: <http://www.unctad.info/en/Infocomm/AACP-Products/COMMODITY-PROFILE---Pineapple/>. (Consultado: 25 noviembre de 2013).
- Isidró, M.; Rosales, Y.; Pifferrer, A.; Cisneros, A.; Benega, R.; Carvajal, C. (2003). Caracterización del germoplasma de piña colectado en Cuba mediante prospección nacional: I localización, diversidad genética y situación actual. *Revista Cultivos Tropicales* 24: 65-71.
- Kolmer, J.A.; Hanzalova, A.; Goyeau, H.; Bayles, R.; Morgounov, A. (2013). Genetic differentiation of the wheat leaf rust fungus *Puccinia triticina* in Europe. *Plant Pathology* 62: 21-31.
- Le, L.; Fournier, A.; Laucou, V.; Vezzulli, S.; Lacombe, T.; Adam, A.F.; Boursiquot, J.M.; This, P. (2008). Construction of nested genetic core collections to optimize the exploitation of natural diversity in *Vitis vinifera* (L.) subsp. *sativa*. *BMC Plant Biol.* 8: 31.
- Li, G.S.; Zhang, L.J.; Bai, C.K. (2012). Chinese *Cornus officinalis*: genetic resources, genetic diversity and core collection. *Genet. Resour. Crop Evol.* doi:10.1007/s10722-011-9789-z.
- Li, Y.; Zhang, Z.; Sun, G. (2010). Changes in cell number and cell size during pineapple (*Ananas comosus* L.) fruit development and their relationship with fruit size. *Australian Journal of Botany* 58:673-678.
- Malosetti, M.; Abadie, T.; Germán, S. (2000). Comparing strategies for selecting a core subset for the Uruguayan barley collection. *Plant Genetic Resources Newsletter* 121: 20-26.
- Py, C.; Lacoëuilhe, J.; Teisson, C. (1987). *The pineapple: Cultivation and Uses*. G.P. Maisonneuve et Larose, París, 568 pp.
- Rodríguez, D.; Isidró, M.; Hormaza, J.I.; Petit, S.; Villar, P.; Grajal, M.J. (2012). Genetic characterization of the Cuban pineapple collection by RAPD. *Pineapple New* 19th, 24 pp.
- VanHintum, Th. J. L.; Brown, A. H. D.; Spillane, C.; Hodgkin, T. (2003). Colecciones núcleo de recursos fitogenéticos. Boletín Técnico No. 3 del IPGRI. Instituto Internacional de Recursos Fitogenéticos, Roma, Italia: 9.
- Wang, L.X.; Guan, Y.; Guan, R.X.; Li, Y.H.; Ma, Y.S.; Dong, Z.M.; Liu, X.; Zhang, H.Y.; Zhang, Y.Q.; Liu, Z.X.; Chang, R.Z.; Xu, H.M.; Li, L.H.; Lin, F.Y.; Luan, W.J.; Yan, Z.; Ning, X.C.; Zhu, L.; Cui, Y.H.; Piao, R.H.; Liu, Y.; Chen, P.Y.; Qiu, L.J. (2006). Establishment of Chinese soybean (*Glycine max*) core collections with agronomic traits and SSR markers. *Euphytica* 151: 215-223.
- Yan, W.G.; Rutger, J.N.; Bryant, R.J.; Bockelman, H.E.; Fjellstrom, R.G.; Chen, M.H.; Tai, T.H.; McClung, A.M. (2007). Development and evaluation of a core subset of the USDA rice (*Oryza sativa* L.) germplasm collection. *Crop Sci* 47: 869-878.
- Zhang, H.L.; Zhang, D.L.; Wang, M.X.; Sun, J.L.; Qi, Y.W.; Li, J.J.; Wei, X.H.; Han, L.Z.; Qiu, Z.E.; Tang, S.X.; Li, Z.C. (2011). A core collection and mini core collection of *Oryza sativa* L. in China. *Theor Appl Genet.* 122: 49-61.
- Zhang, Y.; Zhang, X.; Che, Z.; Wang, L.; Wei, W.; Li, D. (2012). Genetic diversity assessment of sesame core collection in China by phenotype and molecular markers and extraction of a mini-core collection. *BMC Genetics* 13: 102.
- Zhao, W.G.; Chung, J.W.; Ma, K.H.; Kim, T.S.; Kim, S.M.; Shin, D.I.; Kim, C.H.; Koo, H.M.; Park, Y.J. (2009). Analysis of genetic diversity and population structure of rice cultivars from Korea, China and Japan using SSR markers. *Genes & Genomics* 31: 283-292.

Recibido: 26 de septiembre de 2013

Aceptado: 17 de enero de 2014