

MAPFORGEN: EL CASO DE LA DIVERSIDAD INTRA-ESPECÍFICA DE *THEOBROMA CACAO* L. EN AMÉRICA LATINA

Thomas E.¹, van Zonneveld M.¹, Signer J.²

¹*Bioversity International, Oficina Regional para las Américas, Cali, Colombia*
e.thomas@cgiar.org; m.vanzonneveld@cgiar.org

²*Centro Internacional de Agricultura Tropical (CIAT), Cali, Colombia*
j.m.signer@gmail.com

Palabras claves: cacao, marcadores moleculares, análisis espacial

INTRODUCCIÓN

El proyecto MAPFORGEN nació de los esfuerzos conjuntos de Bioversity International y el Centro de Investigación Forestal del Instituto Nacional de Investigación y Tecnología Agraria y Alimentaria (CIFOR-INIA, España), en colaboración con la Red Latinoamericana de Recursos Genéticos Forestales (LAFORGEN) y con el apoyo financiero del INIA-España. El objetivo principal de MAPFORGEN es elevar la visibilidad de los recursos genéticos forestales en América Latina y el Caribe, y apoyar acciones para su conservación y uso sostenible.

Una de las maneras de lograr este objetivo consiste en realizar análisis espacial intra-específico de algunas especies arbóreas ‘modelos’ de alto valor socio-económico en América Latina y el Caribe, mediante el uso de marcadores moleculares. Los resultados de este tipo de análisis permiten identificar poblaciones prioritarias para conservación *in situ* con base en marcadores moleculares. Hasta el momento, este tipo de información existe solamente para un número muy limitado de especies.

OBJETIVOS

El objetivo de esta presentación es mostrar cómo la información espacial de la diversidad intra-específica puede servir para facilitar la eficaz identificación de áreas prioritarias de conservación para los recursos genéticos de especies arbóreas, usando el ejemplo del cacao (*Theobroma cacao* L.).

METODOLOGÍA

El presente análisis se basa en el uso de 96 marcadores moleculares microsatélites en 939 diferentes árboles de cacao, originarios de extensas áreas de América Latina, seleccionados de un grupo inicial de 952 individuos tras efectuar un proceso de control de calidad de los registros. Los datos preliminares fueron obtenidos del sitio web de libre acceso del Servicio de Investigación Agrícola del Departamento de Agricultura de los Estados Unidos (USDA-ARS: <http://www.ars.usda.gov/Research/docs.htm?docid=16432>). Los mismos datos también fueron utilizados en la publicación de Motamayor et al. (2008).

La diversidad *alfa* y *beta*, calculada con base en observaciones de alelos, es un factor clave para priorizar áreas de conservación. Además de la riqueza alélica—la medida más sencilla de la diversidad *alfa*—, también se calcularon la heterocigosidad, la diversidad Shannon y los alelos localmente comunes. Para poder identificar patrones espaciales de variación en estos parámetros genéticos, en primera instancia se aplicó un remuestreo de vecindario circular alrededor de todas las observaciones originales. Posteriormente, se calcularon los parámetros genéticos por celda de 10 minutos aplicando la metodología *bootstrapping* para corregir el sesgo muestral. Para estimar la diversidad *beta*, se

agruparon todos los árboles en diferentes conglomerados, aplicando las estadísticas de Bayes. A continuación, dichos conglomerados fueron sometidos a un análisis discriminante de componentes principales. Adicionalmente, se ejecutó un análisis espacial de componentes principales para visualizar el gradiente en la estructura genética de cacao a nivel del continente latinoamericano.

RESULTADOS Y DISCUSIÓN

La aplicación del remuestreo de vecindario circular alrededor de los puntos de observación georreferenciados de los 939 árboles de cacao produjo un total de 26067 árboles, distribuidos sobre 1678 celdas cuadradas de 10 minutos. Dichas celdas contenían entre 1 y 244 árboles diferentes con una mediana de 8 árboles por celda. Para estandarizar las comparaciones de los parámetros genéticos entre las diferentes celdas, se calcularon dichos parámetros con base en submuestras de 8 árboles por celda, obtenidos mediante el método de *bootstrapping*. Esto permitió retener respectivamente 923 celdas (55%) y 23460 árboles (90%) obtenidos después del remuestreo.

Los niveles de riqueza alélica más altos se observan en las cuencas superiores de los afluentes del río Amazonas en Perú, Ecuador y Brasil. Un patrón parecido es obtenido para la riqueza Shannon y la heterocigosidad. Los niveles más altos de alelos localmente comunes (es decir, alelos que ocurren en menos de 25% de todas las celdas y con una frecuencia mayor a 5% por celda) se encuentran en la extensa área amazónica que cubre la frontera entre Perú y Brasil.

Una aplicación de las estadísticas de Bayes permitió asignar los 939 árboles de cacao a diez conglomerados diferentes, que corresponden bastante bien con la clasificación propuesta por Motamayor et al (2008) con base en el mismo conjunto de datos. Se observa una cohesión geográfica bastante consistente para todos los conglomerados. El mayor número de conglomerados se encuentra en la región alrededor de Iquitos, Perú. El análisis discriminante de componentes principales confirma la observación en la literatura acerca de la gran diferencia genética entre los árboles de cacao mesoamericanos y suramericanos, y sustenta un origen netamente amazónico del cacao.

El análisis espacial de componentes principales (AsPC) permite visualizar el gradiente en la estructura genética continental de cacao. Una proyección de los valores de los árboles de cacao, correspondientes al primer eje AsPC en un mapa geográfico, separa los árboles de cacao en dos grandes grupos: uno compuesto por los árboles de Mesoamérica, Ecuador y Colombia, y otro compuesto por todos los árboles mostrados al Este de la frontera occidental de Brasil.

CONCLUSIONES

Una combinación de los patrones observados en la diversidad genética *alfa* y *beta* permite identificar áreas prioritarias de conservación de cacao. Por un lado, es crucial garantizar la conservación *in situ* en áreas con mayor diversidad en alelos (localmente comunes) (diversidad *alfa*), pero también es importante conservar la composición genética existente en los diferentes conglomerados que se desarrollaron a lo largo de muchos siglos de evolución (diversidad *beta*).

BIBLIOGRAFÍA

Motamayor JC, Lachenaud P, da Silva e Mota JW, Loo R, Kuhn DN, et al. (2008) Geographic and Genetic Population Differentiation of the Amazonian Chocolate Tree (*Theobroma cacao* L). PLoS ONE 3(10): e3311