

Caracterización morfoagronómica y molecular de la colección de cacao de la Federación Nacional de Cacaoteros de Colombia

Nubia Martínez Guerrero¹, Gerardo Gallego², Patricia Zapata², Constanza Quintero², Diannefair Duarte¹, Joe Tohme², Oscar Darío Ramírez¹

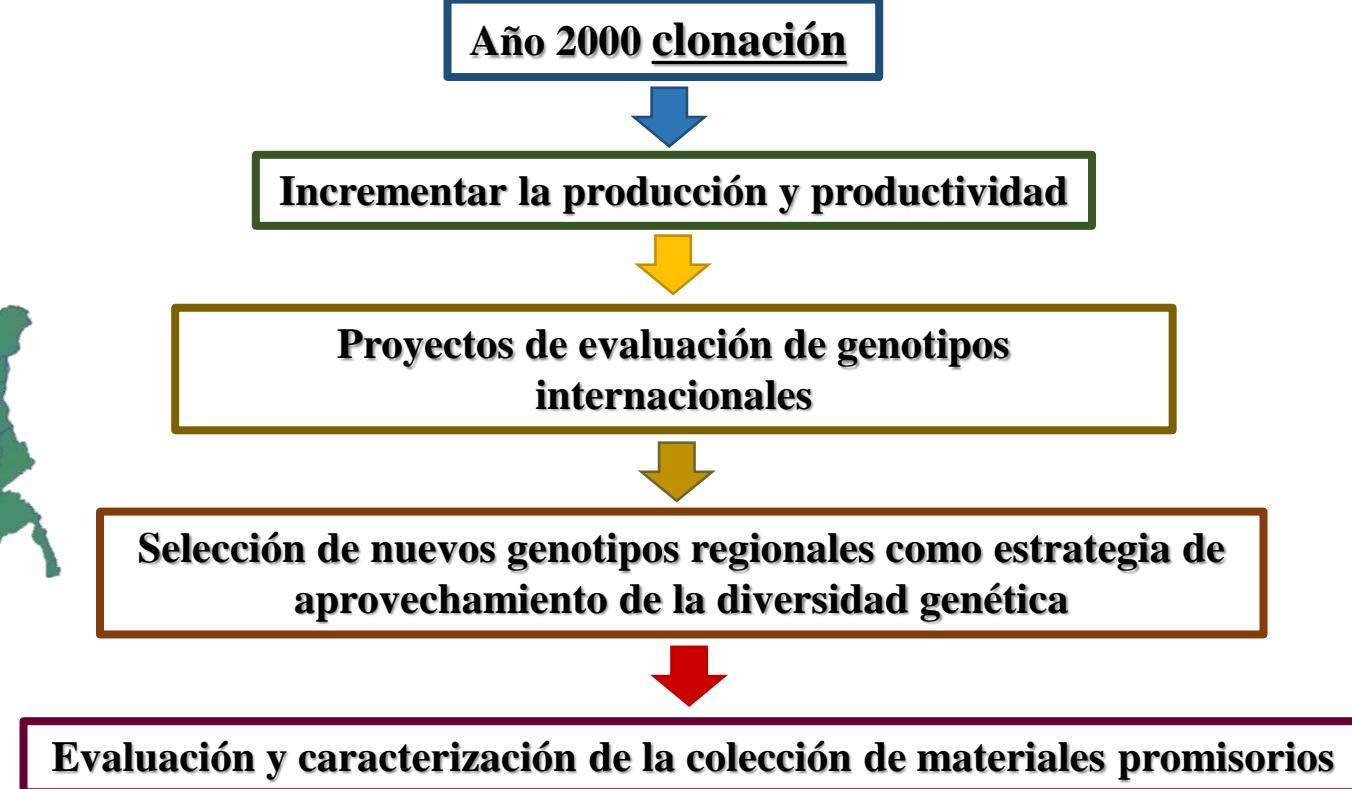
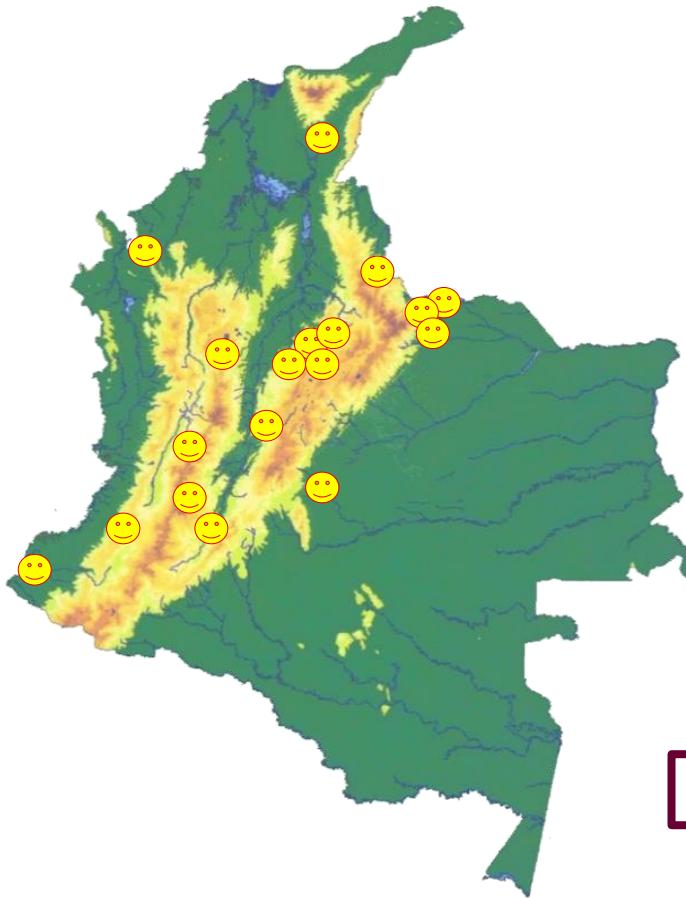
1. Departamento de Investigación. Federación Nacional de Cacaoteros

2. Centro Internacional de Agricultura Tropical

Lima, Noviembre de 2017



Colombia



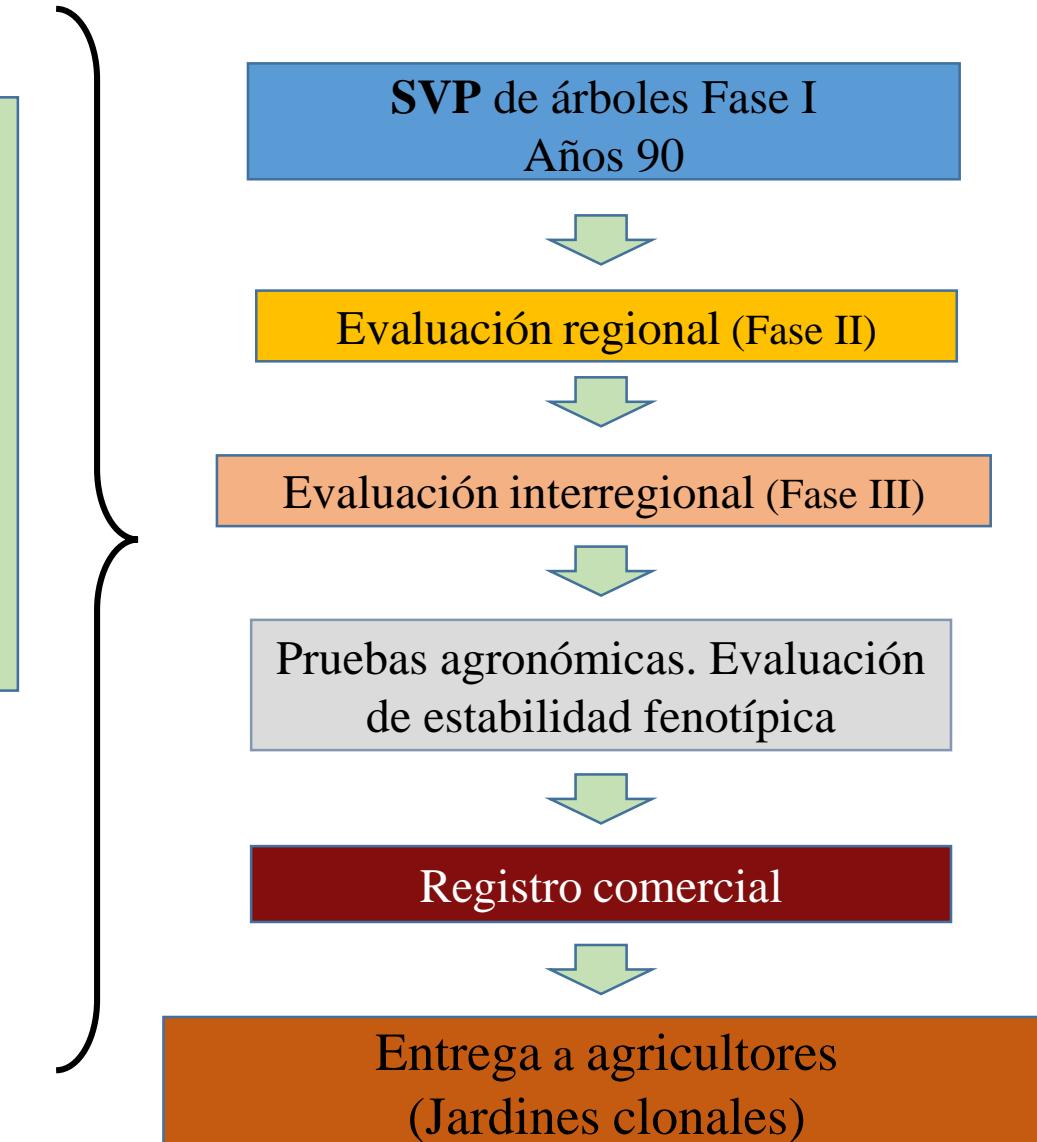
Caracterizar la diversidad genética de 71 genotipos mediante SNP's y evaluar las características morfoagronómicas de 42 genotipos de la colección de FEDECACAO

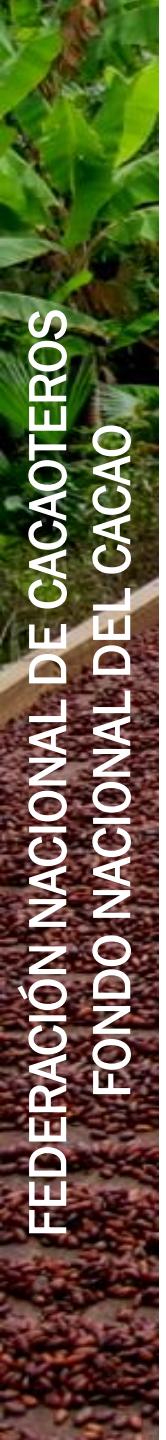
Mejoramiento genético de Fedecacao

Caracterización:

- Morfológica
- Agronómica (Componentes de rendimiento)
- Compatibilidad sexual
- Respuesta a enfermedades principales
- Física y química (Grano)
- Sensorial
- Molecular

**Resolución 5547 ICA. Diciembre de 2013,
Registro de la Unidad de Investigación en
Fitomejoramiento para Cacao**

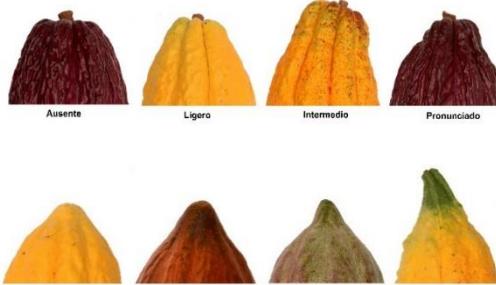
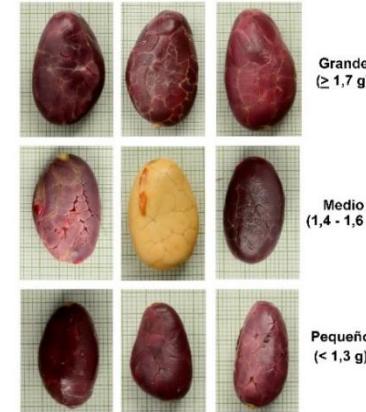
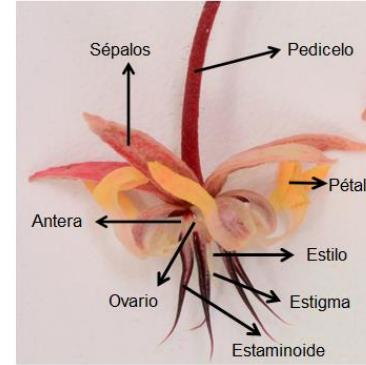
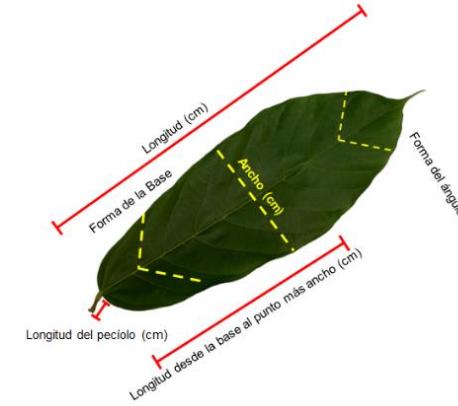




Metodología

Caracterización morfológica

San Vicente de Chucurí, 900 msnm., 1.800 mm, 80% HR, 42 genotipos



Fruto: 19 descriptores

Hoja: 11 descriptores

Flor: 15 descriptores

Grano: 10 descriptores

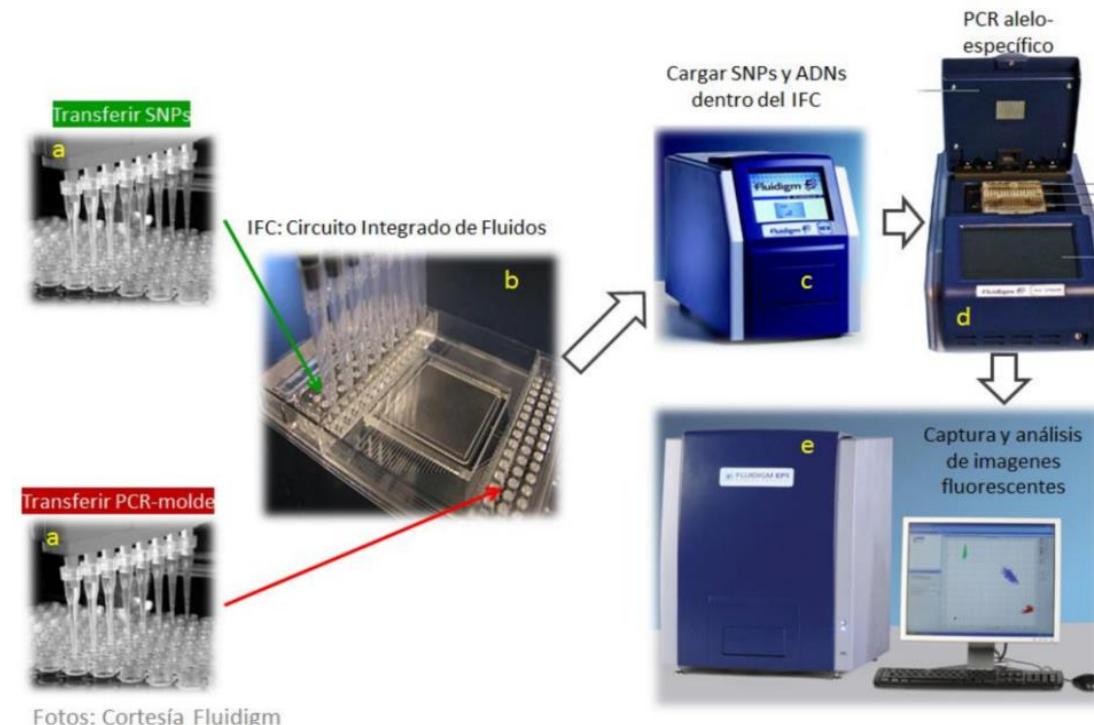
El cacaocultor es lo primero

Caracterización molecular

Hojas juveniles y adultas de 71 genotipos de cacao San Vicente de Chucurí, Santander y Miranda, Cauca; Colección FEDECACAO

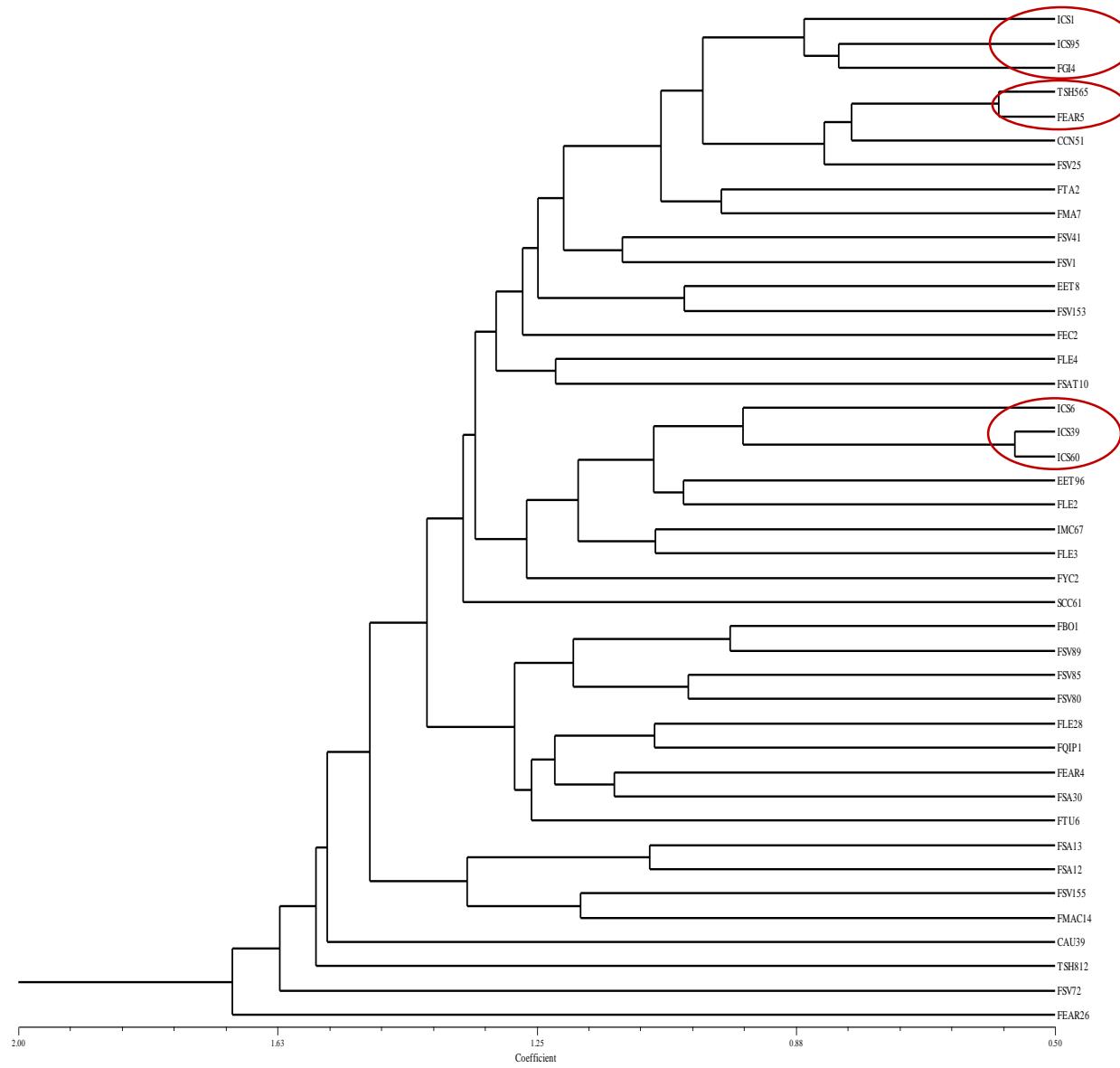
Laboratorio de Genética Molecular y Cultivo de Tejidos del Centro Internacional de Agricultura Tropical – CIAT -. Extracción de ADN, método de Michiels *et al.* (2003), modificado por Zapata (2016)

Genotipificación en plataforma *Fluidigm EP1 System*. Un conjunto de 96 SNPs (Illic *et al.*, 2012; Fang *et al.*, 2013; Ruiz *et al.*, 2004) distribuidos a lo largo de los diez cromosomas del cacao para establecer los perfiles genéticos



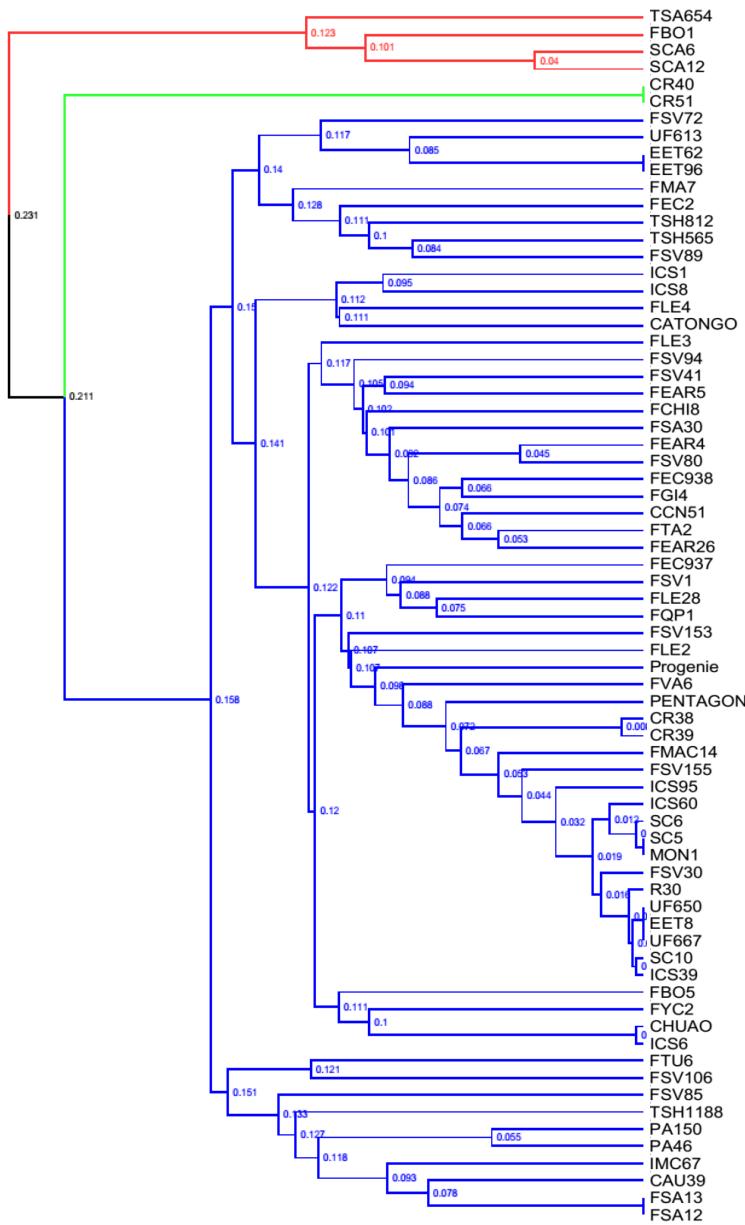
Caracterización morfoagronómica

Resultados



- TSH 565 y FEAR 5 presentan similaridad en características de tipo morfológico y de componentes del rendimiento
- ICS 1, ICS 95 y FGI 4 forman un grupo
- ICS 6, ICS 39 e ICS 60 grupo
- FEAR 26 aparte de todos los genotipos

Caracterización molecular



Duplicados

A = EET 62 y EET 96

B = EET 8 y UF 650

C = MON 1 y SC 5

D = CR40 y CR51

Heterocigocidad promedio: 41.1%

CR40, CR51 y Catongo sin heterocigotos

FSV89 (69.5%) y TSH565 (71.6%)

Índice de Shannon diversidad moderada:0.5

Distancia entre la mayoría de los genotipos reducida

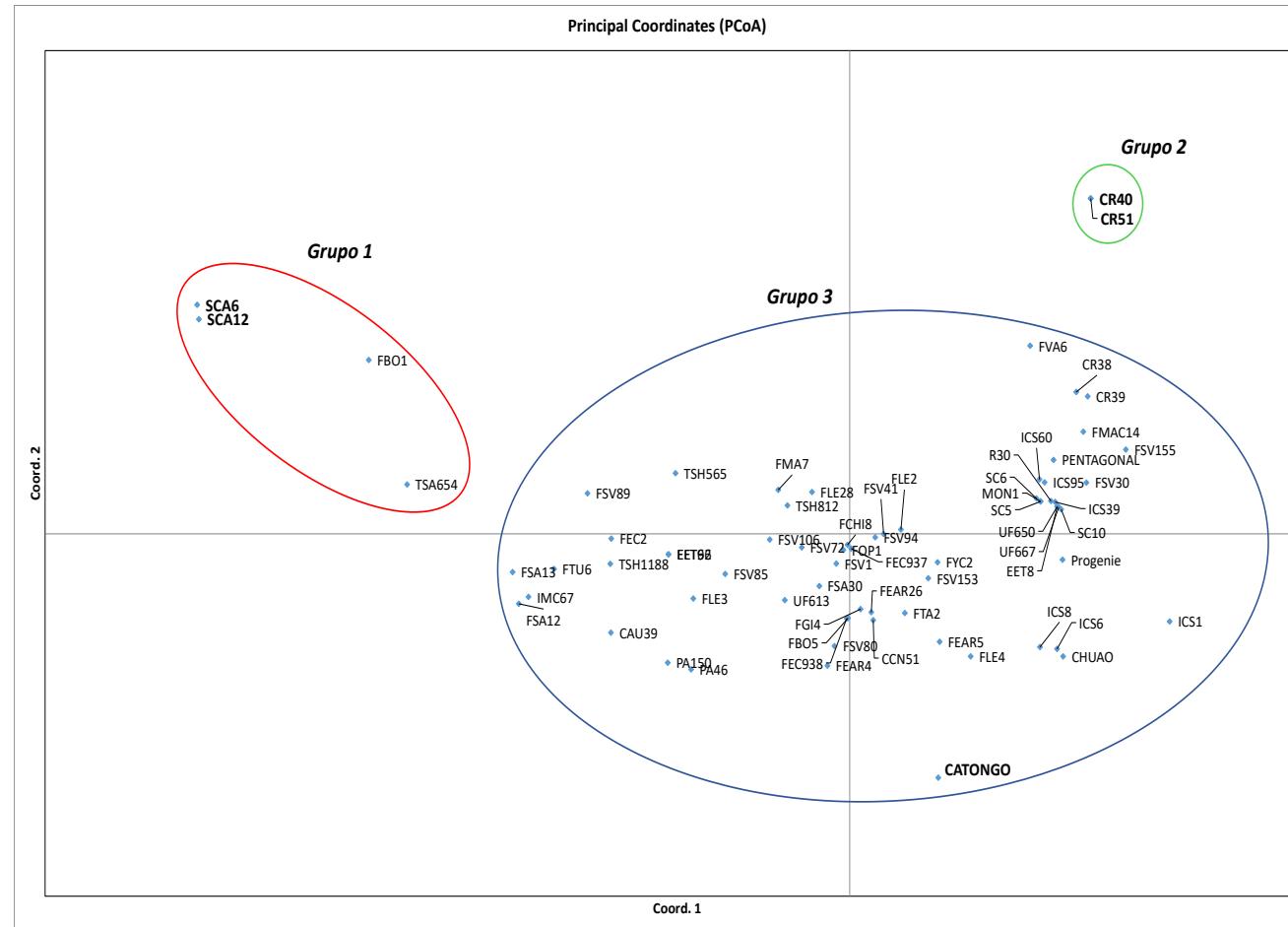
3 grupos: FBO1, TSH656, SCA12 y SCA6

CR40 y CR51

Demás genotipos

Poca diferenciación genética entre FSA12 y FSA13 UF667 con UF650 y EET8

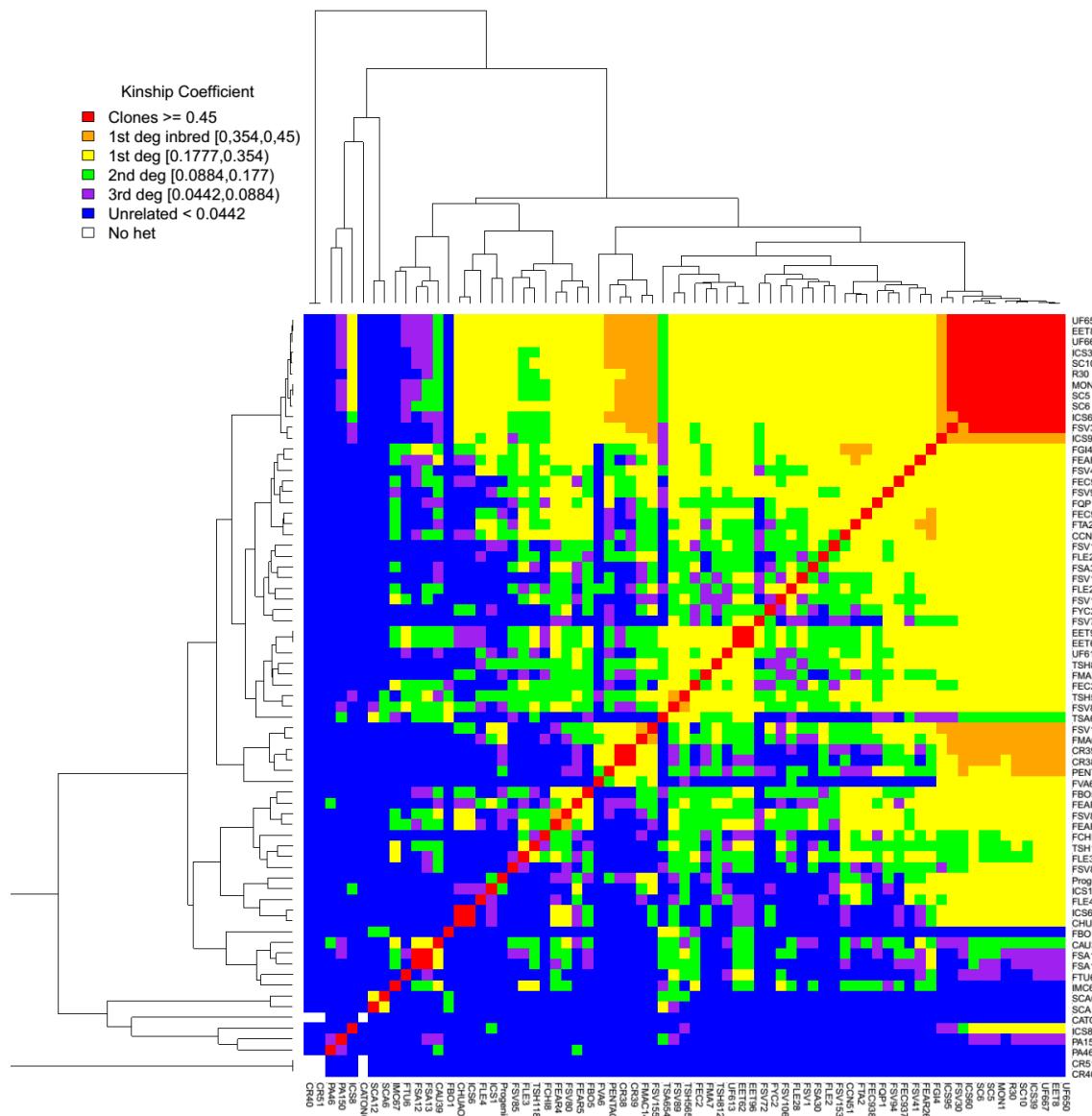
Análisis de Coordenadas Principales (PCoA)



Agrupaciones de genotipos que corresponden con los grupos identificados en el dendograma de distancias.

FBO1 y TSA654 se encuentran en un punto intermedio entre el grupo 3 y 1.

Heatmap a partir de la matriz de coancestría (kinship)



UF 650, EET 8, UF 667, ICS 39, SC 10, R 30, MON 1, SC 5, SC 6, ICS 60, y FSV 30; forman un grupo que comparte alto grado de parentesco.

Homocigotos (Catongo, CR40 y CR51) no fueron comparados entre ellos, sin embargo muestran alta diferenciación respecto al resto de individuos.

Alta diferenciación son SCA6 y SCA12 que fueron identificadas dentro del grupo 1 en el dendograma.

FBO 1 y TSA 654 mostraron compartir un mayor grado de parentesco con otros materiales.

CS 8, PA 46 y PA 150 alta diferenciación indicando que no están cercanamente emparentados con los demás genotipos.

Conclusiones

- Los análisis realizados indican que el conjunto de marcadores SNP usados fueron eficientes en la caracterización de la diversidad genética de cacao, ya que permitieron la obtención 67 perfiles genéticos y la identificación de posibles duplicados.
- Es importante aumentar el número de materiales con diferenciación agronómica y procedencias geográficas diversas.
- El presente estudio indica un alto grado de relación entre los individuos evaluados y en general, una moderada diferenciación genética
- Aporte para proyectos de mejoramiento genético del cacao en Colombia



Referencias

- Argout X., Salse J., Aury J.M., Guiltinan M.J., Droc G., Gouzy J., Allegre M., Chaparro C., Legavre T., Maximova S.N., et al. (2011) The genome of *Theobroma cacao*. *Nature Genetics* 43: 101–108.
- Berel P. (2005) Pairwise distance methods. Computational Evolutionary Biology Course. BSC5936-Fall 2005.
- Bertolde F.Z., De Almeida A.A., Correa R.X., Gomes F.P., Gaiotto F.A., Baligar V.C., Lopes L. (2010) Molecular, physiological and morphological analysis of waterlogging tolerance in clonal genotypes of *Theobroma cacao* L. *Tree Physiology* 30: 56-67.
- Chao A., Jost L., Hsieh T.C., Ma K.H., Sherwin W.B., Rollins L.A. (2015) Expected Shannon Entropy and Shannon Differentiation between Subpopulations for Neutral Genes under the Finite Island Model. *PLoS ONE* 10(6).
- Danecek P., Auton A., Abecasis G., Albers C.A., Banks E., DePristo M.A., Handsaker R., Lunter G., Marth G., Sherry S.T., McVean G., Durbin R. y 1000 Genomes Project Analysis Group. (2011) The Variant Call Format and VCFtools. *Bioinformatics* 27 (15): 2156-2158.
- Fang W., Meinhardt L.W., Mischke S., Bellato C.M., Motilal L., Zhang D. (2013) Accurate Determination of Genetic Identity for a Single Cacao Bean, Using Molecular Markers with a Nanofluidic System, Ensures Cocoa Authentication. *J Agric Food Chem*
- Fluidigm® SNP Genotyping Analysis Software v3. User Guide. © Fluidigm Corporation. All rights reserved. 90p.
- Ilic K., D. Zhang, X. Wang, R.C. Jones, L. Meinhardt, J. Wang. (2012) Cacao Germplasm Characterization with 48-SNP Genotyping Panel using Fluidigm® SNPtypeTM Assays and Dynamic ArrayTM Integrated Fluidic Circuits. [Poster], P0196. PAG January 14-18. San Diego, California.
- Ji K., Zhang D., Motilal L.A., Boccaro M., Lachenaud P., Meinhardt L.W. (2013) Genetic diversity and parentage in farmer varieties of cacao (*Theobroma cacao* L.) from Honduras and Nicaragua as revealed by single nucleotide polymorphism (SNP) markers. *Genet. Resour. Crop Evol.* 60, 441-453
- Kubik C., Honig J., Meyer W., Bonos, S. (2009) Genetic diversity of creeping bentgrass cultivars using SSR markers. *International Turfgrass Society Research Journal* (11).
- Lanaud C., Fouet O., Gramacho K., Argout X. et al. (2006) A large EST resource for *Theobroma cacao* including cDNAs isolated from various organs and under various biotic and abiotic stresses. In: Proceedings of the 15th international cocoa research conference, San Jose, Costa Rica, 185-191.
- Liu K., Muse S.V. (2005) PowerMarker: an integrated analysis environment for genetic marker analysis. *Bioinformatics*. 21(9): 2128-2129.
- Manichaikul A., Mychaleckyj J.C., Rich S.S., Daly K., Sale M., Chen W.M. (2010) Robust relationship inference in genome-wide association studies. *Bioinformatics* 26 (22):2867–2873.
- Marita J.M., Nienhuis J., Pires J.L., Aitken W.M. (2010) Analysis of Genetic Diversity in *Theobroma cacao* with Emphasis on Witches' Broom Disease Resistance. *Crop Sci.* 41:1305–1316.
- Michiels A., Van Den Ende W., Tucker M., Van Riet L., Van Laere A. (2003) Extraction of high-quality genomic DNA from latex-containing plants. *Analytical Biochemistry* 315 (1):85-89.
- Motamayor JC, Risterucci AM, Lopez PA, Ortiz CF, Moreno A, Lanaud C (2002) Cacao domestication I: the origin of the cacao cultivated by the Mayas. *Heredity* 89: 380-386.
- Motamayor J.C., Lachenaud P., da Silva e Mota J.W., Loor R., Kuhn D.N., Brown J.S., Schnell R.J. (2008) Geographic and genetic population differentiation of the Amazonian chocolate tree (*Theobroma cacao* L.). *PLoS ONE* 3: e3311.
- Motamayor J.C., Mockaitis K., Schmutz J., Haiminen N., Livingstone D., Cornejo O., Findley S.D., Zheng P., et al. (2013) The genome sequence of the most widely cultivated cacao type and its use to identify candidate genes regulating pod color. *Genome Biology Jun* 3; 14:r53
- Nei M. (1972) Genetic distance between populations. *American Naturalist*. 106: 283-292.
- Peakall R., Smouse P., HUFF D.R. (1995) Evolutionary implications of allozyme and RAPD variation in diploid populations of Buffalograss. *Molecular Ecology* 4 (2): 135-147.
- Peakall R., Smouse P.E. (2012) GenAIEx 6.502: genetic analysis in Excel. Population genetic software for teaching and research-an update. *Bioinformatics*. Oct 1; 28(19):2537-9.
- Quintero C., Zapata Y., Silva E. (2015) Guía Práctica para genotipado de SNPs usando el sistema EP1 y SNPtype Assays de Fluidigm versión F_03. Manual interno del Laboratorio de Genética Molecular y Cultivo de Tejidos MGTCL del CIAT.
- R Core Team (2013) R: A language and environment for statistical computing. R Foundation for Statistical Computing, Vienna, Austria. [URL <http://www.R-project.org/>]
- Rambaut A. (2016) FigTree V1.4.2: Tree figure drawing tool. Institute of Evolutionary Biology, University of Edinburgh. [URL: <http://tree.bio.ed.ac.uk/>]
- Rehem B.C., Almeida A.F.,Corrêa R.X., Gesteira A.S., Yamada M.M., Valle R.R. (2010) Genetic mapping of *Theobroma cacao* (Malvaceae) seedlings of the Parinari series, carriers of the lethal gene Luteus-Pa. *Genetics and Molecular Research* 9 (3): 1775-1784.
- Reif J.C., Melchinger A.E., Frisch M. 2005. Genetical and Mathematical Properties of Similarity and Dissimilarity Coefficients Applied in Plant Breeding and Seed Bank Management. *Crop Science* 45:1-7.
- Ruiz M., Rouard M., Lartaud M., Lagoda P., Courtois B. (2004) TropGENE-DB, a multi-tropical crop information system. *Nucleic Acids Research*, 32: 364-367,
- Sereno M.L., Albuquerque P.S.B., Vencovsky R.; Figueira A. (2006) Genetic diversity and natural population structure of cacao (*Theobroma cacao* L.) from the Brazilian Amazon evaluated by microsatellite markers. *Conservation Genetics* 7: 13-24.
- Smouse P. E., Peakall R. (1999) Spatial autocorrelation analysis of individual multiallele and multilocus genetic structure. *Heredity* 82 (5):561-573.
- Zapata Y. (2016) Protocolo para extracción de ADN de Cacao V.2. Manual interno del Laboratorio de Genética Molecular y Cultivo de Tejidos MGTCL del CIAT

