

Diversidad genética de cacao en el Ecuador

Evert Thomas¹, Rey Loor², Xavier Argout³, Olivier Fouet³, Fanny Zambrano Flores^{1,2}, Dapeng Zhang⁴

¹ Bioversity International, La Molina, Lima, Peru

² INIAP, Estación Experimental Tropical Pichilingue, Quevedo, Los Rios Ecuador

³ CIRAD, UMR AGAP Institut, Montpellier, Francia

⁴ USDA, Beltsville, Estados Unidos

I. Introducción

El cacao, como especie botánica, se originó hace aproximadamente 10 millones de años (Richardson et al., 2015). Ha tenido un periodo muy largo de evolución como consecuencia de cambios climáticos pasados y la interacción con otra fauna y flora antes de la llegada de los primeros humanos a las Américas hace apenas 15 a 30 mil años atrás (Ardelean et al., 2020). La llegada del humano a las Américas coincidió con el periodo de la última glaciación. Durante este periodo una reducción en la precipitación probablemente causó un fuerte impacto en la vegetación del área que hoy día conocemos como la cuenca Amazónica, probablemente cubierta por áreas de bosque húmedo tropical intercaladas por otros tipos de vegetación como los bosques secos.

Como consecuencia, los primeros humanos que llegaron a la cuenca Amazónica encontraron diferentes áreas boscosas con cacao separados por otros tipos de vegetación y la adaptación a condiciones de crecimiento locales dio origen a diferentes variedades o ecotipos de cacao (Thomas et al., 2012). Al encontrarse con esta diversidad de cacaos, las primeras poblaciones humanas iniciaron los procesos de domesticación, inicialmente mediante la selección de árboles con mazorcas de mejor sabor de pulpa fresca que llevaron a sus campamentos donde inicialmente germinaron entre los desechos de cocina y gradualmente se comenzó a cultivar y distribuir sobre mayores distancias. De esta manera, el humano se convirtió en el dispersor más importante de cacao hasta el día de hoy. De hecho, es muy probable

Citación sugerida para primer capítulo:

Evert Thomas, Rey Loor, Xavier Argout, Olivier Fouet, Fanny Zambrano Flores, Dapeng Zhang (2024). Diversidad genética de cacao en el Ecuador. pp. 7-39 en Catalogo de cacaos de Ecuador. Evert Thomas, Fanny Zambrano Flores, Rey Loor (Eds.) Bioversity International y INIAP, Quevedo, Los Rios, Ecuador.



que el dispersor original de cacao se extinguió como consecuencia de los cambios climáticos de la última glaciación en combinación con la caza humana.

Desde los primeros intentos de selección y cultivo, los humanos comenzaron a ampliar la diversidad de cacao que encontraron originalmente. Como resultado, hoy en día contamos con

múltiples grupos genéticos de cacao a nivel mundial (Motamayor *et al.*, 2008). Estos grupos genéticos son una combinación de 3 orígenes predominantes: origen natural, origen humano (cultivares), y grupos de origen natural que muestran huellas de procesos de domesticación humana. Un análisis de la diversidad genética de cacao enfocado en Ecuador (Fouet *et al.*, 2022; Argout *et al.*, 2023) y Perú (Thomas *et*

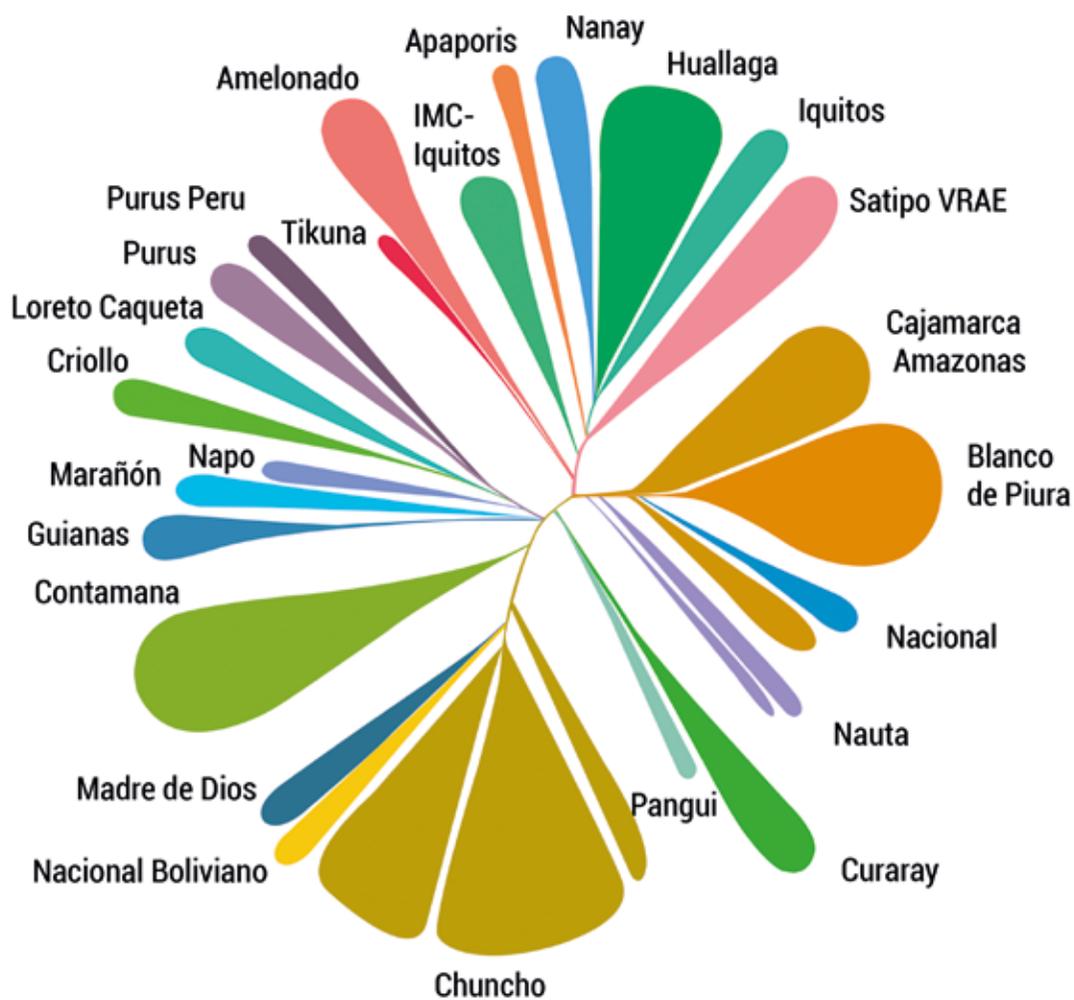


Figura 1. Árbol genético de grupos genéticos silvestres y cultivares ancestrales construido con base en datos genéticos SNP mediante la distancia genética de Edwards y el algoritmo Neighbour Joining.

al., 2023) y tomando en cuenta muestras representativas de los diez grupos genéticos descritos anteriormente por Motamayor *et al.* (2008), ha revelado unos veinticinco grupos genéticos de cacao representando poblaciones silvestres y cultivares ancestrales y mucho de ellos tienen presencia en el Ecuador. La Figura 1 presenta un árbol genético construido con base en datos genéticos SNP mediante la distancia genética de Edwards y el algoritmo Neighbour Joining. Visualiza los veinticinco grupos genéticos y su relacionamiento aproximativo.

El objetivo principal del presente catálogo es de poner en vitrina la diversidad de cacaos nativos y/o locales que tienen un uso comercial en crecimiento en el Ecuador. En este primer capítulo introductorio presentamos los diferentes grupos genéticos que tengan presencia en el Ecuador, sea de origen nativo, o como consecuencia de introducción humana. Consideramos que esta información ayudará a interpretar la composición genética de los diferentes genotipos caracterizados en fincas de agricultores y en colecciones de cacao que se presentarán en la parte posterior del catálogo.

La caracterización genética de las muestras colectadas en el Ecuador fue liderada por la Alianza de Biodiversidad Internacional y el Centro Internacional para la Agricultura Tropical (CIAT) y el Instituto Nacional de Investigaciones Agropecuarias de Ecuador (INIAP) en colaboración con el Servicio de Investigación Agrícola (ARS) del Departamento de Agricultura de los Estados Unidos (USDA). La

caracterización genética se realizó dentro del marco de la resolución N° NAC-DNCRASC20-00000001 y número de autorización 231120220117681888300012032001000061400000000211 emitida por la Agencia de Regulación y Control Fito y Zoonosanitario. El muestreo se realizó principalmente en fincas de agricultores (Figura 2). El lugar de colecta sin embargo no es necesariamente un indicador confiable para diferenciar variedades silvestres de cacaos domesticados o en proceso de domesticación. De un lado los mismos agricultores muchas veces colectan semillas en poblaciones silvestres que establecen en sus fincas. De otro lado cacaos que hoy se encuentran en bosque alto alguna vez fueron cultivados por la gente y se mantuvieron cuando el área fue abandonada y el bosque regresó.

El proceso de domesticación en cacao es un proceso continuo que, como mencionado arriba, probablemente arrancó con la llegada de los primeros humanos a la cuenca Amazónica. La evidencia más antigua e indiscutible de esta domesticación son los restos arqueológicos de la cultura Moche-Chinchipe-Marañón ubicada en la parte Amazónica del sud ecuatoriano, norte peruano, y data de más de 5.200 años atrás (Olivera-Núñez 2018; Zarrillo *et al.*, 2018). Entre los cacaos domesticados o en proceso de domesticación se destacan los cultivares tradicionales que claramente se pueden distinguir por su composición genética que evidencia la huella de intervención humana, típicamente manifestado por fijación de genes relacionados con rasgos de



Hombre y mujer del grupo indígena Waorani sosteniendo una barra de chocolate y frutos de cacao locales (foto: Fabián Fernández, INIAP)

interés humano y reducción de diversidad alélica. Por ejemplo, dentro de los tres cultivares tradicionales Criollo, Nacional y Catongo/Amelonado (Figura 1) existen genotipos de granos blancos, probablemente seleccionados y mantenidos por el ser humano para sus características organolépticas menos amargas. Estos tres cultivares tradicionales son los más conocidos creados por las poblaciones indígenas precolombinas, pero hay indicaciones que existen otros como el grupo genéticos Cajamarca-Amazonas que es compartido entre Ecuador y el Perú y posiblemente corresponde al mismo cacao que fue sujeto a procesos de domesticación por parte de la cultura Moche-Chinchipec-Marañón mencionado arriba.

Después de la colonización europea se intensificó el cultivo de cacao en las Américas, dando origen a nuevos procesos de domesticación enfocados en la creación de híbridos entre cacaos de diferentes grupos genéticos, principalmente relacionado a la búsqueda de cacaos más productivos y resistentes a plagas y enfermedades. De hecho, actualmente la mayoría del cacao cultivado en las Américas corresponde a híbridos de orígenes múltiples. Entre los primeros híbridos que llegaron a tener éxito en la producción comercial del cacao están los Trinitarios, llamados así por haber originado en Trinidad y Tobago. En la isla se solía cultivar cacao del grupo genético criollo hasta que la devastación de la producción por la introducción de la *Monilia* llevó a la introducción de cacaos pertenecientes al grupo Amelonado.

Como resultado de polinización abierta en campos de agricultores entre árboles del grupo genético Criollo y el grupo Amelonado comenzaron a surgir híbridos entre los dos grupos algunos de los cuales mostraron un desempeño en cuanto a productividad y resistencia a plagas superior a los materiales originales. Algunos de estos híbridos fueron seleccionados y distribuidos internacionalmente, incluso en Ecuador. Entre los más conocidos se destacan los ICS-1, 6, 39 y 95, abreviación de la Imperial College Selection. Todos estos genotipos tienen una composición genética única, a pesar de que todos representan cruces de árboles madre pertenecientes a los grupos genéticos Criollo y Amelonado.

Una situación muy parecida ocurrió en la costa de Ecuador donde el cacao del grupo genético Nacional es nativo desde tiempos precolombinos. Aquí también la devastación de la producción por escoba de bruja y moniliasis condujo a la sustitución gradual del Nacional “ancestral” por una población de Nacionales “modernos” resultantes de híbridos entre los genotipos Nacional y Trinitario, presentes en los bancos de germoplasma ecuatorianos. (Loor et al. 2009). Entre los más conocidos híbridos de este tipo se encuentran varios de los cacaos EET, creados en la Estación Experimental Tropical Pichilingue del INIAP Ecuador e introducidos en varias partes de Ecuador y países vecinos.

El cacao híbrido tal vez más famoso y más usado en el Ecuador, el CCN51 (Colección Castro Naranjal), surgió en la

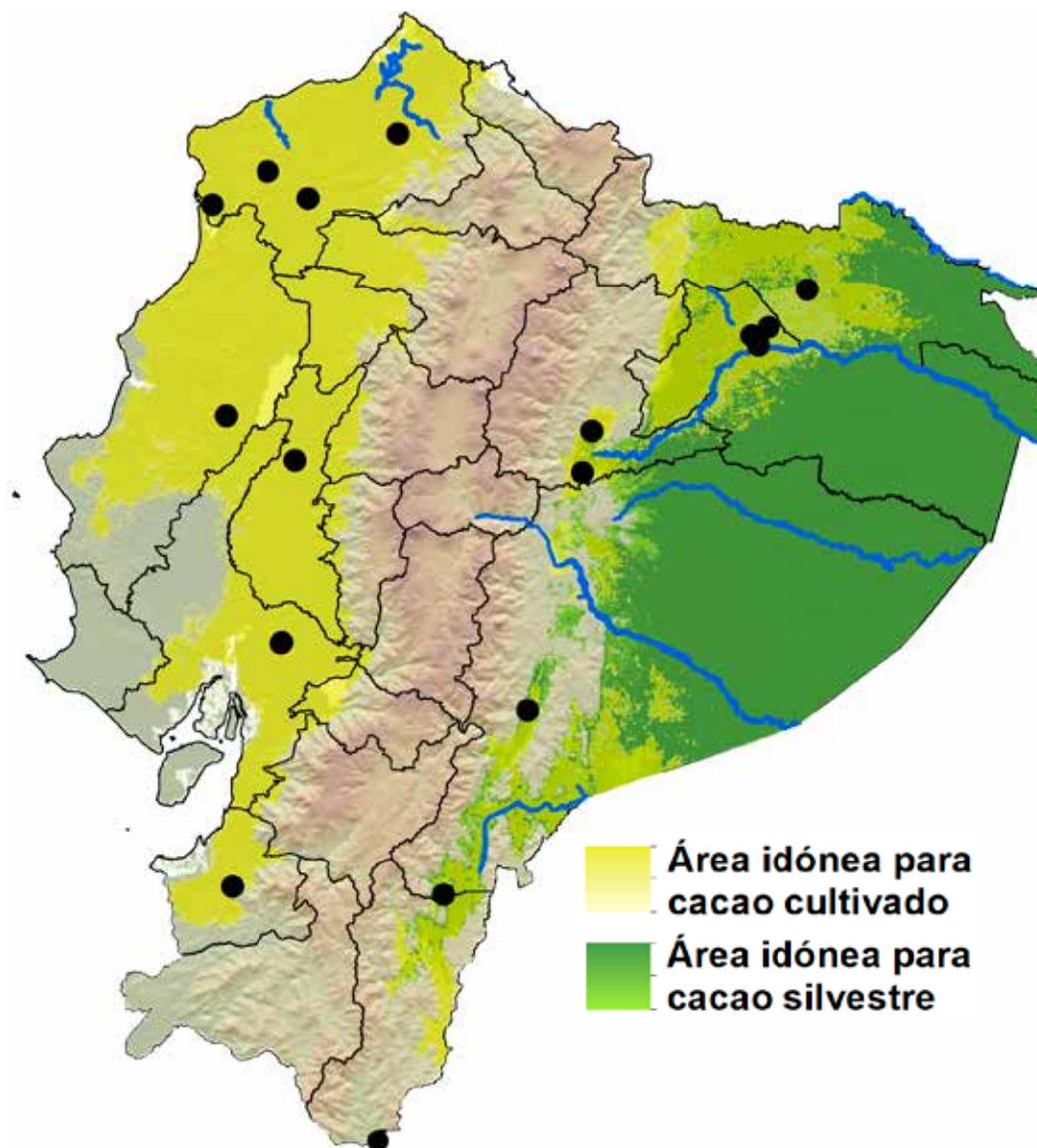


Figura 2. Distribución de áreas idóneas para cacao cultivado (a escala comercial) y silvestre (basado en Ceccarelli *et al.*, 2024), y localización de puntos de muestreo para caracterización genética.

finca del agrónomo Homero Castro, como resultado de polinización cruzada entre un cacao Trinitario (híbrido entre Criollo y Amelonado) y un cacao IMC (Iquitos Mixed Calabacillo), perteneciendo al grupo genético Iquitos (Boza et al., 2014).

Considerando que muchos de los híbridos arriba mencionados al igual que otros más de diferentes orígenes extranjeros fueron introducidos muchas veces hasta décadas pasadas, se han recombinado con otros cacaos de diferente composición





Niña Waorani disfrutando de la pulpa de cacao en una comunidad del Río Napo, Yasuni, Napo (foto: Jan Schubert)

genética resultado de propagación sexual en los campos de agricultores. Por ende, en la mayoría de los casos ya no son híbridos puros con una composición genética única, pero representan acervos genéticos donde una buena parte del genoma de los híbridos originales se ha recombinado con genomas de diferentes orígenes. En este sentido consideramos que es más pertinente referir a estos cacaos como cultivares modernos.

En lo que sigue presentamos los diferentes grupos genéticos que se pueden diferenciar en nuestro muestreo. Distinguimos entre grupos genéticos que representan cultivares tradicionales, grupos que son de origen predominantemente natural, y cultivares modernos. Es importante resaltar que esta clasificación es preliminar y puede cambiar a futuro cuando más datos se vuelvan disponibles. Sin embargo, consideramos que es una clasificación pragmática para caracterizar la diversidad de cacao que hemos muestreado.

La caracterización genética de la mayoría de las muestras se realizó con base en 308 marcadores SNP y un 20% de muestras con base 91 marcadores SNP. Aparte de las 184 muestras colectados en el marco del presente catálogo en el Ecuador, incluimos también 4.256 muestras de Perú (Thomas et al., 2023) y 95 muestras de grupos puros identificados en las publicaciones de Fouet et al. (2022) y Argout et al. (2023). Finalmente, se consideraron también 323 muestras representativas de los diez grupos genéticos descritos por Motamayor et al. (2008): Criollo, Nacional, Amelonado,

Guianas, Marañon, Iquitos, Curaray, Purús, Nanay y Contamana. Usamos el software Structure (Pritchard, Stephens, & Donnelly, 2000) para determinar la composición genética de cada genotipo analizado, considerando escenarios de 10 hasta 35 diferentes grupos ($K=10-35$). Está claro que existe un sinfín de procesos de hibridación entre diferentes grupos genéticos, tanto en el mundo silvestre como en las plantaciones de los agricultores. En los mapas que visualizan la distribución de cada grupo genético solo incluimos aquellos individuos que tienen una probabilidad de parentesco $>80\%$ a dicho grupo genético.

Los grupos genéticos de cacao se han movido mucho en el país, inicialmente mediante procesos de intercambio y expansión por parte de los pueblos indígenas y en las últimas décadas a través de una plétora de proyectos y personas activos en la cadena de valor del cacao que colectaron semillas o varas yemeras en un lado del país y lo llevaron a otra parte, o introdujeron material genético desde otros países. Eso dificulta la identificación del origen y la distribución natural de muchos grupos genéticos. Para facilitar esa identificación nos guiamos por aquellos árboles de cacao que combinan mayor edad con la probabilidad de parentesco más alta. Sin embargo, en ausencia de un muestreo más sistemático, particularmente en vegetación silvestre, nuestras inferencias acerca de orígenes y distribución nativa de los grupos genéticos deben considerarse como una primera indicación que puede cambiar a futuro.





Cacaos antiguos en la comunidad Mono Bravo, Esmeraldas (foto: Jan Schubert)

II. Grupos genéticos de cacao silvestre y cultivares ancestrales con presencia en el Ecuador

Se trata de grupos genéticos con las siguientes características:

1. formaron como consecuencia de procesos naturales y/o procesos de domesticación humana que iniciaron en tiempos precolombinos (ver Figura 1);
2. están presentes en el Ecuador representados por genotipos puros o como parte del genoma de cacaos híbridos; y
3. tienen origen en el Ecuador u otras partes de la distribución del cacao en Latinoamérica.

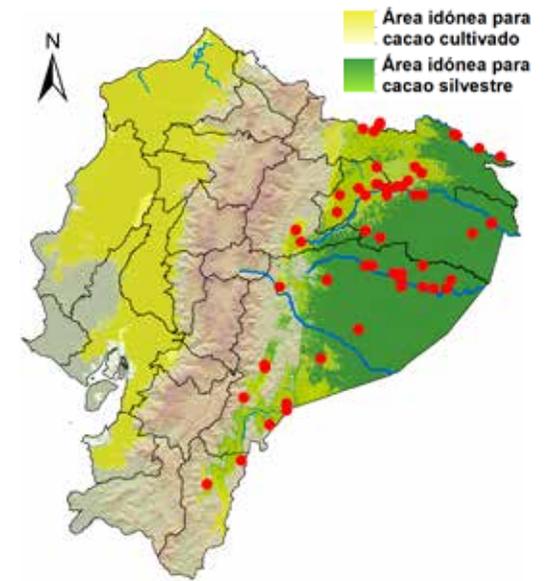


Grupos genéticos de cacao silvestre y cultivares ancestrales nativos del Ecuador

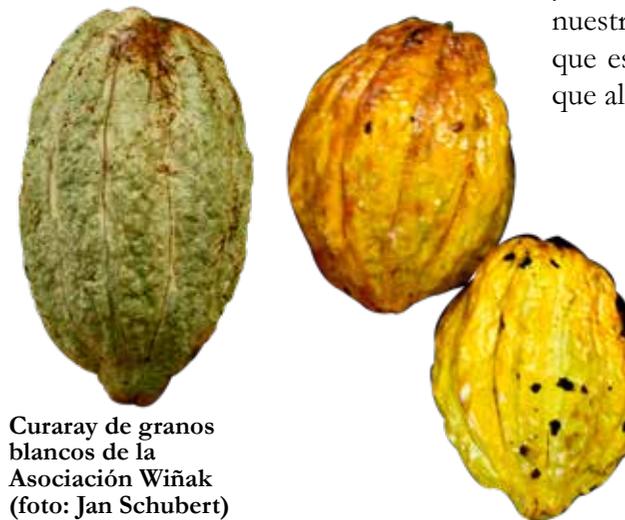
1. Curaray

En grupo genético Curaray representa el principal grupo silvestre nativo del Ecuador. El área de distribución “natural” del Curaray parece ser muy vasta en la zona boscosa entre Puerto Morona (aguas arriba del río Morona) en el sur y hasta el norte de Napo, pasando por la región del río Curaray.

No es un grupo muy usado para el cultivo comercial y tampoco ha sido empleado mucho en la creación de híbridos. Sin embargo, en el catálogo se presentan unos cacaos puros del grupo Curaray promovidos por la comunidad nativa Wiñak que se destacan por tener granos blancos casi esféricos. De otro lado, Curaray ha sido identificado como uno de los progenitores del cacao Delg1 muestreado por Zamora Chinchipe, al



igual como el EET400. Algunos estudios han identificado como grupo ancestral de tanto el grupo nacional ecuatoriano como el grupo Criollo centroamericano. Sin embargo, aún no existe consenso sobre estas hipótesis y hacen falta más muestras y análisis para salir de la duda. De hecho, nuestros propios datos (Figura 1) sugieren que esta más cercano al grupo nacional que al grupo Criollo.



Curaray de granos blancos de la Asociación Wiñak (foto: Jan Schubert)



Grupo Genético Curaray

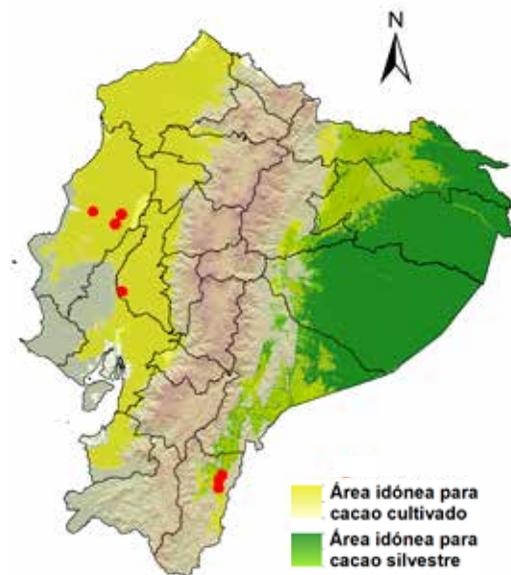
Curaray puro (foto: Olivier Fouet)



2. Nacional

El grupo genético Nacional representa uno de los tres cultivares tradicionalmente reconocidos en el cacao. Tiene su origen en la provincia de Zamora Chinchipe en la región amazónica del sur de Ecuador (Loor et al., 2012; Fouet et al., 2022). Posiblemente está relacionado a la domesticación del grupo Cajamarca-Amazonas (Figura 1) que actualmente está compartido entre el sur de Ecuador y el norte de Perú más de 5.000 años atrás (Olivera-Núñez 2018; Zarrillo et al., 2018). Cacaos pertenecientes al grupo nacional fueron introducidos a la costa en tiempos precolombinos a través de rutas de negocio a lo largo de los Andes (Loor Solorzano et al 2012).

Desde la introducción de material genético de cacao de otros orígenes a la costa ecuatoriana como respuesta a la destrucción de la producción de cacao por moniliasis y escoba de bruja en la primera parte del siglo pasado desaparecieron casi



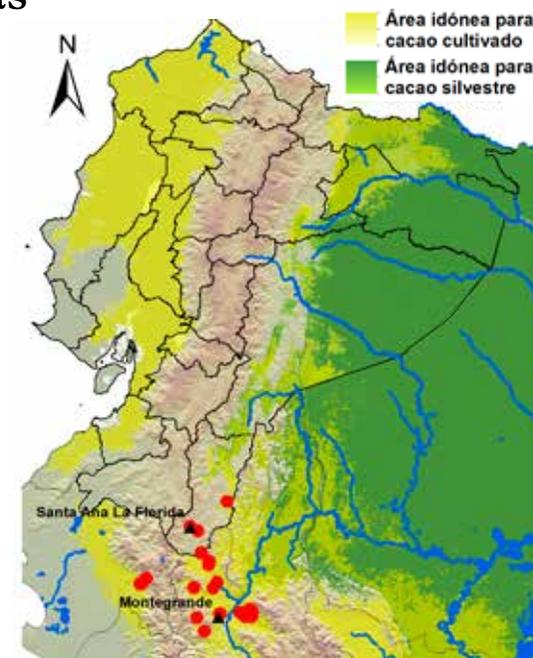
por completo las plantaciones de cacao Nacional puro. Actualmente la mayoría de plantaciones referidos como Nacional son híbridos muy diversos. Árboles del grupo Nacional también han tenido un papel prominente en los programas de mejoramiento del INIAP conduciendo a la creación de múltiples EETs ampliamente distribuidos en el país.



3. Cajamarca-Amazonas

El grupo genético Cajamarca-Amazonas está presente en la distribución de cacao más al sur del Ecuador (cacao charapanita). Está muy asociado a los grupos Nacional y Blanco de Piura (Figura 1). Sin embargo, en nuestro análisis de Structure, únicamente hasta el escenario de 10 grupos genéticos los grupos Cajamarca-Amazonas, Blanco de Piura y Nacional estaban juntos en un solo clúster. A partir de 11 clústeres o más, el Nacional siempre fue clasificado como grupo aparte.

Es probable que el grupo Cajamarca-Amazonas representa un cultivar antiguo de cacao cuya domesticación se puede haber iniciado hace más de 5.300 años antes del presente por la cultura Mayo Chinchipe Marañón. Tanto en áreas ceremoniales en Santa Ana La Florida en Ecuador (Zarrillo et al., 2018) como en Montegrando en Jaén, Perú (Olivera-Núñez, 2018) se encontró evidencia de uso de cacao por la élite de aquella sociedad. Posiblemente esta cultura tuvo



un interés en cacao de semilla blanca, sea por razones espirituales sea por razones sensoriales. Mientras que los cacaos del grupo Cajamarca-Amazonas tienen a menudo semillas blancas, no es un rasgo predominante.



4. Pangui

El grupo genético Pangui es un grupo nuevo recientemente descrito por Argout et al. (2023). Es un grupo muy cercano al grupo Curaray (Figura 1). Sin embargo, con nuestro conjunto de 91 marcadores SNP no fuimos capaces de diferenciarlo como grupo genético independiente, en visto que las muestras se manifiestan como híbridos entre los grupos Curaray y Cajamarca-Amazonas. En un estudio usando 48 marcadores SSR (Fouet et al., 2022) los árboles del grupo Pangui también se manifestaron como híbridos entre el grupo Nacional y Curaray.

Esto implica que no lo pudimos usar de referencia en la determinación de los perfiles genéticos de los cacaos incluidos en el catálogo. Lo mostramos aquí para



ser los más completo posible en cuanto a la diversidad de cacaos en el Ecuador. Algunos genotipos del grupo Pangui tienen semillas blancas.



Pangui puro (foto: Olivier Fouet)

5. Napo

El grupo genético Napo es un grupo nuevo recientemente descrito por Argout et al. (2023) con base en material genético colectado por Allen J.B en 1988.

Sin embargo, con nuestro conjunto de 91 marcadores SNP no fuimos capaces de diferenciarlo como grupo genético independiente. Esto implica que no lo pudimos usar de referencia en la determinación de los perfiles genéticos de los cacaos incluidos en el catálogo. Lo mostramos aquí para ser los más completo posible en cuanto a la diversidad de cacaos en el Ecuador



Foto del archivo histórico de Guayaquil mostrando personas en cosecha de cacao, tomada a finales del siglo XIX (cortesía de Rey Loor)

Grupos genéticos de cacao silvestre y cultivares ancestrales no nativos con presencia en el Ecuador

6. Amelonado Catongo

El grupo genético Amelonado fue caracterizado por primera vez en la publicación de Motamayor et al. (2008). Es considerado un cultivar tradicional, más que todo por su estatus cultivado-domesticado en el noreste de Brasil. Es probable que este grupo genético tuvo su origen en la zona fronteriza entre Perú Colombia y Brasil, desde donde material genético fue llevado hacia la desembocadura del río Amazonas por los primeros habitantes humanos de la Amazonía (Thomas et al., 2012).

El Catongo es una variedad albina de amelonado que tiene granos blancos (antocianina ausente en todos los órganos



Distribución del grupo Amelonado según Motamayor et al. (2008)

de la planta). El grupo Amelonado ha tenido un papel prominente en los programas de mejoramiento del INIAP conduciendo a la creación de múltiples EETs ampliamente distribuidos en el país.



Catongo puro (foto: Abel Farfan)



Grupo Genético
■ Amelonado



7. Criollo

La distribución nativa del grupo genético criollo cubre Centroamérica y el norte de Colombia y Venezuela. El criollo puro tiene semillas blancas y cualidades sensoriales particulares. El grupo criollo tiene presencia en el Ecuador en la costa norte donde en algún momento en el pasado fueron introducido árboles del grupo Criollo, como ya identificado en la publicación de Motamayor *et al.*, (2008).



Distribución del grupo Criollo según Motamayor *et al.* (2008)

Actualmente, en la provincia de Esmeraldas muchos cacaos representan híbridos de Criollo muy diversos. Adicionalmente, el grupo Criollo está presente en el Ecuador a través de los múltiples genotipos de cacao Trinitario que han sido introducidos desde el banco de germoplasma CRC de Trinidad y Tobago (notablemente los ICS-1, 6, 39, 95) y Costa Rica (notablemente los UF).

y se han recombinado genéticamente con otros cacaos de diferente composición genética resultado de propagación sexual en los campos de agricultores. Por ende, aunque la gente siga usando los códigos de los genotipos originales, en la mayoría de los casos ya representan acervos genéticos donde una buena parte del genoma de los genotipos originales se ha recombinado con genomas de diferentes orígenes, y se han diferenciado en grupos genéticos a los que nos referimos como cultivares modernos (p.ej. cultivares ICS-1, 6, 95).

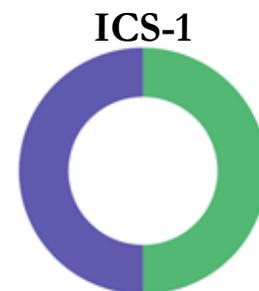
Los Trinitarios son típicamente híbridos entre los grupos genéticos Criollo y Amelonado como se puede apreciar en los perfiles genéticos mostrados abajo. Cabe mencionar que muchos de los genotipos Trinitario ya están muchos años en el país,



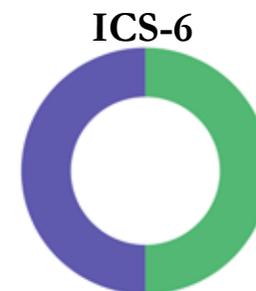
Grupo Genético
Criollo



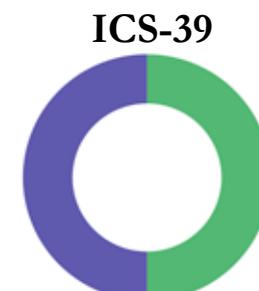
Criollos puros de Santa Marta, Colombia (foto: Jan Schubert)



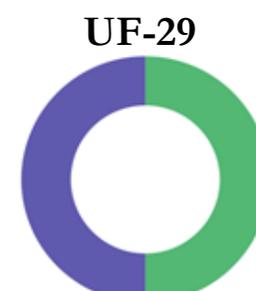
Grupo Genético
Amelonado
Criollo



Grupo Genético
Amelonado
Criollo



Grupo Genético
Amelonado
Criollo



Grupo Genético
Amelonado
Criollo

Composición de algunos de los genotipos puros del grupo Trinitario

8. Purús

El grupo Purús fue caracterizado por primera vez en la publicación de Motamayor *et al.* (2008), extendiéndose principalmente por el oeste de la Amazonia brasilera. Solo encontramos una presencia muy débil en el Ecuador del grupo Purús en algunos cacaos híbridos cultivados en la costa.



Distribución del grupo Purús según Motamayor *et al.* (2008)



9. Nauta

El grupo genético Nauta debe su nombre a Nauta, la capital de la provincia de Loreto en Perú, donde se encuentran los distritos de Urarinas, Trompeteros y Tigre en las cuencas de las cuales se colectaron representantes de este grupo. Parece tener una distribución geográfica relativamente confinada que podría indicar que el origen del grupo se encuentra en esta región.

Hasta la fecha no hay evidencia que también este presente en la Amazonia Ecuatoriana, visto que en nuestro muestro solo encontramos híbridos naturales entre arboles pertenecientes al grupo Nauta y otros grupos silvestres, como el Curaray, o domesticados antiguamente, como el Cajamarca-Amazonas.



En el cacao cultivado también se encuentra evidencia del grupo Nauta en híbridos comerciales que posiblemente son consecuencia de cruces con genotipos colectados en la Amazonia ecuatoriana



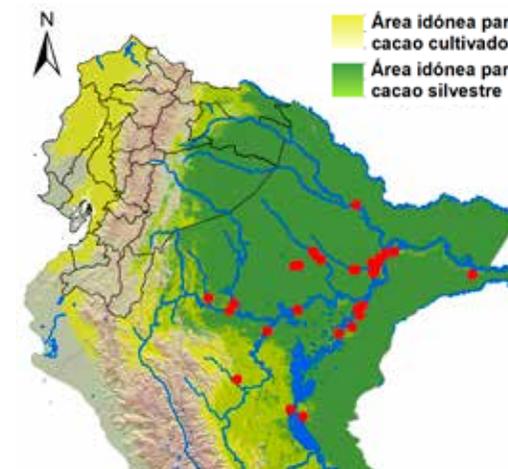
Grupo Genético
■ Nauta



Genotipos Representativos de Loreto, Peru (fotos: Sixto Iman)

10. Iquitos

El grupo genético que llamamos aquí Iquitos es uno de dos subgrupos del clúster caracterizado por primera vez en la publicación de Motamayor et al. (2008) bajo el mismo nombre. Es un grupo que tiene mayor presencia en el departamento de Loreto de Perú, pero también hay representantes del grupo en la Amazonia ecuatoriana. Este grupo es diferente de los cacaos conocidos como IMC (Iquitos Mixed Calabacillo) del cual el IMC-67 ha sido usado en muchos programas de mejoramiento. Según nuestros análisis los cacaos IMC se separan claramente en otro grupo que consideramos el grupo IMC-Iquitos más adelante.



En el cacao cultivado el grupo Iquitos está representado en híbridos comerciales que posiblemente son consecuencia de cruces con genotipos colectados en la Amazonia ecuatoriana.



Grupo Genético
■ Iquitos



Genotipos Representativos de Loreto, Peru (fotos: Sixto Iman)



11. IMC-Iquitos

El IMC-Iquitos agrupa las muestras colectadas en las cercanías de la ciudad de Iquitos, Perú, por Pound bajo el código IMC (Iquitos Mixed Calabacillo) que en la clasificación de Motamayor et al. (2008) formaban parte del grupo genético Iquitos pero son claramente diferentes del mismo según nuestros análisis. Las muestras IMC son altamente heterocigotas y es posible que representen híbridos de diferentes cacaos amazónicos.

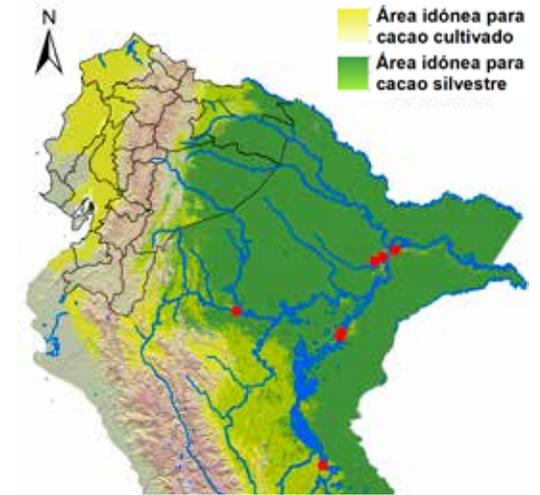
Los cacaos IMC han sido usado en muchos programas de mejoramiento. El genotipo originalmente colectado por Pound como IMC-67 es progenitor de muchos híbridos en uso actualmente, donde el más famoso tal vez es el CCN-51.



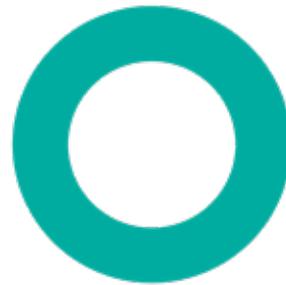
12. Nanay

El grupo genético Nanay fue caracterizado por primera vez en la publicación de Motamayor *et al.* (2008). Su distribución nativa parece estar restringida al departamento de Loreto en el Perú, aunque también hay genotipos híbridos entre Nanay y Iquitos colectados en la Amazonia ecuatoriana.

El grupo Nanay ha sido usado en proyectos de mejoramiento y cruzamientos y entre los más conocidos genotipos usados para este fin se destacan el Pound-7 y el Pound-12.



Genotipos de Peru (Thomas *et al.* 2023)



Grupo Genético
■ IMC-Iquitos



Genotipos Representativos de Loreto, Peru (fotos: Sixto Iman)



Grupo Genético
■ Nanay



13. Tikuna

El grupo genético Tikuna se refiere al grupo indígena asentado en los lugares donde fueron colectadas las muestras representativas del grupo. Para obtener más claridad sobre el origen del grupo hace falta un muestreo más exhaustivo en la región transfronteriza entre Perú Colombia y Ecuador.

El hecho que el grupo Tikuna es identificado en múltiples híbridos de cacao comercial en la costa podría indicar que tenga alguna presencia en la Amazonia ecuatoriana de donde fue colectado material que condujo a la creación de dichos híbridos.

El grupo Tikuna es más cercano genéticamente al grupo Amelonado (Figura 1).



Grupo Genético
■ Tikuna

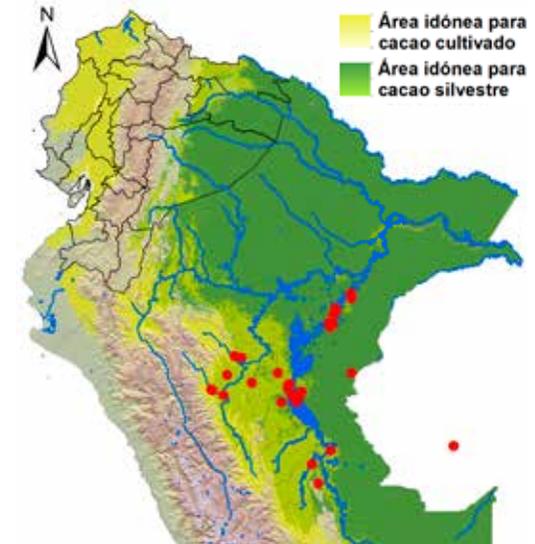
Genotipos Representativos de Loreto, Peru (fotos: Sixto Iman)



14. Contamana

El grupo genético Contamana fue caracterizado por primera vez en la publicación de Motamayor et al. (2008), extendiéndose principalmente a lo largo del río Ucayali en Perú. Sin embargo, al incluir nuestras muestras en el análisis, es claro que el grupo original de Motamayor et al. (2008) agrupa mucha más diversidad que un solo grupo y tiene una distribución más amplia con presencia en el valle del río Huallaga y sus afluentes.

En la clasificación de Motamayor et al. (2008), tanto los grupos genéticos Chuncho y Madre de Dios del sur de Perú, eran parte del Contamana, pero con base en nuestros análisis es claro que se trata de grupos separados (Figura 1). Además, se diferencian tres subgrupos en el Contamana de Motamayor et al. (2008): un grupo que proponemos llamar el “verdadero” Contamana, un grupo Scavina y un grupo Requena, pero en este catálogo no diferenciaremos estos subgrupos.



Grupo Genético
■ Contamana

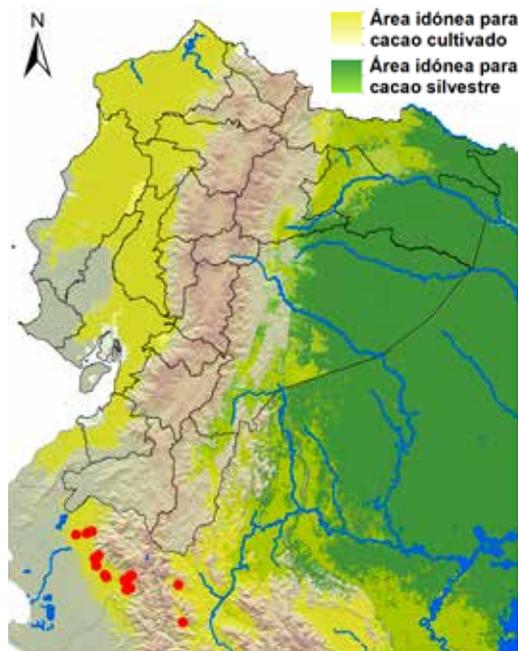
Genotipos de Peru (Thomas et al. 2023) y Abel Farfan



15. Blanco de Piura

El grupo genético Blanco de Piura está muy asociado al grupo Cajamarca-Amazonas y a su vez están aparentados al grupo Nacional (Figura 1) definido por Motamayor et al. (2008). Representa un cultivar antiguo que podría tener su origen desde el tiempo de la cultura de los Moches, como es evidente de los múltiples artefactos y artesanías hallados en la costa peruana.

La mayoría de árboles en este grupo tienen granos blancos o una mezcla de granos blancos y morados. El Blanco de Piura está representado en el genoma de algunos híbridos cultivados en la costa de Ecuador.



Grupo Genético
■ Blanco de Piura



Genotipos de Peru (Thomas *et al.* 2023)

16. Huallaga

El grupo Huallaga está muy aparentado con el grupo Iquitos (Figura 1). Actualmente tiene una distribución amplia en el Perú y no es muy claro donde podría estar su origen. Sin embargo, los árboles más antiguos (estimados en >50 años) fueron muestreados en el departamento de Huánuco en la cuenca del río Huallaga, y nuestra hipótesis es que este grupo fue introducido en varias partes del Perú desde Huánuco, incluyendo los departamentos fronterizos con el Ecuador que podría explicar la presencia de grupos Huallaga en el genoma de algunos cacaos híbridos que muestreamos en la costa ecuatoriana.



Grupo Genético
■ Huallaga



Genotipos de Peru (Thomas *et al.* 2023)



17. Satipo-VRAE

El grupo genético Satipo-VRAE es probablemente nativo de la región cubierto por los valles de los ríos Apurímac y Ene (región VRAE) en el sur de Perú. Las poblaciones naturales de cacao en estos valles están relativamente aisladas de otros grupos genéticos que podría explicar su diferenciación genética.

Al igual como el grupo Huallaga, genotipos del grupo Satipo-VRAE han sido introducido en varias partes del Perú incluyendo los departamentos fronterizos con el Ecuador que podría explicar la presencia del grupo en el genoma de algunos cacaos híbridos que muestreamos en la costa ecuatoriana.



Grupo Genético
■ Satipo-VRAE



Genotipos de Peru (Thomas *et al.* 2023)



Curaray puro de granos blancos
(foto: Olivier Fouet)





Dr. Rey Loor en medio de una plantación de CCN-51 con el genotipo original

III. Cultivares modernos

Se trata de grupos genéticos con las siguientes características:

1. son producto de selección humana de genotipos de cacao, sea en plantaciones de agricultores, mediante mejoramiento genético dirigido o una combinación de ambos;
2. se originaron a partir de un solo genotipo, pero mediante reproducción sexual en campos de agricultores ocurriendo a lo largo de muchos años se han recombinado genéticamente con otros cacaos de diferente composición genética, haciendo que actualmente representan acervos genéticos con una base genética más amplia; y
3. tienen origen en el Ecuador u otras partes de la distribución del cacao en Latinoamérica.



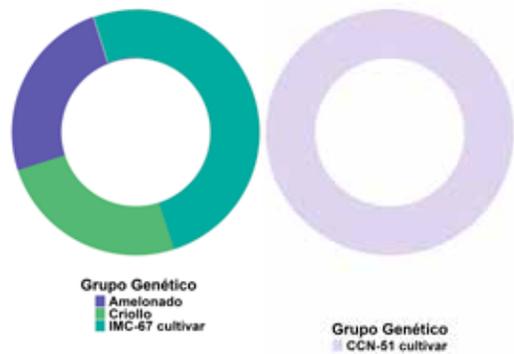
18. CCN-51 cultivar

El CCN51 es el cacao híbrido más popular en el Ecuador por su precocidad, alta productividad, y relativa resistencia contra plagas y enfermedades. Boza et al. (2014) revelaron que el genotipo originalmente creado por el ing. Homero Castro en el fundo Naranjal, Ecuador, era el resultado de un cruce entre el genotipo IMC-67 y el cacao Trinitario ICS-95.

Sin embargo, hoy en día lo que es llamado CCN-51 en el Ecuador muchas veces ya no corresponde al genotipo original, pero más bien es un cultivar moderno por haber acumulado partes del genoma de múltiples diferentes grupos genéticos como resultado de propagación sexual por parte de los agricultores.

A pesar de ello, la huella genética del CCN-51 cultivar parece ser tan pronunciada que siempre se diferencia como grupo genético, independiente en todos los escenarios de 10 hasta 35 grupos que consideramos.

Origen genético del CCN-51



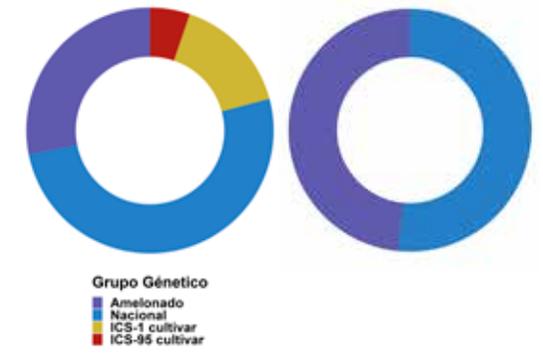
19. EET cultivar

El programa de selección y mejoramiento de cacaos superiores del Instituto Nacional de Investigaciones Agropecuarias (INIAP) en la Estación Experimental Tropical Pichilingue (EET-P) ha producido a lo largo de los años muchos genotipos superiores que han sido liberados para fomentar el cultivo de cacao aromático en el Ecuador. Inicialmente muchos genotipos correspondían a cruces entre materiales de los grupos Nacional y Amelonado, pero con el tiempo se ha ido diversificando.

Un buen número de EETs y sus segregantes que formaron con el tiempo en los campos de los agricultores como consecuencia de polinización abierta y propagación sexual (mediante semilla) se agrupan en un grupo genético estable que llamamos EET cultivar. Incluye los EETs 48, 62, 95, 96, 103, 228, 558, 575 y 576.



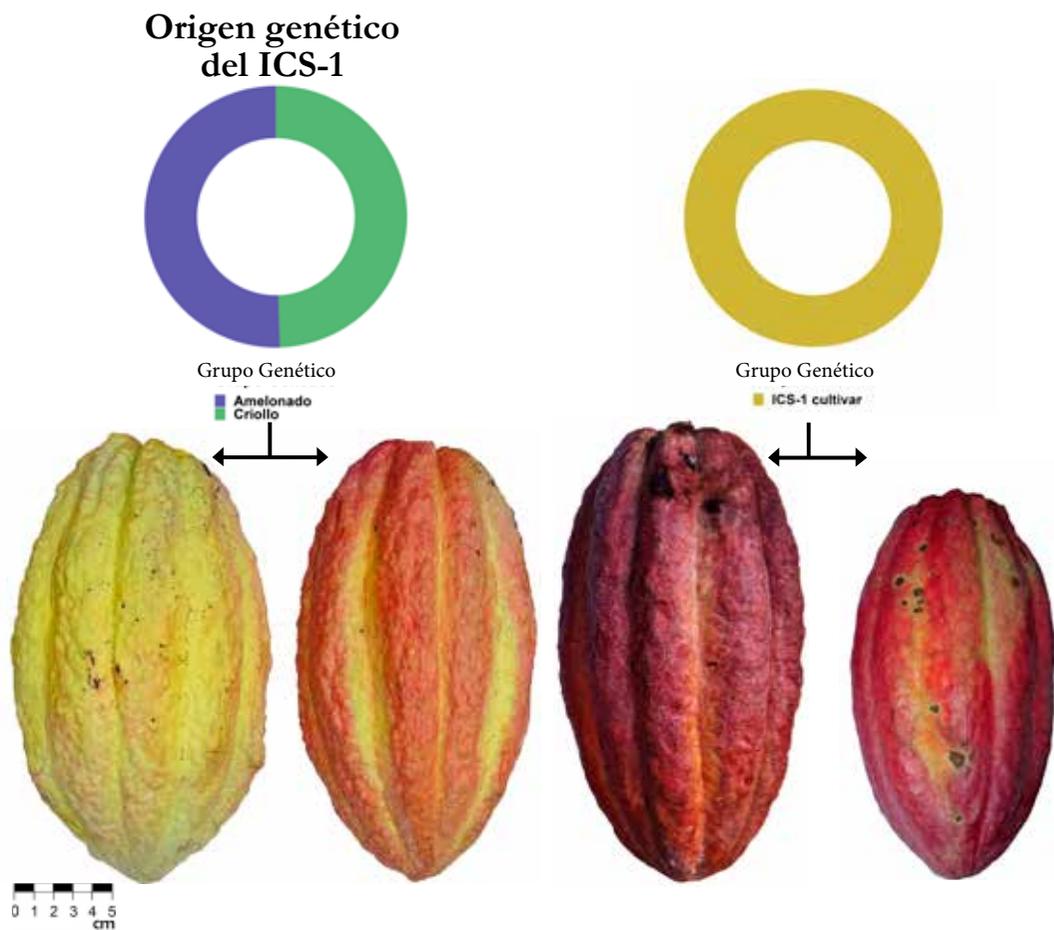
Origen genético de EET-48, 62, 95, 96, 103, 228, 558, 575, 576



20. ICS-1 cultivar

El cultivar ICS-1 es el resultado de la recombinación del genotipo ICS-1 (un cruce entre los grupos Criollo y Amelonado – ver sección del grupo Criollo) originalmente introducido desde Trinidad y Tobago, con cacaos de diferente composición genética por propagación sexual por parte de los agricultores.

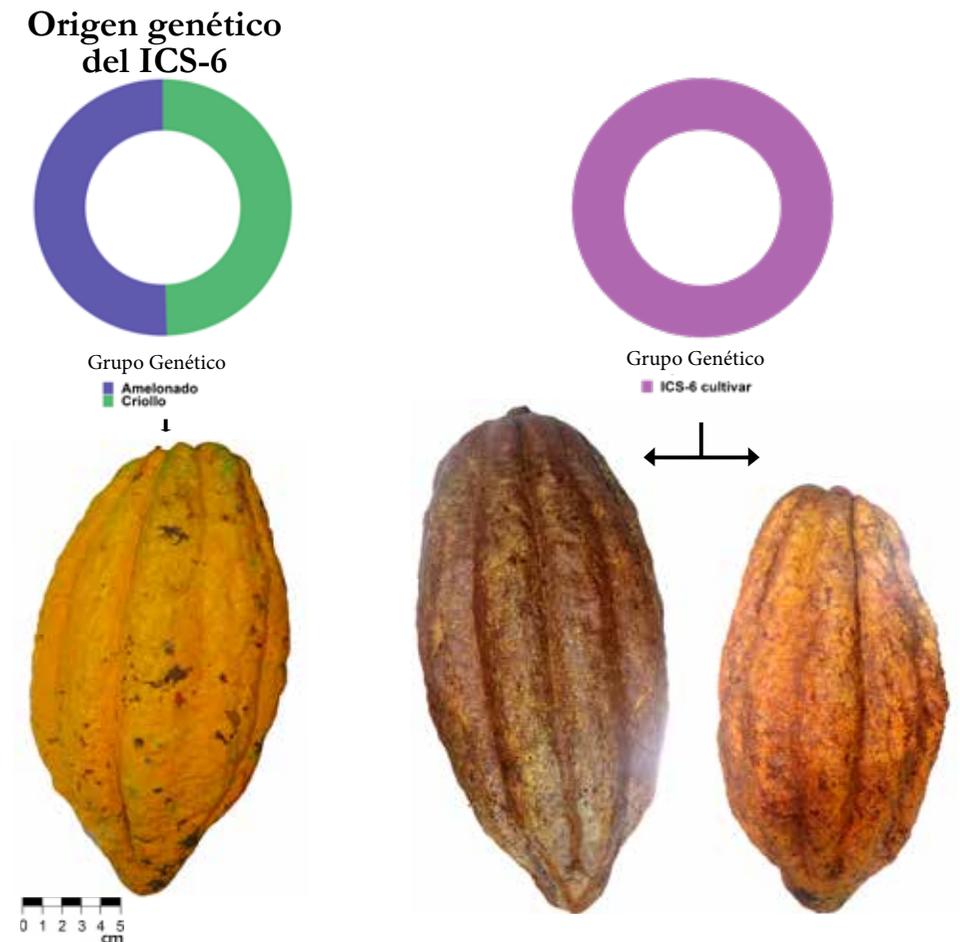
Curiosamente, los árboles de cacao que probablemente son clones puros del genotipo original ICS-1 se diferencian en su perfil genético como cruces entre los grupos Criollo y Amelonado, mientras que los del ICS-1 son agrupados en el grupo genético ICS-1.



21. ICS-6 cultivar

Igual como para el ICS-1, el cultivar ICS-6 es el resultado de la recombinación del genotipo ICS-6 (un cruce entre los grupos Criollo y Amelonado – ver sección de grupo Criollo) originalmente introducido desde Trinidad y Tobago, con cacaos de diferente composición genética por propagación sexual por parte de los agricultores.

Curiosamente, los árboles de cacao que probablemente son clones puros del genotipo original ICS-6 se diferencian como cruces entre los grupos Criollo y Amelonado, mientras que los del ICS-6 cultivar son agrupados en el grupo genético ICS-6.



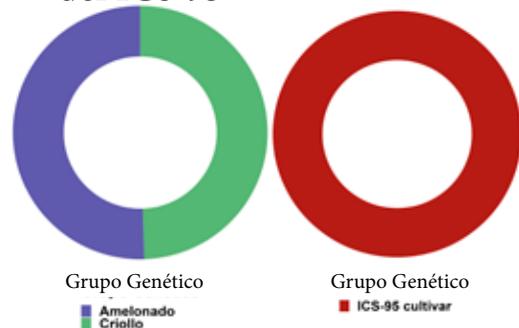
22. ICS-95 cultivar

El cultivar ICS-95, igual como los cultivares ICS-1 y 6, es el resultado de la recombinación del genotipo ICS-95 (un cruce entre los grupos cultivar Criollo y Amelonado – ver sección de grupo Criollo) originalmente introducido desde Trinidad y Tobago, con cacaos de diferente composición genética, por propagación sexual por parte de los agricultores.

En nuestros análisis genéticos, contrario a los casos de ICS-1 and 6, ningún árbol marcado como ICS-95 se identificó en su perfil genético como cruce entre los grupos Criollo y Amelonado, y más bien todos se agruparon en el grupo genético ICS-95



Origen genético del ICS-95



23. TSH-565 cultivar

El genotipo TSH-565 (Trinidad selected hybrid) parece haber resultado de un cruce entre un árbol del grupo Scavina (subgrupo de Contamana) y del genotipo o cultivar ICS-1. Ha sido bastante difundido por los programas de desarrollo alternativo como un cacao con características finas de aroma. Como consecuencia de propagación sexual por parte de los agricultores a lo largo de los años actualmente lo referido TSH-565 puede considerarse un cultivar que representa la recombinación del genotipo original con cacaos de diferente composición genética.



Origen genético del TSH-565



24. VRAE-15 cultivar

El VRAE-15 recibió su nombre por haber surgido en plantación de agricultor en la región de VRAE (Valle de los ríos Apurimac y Ene) en el sur de Perú. Nuestros análisis genéticos sugieren que el VRAE-15 es un híbrido entre los cultivares ICS-1 y IMC-67 y los grupos Scavina (subgrupo de Contamana) y Huallaga-Satipo-VRAE. Este último representa la unión entre los grupos descritos anteriormente Huallaga y Satipo-VRAE, porque no hay certeza absoluta a que grupo pertenecía el progenitor. Puede haber sido un híbrido de los dos, o un genotipo perteneciendo a uno de los dos grupos.

y sensoriales del VRAE-15 explican su éxito y expansión en plantaciones en diferentes partes del Perú. Encontramos señales del cultivar VRAE-15 en algunos cacaos híbridos muestreados en la costa de Ecuador que podría ser consecuencia de alguna introducción histórica de este material a la región.

Las buenas características productivas

Origen genético del VRAE-15



Grupo Genético

■ IMC-67 cultivar
■ ICS-1 cultivar
■ Scavina
■ Huallaga-Satipo-VRAE



0 1 2 3 4 5
cm



Grupo Genético

■ VRAE-15 cultivar

25. VRAE-99 cultivar

Al igual como el VRAE-15, el VRAE-99 recibió su nombre por haber surgido en plantación de agricultor en la región de VRAE (Valle de los ríos Apurimac y Ene).

Nuestros análisis genéticos sugieren que el VRAE-99 es un híbrido entre el cultivar ICS1 y los grupos Scavina y Huallaga-Satipo-VRAE. Este último representa la unión entre los grupos descritos anteriormente Huallaga y Satipo-VRAE, porque no hay certeza absoluta a que grupo pertenecía el progenitor. Puede haber sido un híbrido de los dos, o un genotipo perteneciendo a uno de los dos grupos.

Las buenas características productivas y sensoriales del VRAE-99 explican su éxito y expansión en plantaciones en diferentes partes del Perú. Encontramos señales del cultivar VRAE-99 en algunos cacaos híbridos muestreados en la costa de Ecuador que podría ser consecuencia de alguna introducción histórica de este material a la región.

Origen genético del VRAE-99

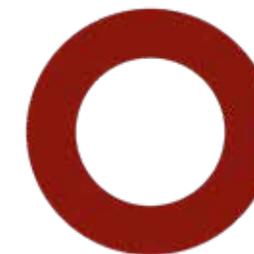


Grupo Genético

■ ICS-1 cultivar
■ Scavina
■ Huallaga-Satipo-VRAE



0 1 2 3 4 5
cm



Grupo Genético

■ VRAE-99 cultivar

