



Colombia Forestal

ISSN: 0120-0739

colombiaforestal@udistrital.edu.co

Universidad Distrital Francisco José de
Caldas
Colombia

Quesada Méndez, Isaac; Quintero Barrera, Lorena; Aristizábal, Fabio A.; Rodríguez
Acuña, Olga

EVALUACIÓN DE LA VARIABILIDAD GENÉTICA DE CLONES DE CAUCHO NATURAL
PRESENTES EN LA COLECCIÓN CLONAL DEL INSTITUTO SINCHI, MEDIANTE EL
USO DE DESCRIPTORES MORFOLÓGICOS

Colombia Forestal, vol. 14, núm. 1, enero-junio, 2011, pp. 69-79

Universidad Distrital Francisco José de Caldas
Bogotá, Colombia

Disponible en: <http://www.redalyc.org/articulo.oa?id=423939614007>

- Cómo citar el artículo
- Número completo
- Más información del artículo
- Página de la revista en redalyc.org

redalyc.org

Sistema de Información Científica

Red de Revistas Científicas de América Latina, el Caribe, España y Portugal
Proyecto académico sin fines de lucro, desarrollado bajo la iniciativa de acceso abierto

EVALUACIÓN DE LA VARIABILIDAD GENÉTICA DE CLONES DE CAUCHO NATURAL PRESENTES EN LA COLECCIÓN CLONAL DEL INSTITUTO SINCHI, MEDIANTE EL USO DE DESCRIPTORES MORFOLÓGICOS

Assessment of the genetic diversity of natural rubber tree clones of the SINCHI Institute's clone collection, using of morphological descriptors

Palabras clave: caucho, *Hevea*, morfología, variabilidad genética.

Key words: rubber, *Hevea*, morphology, genetic variability

Isaac Quesada Méndez¹

Lorena Quintero Barrera²

Fabio A. Aristizábal³

Olga Rodríguez Acuña²

RESUMEN

Se estimó la variabilidad genética de clones de caucho natural presentes en la colección clonal del Instituto SINCHI, los cuales incluyen clones de *Hevea brasiliensis* (Willd. ex Adr. De Juss.) Muell.Arg., *Hevea* spp. (*H. brasiliensis* x *H. benthamiana*) y tres especies más del género *Hevea*. Se realizó la caracterización de 72 materiales con veintiocho descriptores morfológicos, los cuales posteriormente fueron utilizados para generar una matriz de similaridad por medio de un análisis de variables multicategóricas, así como la obtención de agrupamientos con base en esta. Con excepción del clon GU 1410, se observó una baja variabilidad entre los clones de *H. brasiliensis* y *Hevea* spp., presumiblemente por la descendencia directa de la mayoría de materiales entre cruces de los parentales PB 80, PB 5/51, PB 49 y Tjir, que evidenciaron agrupamientos entre algunos materiales producto de cruces exclusivos de la series PB, entre clones descendientes del parental PB 86 y entre clones descendientes del parental PB 5/51. Los clones de otras especies del género *Hevea* divergen de este gran grupo.

ABSTRACT

Genetic diversity of natural rubber clones of the in SINCHI Institute's clone collection was assessed. Clones of *Hevea brasiliensis* (Willd. ex Adr. De Juss.) Muell.Arg., *Hevea* spp. (*H. brasiliensis* x *H. benthamiana*), and three more species of *Hevea* genus are a part of the collection. Seventy-two materials were characterized with twenty-eight morphological descriptors. They were later used to generate a similarity matrix through the analysis of multicategorical variables, and to obtain clusters based on the matrix. A low variability between clones of *H. brasiliensis* and *H. spp.* was observed, presumably because of the direct descendants of most of the materials from crosses of parental PB 80, PB 5/51, PB 49 and Tjir, exception made of clone GU 1410. Clustering between some materials product of exclusive cross of PB series, a group between clones descendants of parental clones PB 86, and clustering between descendants of parental clones PB 5/51, were observed. Clones from other species of *Hevea* differ from this big group.

¹ Instituto de Biotecnología Universidad Nacional de Colombia. iquesadam@unal.edu.co. Autor para correspondencia.

² Instituto Amazónico de investigaciones Científicas, SINCHI. olrodriguez@sinch.org.co.

³ Departamento de Farmacia, Facultad de Ciencias Universidad Nacional de Colombia. Correo electrónico: faaristizabal@unal.edu.co.

INTRODUCCIÓN

El género *Hevea*, cuyo nombre proviene de la palabra *hyévé* o *hevé*, que significa “árbol que llora” o “lagrimas de árbol” (Compagnon 1998) es originario de las planicies del Amazonas y la Orinoquia. Las especies del género se presentan de manera natural en un área que comienza en la cuenca del Amazonas y se extiende al norte hacia la cuenca del Alto Orinoco y partes de Guyana. Abarca sectores de Brasil, Bolivia, Perú, Colombia, Ecuador, Venezuela, Guayana Francesa y Surinam (Gonçalves *et al.* 1997).

El árbol de caucho *Hevea brasiliensis* (Willd. ex Adr. De Juss.) Muell.Arg. es la especie más importante del género y la única plantada comercialmente entre las once especies conocidas. Es una planta de polinización cruzada, diploide, con $2n = 36$ cromosomas, que se multiplica principalmente por la acción del viento y los insectos (Webster & Paardekooper 1989). En los cultivos comerciales, bancos de germoplasma y en experimentos en los programas de mejora, el árbol de caucho natural ha sido cultivado y preservado en forma de clones (Gonçalves *et al.* 1997). De acuerdo con Gonçalves & Marques (2008), los clones como material para el establecimiento de una plantación tienen varias ventajas, la más importante es la uniformidad mostrada por los individuos, dado que todos los árboles provienen del mismo clon y en las mismas condiciones ambientales; tienen menor variabilidad en relación con diferentes caracteres, como vigor, espesor de corteza, producción, propiedades del látex, senescencia anual de las hojas, respuestas nutricionales y la tolerancia a la enfermedad (Cruz *et al.* 2004).

Gonçalves y Marques (2008) refieren cómo las especies de mayor interés para el mejoramiento genético de caucho .las siguientes: *H. brasiliensis*, debido a su mayor capacidad y a la variabilidad genética para la resistencia a *Microcylus ulei* (P. Henn) v. Arx, el hongo causante del mal suramericano de la hoja y principal enfermedad de este cultivo; *H. benthamiana* dada también la resistencia a *M. ulei* y la variabilidad en la

producción de caucho; *H. pauciflora* por la presentación de una cierta inmunidad a *M. ulei*; *H. camargoana* y *H. camporum* por sus características de baja altura.

La adecuada exploración del recurso genético, mediante la estimación de la variabilidad genética de una colección, permite el manejo de este, con respecto a su ampliación, así como fuente disponible para manejo y respuestas a condiciones de estrés biótico y abiótico y en casos más avanzados para realizar hibridaciones controladas entre genotipos con una mayor divergencia genética, que aumente eficiencia en la obtención de nuevos materiales en un programa de mejora.

Estudios de la variación genética en *Hevea* han sido realizados por Olapade & Omokhafe (1990), Omokhafe (2002), Omokhafe & Aliko (2003a, 2003b), para lo cual usaron variables asociadas a fruto y semillas. Aguilar & Gonçalves (2006), Gonçalves *et al.* (1995, 1998), Mydin *et al.* (1992), Paiva (1994) utilizaron variables agronómicas, mientras evaluaciones con técnicas moleculares han sido efectuadas por Chevallier (1988), Besse *et al.* (1994), Varghese *et al.* (1997), Venkatachalam *et al.* (2002), Lekawipat *et al.* (2003a y 2003b), Bicalho *et al.* (2008), An *et al.* (2005). La valoración de la diversidad y variabilidad genética entre accesiones que utilizaron variables morfológicas, han sido desarrolladas en pimienta y ají (Sudré *et al.* 2006) y açaí (Oliveira 2005).

El material vegetal de *Hevea*, presente en el país cuenta con una escasa caracterización y evaluación. Tan solo escasos registros en la literatura de evaluación parcial del desempeño agronómico de algunos clones (López 2003, Martínez & García 2006 y Quesada *et al.* 2009) y el estudio de variabilidad genética con marcadores moleculares efectuado por Hernández *et al.* (2006). Esto a pesar de que Colombia cuenta con un número cercano a los cien materiales vegetales depositados en las colecciones clonales del Instituto Amazónico de Investigaciones Científicas (SINCHI), en el Centro Nacional de Investigaciones de Café (Cenicafé) y de empresa privadas como Mavalle S.A., entre otras.

Este trabajo tuvo como objetivo estimar la variabilidad genética de clones de *Hevea*, por medio del uso de descriptores morfológicos de etapa inmadura, en la colección clonal del SINCHI, que cuenta con el mayor número de estos materiales en el país.

MATERIALES Y MÉTODOS

Se evaluaron 72 materiales vegetales correspondientes a clones de *H. brasiliensis*, *H. guianensis*, *H. pauciflora*, *H. benthamiana*, y *H. spp.* (*H. brasiliensis* x *H. benthamiana*) presentes en la colección clonal del I SINCHI, de los cuales se presentan, en la tabla 1, los 70 analizados. Se utilizaron los descriptores morfológicos de la fase de stump, propuestos por Mercykutty *et al.* (2002), producto de su trabajo en el Rubber Research Institute of India (RRII). Los descriptores usados fueron: yemas axilares, cicatriz de la hoja, arreglo, separación y densidad del piso foliar, forma, longitud y orientación de pecíolo, orientación, ángulo y longitud de pedúnculo, color, lustre, textura, tamaño, margen, grado de separación,

corte transversal, corte longitudinal, ápice y base del folíolo, pulvinos, nectarios, forma de folíolo central y laterales, pubescencia en la venación central, color y tipo de venación.

Serealizó la caracterización evaluando los veintiocho descriptores como variables multicategóricas, en diez individuos de cada uno de los clones que presentaron un tercer piso foliar maduro y con descarte de los materiales que tuvieron síntomas de deficiencia nutricional. Se obtuvo la moda de cada uno de los descriptores en todos los materiales, cuyo criterio para la estimación fue un número mínimo de cinco individuos.

El análisis consistió en la obtención de una matriz de similaridad con variables multicategóricas (cualitativas), siguiendo el propuesto por Cruz (2008a). Con las medidas de similaridad, se realizaron los análisis de agrupamiento por el método de Tocher y jerárquico con ayuda del programa GENES ver 7.0 (Cruz, 2008b). Un análisis de componentes principales fue realizado con el programa JMP 7 ® (Cary, 2007), usando la opción “Uncentered & unscaled”.

Tabla 1. Setenta, de setenta y dos clones de *Hevea* presentes en la colección clonal del Instituto Amazónico de Investigaciones Científicas SINCHI.

Clon	Parental	Parental	Clon	Parental	Parental
AVROS 2037	AVROS 256	AVROS 352	IRCA 209	GT 1 (Clon primario)	RRIM 605 (Tjir 1 x PB 49)
CAB 1	<i>H. pauciflora</i>	-----	IRCA 22	PB 5/51 (PB 56 x PB 24)	RRIM 605 (Tjir 1 x PB 49)
CAB 2	<i>H. pauciflora</i>	-----	IRCA 230	GT 1 (Clon primario)	PB 5/51 (PB 56 x PB 24)
CDC 312	AVROS 308	MDX 40	IRCA 41	GT 1 (Clon primario)	PB 5/51 (PB 56 x PB 24)
CDC 56	MDX 91	RRIM 614 (Tjir 1 x RRIM 509)	IRCA 42	-----	-----
CNS-BP 06	<i>H. pauciflora</i>	-----	MDF 180	Clon primario.	-----
CNSG 118	Hgm 1(<i>H. guianensis</i>)	CNS G 112 (<i>H. pauciflora</i>)	PA 31	<i>H. pauciflora</i>	-----
CPAAC 08	Hgm 1(<i>H. guianensis</i>)	CNS G 112 (<i>H. pauciflora</i>)	PB 217	PB 5/51 (PB 56 x PB 24)	PB 6/9
CPAAC 10	Hgm 1(<i>H. guianensis</i>)	CNS G 112 (<i>H. pauciflora</i>)	PB 235	PB 5/51 (PB 56 x PB 24)	PB S/78
CPAAC 15	Hgm 1(<i>H. guianensis</i>)	CNS G 112 (<i>H. pauciflora</i>)	PB 254	PB 5/51 (PB 56 x PB 24)	PB S/78
FDR 4575	FDR 18	FX 3032	PB 252	PB 86	PB 32/36 (PB 49 x PB 116)
FDR 5788	HAR 8	MDF 180	PB 255	PB 5/51 (PB 56 x PB 24)	PB 32/36 (PB 49 x PB 116)

sigue...

Tabla 1. Setenta, de setenta y dos clones de *Hevea* presentes en la colección clonal del Instituto Amazónico de Investigaciones Científicas SINCHI.

Clon	Parental	Parental	Clon	Parental	Parental
FX 2261	F 1619	AVROS 183	PB 255n	PB 5/51 (PB 56 x PB 24)	PB 32/36 (PB 49 x PB 116)
FX 25	F 351	AVROS 49	PB 260	PB 5/51 (PB 56 x PB 24)	PB49
FX 3864	PB 86	FB 38	PB 260a	PB 5/51 (PB 56 x PB 24)	PB49
FX 3864n	PB 86	FB 38	PB 28/59	PBIG seedling	-----
FX 3864P2	PB 86	FB 38	PB 280	PBIG seedling	-----
FX 3899P1	F 4542	AVROS 363	PB 312	RRIM 600 (Tjir 1 x PB 86)	PB 235 (PB 5/51 x PB S/78)
FX 4098	PB 86	FB 74	PB 314	RRIM 600 (Tjir 1 x PB 86)	PB 235 (PB 5/51 x PB S/78)
GU 1410	-----	-----	PB 330	PB 5/51 (PB 56 x PB 24)	PB 32/36 (PB 49 x PB 116)
GU 198	GT 711	FX 16	PB 86	Clon primario.	-----
IAC 111	RRIM 501	FX 25	PR 107	Clon primario.	-----
IAC 141	AVROS 149	RRIM 507	PR 255	Tjir 1	PR 107
IAC 15	RRIM 504 (Pil A 44 x Lun N)	RRIM 600 (Tjir 1 x PB 86)	PR 261	Tjir 1	PR 107
IAC 35	Fx 25 (F 351 x AVROS 49)	RRIM 600 (Tjir 1 x PB 86)	RRIC 100	RRIC 52	PB 86
IAN 6158	F 516 (F4542 x AVROS P4 363)	PB 86	RRIC 102	RRIC 52	RRIC 7
IAN 710	PB 86	F 409	RRIC 110	LCB 1312	RRIC 7
IAN 713	PB 86	F 409	RRIC 42	RRIC 8	Tjir 1
IAN 717	PB 86	F 4542	RRIC 623	PB 49	Pil B 84
IAN 717n	PB 86	F 4542	RRIM 228	-----	-----
IAN 873	PB 86	FA 1717	RRIM 600	Tjir 1	PB 86
IAN 873n	PB 86	FA 1717	RRIM 703	RRIM 600 (Tjir 1 x PB 86)	RRIM 500
IRCA 109	PB 5/51 (PB 56 x PB 24)	RRIM 600 (Tjir 1 x PB 86)	RRIM 712	RRIM 605 (Tjir 1 x PB 49)	RRIM 71
IRCA 18	PB 5/51 (PB 56 x PB 24)	RRIM 605 (Tjir 1 x PB 49)	RRIM 725	-----	-----
IRCA 19	PB 5/51 (PB 56 x PB 24)	RRIM 605 (Tjir 1 x PB 49)	RRIM 901	PB 5/51 (PB 56 x PB 24)	RRIM 600 (Tjir 1 x PB 86)

GT: Gondang Tapen (Indonesia); RRIM: Rubber Research Institute of Malaysia; IAN: Instituto Agronômico do Norte (Brasil); IAC: Instituto Agronômico do Campinas (Brasil); PB: Prang Besar (Malaysia); Tjir: Tjirandji (Indonesia); FA: Ford Acre; FB: Ford Belen; RRIC: Rubber Research Institute of Ceylon (hoy Sri Lanka); AVROS: Algemene Vereniging Rubberplanters Oostkust Sumatra; FX: Ford cross (Brasil); PR: Proefstation voor rubber (Indonesia); IRCA: Institut des Recherches sur le Caoutchouc (Ivory Coast); Pil: Pilmoo r(Malaysia); CDC: Dothidella Clones Clavellinas; FDR: Firestone Dothidella Resistant; MDF: Madres Dios Firestone; n: nueva introducción; LCB: S.lands Cautchoue Bedrijven(Indonesia); Har: Rabel estation experimental de Firestone; Gu: Guatemala; PA: Pauciflora Adson

RESULTADOS

Se utilizaron veintiún descriptores, los restantes se descartaron por su difícil determinación en campo, como el caso de cicatriz foliar o debido a que no se contó con registro mayor o igual a cinco individuos en un número importante de clones. Un total de 70

clones se incluyeron en el análisis, se descartaron dos materiales vegetales al no contar con el total de la información de los descriptores seleccionados para el análisis.

El agrupamiento por el método de optimización de Tocher generó veintidós grupos que son presentados

en la tabla 2, dentro de los cuales los grupos 21 y 22 fueron conformados por un solo material vegetal y, que sumado al 20, proviene de cruces de clones primarios de las especies *H. pauciflora*, *H. benthamiana* y *H. guianensis*. Los grupos 18 y 19 se conformaron únicamente por clones terciarios, productos de cruces entre las series RRIM y PB con una marcada ascendencia del parental Tjir 1.

El grupo 15 estuvo conformado por cruces con clones primario de *H. brasiliensis*. Los grupos 9, 10, 11 y 12 se caracterizaron por contener materiales con una marcada ascendencia de cruces entre los parentales PB 86, Tjir 1 y PB5/51; a su vez, el 1 presentó materiales descendientes de cruces entre los parentales PB 86, PB5/51 y PB 49.

El grupo 4 incluyó materiales descendientes del parental PB5/51, en primera generación. Los demás grupos no evidenciaron un patrón de agrupamiento en función a un común de parentales. El análisis de agrupamiento por métodos jerárquicos, utilizando el método UPGMA (Unweighted pair-group arithmetic mean) se presenta en la figura 1. Se observa la formación de un grupo de materiales con especies diferentes a *H. brasiliensis* y algunos cruces de esta con *H. benthamiana*, con un 82% de similaridad máxima entre ellos y con divergencias que inician en un 20% de similaridad. Dentro del cual los clones IAN 717 y el clon denotado FX 3864P1 (material poliploide obtenido del clon FX 3864) presentan característica de *H. benthamiana*.

Un segundo gran grupo, con un 80% de similaridad, se conformó por clones de *H. brasiliensis*, *H. brasiliensis* x *H. benthamiana* y un material perteneciente a *H. pauciflora*. En su interior a un punto de corte de 70% de similaridad, se observa un subgrupo de materiales de *H. brasiliensis* de la serie PB y IRCA, producto del cruce entre el parental PB 5/51 y los parentales PB 86, PB 49 y Tjir 1, siendo conformado este conjunto por los clones PB 235; 252; 330; 255n; 86; 312; 260 y IRCA 18; 42; 109. De igual forma, con una similaridad del 70%, se apreció un subgrupo de clones PB255; 245; 217 y IRCA 22, materiales que son producto del cruce de

Tabla 2. Grupos obtenidos por el método de optimización de Tocher, basado en la similaridad de clones de caucho natural, estimado mediante veintiún descriptores morfológicos

GRUPO	Clones de <i>Hevea</i> .
1	PB 252, IAN 710, IRCA 19, PB 217.
2	PB 255, RRIC 623, PB28/59, RRIC 110, RRIC 42, AVROS 2037.
3	PB 86, FDR4575, IAC 141.
4	IRCA 230, FDR 5788, IRCA 42, IRCA109, PB235.
5	PR 255, FX3864P1, IAN6158, RRIM703.
6	PB260a, GU 1410, CDC312, CPAAC08.
7	FX 4098, IAN 710, PR 107, CNS-BP06.
8	GU198, RRIM 725, RRIM228, MDF180.
9	PB 254, IRCA 18, IRCA 22, IANA 873.
10	RRIC 100, PB 255n, RRIM901, IAC 35.
11	PB 312, FX3864n, FX3864.
12	PB 314, IAN 873n, PR 261, FX25.
13	IAC 111, CNSG 118.
14	CAB 2, IAN 713, FX 2261.
15	IRCA 209, IRCA 41, RRIM 600.
16	CPAAC 10, FX 3864P2, PA31
17	PB 280, PB 260.
18	PB 330, CDC 56.
19	RRIM 712, IAC 15.
20	RRIC 102, CAB 1.
21	CPAAC 15.
22	IAN 717.

parentelas de la serie PB, teniendo en común como progenitor al clon PB5/51.

Clones de *H. brasiliensis* y *Hevea* spp. (*H. brasiliensis* x *H. benthamiana*) presentaron un patrón de agrupamiento con una similaridad máxima de 60%; entre ellos, estuvo conformado mayormente por materiales de la series FX, IAN, RRIM, descendientes de cruces o hibridaciones con el parental PB 86. Los demás materiales conforman dos grupos, que presentan mayormente

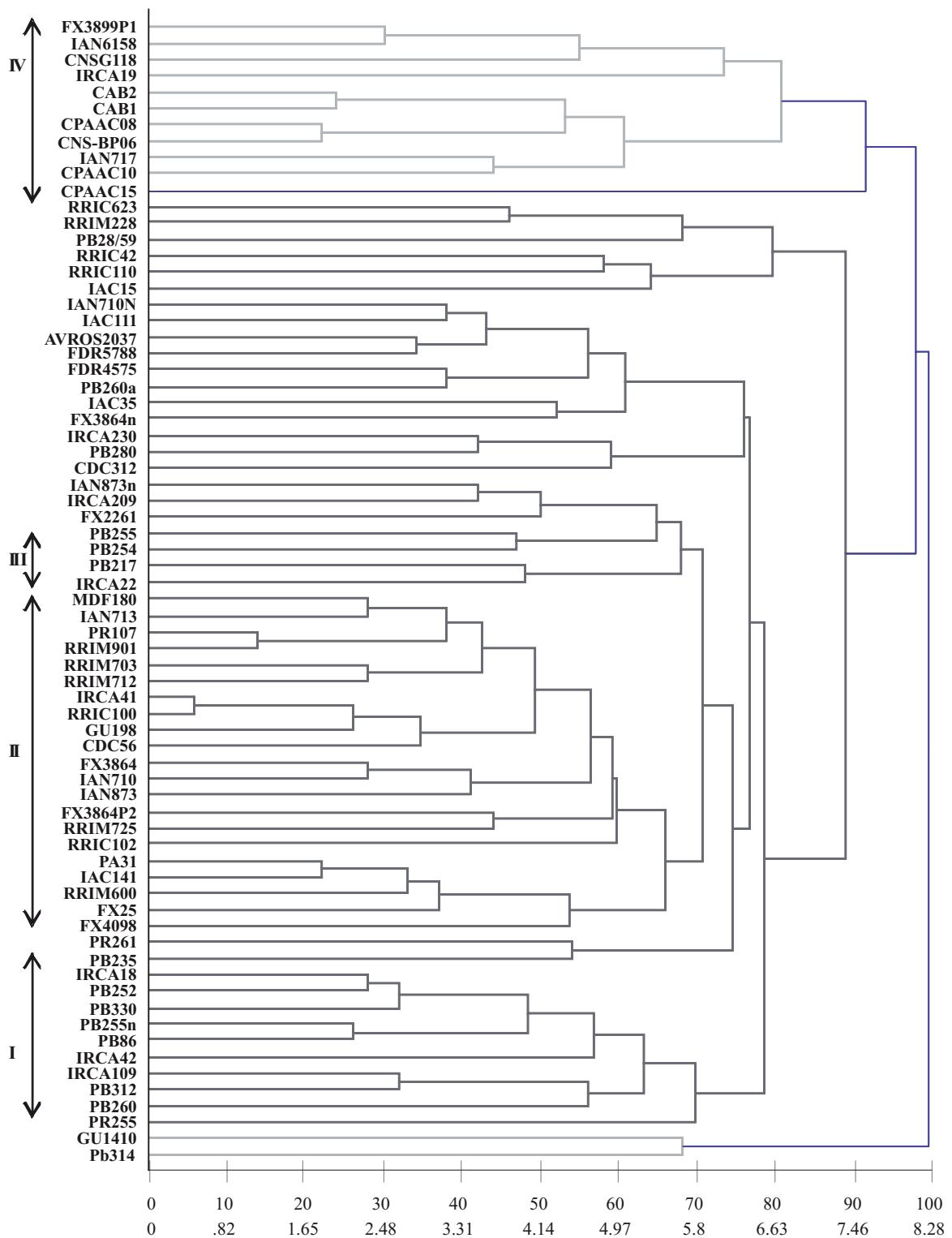


Figura 1. Dendrograma producido con el algoritmo UPGMA sobre la matriz de similaridad obtenida con el análisis de variables multicategóricas. Donde: I: materiales producto de cruce del parental PB 5/51 con los parentales PB 86, PB49 y Tjir 1; II: materiales producto de cruce con el parental PB 86; III: materiales producto de cruce entre la series PB, contando como fuente principal parental PB 5/51 y IV: materiales provenientes de cruces con clones primarios de las especies *Hevea pauciflora*, *Hevea benthamian* y *Hevea guianensis*

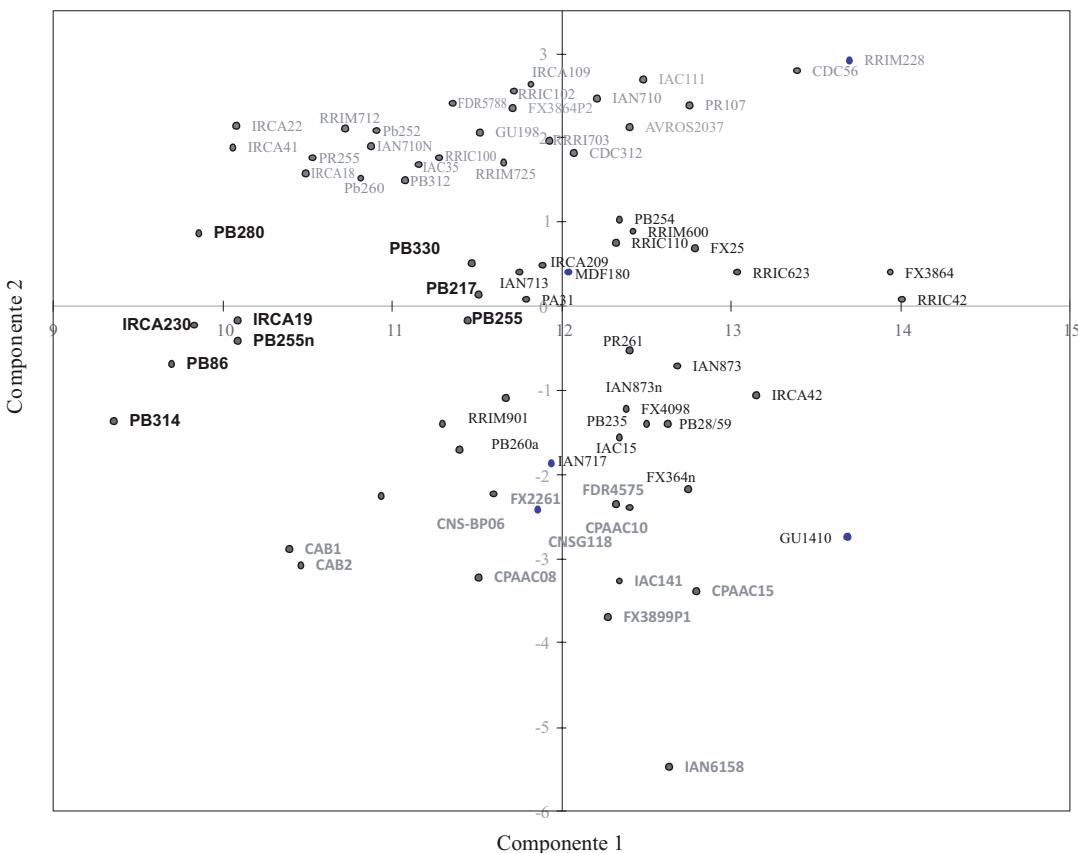


Figura 2. Distribución de 70 clones de *Hevea* en un plano de dos ejes correspondientes a los dos primeros componentes (CP1=87.9 y CP2= 2.5), obtenidos en el análisis de componentes principales de veintiún descriptores morfológicos de stump de clones de caucho natural

clones provenientes de cruces entre materiales primarios tanto de *H. brasiliensis* (MDF180, HAR 8, RRIC 7, RRIC 8, FDR 18, GT 1, PB 86, Tjir 1, PB 49 y Pil B 84) como de *H. benthamiana* (FA 1717, F454, F1619 y FB 38).

El análisis de componentes principales arrojó un número de diecinueve de ellos, con un acumulado del 91.9% de la variabilidad en los tres primeros, con valores del 87.92%, 2.46 % y 1.5 % para los componentes uno, dos y tres, respectivamente. La figura 2 presenta la distribución de los materiales sobre los planos producto de los primeros componentes, en la que se evidenció un agrupamiento de los materiales vegetales de *H. pauciflora*, *H. guianensis* y dos clones *Hevea* spp. (*H. brasiliensis* x *H. benthamiana*). Igualmente, un agrupamiento de materiales descendientes del cruce entre parental PB 5/51 y otros clones de esta misma serie.

En la dispersión obtenida con los componentes principales, se observa un gran grupo de materiales de descendencia directa del parental PB 86 o del parental PB 5/51 y clones con ascendencia de las series RRIM (500 y 600), los cuales, a su vez, son producto de cruces entre parentales Tjir 1, PB 86, PB 49. Se observa la presencia de dos clones producto de cruces entre la serie AVROS, así como el clon Primario PR 107.

La dispersión de los componentes principales exhibió un segundo gran grupo que incluye mayormente materiales producto del cruce entre clones de *H. benthamiana* (F: Ford. FA: Ford Acre y FB: Ford Belen) y el parental PB 86, así como algunos materiales descendientes de cruce con los parentales PB 49, PB 5/51, Tjir 1. Incluyendo dentro de este grupo el clon primario MDF 180 de *H. brasiliensis* y clon primario PA 31 de *H. pauciflora*.

DISCUSIÓN

Una proporción cercana al 80% de los materiales incluidos en este estudio generaron un agrupamiento importante dentro de dos técnicas de los tres procedimientos utilizados, siendo una de las causas más probable de esta observación la descendencia de estos clones de materiales vegetales de origen asiático, conocidos en la literatura como clones Wickhan. Tales clones se derivan de una estrecha base genética colectada en 1876, proveniente únicamente de la margen del río Tapajos (Serier 1993) de la cual se generaron poblaciones por polinización abierta en diferentes países de Asia, hasta iniciar una selección, bajo metodología masal por Cramer, en 1919, y que se potencializaría por el desarrollo de las técnicas de propagación vegetativa para el árbol de caucho natural en 1920 (Dijkman, 1951). Esta generó las bases de manejo bajo un esquema de silvicultura clonal. Estas condiciones de propagación y distribución de árboles matrices entre los países de Indonesia, Malasia, Tailandia e Indochina mejoró el desempeño del cultivo y la expansión de este, pero redujo el fondo genético de los materiales propagados.

Por lo anteriormente expuesto, se observó una respuesta de agrupamiento de los materiales incluidos en este estudio, descendientes de los parentales PB 86; 49; 5/51 y Tjir 1, que incluyen la mayoría de clones de las series PB, IRCA, PR, RRIM, FX e IAN. Aunque las series IAN y FX provienen de un trabajo de selección de clones producto de hibridaciones interespecíficas, realizado entre 1942 y 1957 por la compañía Ford, el Instituto Agronómico del Norte y Departamento de Agricultura de los Estados Unidos, buscando producir materiales con resistencia al mal suramericano del hoja. El material disponible para este fin consistía en árboles matriz de las especies *H. suprecean*, *H. guianensis*, *H. microphylla* y *H. benthamiana*, seleccionados por su resistencia al mal del hoja en Forlandia cruzados con clones de origen asiático, como PB 186; 86, Tjir 1; 16, AVROS 183 y 363, considerados como los clones de mejores producción (Gonçalves *et al.* 1997).

El mayor agrupamiento, incluyó a los clones CDC 56; 312, FDR 4575 y 5788, proveniente de un acervo genético con una mayor diferenciación de los clones Wickhan. Esto es producto del trabajo iniciado en el año 1946 por la empresa Firestone que buscaba el mejoramiento genético de clones de *Hevea* resistentes al mal suramericano de las hojas, tomando como base principal un grupo de 25.000 accesiones de Madres de Dios (clones MDF), seleccionadas por su resistencia en campo en áreas de Perú, así como otro tanto de semillas escogidas de Turrialba/Costa Rica, incluyendo las series FX e IAN. Los cruces entre los materiales citados anteriormente se denominaron como MDX, los cuales, posteriormente, se cruzaron con clones asiáticos de las series AVROS, Habel y RRIM, para la obtención de clones de la serie CD y CDC (Resistant Dothidella Clones) en Guatemala y FDR (Firestone Dothidella Resistant), materiales producidos en Liberia (García *et al.* 2002).

Probablemente, los últimos cruzamientos efectuados para producir los individuos CDC y FDR, así como la posterior selección agronómica, introdujeron características deseables de los clones asiáticos dentro del acervo genético original de Madre de Dios, lo cual no permite bajo las condiciones de este estudio, diferenciar los descendientes de MDF de los clones Wickhan.

La tendencia de agrupamiento de materiales descendientes de los clones Wickhan observada en estos resultados concuerda con los resultados obtenidos en los estudios realizados con marcadores moleculares tipo RAPD y ISSR (An *et al.* 2005), ISSR (Kitijuntaropas & Wansomnuk, 2007), RAPD y microsatélites (Korakot *et al.* 2008) AFLP (Luo *et al.* 2001) y SSCP (Lekawipat *et al.* 2003a, 2003b).

Los resultados obtenidos en este estudio pueden ser complementados con un trabajo en la caracterización morfológica de semilla y fruto. Estos caracteres han mostrado una capacidad de discriminación desde el inicio de estos estudios

en 1933 por Frey-Wyssling y corroborados más recientemente por los reportes Saraswathyamma *et al.* (1981), Mercykutty *et al.* (1991, 1996, 1997), en trabajos de variabilidad de clones de *H. brasiliensis*.

CONCLUSIONES

En las condiciones de este estudio, el clon GU 1410 se presenta como el material más divergente entre los clones de *Hevea brasiliensis*, contenidos en la colección clonal del SINCHI.

Una reducida variabilidad genética dentro de los clones de *H. brasiliensis* y *Hevea* spp., se estima bajo las condiciones de este estudio, lo cual se atribuye al linaje de estos materiales a cuatro parentales en común o cruzamientos entre mismos clones PB 86, PB 5/51, PB 49 y Tjir 1.

Se cuenta con un grupo de clones de especies diferentes de *H. brasiliensis*, que divergen ampliamente de esta, incluyendo todos los materiales de ellas, con la excepción del clon PA 31 de *Hevea pauciflora*.

Los clones FX 3899P1, IAN 6158 e IAN 717 se presentan como los materiales de mayor divergencia entre los materiales producto de los cruces interespecíficos *H. brasiliensis* x *H. benthamiana*.

AGRADECIMIENTOS

Los autores expresan sus agradecimientos al Instituto Amazónico de Investigaciones Científicas SINCHI (sede Florencia-Caquetá) e Instituto de Biotecnología de la Universidad Nacional de Colombia (IBUN), por su valiosa contribución y apoyo. De igual forma, al Ministerio de Agricultura y Desarrollo Rural por el apoyo financiero (Convenio 057/2007) para la realización de este proyecto “Contribución a la certificación por técnicas moleculares de material comercial de *Hevea brasiliensis* de interés para Colombia”, ejecutado entre el Instituto SINCHI e IBUN.

REFERENCIAS BIBLIOGRÁFICAS

- Aguilar, A. & P. de S. Gonçalves.** 2006. Diversidade genética em genótipos de *Hevea* de origem amazônica e asiática. *Revista Ceres* 53: 205-291.
- An, Z., A. Sun, H. Cheng, H. Huang & J. Fang.** 2005. Genetic Diversity among wild and cultivated accessions of *Hevea brasiliensis* (Rubber Tree) Detected by RAPDs and ISSRs. *Journal of Tropical and Subtropical Botany* 13: 246-252.
- Besse, P., M. Seguin, P. Lebrun, M. H. Chevallier, D. Nicolas & C. Lanaud.** 1994. Genetic diversity among wild and cultivated populations of *Hevea brasiliensis* assessed by nuclear RFLP analysis. *Theoretical Applied Genetics* 88: 199-207.
- Bicalho, K., L. Oliveira, J. Santos & A. Mesquita.** 2008. Similaridade genética entre clones de seringueira (*Hevea brasiliensis*), por meio de marcadores RAPD. *Ciência Aerotécnica* 32: 1510-1515.
- Cary, N.** 2007. JMP, Version 7. SAS Institute Inc. Nort Carolina. 157 p.
- Chevallier, M.** 1988. Genetic variability of *Hevea brasiliensis* germplasm using isozyme markers. *Journal Natural Rubber Research* 3: 42-53.
- Compagnon, P.** 1998. El caucho natural, biología, cultivo, producción. Consejo Mexicano del hule y CIRAD. México. 701 p.
- Cruz, C.** 2008a. Programa Genes - Diversidade Genética (1^a ed). Editora UFV. Viçosa-MG. 278 p.
- Cruz, C.** 2008b. Programa Genes - Aplicativo computacional em e estatística. Versión en linea [www.ufv.br/dbg/genes/genes]. Fecha de consulta: 29 de junio del 2010.
- Cruz, C., A. Regazzi & P. Carneiro.** 2004. Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético (volume 1 - 3a. ed.). Editora UFV. Viçosa- MG. 480 p.

- Dijkman, M.** 1951. Hevea. Thirty years of research in the Far East. University of Miami Press. Miamis. 329 p.
- Garcia, D., V. Le Guen, C. Mattos, P. de S. Gonçalves & A. Clément-Demange.** 2002. Relationships between yield and some structural traits of the laticiferous system in *Hevea* clones resistant to South American leaf blight. *Crop Breeding and Applied Biotechnology* 2: 307-318.
- Gonçalves, P. de S., A. Martins, N. Bortolotto & R. de C. Utida.** 1995. Varibilidade dos carcteres estruturais do sistema laticifero da cascara em plamtas Jovens seringueira. *Pesquisa Agropecuaria Brasileira* 30: 643-656.
- Gonçalves, P. de S., A. Ortolani & M. Cardoso.** 1997. Melhoramento genético da seringueira: uma revisão. Documentos IAC 54. Campinas-SP. 55p.
- Gonçalves, P. de S., N. Bortolotto, A. Martins, M. Cecchettigottardi & A. Ortolani.** 1998. Variação genética da produção de látex e incremento do caule em progêneres de seringueira. *Pesquisa Agropecuaria Brasileira* 33: 321- 330.
- Goncalves, P. de S. & J. Marques.** 2008. Melhoramento genético da seringueira: passado, presente e futuro, pp.: 401-407. En: Alvarenga, A. de P. & C.A.F.S. do, Carmo (eds.). EPAMIG. Viçosa- MG.
- Hernández, C., L. Afanador, R. Arango & M. Lobo.** 2006. Análisis de la variación genética de clones de caucho (*Hevea brasiliensis*) de Asia, Suramérica y Centroamérica usando marcadores RAPD. *Revista Colombiana de Biotecnología* 8: 29-34.
- Kitijuntaropas, Y. & P. Wansomnuk.** 2007. Genetic Diversity of thirteen cultivars of Para rubber tree (*Hevea brasiliensis* Muell. Arg.). Thailand. *Agricultural Science Journal* 38: 19-24.
- Korakot, N., N. Charassri & S. Sayan.** 2008. Analysis of genetic diversity in early introduced clones of rubber tree (*Hevea brasiliensis*) using RAPD and microsatellite markers. *Songklanakarin Journal Science Technology* 30: 553-560.
- Lekawipat, N., M. Teerawatanasuk, S. N. Rodier-Goud, A. Vanavichit, T. Toojinda & S. Tragoonrung.** 2003a. Genetic diversity analysis of wild germplasm and cultivated clones of *Hevea brasiliensis* Muell. Arg. by using microsatellite markers. *Journal Rubber Research* 6: 36-47.
- Lekawipat, N., K. Teerawatanasuk, A. Vanavichit, T. Toojinda & S. Tragoonrung.** 2003b. Evaluating The Genetic relatedness of wild and cultivated *Hevea brasiliensis* accessions with SSCP Markers. *SABRAO Journal of Breeding and Genetics* 35: 123-134.
- Lopez, A.** 2003. Comportamiento del caucho *Hevea brasiliensis*, en la zona cafetera. *Fitotecnia Colombiana* 3: 1-8.
- Luo, A., S. Chen, K. Wu & S. Fu.** 2001. AFLP fingerprinting analysis of elite *Hevea brasiliensis* germoplasma. *Acta Botanica Sinica* 43: 941-947.
- Martinez, A. & F. Garcia.** 2006. Investigación del cultivo de caucho (*Hevea brasiliensis*) en la Orinoquia y el norte amazónico. *Boletín de Investigación No 4 CORPOICA*. Villavicencio. 47 p.
- Mercykytta, V., Y. Vraghese, J. Licy & A. Panikkar.** 1991. Juvenile characters and seed morphology of certain modern *Hevea* clones. *Indian of Natural Rubber Research* 4: 16-25.
- Mercykytta, V., Y. Vraghese, J. Licy & C. Saraswathyamma.** 1996. Morphology of certain promising clones of rubber (*Hevea brasiliensis*), pp.: 224-225. En: Cochin University. *Proceedings of the 8th Kerala Science Congress*. Kerala.
- Mercykytta, V., J. Licy, Y. Vraghese & C. Saraswathyamma.** 1997. Characterization of *Hevea* clones at an early phase, pp.: 56-71. En: International Society for Tropical Crop Research and Development (ISTCRAD).

- Symposium on Tropical Crops Research and Development. Kottayam.
- Mercykutty, V., J. Marattukalam, C. Saraswathyamma & T. Meenakumari.** 2002. Identification of *Hevea* clones a manual. Rubber Research of India (RRII). Kottayam/Kerala. 103 p.
- Mydin, K., N. Gopinathan, M. Sethuraj, P. Saraswathy & O. Panikkar.** 1992. Genetic divergence in *Hevea brasiliensis*. Indian Journal of Natural Rubber Research 5: 120-126.
- Olapade, E. & K. Omokhafe.** 1990. Hand pollination of *Hevea brasiliensis* in Nigeria comparison with open pollinated field data. Journal Rubber Research Institute of Sri Lanka Bulletin 70: 27-34.
- Oliveira, M. do S.** 2005. Caracterização molecular e morfo agronômica de germoplasma de açaizeiro Tese título de “Doutor”. Genética e Melhoramento de Plantas. Universidade Federal de Lavras-MG. Lavras-MG. 182 p.
- Omokhafe, K.** 2002. Evaluation of *Hevea* clones for seed characters, latex yield and phenetic relationship. Ph.D. Thesis BNU University. Benin City. 121 p.
- Omokhafe, K. & J. Alika,** 2003a. Clonal variation and correlation of seed characters in *Hevea brasiliensis* Muell. Arg. Industrial Crops and Products 19: 175-184.
- Omokhafe, K. & J. Alika.** 2003b. Phenetic relationship of rubber tree clones. Biological Platarum 46: 217-222.
- Paiva, J., P. Kageyama & R. Vencovski.** 1994. Genetics of rubber tree (*Hevea brasiliensis* (Wild ex Ard de Juss) Mull. Arg). Silvae Genetica 43: 373-376.
- Quesada, I., F. Aristizábal, D. Montoya & B. Chaves** 2009. Evaluación de seis sistemas de sangría para cuatro clones de *Hevea brasiliensis* [(willd. Ex adr. De juss.) Muell.-arg.], en la altillanura colombiana. Colombia Forestal 12: 37-50.
- Saraswathyamma, C., V. Markose & A. Panikkar.** 1981. Studie on the fruit characteristics of *Hevea*, pp.: 384-390. En: Vishveshwara, S. (ed.). Proceedings of the Fourth Annual Symposium on plantation Crops. PLACROSYM IV. Kerala.
- Serier, J.** 1993. Histoire du caoutchouc. Desjonquères (ed.). Paris. 273 p.
- Sudré, C., C. Cruz, R. Rodrigues, E. Riva, A. Amaral júnior, D. Silva & T. Pereira.** 2006. Variáveis multicategóricas na determinação da divergência genética entre acessos de pimenta e pimentão. Horticultura Brasileira 24: 88-93.
- Varghese, Y., C. Knaak, M. Sethuraj & W. Ecke.** 1997. Evaluation of random amplified polymorphic DNA (RAPD) markers in *Hevea brasiliensis*. Plant Breeding 116: 47-52.
- Venkatachalan, P., S. Thomas, P. Priya, I. Thanseem, T. Gireesh, C. Saraswathy & A. Thulaseedharan.** 2002. Identification of DNA Polymorphism among clones of *Hevea brasiliensis* Muell-Arg. using RAPD analysis. Plant Cell Reports 15: 172-181.
- Webster, C. & E. Paardekooper.** 1989. The botany of the rubber tree. Pag 57-84. En: Webster, C.C. & W.J. Baulkwill (eds.). Longman Scientific & Technical. Rubber. London.