

BASE GENÉTICA DE LOS CULTIVARES DE CAÑA DE AZÚCAR EXPLOTADOS COMERCIALMENTE EN CUBA ENTRE 1965 Y 2008

Yaquelin Puchades, Reynaldo Rodríguez, Josué Arteché, Norge Bernal, Héctor Jorge y María T. Cornide

Estación Territorial de Investigaciones de la Caña de Azúcar Oriente-Sur.

Correo Electrónico: ypuchades@etica.ciges.inf.cu

RESUMEN

En el presente trabajo se determinó la relación genética de los principales cultivares de caña de azúcar explotados comercialmente en Cuba en el período 1965-2008. Para determinar el grado de relación de parentesco entre cultivares y ancestros se calcularon los índices porcentaje de participación y porcentaje de contribución genética. Los resultados muestran el árbol genealógico y la procedencia genética de 58 cultivares explotados por el programa nacional de mejora del cultivo. Un análisis de conglomerado agrupó diferentes grupos varietales según su coeficiente de parentesco. Los resultados obtenidos mediante la información genealógica de los genotipos son importantes para asistir el análisis y la selección de progenitores, así como para desarrollar estrategias dirigidas a ampliar la actual base genética a través de la introducción de nuevas fuentes genéticas.

Palabras claves: *Sacharum sp*, programa de mejora, coeficiente de parentesco.

GENETIC BASES OF COMMERCIAL SUGAR CANE CULTIVARS IN CUBA IN THE PERIOD OF 1965-2008

ABSTRACT

The present work is aimed to determine the genetic relationship of sugarcane cultivars used from 1965 to 2008 in Cuba. To estimate the degree of contribution to commercial germplasm of each ancestor two indices were calculated: the percentage of participation and the percentage of genetic contribution. The result showed a combined genealogical tree of 58 cultivars exploited by Cuban sugarcane breeding program. A dendrogram, based on pairwise genealogical distances, separated varietal groups and independent cultivars for three periods considered from 1965 to 1980, 1981 to 1999 and 2000 to 2008. The genetic information obtained using pedigree information from major sugarcane cultivars used commercially, would be employed to assist the recommendation of novel sources to widen the genetic base of the introgression programs of sugarcane.

Key words: *Sacharum sp*, plant breeding, coefficient of parentage.

INTRODUCCIÓN

Con el transcurso del tiempo, la selección dirigida ha provocado una notable erosión genética. La mayoría de los programas de mejoramiento genético en plantas actuales parten de una base genética estrecha, tanto por el número reducido de accesiones que componen el germoplasma, como por el uso de progenitores emparentados. Es por ello que la búsqueda de nuevas fuentes genéticas, poco o no relacionadas entre sí, constituye una línea de investigación importante, como estrategia para elevar la eficiencia de los programas de mejora (Fuentes et al, 2004). En el marco de esta estrategia, los indicadores de coancestría (endogamia) y relación genética han sido empleados por los fitomejoradores para auxiliar la selección de progenitores, obtener híbridos heteróticos y elevar la eficacia de las hibridaciones introgresivas con etapas de fijación genética.

En Cuba, la obtención de cultivares de caña de azúcar, a través del trabajo de mejoramiento, la utilización de material genético importado y la introducción de nuevos cultivares comerciales promisorios, han sido los pilares del desarrollo de la agroindustria azucarera. En la década del 80 se comenzó a trabajar en la búsqueda de fuentes de resistencias e integración en los progenitores activos del programa comercial, a partir de las cuales se han obtenido diversos cultivares con adecuado nivel de resistencia y adaptadas a las principales regiones agroclimáticas del país. (González et al, 2004). Sin embargo, en los últimos años los progresos en el programa cubano de mejora de la caña de azúcar se han limitado, como consecuencia del incremento del nivel de agresividad de las enfermedades, el crecimiento de la cantidad de inóculo, así como de los cambios climáticos, observándose una notable disminución de los progresos por selección para los caracteres de la calidad del jugo y el rendimiento agrícola, fundamentalmente en las etapas finales de selección (Pérez et al, 2007).

El conocimiento de las relaciones genéticas entre genotipos, obtenido mediante la exploración de la genealogía de los cultivares comerciales puede ser de utilidad para los mejoradores con el fin de seleccionar progenitores del germoplasma disponible y reducir la vulnerabilidad genética al estrés biótico y abiótico. Teniendo en cuenta estos elementos, el objetivo de este trabajo fue estudiar las relaciones genéticas entre los cultivares de caña de azúcar más explotados comercialmente en Cuba en el período 1968-2008 considerando sus coeficientes de parentesco y agruparlos según los valores de estos coeficientes.

MATERIALES Y MÉTODOS

Material Vegetal

Se estudiaron 58 cultivares de caña de azúcar, explotados en Cuba entre 1965 y 2008 (Tabla 1), que lograron importancia comercial al ocupar un área superior o igual al 0,1% del área censada dedicada al cultivo. El pedigrí de cada cultivar se obtuvo a través de los reportes del Programa de Fitomejoramiento y la Base de Datos del Germoplasma de Caña de Azúcar en Cuba. El período de estudio se dividió en tres etapas: desde 1965 hasta 1980, caracterizado por el predominio de un solo cultivar y solo transitoriamente por unos pocos genotipos; desde 1981 hasta 1999 y desde 2000 hasta 2008, correspondientes a una gradual introducción a la producción de mayor número de cultivares con potencialidades comerciales (González et al, 2008).

Análisis estadístico

Para estimar el grado de contribución de cada ancestro al germoplasma comercial, se calcularon los índices porcentaje de participación y porcentaje de contribución genética (Cuevas-Pérez et al, 1992). Los ancestros que contribuyeron a las tres etapas mencionadas fueron considerados como miembros del grupo núcleo del programa de mejora del cultivo.

Para medir la relación genética entre cultivares se empleó el coeficiente de parentesco R_{XY} de Malécot (1948), basado en la representación esquemática de los pedigrí. Los cálculos de los coeficientes referidos al porcentaje de participación, porcentaje de contribución genética y coeficiente de parentesco fueron realizados mediante el software CROPDIVER v9.3 (Arteche et al, 2005). Empleando el software NTSYSpc v2.1, se realizó un análisis de agrupamiento jerárquico basado en la matriz de covarianza genética estimada, con el método de la media aritmética de grupos pareados desbalanceados (UPGMA).

RESULTADOS Y DISCUSIÓN

Composición de la base genética

La figura 1 muestra el árbol genealógico combinado de 58 cultivares de caña de azúcar, explotados comercialmente en Cuba entre 1965 y 2008. Este árbol evidencia que la base genética de estos genotipos está compuesta por 116 ancestros. De ellos 19 son formas originales, 73 formas híbridas y 24 formas de origen desconocido. Se desconoce la procedencia genética de cinco cultivares explotados en el periodo.

En el centro del diagrama se encuentra el cultivar POJ2878. A partir de este se derivan el 65% de todos las cultivares explotados en el período. Este genotipo ocupó más del 65% del área nacional en el

año 1965, y fue disminuyendo su explotación hasta su eliminación en 1979 (González et al, 2004). Estos resultados también confirman que la mayoría de los cultivares de caña de azúcar, a nivel mundial, se derivan de un número muy limitado de progenitores, obtenidos a partir de híbridos originales interespecíficos originados en Indonesia e India (Edmé et al, 2005).

De los 116 ancestros relacionados en el árbol genealógico, 15 están presentes en el pedigrí de más del 50%, de los cultivares comerciales. Un grupo de 58 ancestros, originales de nueve países y 10 de origen desconocido, estuvieron presentes en al menos un cultivar explotado durante los tres periodos considerados. Basados en estos resultados, puede considerarse este grupo, que provee más del 77% del total de la constitución genética de los principales cultivares explotados entre 1965 y 2008, como el núcleo del programa de mejora cubano de caña de azúcar (Tabla 2).

Para este grupo, los índices de contribución genética van disminuyendo en etapas sucesivas, mientras que los índices de participación aumentan de una etapa a otra. Este comportamiento es el producto de la incorporación gradual de nuevos progenitores al programa de mejora en las sucesivas etapas y a la utilización de los cultivares comerciales de una etapa como progenitores en las sucesivas. Al igual que en otros programas de mejora del cultivo se destaca la contribución genética de clones ancestrales de *S officinarum* (por ejemplo Black Cheribon y Lahaina), (Chatwachirawong y Srinives, 1999; Alwala et al, 2006).

Relaciones genéticas entre los cultivares

Para el análisis de agrupamiento jerárquico (cluster) se utilizó como criterio de truncamiento o de formación de grupos un nivel mínimo de parentesco $R_{xy}=1/4$. Este valor indica la probabilidad de que un gen seleccionado al azar de un cultivar X sea un 25% idéntico por descendencia de uno seleccionado al azar de un cultivar Y. En estos casos se encuentran las variedades con parentesco no mayor de dos generaciones por vía directa y por vía colateral, como el caso de los medios hermanos.

Al efectuar la clasificación automática de los genotipos (figura 2), se observó un incremento en los grupos de cultivares entre las sucesivas etapas. Se evidencia además que con el avance de las etapas se incrementan los cultivares con información desconocida sobre sus ancestros, y se muestran en el diagrama como genotipos independientes.

En la primera etapa (1965-1980) (Figura 2-A) se diferencian dos grupos y tres genotipos con menor relación de parentesco que el mínimo establecido ($R_{xy}=1/4$): CP52-43, Co213 y My5514. Sin embargo, de los 18 genotipos analizados 17 presentan algún grado de parentesco entre si y solo uno, My5514, no presenta parentesco con el resto. Los grupos están formados por el cultivar POJ2878 y sus

descendientes de primera generación (GI) y, el progenitor B42231 y sus descendientes de primera generación (GII).

En la segunda etapa (1981-1999) (Figura 2-B) en el análisis de agrupamiento se diferencian cinco grupos y siete genotipos con valores de R_{xy} inferiores al límite impuesto: Ja64-19, B7274, B77683, CC85-102, Co997, My5514 y CP52-43. De los 31 cultivares de la etapa cuatro (B7274, Co997, CC85-102 y B77683) no presentan ningún grado de parentesco con el resto. El grupo I (GI) está formado por el progenitor B63118 y su descendiente de primera generación B77418 (GI). El grupo II (GII) incluye individuos relacionados de manera directa o colateral con el ancestro POJ2878 (GII), mientras que el grupo III (GIII) lo componen individuos medios hermanos C1616-75, C751-75 y C374-72. El grupo IV (GIV) está formado por individuos medios hermanos que comparten el progenitor B45181.- El grupo V (GV) está integrado por los medios hermanos CB44-52 y C227-59.

En la tercera etapa (2000-2008) (Figura 2-C) se diferencian cuatro grupos y 13 genotipos con relación de parentesco menor al valor de truncamiento seleccionado: C137-81, B7274, B80250, C203-82, C86-12, C86-456, CC82-105, Co997, SP70-1284, CP52-43, Ja64-19, C1051-73 y C89-147. De estos cultivares, seis (Co997, C86-156, C86-12, CC82-105, C203-82, B80250) no presentan parentesco con el resto de los genotipos explotados en la etapa, debido a que presentan desconocida o poca información sobre sus progenitores. Los grupos están formados por el progenitor B63118 y su descendiente de primera generación C132-81 (GI), individuos con relación directa o colateral con el cultivar POJ2878 (GII), individuos que comparten el progenitor C187-68 (GIII) y el progenitor My5514 y sus descendientes de primera generación C85-102 y C90-530 (GIV).

El valor medio del coeficiente de parentesco entre los cultivares comerciales explotados en el período 1965-2008 es de 0.190. Por etapa el promedio de este coeficiente entre los cultivares ha ido disminuyendo con valores de $0.208 > 0.188 > 0.174$, desde la primer hasta la tercera etapa. Otros investigadores han llamado la atención con relación a la limitada base genética que viene caracterizando al programa nacional de mejora, (Pérez 1992; de Prada et al, 1997; Cornide et al, 1999), y plantean necesario una evaluación sistemática de las diferentes combinaciones con el objetivo de mantener una activa renovación de progenitores y combinaciones en el programa de mejora. Esta estrategia posibilita contar con una variabilidad genotípica adecuada en las poblaciones de individuos a seleccionar.

Otros autores han reportado el uso de progenitores altamente emparentados en los programas de mejora de la caña de azúcar a escala mundial, con la consecuente depresión de la diversidad genética del cultivo (Chatwachirawong and Srinives, 1999; Cornide et al., 2000; Alwala et al., 2006; Kavar et al., 2009). Aunque algunos de estos trabajos están basados en marcadores moleculares, los

investigadores abogan por el uso combinado de los métodos moleculares y los basados en la genealogía de los cultivares. En este marco los indicadores de coancestría y relación genética entre progenitores, hasta la segunda generación de ancestros, puede contribuir a una selección más eficiente de progenitores y elevar la eficacia del programa de mejora. Según estas consideraciones debe limitarse el uso de combinaciones con valores de coancestría mayores de 0.250 (entre cultivares de un mismo grupo), favorecer aquellas de menores valores (entre cultivares de diferentes grupos) y seleccionar nuevos progenitores derivados de aquellos más antiguos y con características favorables para la mejora del cultivo (cultivares que pertenecen a un mismo grupo).

REFERENCIAS BIBLIOGRÁFICAS

- Alwala S, Suman A, Arro JA, Veremis JC, Kimbeng CA (2006) Target region amplification polymorphism (TRAP) for assessing genetic diversity in sugarcane germplasm collections. *Crop. Sci* 46: 448-455.
- Arteche J, Fuentes JL, Cornide MT, Borges E (2005). Crop Genetic Diversity: un programa de computación para optimizar la composición de la estructura varietal y la recomendación de progenitores sobre la base de su diversidad genética. *Cultivos Tropicales*; 26: 45-50.
- Chatwachirawong P, Srinives P (1999) Coefficients of parentage of major sugarcane clones in Thailand. *SABRAO J Breeding & Genetics* 31: 51-57.
- Cornide MT, Coto O, Calvo D, Canales E, Prada F de, Pérez G (2000). Molecular markers for the identification and assisted management of genetic resources for sugarcane breeding. *Plant Varieties and Seeds*, 13: 113-123.
- Cornide MT, Leonard H, Canales E, Mesa J, Calvo D, Ortiz R (1999). Genetic diversity among a group of sugarcane varieties and its relationship to family performance. *Cultivos Tropicales*; 20: 63-68.
- Cuevas-Pérez FE, Guimaraes LE, Berrio I, González DI (1992). Genetic base of the irrigated rice in Latin America and the Caribbean. *Crop Science*; 32: 1054-1059.
- De Prada F (1997). Estudio y utilización de los recursos genéticos de la caña de azúcar (*Saccharum spp.*). La Habana. 106h. Tesis en opción del grado científico de Dr. en Ciencias Agrícolas. Ministerio del Azúcar. INICA.
- Edmé SJ, Miller JD, Glaz B, YP Tai P, Comstock JC (2005). Genetic contribution to yields gain in the Florida sugarcane industry across 33 years. *Crop Sci*; 45: 92-97.
- Fuentes JL, Arteche J, Suárez E, Gómez PJ, Borges E, Cornide MT (2004). Genetic base and commercial utilization of rice varieties in Cuba. *J. Genet. & Breeding*; 58: 1-9.
- González RM, Almeida R, Jorge H, Jorge I (2004). Principales variedades de caña de azúcar empleadas en Cuba con fines comerciales en los últimos 40 años. 40 Aniversario de la creación del INICA. CD ISBN-959-246-122-8.
- González RM, Jorge H, Jorge I, Rodríguez M (2008). XVI Reunión Nacional de Variedades, Semilla y Sanidad Vegetal. Cuba & Caña, Supl: 1. Kavar PG, Devarumath RM, Nekar Y (2009) Use of RAPD markers for assessment of genetic diversity in sugarcane cultivars. *Indian Journal of Biotechnology* 8: 67-71.

Malécot G (1948). Les mathématiques de l'hérédité. Masson, Paris,p 60.

Pérez G (1992). Algunas Consideraciones sobre la base genética de los híbridos comerciales cubanos. Conferencia 40 Aniv. de la EPICA Mayarí; Libro Resumen.

Pérez G, Chinea A, Abrantes I, Cabrera L, Carvajal O, Vidal S (2007). Base genética de la caña de azúcar en Cuba y su influencia sobre la obtención de variedades resistentes a enfermedades. Memorias 60 Aniversario EPICA Antonio Mesa , CD ISSN1028-6527.

Tabla 1: Principales cultivares comerciales de caña de azúcar, utilizados en Cuba en el período 1965-2008

Coancestría				Coancestría			
No	Denominación	Absoluta	Origen	No	Denominación	Absoluta	Origen
1	Co213	0.000	India	30	C439-72	0.125	Cuba
2	POJ2878	0.125	Java	31	C1051-73	0.053	Cuba
3	Co421	0.000	India	32	C290-73	0.170	Cuba
4	B42231	0.016	Barbados	33	C1324-74	0.000	Cuba
5	PPQK	0.016	Cuba	34	C1616-75	0.115	Cuba
6	B4362	0.008	Barbados	35	C568-75	0.000	Cuba
7	CB44-52	0.000	Brasil	36	C751-75	0.062	Cuba
8	CG127-45	0.016	Perú	37	Ty76-16	0.084	Cuba
9	C529-50	0.000	Cuba	38	Ty76-25	0.084	Cuba
10	ML3-18	0.000	Cuba	39	B77418	0.000	Barbados
11	C236-51	0.016	Cuba	40	B77683	0.000	Barbados
12	C87-51	0.016	Cuba	41	C120-78	0.129	Cuba
13	CP52-43	0.001	EE.UU	42	B80250	-----	Barbados
14	Co997	0.000	India	43	C132-81	0.000	Cuba
15	My54129	0.055	Cuba	44	C137-81	0.000	Cuba
16	My5464	0.055	Cuba	45	C203-82	-----	Cuba
17	My5465	0.043	Cuba	46	CC82-105	-----	Cuba
18	My5514	0.000	Cuba	47	C85-102	0.000	Cuba
19	C227-59	0.125	Cuba	48	C86-12	-----	Cuba
20	Ja60-5	0.021	Cuba	49	C86-456	-----	Cuba
21	B63118	0.000	Barbados	50	C86-503	0.042	Cuba
22	Ja64-19	0.000	Cuba	51	C86-56	0.085	Cuba
23	C323-68	0.139	Cuba	52	C88-380	0.015	Cuba
24	C266-70	0.016	Cuba	53	C89-147	0.000	Cuba
25	C294-70	0.125	Cuba	54	C89-176	0.085	Cuba
26	SP70-1284	-----	Brasil	55	C90-317	0.015	Cuba
27	Ty70-17	0.084	Cuba	56	C90-469	0.084	Cuba
28	B7274	-----	Barbados	57	C90-530	0.000	Cuba
29	C374-72	0.104	Cuba	58	PR980	0.016	Puerto Rico

Tabla 2: Ancestros considerados como grupo núcleo del programa de mejora del cultivo

No	Denominación	Periodo 1965-1980		Periodo 1981-1999		Periodo 2000-2008	
		% Contrib	% Particip	% Contrib	% Particip	% Contrib	% Particip
1	POJ2878	9,06	64,71	7,05	74,19	5,96	58,06
2	POJ2364	8,54	83,33	5,19	70,97	4,26	58,06
3	EK28	6,60	66,67	4,43	74,19	3,75	58,06
4	POJ100	5,86	83,33	3,61	74,19	3,03	58,06
5	Kassoer	4,68	83,33	2,78	74,19	2,24	58,06
6	Co281	4,61	27,78	4,71	54,84	2,89	35,48
7	Black Cheribon	4,54	94,44	2,58	80,65	2,14	70,97
8	B42231	3,88	22,22	3,90	32,26	2,11	16,13
9	CP28-11	3,09	27,78	2,60	32,26	1,37	16,13
10	B(30)-L-7	3,05	27,78	2,23	32,26	1,20	16,13
11	B3354	3,05	27,78	2,23	32,26	1,20	16,13
12	POJ213	2,95	44,44	3,42	77,42	2,97	64,52
13	Loethers	2,93	83,33	1,80	74,19	1,39	54,84
14	Black Borneo	2,93	83,33	1,70	70,97	1,52	58,06
15	EK2	2,60	66,67	2,02	74,19	1,65	58,06
16	Co206	2,23	27,78	2,27	58,06	1,70	45,16
17	Glagah	1,63	77,78	1,00	74,19	0,81	58,06
18	Chunnee	1,42	50,00	1,47	77,42	1,31	64,52
19	B391	1,34	27,78	0,77	32,26	0,43	16,13
20	Fidji	1,30	66,67	1,01	74,19	0,83	58,06
21	Lahaina	1,30	66,67	1,01	74,19	0,83	58,06
22	S. spo	1,12	27,78	1,28	61,29	0,95	48,39
23	Ashy Mauritius	1,12	27,78	1,11	58,06	0,82	45,16
24	B3412	1,01	11,11	0,82	35,48	1,07	32,26
25	Ja55-663	0,93	5,56	1,82	19,35	1,86	16,13
26	B37161	0,91	5,56	0,23	3,23	0,27	3,23
27	CP38-34	0,90	5,56	0,41	3,23	0,49	3,23
28	CP43-64	0,90	5,56	0,41	3,23	0,49	3,23
29	CP34-79	0,89	5,56	0,41	3,23	0,98	9,68
30	96NG15 (Badila)	0,89	5,56	0,19	9,68	0,05	9,68
31	BH10/12	0,89	11,11	0,05	3,23	0,15	9,68
32	B45181	0,89	5,56	1,44	12,90	1,71	16,13
33	B6835	0,78	11,11	0,03	3,23	0,12	9,68
34	NCo310	0,52	5,56	1,17	19,35	2,31	22,58
35	B3365	0,47	5,56	0,14	3,23	0,17	3,23
36	CP27-108	0,45	5,56	0,21	3,23	0,25	3,23
37	Hibrido5	0,45	5,56	0,82	19,35	0,85	19,35
38	B3353	0,45	5,56	0,72	12,90	0,85	16,13
39	B37256	0,45	5,56	0,72	12,90	0,85	16,13
40	CP1165	0,45	5,56	0,26	6,45	0,55	12,90
41	CP670	0,45	5,56	0,26	6,45	0,55	12,90
42	P33-30	0,45	5,56	0,21	3,23	0,49	9,68
43	CP27-156	0,45	5,56	0,21	3,23	0,24	3,23
44	CP36-138	0,45	5,56	0,21	3,23	0,24	3,23
45	B603	0,45	5,56	0,10	3,23	0,12	3,23
46	B4578	0,34	11,11	0,03	3,23	0,06	9,68
47	Co421	0,30	5,56	2,82	35,48	3,14	32,26
48	Co312	0,29	5,56	0,64	19,35	1,17	22,58
49	POJ2379	0,28	5,56	0,13	3,23	0,15	3,23
50	Co244	0,25	5,56	0,80	22,58	1,14	25,81
51	US1694	0,23	5,56	0,11	3,23	0,13	3,23
52	ML MORADA	0,22	5,56	0,41	19,35	0,43	16,13
53	28NG251	0,22	5,56	0,10	3,23	0,12	3,23
54	Cristalina	0,22	5,56	0,10	3,23	0,12	3,23
55	D74	0,22	5,56	0,10	3,23	0,12	3,23
56	Co213	0,11	5,88	0,52	25,81	0,58	25,81
57	S. off	0,11	5,56	0,05	3,23	0,06	3,23
58	Kansar	0,00	11,11	0,00	25,81	0,00	25,81

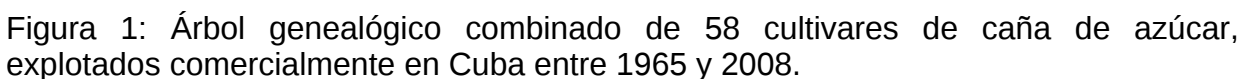


Figura 1: Árbol genealógico combinado de 58 cultivares de caña de azúcar, explotados comercialmente en Cuba entre 1965 y 2008.

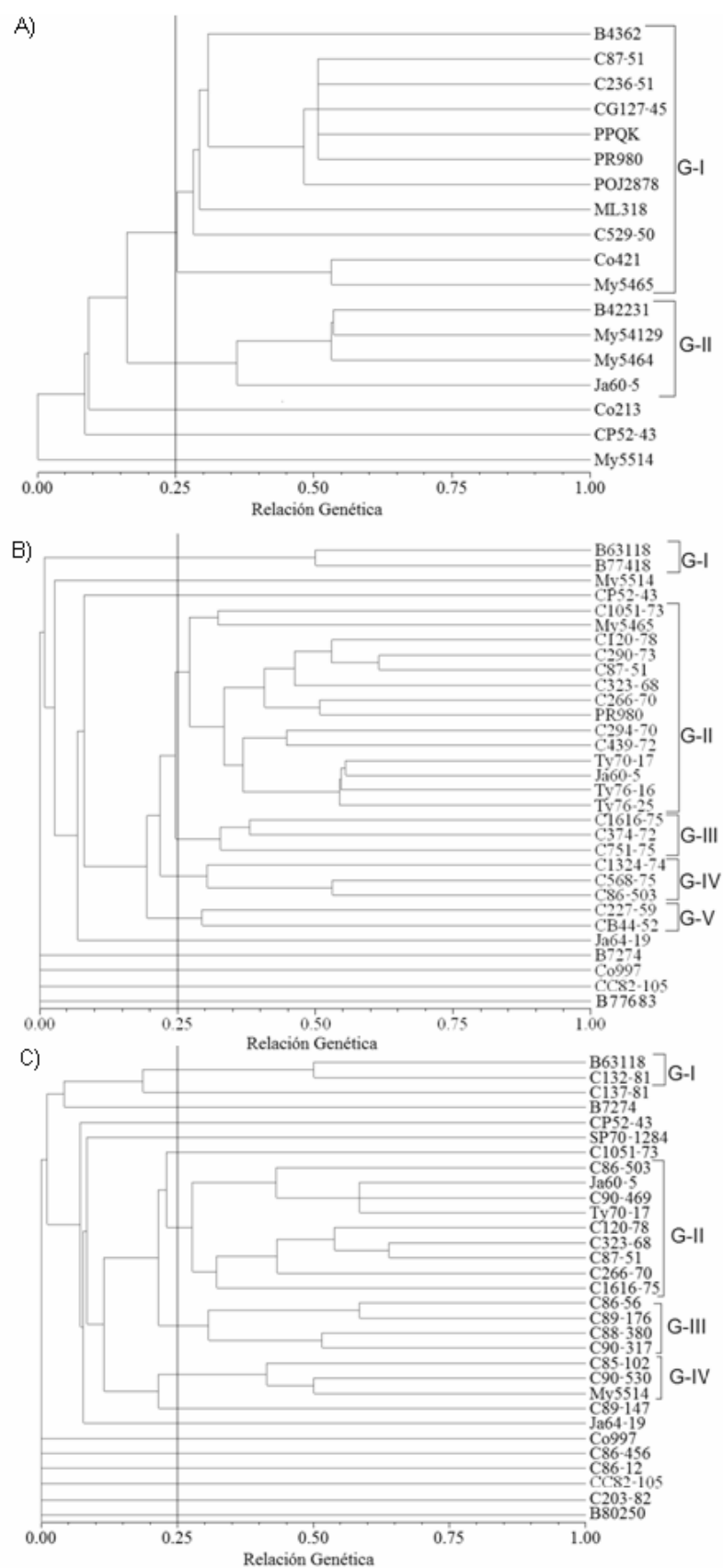


Figura 2: Dendrograma de los cultivares de caña de azúcar, explotados comercialmente en Cuba entre 1965 y 2008. A) Etapa 1965-1980. B) Etapa 1981-1999. C) Etapa 2000-2008.