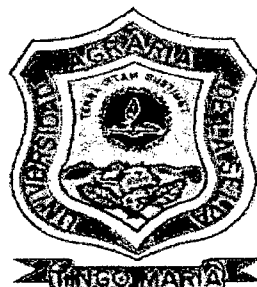


UNIVERSIDAD NACIONAL AGRARIA DE LA SELVA

FACULTAD DE AGRONOMIA

Departamento Académico de Ciencias Agrarias



**“ESTUDIO TAXONÓMICO INTRAESPECÍFICO DE 48
CLONES DE CACAO (*Theobroma cacao* L.) DE LA
COLECCIÓN UCAYALI - URUBAMBA”**

Tesis

Para optar al título de:

INGENIERO AGRONOMO

JOEL MANOLO GUERRERO CABRERA

PROMOCIÓN 2000 – II

“Unasinos hacia el Desarrollo de un Nuevo Eco milenio”

TINGO MARÍA

2005

F70

G88

Guerrero Cabrera, J. M.

Estudio Taxonómico Intraespecífico de 48 Clones de Cacao
(*Theobroma cacao* L.) de la Colección Ucayali - Urubamba.—Tingo
María 2005

90 h.; 36cuadros, 10 fig.s; 34 ref.; 30 cm.

Ingeniero Agrónomo. Universidad Nacional Agraria de la Selva,
Tingo María (Perú). Facultad de Agronomía

THEOBROMA CACAO / TAXONOMÍA NÚMERICA /
CLONES / COLECCIONES DE MATERIAL GENÉTICO /
UCAYALI / URUBAMBA



UNIVERSIDAD NACIONAL AGRARIA DE LA SELVA
FACULTAD DE AGRONOMÍA



ACTA DE SUSTENTACIÓN DE TESIS

No.010-2005-CT-FA/UNAS.

BACHILLER : **JOEL MANOLO GUERRERO CABRERA**

TITULO DE LA TESIS : "ESTUDIO TAXONOMICO INTRA ESPECIFICO DE 48 ECOTIPOS DE CACAO (*Theobroma cacao* L.) DE LA COLECCIÓN UCAYALI-URUBAMBA"

JURADO CALIFICADOR

 Presidente : Ing. CARLOS CARBAJAL TORIBIO

 Vocal : Ing. DAVID GUARDA SOTELO

 Vocal : Ing. JORGE ADRIAZOLA DEL AGUILA

 Asesor : Ing. LUIS GARCIA CARRION

FECHA DE SUSTENTACIÓN : 27 DE SETIEMBRE DEL 2005.

HORA DE SUSTENTACIÓN : 11:00 A.M.

LUGAR DE SUSTENTACIÓN : SALA DE GRADOS/UNAS.

CALIFICATIVO : MUY BUENO

RESULTADO : APROBADO

OBSERVACIONES AL ACTA : EN HOJA ADJUNTA

Tingo María, 28 de Setiembre del 2005.


ING. CARLOS CARBAJAL TORIBIO
PRESIDENTE


ING. DAVID GUARDA SOTELO
VOCAL


ING. JORGE ADRIAZOLA DEL AGUILA
VOCAL


ING. LUIS GARCIA CARRION
ASESOR



DEDICATORIA

A mis padres: Demóstenes y Gaudencia, ejemplo de trabajo y humildad, quienes con su perseverancia y sus sabios consejos me supieron orientar hacia el camino de la superación, haciendo realidad sus deseos.

A la eterna memoria de mi hermana: Jesús Gaudencia (Q.E.P.D. y D.D.G), ejemplo como profesional, quien con su apoyo incondicional, me supo guiar. Por lo que sus recuerdos quedan grabados en lo más profundo de mi corazón.

A mis hermanos: Wilson, Liliana, Vima, Miriam y Demóstenes, como ejemplo de humildad, bondad y agradecimiento, ya que fueron ellos quienes me brindaron sus constantes consejos ya apoyo económico. Hoy ven en mí su deseo cumplido.

A mi esposa e hijo: Elena y Edward, con mucho amor y cariño, fuente de mi inspiración, ya que fueron ellos quienes me supieron comprender y apoyar en todo momento, que el presente sirva de ejemplo para él en el futuro.

AGRADECIMIENTO

- A la Universidad Nacional Agraria de la Selva, "Alma Mater", docentes del Departamento Académico de Ciencias Agrarias y otros que contribuyeron en mi formación profesional.
- Al Ing. Luis García Carrión, patrocinador, por su valiosa orientación y colaboración en la redacción de la misma.
- A los miembros del jurado: Ing. Carlos Carbajal, Ing. Jorge Adiazola y al Ing. David Guarda, quienes con sus sugerencias contribuyeron al mejoramiento de la tesis.
- Al Ing. Vicente Pocomucha, por su colaboración como copatrocinador.
- Al personal del Banco de Germoplasma de la UNAS, los Srs: Julián Ruíz y Gregorio Escalante, por el apoyo brindado durante la ejecución del trabajo en la fase de campo.
- A mi hermana Miriam Elvira, por el apoyo económico y moral brindado durante toda la ejecución del presente trabajo.
- Al personal del laboratorio de Semillas y laboratorio de Nutrición Animal, Srs: Luis Marquillo y Glelia Ríos respectivamente, quienes con su apoyo incondicional hicieron posible la culminación del presente trabajo.
- A mis suegros: Orlando Peláez y Magda Jaimes, por su apoyo desinteresado durante la ejecución del presente trabajo.
- A mis amigos, quienes me expresaron su amistad, solidaridad y confianza, he aquí con este trabajo les retribuyo mi gratitud.

ÍNDICE GENERAL

	Página
I. INTRODUCCIÓN	10
II. REVISIÓN DE LITERATURA	12
2.1. Generalidades.....	12
2.2. Diversidad y variabilidad genética.....	13
2.3. Caracterización y clasificación de germoplasma.....	15
2.4. Taxonomía numérica.....	18
2.5. análisis de conglomerados o análisis cluster.....	20
III. MATERIALES Y MÉTODOS	22
3.1. Campo experimental.....	22
3.1.1. Ubicación.....	22
3.2. Material genético.....	22
3.3. Componentes en estudio.....	22
3.4. Tratamientos en estudio.....	23
3.5. Análisis estadístico.....	25
3.6. Observaciones registradas.....	26
a) Caracteres cualitativos.....	26
b) Caracteres cuantitativos.....	27
3.7. Determinación de las observaciones registradas.....	29
3.7.1. Características cualitativas de la planta.....	29
3.7.1.1. Color de follaje nuevo.....	29

3.7.1.2. Angulo basal de la hoja.....	29
3.7.1.3. Forma del ápice de la hoja.....	30
3.7.1.4. Forma de la hoja.....	32
3.7.1.5. Antocianina en el botón floral.....	32
3.7.1.6. Color del pedúnculo floral.....	32
3.7.1.7. Orientación de los sépalos.....	32
3.7.1.8. Antocianina en la lígula del pétalo.....	33
3.7.1.9. Antocianina en el filamento estaminal.....	33
3.7.1.10. Antocianina en la parte superior del ovario.....	33
3.7.1.11. Antocianina en la parte inferior del ovario.....	34
3.7.1.12. Compatibilidad genética.....	34
3.7.1.13. Forma del fruto.....	35
3.7.1.14. Constricción basal del fruto.....	37
3.7.1.15. Forma del ápice del fruto.....	39
3.7.1.16. Rugosidad de la superficie del fruto.....	41
3.7.1.17. Apariencia de un par de lomos.....	41
3.7.1.18. Profundidad de los surcos primarios.....	41
3.7.1.19. Color del fruto inmaduro.....	42
3.7.1.20. Antocianina en los lomos del fruto inmaduro.....	42
3.7.1.21. Antocianina en frutos maduros.....	42
3.7.1.22. Forma de la semilla en sección longitudinal.....	42
3.7.1.23. Forma de la semilla en sección transversal.....	44

3.7.1.24. Color de los cotiledones frescos.....	44
3.7.1.25. Color de la pulpa fresca.....	44
3.7.2. Características Cuantitativas de la Planta.....	46
3.7.2.1. Longitud de la hoja (n=10).....	46
3.7.2.2. Ancho de la hoja (n=10).....	46
3.7.2.3. Longitud de la base hasta la parte más ancha de la hoja (LBMA) (n=10).....	46
3.7.2.4. Longitud del sépalo (n=4).....	46
3.7.2.5. Ancho del sépalo (n=4).....	46
3.7.2.6. Longitud de la lígula del pétalo (n=4).....	47
3.7.2.7. Ancho de la lígula del pétalo (n=4).....	47
3.7.2.8. Longitud del estaminoide (n=4).....	47
3.7.2.9. Longitud del ovario (n=4).....	47
3.7.2.10. Ancho del ovario (n=4).....	47
3.7.2.11. Longitud del estilo (n=4).....	47
3.7.2.12. Número de óvulos por ovario (n=4).....	48
3.7.2.13. Peso del fruto (n=20).....	48
3.7.2.14. Longitud del fruto (n=20).....	48
3.7.2.15. Diámetro del fruto (n=20).....	48
3.7.2.16. Relación L/D del fruto (n=20).....	48
3.7.2.17. Número de semillas por fruto (n=20).....	48
3.7.2.18. Peso de la cáscara del fruto (n=20).....	49

3.7.2.19. Grosor de la cáscara del fruto (n=20).....	49
3.7.2.20. Peso seco de la semilla (n=30).....	49
3.7.2.21. Longitud de la semilla seca (n=30).....	49
3.7.2.22. Ancho de la semilla seca (n=30).....	49
3.7.2.23. Espesor de semilla seca (n=30).....	50
3.7.2.24. Relación L/A de semilla (n=30).....	50
3.7.2.25. Porcentaje de grasa en las semillas.....	50
3.8. Metodología y procesamiento de datos.....	50
3.8.1. Técnica de conglomerados o clusters.....	51
IV. RESULTADOS.....	53
4.1. Del análisis de conglomerados.....	53
4.1.1. Caracteres cualitativos.....	53
4.1.2. Caracteres cuantitativos.....	58
V. DISCUSIÓN.....	62
5.1. Del análisis de conglomerados.....	62
5.1.1. Caracteres cualitativos.....	62
5.1.2. Caracteres cuantitativos.....	69
5.1.3. Caracteres cuantitativos ligados a la productividad.....	71
VI. CONCLUSIÓN.....	75
VII. RECOMENDACIONES.....	77
VIII. RESUMEN.....	78
IX. REFERENCIAS BIBLIOGRÁFICAS.....	80
X. ANEXOS.....	84

ÍNDICE DE CUADROS Y FIGURAS

CUADRO

1.	Procedencia de los 48 clones de la colección Ucayali-Urubamba.....	23
2.	Clones semejantes obtenidos del análisis de conglomerados y procedencia geográfica.....	54
3.	Caracteres cualitativos codificados de 48 OTUS de la colección Ucayali-Urubamba.....	85
4.	Caracteres cuantitativos codificados de 48 OTUS de la colección Ucayali-Urubamba.....	87
5.	Altitud, coordenadas y zona de ubicación de los 48 clones de la colección Ucayali-Urubamba.....	89
6.	Estimación de estadísticos muestrales de 10 caracteres cuantitativos de 48 UTOS de la colección Ucayali-Urubamba.....	90

FIGURA

1.	Forma de ápice de las hojas de cacao.....	31
2.	Forma del fruto de cacao.....	36
3.	Constricción basal del fruto de cacao.....	38
4.	Forma del ápice del fruto de cacao.....	40
5.	Forma de semilla en sección longitudinal de cacao.....	43
6.	Forma de semilla en sección transversal de cacao.....	45
7.	Fenograma de datos cualitativos de 48 clones de la colección Ucayali-Urubamba.....	56

8.	Fenograma de datos cuantitativos de 48 clones de la colección Ucayali-Urubamba.....	59
9.	Fenograma para 9 caracteres cuantitativos de 48 clones de cacao de la colección Ucayali-Urubamba ligados a la productividad.....	62
10.	Lugares de colección de 48 clones de la colección Ucayali-Urubamba....	91

I. INTRODUCCION

El cacao (*Theobroma cacao* L), es una especie originaria de los trópicos húmedos de América del Sur y Central, cuyas almendras constituyen el insumo básico para la industria del chocolate y otros derivados, asimismo, para la extracción de la manteca de cacao de alta cotización en el mercado internacional.

En la Amazonía peruano-colombo-ecuatoriana reside la mayor variabilidad genética de ésta especie donde es posible encontrar cacao silvestre, cultivado y especies relacionados al género *Theobroma*. Sin embargo, este valioso pool de genes cada día se ve amenazado por una irremediable erosión genética.

Esta variabilidad genética todavía desconocida y potencialmente utilizable, constituyen los recursos genéticos que deben ser conservados, evaluados y documentados en un Banco de Germoplasma. Si bien en Tingo María el cacao fue un cultivo colonizador, actualmente su productividad es baja. Una de las razones que puede explicar ésta situación es la falta de disponibilidad de semilla mejorada. De allí que resulte necesario un mayor conocimiento y ampliación de la base genética como una estrategia para la obtención de nuevos híbridos.

Por su parte, la taxonomía numérica permitirá manejar esta gran cantidad de información clasificando y formando cultivares policlonales con una relativa uniformidad fenotípica.

Motivados por conocer los caracteres morfológicos del material clonal presente en la colección Ucayali-Urubamba; así como, conocer el grado de semejanza o afinidad entre los clones, se planteó los siguientes objetivos:

- ◆ Caracterizar morfológicamente el germoplasma de la colección Ucayali-Urubamba.
- ◆ Estudiar mediante análisis de conglomerados relaciones de similitud o disimilitud entre los clones de dicha colección.
- ◆ Identificar clones potenciales y divergentes que puedan ser utilizados para la formación de híbridos o cultivares policlonales.

II. REVISION DE LITERATURA

2.1. Generalidades

El cacao (*Theobroma cacao* L), es una de las 22 especies que constituyen el género *Theobroma*. Este género es nativo del nuevo mundo y la especie se extiende en América del sur de México, hasta Brasil y Bolivia. Su centro de origen está en la cuenca del Amazonas y el Orinoco (WOOD, 1982).

En cuanto al origen, se puede decir que el cacao, es una especie endémica de América del Sur cuyo centro de origen está localizado en la región que comprende la cuenca de los ríos Caquetá, Putumayo y Napo, tributarios del río Amazonas (CHESSMAN,1944).

En esta región se ha encontrado los más diversos tipos de frutos, algunos parecidos al criollo, denominados "Criollos de montaña", amelonados grandes como el "Nacional" del Ecuador, "Angoletas" parecidos a los clones "Parinaris" y otros tipos de "Amelonados" (SORIA,1987).

Los diversos tipos de cacao comercial que hoy se cultivan y cuya distribución traspone el continente americano, han sido originados durante el curso de su proceso de domesticación por la presión de la selección natural, el aislamiento geográfico, las mutaciones y su sistema de reproducción sexual predominantemente alógamo (SORIA, 1964; GARCIA, 1991).

El cacao como especie ha sido ubicado según la siguiente clasificación taxonómica (LEON, 1968).

- División : Fanerogamas.
- Clase : Angiospermas.
- subclase : Dicotiledonea.
- Orden : Malvales.
- Familia : Sterculiaceae.
- Género : Theobroma.
- Sección : Eutheobroma.
- Especie : *Theobroma cacao* L.

2.2. Diversidad y variabilidad genética

La diversidad genética se refiere a la variación en las características heredables dentro de las especies entre poblaciones diferentes. Esta diversidad está relacionada a la adaptabilidad de las especies a su entorno y es por eso importante en los programas de domesticación y mejoramiento genético; su manejo contribuye a aumentar la resistencia a enfermedades y a condiciones ambientales; así como también a mejorar cualidades deseables de las especies domesticadas (BENITO, 1991).

El cacao es una especie sumamente variable, debido básicamente a su sistema de reproducción sexual y a su tipo de polinización cruzada natural. Los diferentes tipos y grados de incompatibilidad, sumado a las mutaciones y recombinaciones; pueden exhibir una marcada variación natural

a la que se suma la acción modificadora del hombre a través de la selección (LEON, 1987).

En la década del 30 los complejos germoplásmicos naturales de cacao se separaron en dos grupos: Forastero y Criollo. Los Criollos se clasifican según su distribución geográfica y, los Forasteros, según la forma de sus frutos en 4 subgrupos: Angoleta, Cundeamor, Amelonado y Calabacillo (VAN HALL, 1932).

Sobre la base de estudios moleculares y argumentos paleoclimáticos, paleogeográficos y geobotánicos, se han propuesto 4 grupos germoplásmicos naturales con su correspondiente distribución geográfica (LACHENAUD, 1997).

1. **Criollo:** América Central; Colombia y Venezuela.
2. **Amazonas o Forastero:** Perú, Ecuador, Colombia, Bolivia y Brasil.
3. **Guyanas o Forastero:** Meseta de las Guyanas, Venezuela, Surinam, Guyana Francesa y Brasil.
4. **Nacional:** Zona costera del Ecuador.

La variabilidad que presentan los individuos en las poblaciones silvestres o cultivadas constituye los recursos fitogenéticos que son conservados como colecciones de germoplasma y cuya caracterización y

evaluación son imprescindibles para los trabajos de mejoramiento genético (DE CASTRO y BARTLEY, 1983).

Un Banco de germoplasma puede definirse como una instalación adecuadamente implementada donde se conservan colecciones de semilla y/o plántulas de cultivares modernos, primitivos y especies silvestres; y se mantienen como colecciones de plantas adultas en el campo, representado por genotipos distintos (DE CASTRO y ANÓNIMO, 1983).

2.3. Caracterización y clasificación de germoplasma

El término descriptor se emplea cada vez más frecuente para referirse a cada una de las características más importantes en la descripción de una colección, sean éstas morfológicas, agronómicas, fisiológicas o citogenéticas.

En este sentido un descriptor es un término descriptivo como por ejemplo el color del fruto, la longitud del fruto, etc.; siendo el estado del descriptor el grado o valor de la característica codificada en función de la variabilidad de la expresión (DELGADO y SANCHEZ, 1981).

Existen varias razones para el uso de descriptores estandarizados y son los siguientes:

1. La estandarización de la terminología descriptiva permite un intercambio entre científicos que trabajan con recursos genéticos del cacao.

2. Facilita un intercambio de existencia de las colecciones de cacao disponibles a escala mundial y consecuentemente de acciones valiosas que debería ser duplicados en otros lugares.

3. Apoya al mejorador en la selección de material élite no presente en su programa de mejoramiento.

4. Los métodos de procesamiento de datos asistidos por computadora necesitan de información acerca de las accesiones individuales relacionados a los descriptores.

5. Facilita un manejo y mantenimiento eficiente de la colección.

6. Permite el desarrollo y la estandarización de los descriptores específicos del cultivo como base para una descripción sistemática de colecciones de germoplasma (ENGELS; BARTLEY y ENRIQUEZ, 1980).

En Brasil, utilizando descriptores de hojas, frutos y semillas, se caracterizaron 26 clones de las series SIC y SIAL, reportándose semejanzas clonales en cuanto a la forma del limbo y pequeñas variaciones en sus dimensiones. En cambio, los frutos presentaron mayor variación en longitud y menor en diámetro; en tanto, que las semillas en general, indicaron mayor peso húmedo y seco, solamente en los clones de la serie SIAL. La correlación entre longitud de fruto y diámetro se mostró independientemente mientras que hubo una estrecha asociación entre el peso del fruto y el peso de la cáscara (DE CASTRO y BARTLEY, 1983).

En Venezuela entre 1987 a 1990, se colectaron 86 muestras de maíz, (*Zea mays L*), en la región sur de Venezuela; en 1991 se regeneraron

las entradas y más tarde, 46 de estas entradas fueron sometidas a un proceso de evaluación y caracterización para clasificarlas en grupos raciales utilizando métodos de taxonomía numérica.

Se evaluaron 12 caracteres de la planta usando descriptores del IBPGR. Como patrón de comparación se utilizaron los complejos germoplásmicos de las razas Tuxpeño, Tusón, Chandelle, Canilla, Pira, Negrito, Puya, Cariaco y Chirimito y como testigo de adaptación el híbrido simple CENIAP PB-8. El estudio del dendograma originado del análisis de conglomerados, utilizando la distancia Euclideana promedio, mostró la formación de seis grupos de asociación. Se evidenció una marcada distancia genética entre el híbrido CENIAP PB-8 y las variedades locales provenientes de la localidad de San José del Cuao (Cataniapo, Amazonas). Estos materiales son marcadamente diferentes de los otros 44 materiales provenientes del sur de Venezuela y de los nueve complejos germoplásmicos usados como patrón de comparación (ALFARO, J., Y. y SEGOVIA, V., 1991).

En Tingo María, se realizó estudios de caracterización agronómico-botánico de 20 clones de la colección Ucayali reportándose que el número de óvulos por ovario fue muy variable y también variables los caracteres cuantitativos de mazorca y porcentaje de grasa (LOPEZ, 1993).

2.4. Taxonomía numérica

Todo proceso clasificatorio se basa en las diferencias existentes entre los objetos a clasificar. Esa variación es la fuente de la evidencia taxonómica, también llamada característica. Las características pueden definirse como cualquier propiedad que varía en las Unidades Taxonómicas Operacionales (OTUS) en estudio. Los posibles valores que ese carácter pueda expresar, se los considera sus estados (SNEATH y SOKAL, 1973).

La taxonomía numérica es definida como la evaluación numérica de las semejanzas o afinidades entre unidades taxonómicas y la ordenación de estas unidades en taxas de más alto rango tomando como base éstas semejanzas (SNEATH y SOKAL, 1973).

En taxonomía numérica, las mediciones taxonómicas pueden llevarse a cabo en plantas individuales, líneas endocriadas, poblaciones, especie, etc. Cualquiera que sea el grupo bajo estudio, este recibe el nombre de Unidad Taxonómica Operacional (UTO) o entidad. Si bien la unidad taxón puede ser un individuo o el promedio de varios individuos que se utilizan para evaluar una raza, especie, género ó a un taxón más elevado, la unidad más común en estudios de clasificación está dado por la especie (HUAMAN y ARBIZU, 1981)

En un estudio realizado en germoplasma de maní (*Arachis hypogaea*), se reporta que el fenotipo más común para cada subespecie y

variedad resultó el color de la semilla, hábito de crecimiento, periodo vegetativo y peso de 100 semillas, dieciocho grupos que presentaron dos o más accesiones fueron utilizadas para formar compuestos por taxonomía numérica. Para esto se considera un nivel discriminativo del 50% de semejanza según el coeficiente de Rogers y Tanimoto, equivalente aproximadamente a 67% de semejanza en porcentajes absolutos (ALCAZAR, 1988).

Otro ensayo realizado en germoplasma de haba (*Vicia faba*), utilizando taxonomía numérica, se formaron 39 grupos de las 100 accesiones según las siguientes características: Color de cubierta de semilla, peso de 100 granos y periodo vegetativo. Se determinaron 7 grupos formados con más de 3 accesiones y se propuso 13 compuestos de accesiones considerando un nivel discriminativo de 40% de semejanza según el coeficiente de Rogers y Tanimoto (MARMOLEJO, 1993).

Un ensayo realizado con germoplasma de yuca (*Manihot esculenta*), se evaluó 23 características de las hojas, tallos y raíces, mediante el uso de un paquete de estadística multivariado (SAS, 1985).

Los cultivares se agruparon según los coeficientes de distancia, los coeficientes de similitud (Manhattan y Pearson) y las técnicas de componentes principales hasta formar 12 grupos diferentes (LENIS y ALVARADO, 1990).

2.5. Análisis de Conglomerados o Análisis cluster

El Análisis de conglomerados no es más que un conjunto de técnicas que se utilizan para clasificar los objetos u organismos en grupos relativamente homogéneos llamados conglomerados ("clusters"). Los objetos en cada grupo (conglomerado) tienden a ser similares entre sí (alta homogeneidad interna, dentro del cluster) y diferentes a los objetos de los otros grupos (alta heterogeneidad externa, ente clusters) con respecto a algún criterio de selección predeterminado. De este modo, si la clasificación es un éxito, los objetos dentro del cluster estarán muy cercanos unos de otros en la representación geométrica, y los clusters diferentes estarán muy apartados, este análisis se conoce también como análisis de clasificación o taxonomía numérica (GONDAR, 2000).

Los principios fundamentales implicados en cualquier análisis de conglomerados son:

- a) Informe de Aglomeración. Ofrece información sobre los objetos o casos que se combinan en cada etapa de un proceso de agrupación jerárquica.
- b) Centroides de Agrupamiento. Son los valores medios (medias) de las variables para todos los casos u objetos de un grupo particular.
- c) Centros de Agrupamiento. Son los puntos de partida iniciales en la agrupación no jerárquica. Los grupos se construyen alrededor de estos centros o semillas.
- d) Participación en el Grupo. Indica el grupo al que pertenece cada objeto o caso.

e) Dendrograma. Llamado también gráfica de árbol, es un dispositivo gráfico para presentar los resultados del conglomerado. Las líneas verticales representan los grupos que están unidos. La posición de la línea en la escala indica las distancias en las que se unieron los grupos. Se lee de izquierda a derecha.

f) Distancias entre Centros de Grupos. Indican la separación existente entre los pares individuales de los grupos. Los grupos muy separados son distintos y, por tanto, deseables.

g) Diagrama de árbol. Es una representación gráfica de los resultados del conglomerado. Las columnas corresponden a los objetos que se agrupan y los renglones corresponden al número de conglomerados. Se lee de abajo hacia arriba.

h) Matriz de Coeficientes de Distancia / similitud. Es una matriz de triángulo inferior que contiene las distancias en dirección pareada entre los objetos o casos.

i) Etapas del Análisis de Conglomerados. Las etapas que comprende la realización del Análisis de Conglomerados, se presentan a continuación:

1. Formular el problema de agrupación definiendo las variables en las que se basa ésta.
2. Seleccionar una medida de distancia apropiada.
3. Seleccionar un procedimiento de agrupación. La decisión del número de conglomerados requiere del criterio del investigador.
4. Evaluar la validez del proceso de conglomerados (GONDAR, 2000).

III. MATERIALES Y METODOS

3.1. Campo experimental

3.1.1. Ubicación

El estudio se realizó en el Banco de Germoplasma de Cacao de la Universidad Nacional Agraria de la Selva de Tingo María, ubicado en la margen derecha del río Huallaga, distrito de Rupa Rupa, Provincia de Leoncio Prado, Departamento de Huánuco, cuyas coordenadas geográficas son:

Longitud:	75° 57' 00"
Latitud sur:	09° 09' 08'
Altitud:	670 m.s.n.m.

3.2. Material genético

El germoplasma evaluado consta de 48 accesiones (clones), pertenecientes a la colección Ucayali-Urubamba, que fueron recolectados entre 1987-1989 por los Ings. F. Coral, y otros del Programa Naciones Unidas para el Desarrollo (PNUD)- Proyecto FD/PER/86-458, en las márgenes de los ríos Ucayali-Urubamba y sus afluentes, los cuales fueron multiplicados por injerto y luego establecidos en el Banco de Germoplasma de la UNAS.

3.3. Componentes en estudio

El presente estudio está comprendido por 48 clones o variedades de la colección Ucayali-Urubamba: U-1, U-2, U-3, U-4, U-5, U-6, U-7, U-9, U-10, U-11, U-12, U-15, U-19, U-20, U-21, U-22, U-24, U-26, U-28, U-30, U-31,

U-32, U-35, U-36, U-37, U-38, U-39, U-41, U-43, U-45, U-47, U-48, U-49, U-51, recolectados de la cuenca del río Ucayali, U-52, U-53, U-54, U-55, U-56, U-57, U-58, U-59, U-60, U-65, U-66, U-68, U-69, U-70, recolectados de la cuenca del río Urubamba.

3.4. Tratamientos en estudio

Consta de 48 clones que fueron denominados UTOS (Unidades Taxonómicas Operacionales) (Cuadro 1). Dichas UTOS son:

Cuadro 1. Procedencia de los 48 clones de la colección Ucayali-Urubamba.

Código anterior	Código actual	Procedencia	UTOS
U-2	U-1	Fundo San Carlos, Contamana.	UTO 1
U-3	U-2	Fundo San Carlos, Contamana.	UTO 2
U-4	U-3	Fundo San Carlos, Contamana.	UTO 3
U-5	U-4	Fundo San Carlos, Contamana.	UTO 4
U-6	U-5	Fundo San Carlos, Contamana.	UTO 5
U-7	U-6	Fundo San Carlos, Contamana.	UTO 6
U-8	U-7	Fundo Monte Blanco, Contamana.	UTO 7
U-10	U-9	Fundo Tafur, Lago Chía, Tepishca Sector Shitario, Contamana.	UTO 8
U-11	U-10	Fundo Tafur, Lago Chía, Tepishca, Sector Shitario, Contamana.	UTO 9
U-12	U-11	Fundo Daliflor, Pampa Hermosa	UTO10
U-13	U-12	Fundo Daliflor, Pampa Hermosa	UTO11
U-16	U-15	Fundo Las Palmeras, Orellana.	UTO12
U-20	U-19	Fundo Pobre Alegre, Sarayacu.	UTO13

U-21	U-20	Fundo Quiruma , Juancito, caserío Berlín	UTO14
U-22	U-21	Fundo Quiruma, Juancito, Caserío Berlín.	UTO15
U-23	U-22	Fundo Quiruma, Juancito, Caserío Berlín.	UTO16
U-25	U-24	Fundo Lequeito, Río Tapiche.	UTO17
U-26	U-26	Fundo Valle Esperanza, Río Tapiche.	UTO18
U-28	U-28	Fundo López, Yuracocha.	UTO19
U-30	U-30	Fundo López, Yuracocha.	UTO20
U-31	U-31	Fundo López, Yuracocha.	UTO21
U-32	U-32	Fundo Tafur, Lago Chía, Tepishca, Contamana.	UTO22
U-35	U-35	Río Pisqui.	UTO23
U-36	U-36	Fundo Belén, CC.NN Palestina Río Pisqui.	UTO24
U-37	U-37	Río Pisqui.	UTO25
U-38	U-38	Fundo Bienaventurado, Río Pisqui.	UTO26
U-39	U-39	Fundo Bienaventurado, Río Pisqui.	UTO27
U-41	U-41	Fundo Gonzáles, Río Pisqui, Caserío Progreso.	UTO28
U-43	U-43	Fundo Perri, CC.NN. Roaboya, Río Pisqui.	UTO29
U-45	U-45	Fundo Apuela, Nuevo San Juan.	UTO30
U-47	U-47	Santa Rosa de Masisea.	UTO31
U-48	U-48	Santa Rosa de Masisea.	UTO32
U-49	U-49	Tournavista, Río Pachitea.	UTO33
U-51	U-51	Fundo Lagartillo, Río Pachitea Sector Plátano Isla.	UTO34

U-52	U-52	Pampa Hermosa, CC. NN Roaboya, Contamana.	UTO35
U-53	U-53	Fundo Pancorbo, Río Vilcanota, Sector Valermocco Huayapata.	UTO36
U-54	U-54	Fundo Pancorbo, Río Vilcanota, Sector Valermocco Huayapata.	UTO37
U-55	U-55	Fundo Pancorbo, Río Vilcanota, Sector Valermocco Huayapata.	UTO38
U-56	U-56	Fundo Castañeda, Sahuayacu.	UTO39
U-57	U-57	Fundo Arriendo Pasñapacana, Sector Pasñapacana.	UTO40
U-58	U-58	Fundo Arriendo Pasñapacana, Sector Pasñapacana.	UTO41
U-59	U-59	Fundo Palo Santuyo, Cooperativa Chancamayo, río Yanatile.	UTO42
U-60	U-60	Fundo Limonillo, Echarati- Sahuayacu, Sector San Miguel.	UTO43
U-65	U-65	Fundo Palmira, río Urubamba, Sector Casireni.	UTO44
U-66	U-66	Fundo Palmira, Casireni, Cumpiroshiato.	UTO45
U-68	U-68	Fundo Sainate, Sector IDMA.	UTO46
U-69	U-69	Fundo Sainate, Sector IDMA.	UTO47
U-70	U-70	Fundo Sainate, Sector IDMA.	UTO48

3.5. Análisis estadístico

Los datos evaluados se codificaron en una matriz básica de datos, y a partir de esta información previamente estandarizada, se analizó mediante técnicas de Agrupamiento. Para ello se hizo uso del programa Minitab versión 12.1 (LOPEZ y PORRAS, 2002; SOKAL, 1961).

3.6. Observaciones registradas

Se seleccionaron 50 descriptores morfológicos con sus estados y codificación (25 cualitativos y 25 cuantitativos), seleccionados del Consejo Internacional de Recursos Fitogenéticos (IBPGR) y el Centro Agronómico Tropical de Investigación y Enseñanza (CATIE), Costa Rica, dichos caracteres son:

Caracteres cualitativos

- ◆ Color de follaje nuevo (X_1).
- ◆ Angulo basal de la hoja (X_2).
- ◆ Forma de la hoja (X_3).
- ◆ Forma del ápice de la hoja (X_4).
- ◆ Antocianina en el botón floral (X_5).
- ◆ Color del pedúnculo floral (X_6).
- ◆ Orientación de los sépalos (X_7).
- ◆ Antocianina en la lígula del pétalo (X_8).
- ◆ Antocianina en el filamento estaminal (X_9).
- ◆ Antocianina en la parte superior del ovario (X_{10}).
- ◆ Antocianina en la parte inferior del ovario (X_{11}).
- ◆ Compatibilidad genética (X_{12}).
- ◆ Forma del fruto (X_{13}).
- ◆ Constricción basal del fruto (X_{14}).

- ◆ Forma del ápice del fruto (X₁₅).
- ◆ Rugosidad de la superficie del fruto (X₁₆).
- ◆ Apariencia de un par de lomos (X₁₇).
- ◆ Profundidad de los surcos primarios (X₁₈).
- ◆ Color del fruto inmaduro (X₁₉).
- ◆ Antocianina en los lomos del fruto inmaduro (X₂₀).
- ◆ Antocianina en frutos maduros (X₂₁).
- ◆ Forma de la semilla en sección longitudinal (X₂₂).
- ◆ Forma de la semilla en sección transversal (X₂₃).
- ◆ Color de los cotiledones frescos (X₂₄).
- ◆ Color de la pulpa fresca de la semilla (X₂₅).

Caracteres cuantitativos

- ◆ Longitud de hoja (n=10) (X₁).
- ◆ Ancho de la hoja (n=10) (X₂).
- ◆ Longitud de la base hasta la parte más ancha de la hoja (LBMA) (n=10) (X₃).
- ◆ Longitud del sépalo (n=4) (X₄).
- ◆ Ancho del sépalo (n=4) (X₅).
- ◆ Longitud de la lígula del pétalo (n=4) (X₆).
- ◆ Ancho de la lígula del pétalo (n=4) (X₇).

- ◆ Longitud del estaminoide (n=4) (X₈).
- ◆ Longitud del ovario (n=4) (X₉).
- ◆ Ancho del ovario (n=4) (X₁₀).
- ◆ Longitud del estilo (n=4) (X₁₁).
- ◆ Número de óvulos por ovario (n=4) (X₁₂).
- ◆ Peso del fruto (n=20) (X₁₃).
- ◆ Longitud del fruto (n=20) (X₁₄).
- ◆ Diámetro del fruto (n=20) (X₁₅).
- ◆ Relación L/D del fruto (n=20) (X₁₆).
- ◆ Número de semillas por fruto (n=20) (X₁₇).
- ◆ Peso de la cáscara de los frutos (n=20) (X₁₈).
- ◆ Grosor de la cáscara de los frutos (n=20) (X₁₉).
- ◆ Peso seco de semilla (n=30) (X₂₀).
- ◆ Longitud de la semilla seca (n=30) (X₂₁).
- ◆ Ancho de la semilla seca (n=30) (X₂₂).
- ◆ Espesor de la semilla seca (n=30) (X₂₃).
- ◆ Relación L/A de la semilla (n=30) (X₂₄).
- ◆ Porcentaje de grasa en las semillas (n=30) (X₂₅).

3.7. Determinación de las observaciones registradas

Para todos los caracteres se utilizó descriptores seleccionados de la lista de descriptores estandarizados del Consejo Internacional de Recursos Fitogenéticos (IBPGR) y el Centro Agronómico Tropical de Investigación y Enseñanza (CATIE).

3.7.1. Características cualitativas de la planta:

3.7.1.1. Color de follaje nuevo

Se evaluó la presencia o ausencia de pigmentos antociánicos en las hojas tiernas de las plantas en cada clon, según la siguiente escala:

0: Ausente

1: Presente

3.7.1.2. Angulo basal de la hoja

Se refiere a la abertura del ángulo formado por las tangentes trazadas entre los bordes del limbo y punto de intersección del peciolo. Se utilizó la siguiente escala:

1: Angulo menor o igual de 90° : Agudo.

2: Angulo mayor de 90° : Obtuso.

3: Angulo igual a 180° : Redondeado.

4: Angulo mayor de 180° : Cordiforme.

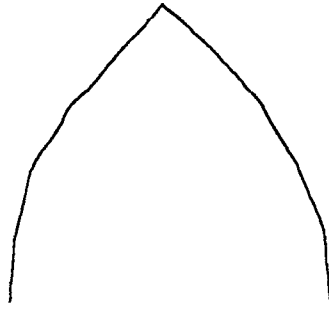
3.7.1.3. Forma del ápice de la hoja

Esta característica se evaluó utilizando diagramas que se muestran en la Figura 1, de acuerdo a la siguiente escala:

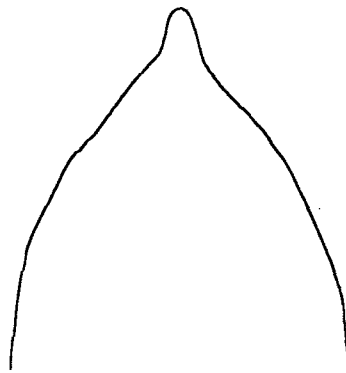
1= Agudo.

2= Acuminado corto.

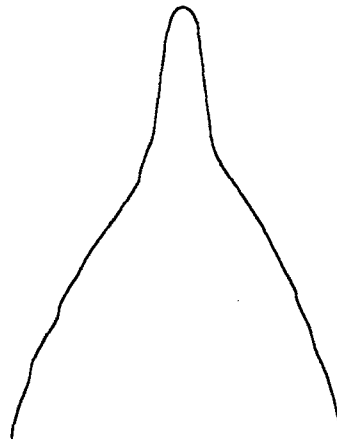
3= Acuminado largo.



(1) Agudo



(2) Acuminado corto



(3) Acuminado largo

Figura 1. Forma de ápice de las hojas de cacao.

3.7.1.4. Forma de la hoja

Se utilizó las mismas hojas que se utilizaron para medir el ángulo basal, se evaluó mediante la siguiente escala:

3: L/LBMA mayor de 2 = Ovada.

5: L/LBMA igual a 2 = Elíptica.

7: L/LBMA menor de 2 = Obovada.

3.7.1.5. Antocianina en el botón floral

Este caracter se evaluó con la ayuda de una lupa, determinándose la presencia o ausencia de pigmentos antociánicos en los botones florales, para lo cual se utilizó la siguiente escala:

1= Presente.

0= Ausente.

3.7.1.6. Color del pedúnculo floral

Fue evaluado visualmente con la ayuda de una lupa, mediante la siguiente escala:

1= Verde.

2= Verde con pigmentación rojiza.

3= Rojizo.

3.7.1.7. Orientación de los sépalos

Fue evaluado en forma visual utilizando la siguiente escala:

1= Replegados.

2= Horizontales.

3.7.1.8. Antocianina en la lígula del pétalo

Se evaluó la presencia o ausencia de pigmentos antociánicos en la superficie de la lígula, con la ayuda de una lupa, mediante la siguiente escala:

1= Presente.

0= Ausente.

3.7.1.9. Antocianina en el filamento estaminal

Se evaluó la presencia o ausencia de pigmentos antociánicos en los filamentos, con la ayuda de una lupa, sobre la base de la siguiente escala:

1= Presente.

0= Ausente.

3.7.1.10. Antocianina en la parte superior del ovario

Con respecto a éste carácter, se evaluó la presencia o ausencia de pigmentos antociánicos en la parte superior del ovario, para lo cual se colectaron flores frescas, se utilizando la siguiente escala:

1= Presente.

0= Ausente.

3.7.1.11. Antocianina en la parte inferior del ovario

Se evaluó la presencia o ausencia de pigmentos antocianínicos en la parte inferior del ovario, para lo cual se colectaron flores frescas, utilizando la siguiente escala:

1= Presente.

0= Ausente.

3.7.1.12. Compatibilidad genética

Para este caso se procedió a aislar los botones florales que han completado su desarrollo, se esperó 24 horas para la apertura y se aplicó polen de una flor del mismo árbol mediante el frotamiento por repetidas veces. Para determinar la compatibilidad e incompatibilidad se usó la prueba Chi-Cuadrado (X^2), utilizándose un tamaño de muestra de $n=20$ flores. Así un clon es considerado compatible si seis flores prendían y menor de seis flores prendidas, se considera como incompatible. La fórmula de Chi-Cuadrado (X^2c), es:

$$X^2C = \sum_{i=1}^c \frac{(O-E)^2}{E}$$

Donde:

O = Dato observado.

E = Dato esperado.

C = Número de clases fenotípicas.

La codificación de los estados (compatibilidad e incompatibilidad), se registró según la siguiente escala:

1= Autoincompatible.

0= Autocompatible.

3.7.1.13. Forma del fruto

Se determinó según los diagramas que se muestran en la Figura 2, usando la siguiente escala:

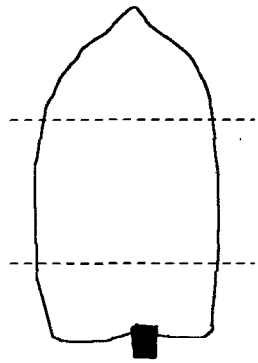
1= Oblongo.

2= Elíptico.

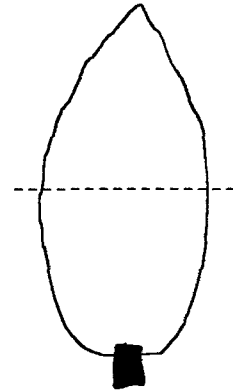
3= Ovado.

4= Esférico.

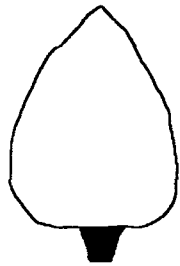
5= Oblato.



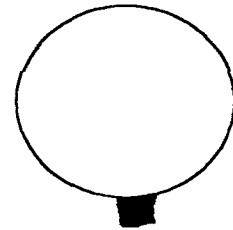
(1) Oblongo



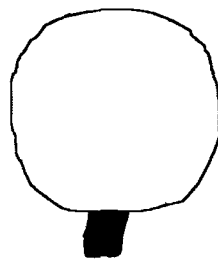
(2) Elíptico



(3) Ovado



(4) Esférico



(5) Oblato

Figura 2. Forma del fruto de cacao.

3.7.1.14. Constricción basal del fruto

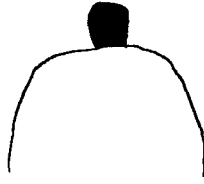
Se refiere a la pronunciación de la hendidura que se encuentra o no presente alrededor de la base del fruto Figura 3, y se evaluó mediante la siguiente escala:

0= Ausente.

3= Ligera.

5= Intermedia.

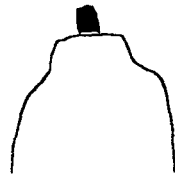
7= Fuerte.



(0) Ausente



(3) Ligero



(5) Intermedio



(7) Fuerte

Figura 3. Constricción basal del fruto de cacao.

3.7.1.15. Forma del ápice del fruto

Se determinó por comparación con los diagramas mostrados en la Figura 4, usándose la siguiente escala:

1= Atenuado.

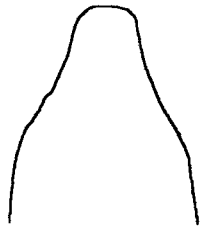
2= Agudo.

3= Obtuso.

4= Redondeado.

5= Apezonado.

6= Dentado.



(1) Atenuado



(2) Agudo



3) Obtuso



(4) Redondeado



(5) Apezonado



(6) Dentado

Figura 4. Forma del ápice del fruto de cacao.

3.7.1.16. Rugosidad de la superficie del fruto

Se evaluó la presencia o ausencia de protuberancias en la superficie del fruto, mediante la siguiente escala:

0= Ausente.

3= Ligeramente rugoso.

5= Moderadamente rugoso.

7= Rugoso.

9= Verrugoso.

3.7.1.17. Apariencia de un par de lomos

Se evaluó la distancia que separa a un par de lomos, mediante la siguiente escala:

0= Fusionados.

3= Ligeramente separados.

5= Intermedios.

7= Bien separados.

9= Equidistantes.

3.7.1.18. Profundidad de los surcos primarios

Se evaluó utilizando la siguiente escala:

3= Superficial.

5= Intermedio.

7= Profundo.

3.7.1.19. Color del fruto inmaduro

Se evaluó utilizando la siguiente escala:

1= Verde.

2= Verde pigmentado.

3= Rojizo.

3.7.1.20. Antocianina en los lomos del fruto inmaduro

Se evaluó la presencia o ausencia de pigmentos antociánicos en la superficie de los frutos inmaduros, mediante la siguiente escala:

1= Presente.

0= Ausente.

3.7.1.21. Antocianina en frutos maduros

Se evaluó la presencia o ausencia de pigmentos antociánicos, mediante la siguiente escala:

1= Presente.

0= Ausente.

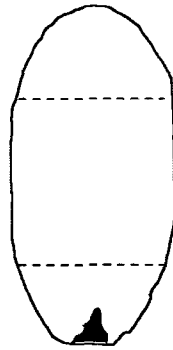
3.7.1.22. Forma de la semilla en sección longitudinal

Se evaluó comparando con los diagramas mostrados en la Figura 5, usando la siguiente escala:

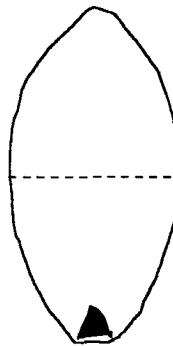
1= Oblonga.

3= Elíptica.

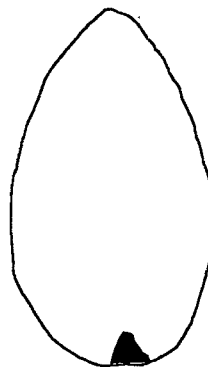
5= Ovada.



(1) Oblonga



(2) Elíptica



(3) Ovada

Figura 5. Forma de semilla en sección longitudinal de cacao.

3.7.1.23. Forma de la semilla en sección transversal

Se evaluó mediante la siguiente escala y de acuerdo a los diagramas mostrados en la Figura 6.

1= Aplanada.

2= Redondeada.

3.7.1.24. Color de los cotiledones frescos

Se determinó sacando las semillas frescas de los frutos y luego cortándolas por la mitad, mediante la siguiente escala:

1= Blanco.

3= Morado pálido.

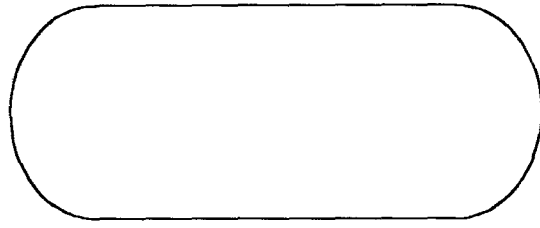
5= Morado oscuro.

3.7.1.25. Color de la pulpa fresca

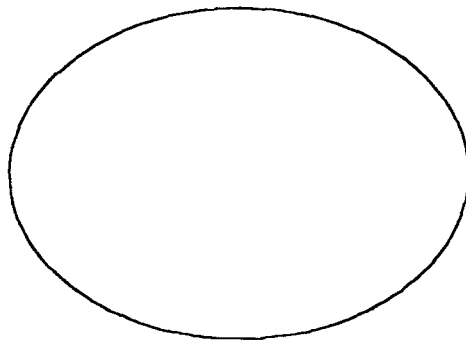
Se evaluó inmediatamente después de sacar las semillas de los frutos y se determinó mediante la siguiente escala:

1 = Blanca.

2 = Cremosa.



(1) Aplanada



(2) Redondeada

Figura 6. Forma de semilla en sección transversal de cacao.

3.7.2. Características cuantitativas de la planta

3.7.2.1. Longitud de la hoja (n=10)

Se evaluó midiendo desde el ápice hasta el punto de inserción del pecíolo en la base del limbo.

3.7.2.2. Ancho de la hoja (n=10)

Se evaluó midiendo entre las tangentes trazadas en ambos bordes laterales de la hoja y paralelas a la línea longitudinal.

3.7.2.3. Longitud de la base hasta la parte más ancha de la hoja (LBMA) (n=10)

Se utilizó este descriptor para poder determinar la forma de la hoja, de acuerdo a la relación L/LBMA.

3.7.2.4. Longitud del sépalo (n=4)

Se midió (mm), con una regla graduada desde la base hasta el ápice.

3.7.2.5. Ancho del sépalo (n=4)

Este descriptor se determinó (mm) midiendo en el punto más ancho.

3.7.2.6. Longitud de la lígula del pétalo (n=4)

Se efectuaron medidas en milímetros, desde la base hasta el ápice, con la ayuda de una lupa y una regla graduada.

3.7.2.7. Ancho de la lígula del pétalo (n=4)

Las medidas se registraron en milímetros, con la ayuda de una lupa y una regla graduada en la parte más ancha.

3.7.2.8. Longitud del estaminoide (n=4)

La longitud se registró en milímetros, desde la inserción con el ovario hasta la punta del filamento.

3.7.2.9. Longitud del ovario (n=4)

Las medidas se tomaron en milímetros, con ayuda de una regla graduada y una lupa.

3.7.2.10. Ancho del ovario (n=4)

Se tomaron medidas en milímetros en la parte más ancha, con la ayuda de una lupa.

3.7.2.11. Longitud del estilo (n=4)

Se registró medidas en milímetros, con la ayuda de una lupa, previamente fue separado del ovario.

3.7.2.12. Número de óvulos por ovario (n=4)

El conteo se realizó según el método sugerido por (LOPEZ O. y ENRIQUEZ G., 1985), observando al estereoscopio a un aumento de 10x.

3.7.2.13. Peso del fruto (n=20)

Se registraron medidas en gramos, con la ayuda de una balanza de precisión en el laboratorio de semillas.

3.7.2.14. Longitud del fruto (n=20)

Se registraron medidas en centímetros, con la ayuda de una regla graduada, desde la base hasta el ápice.

3.7.2.15. Diámetro del fruto (n=20)

Se tomaron medidas en centímetros, siendo la zona evaluada la parte más ancha.

3.7.2.16. Relación L/D del fruto (n=20)

Se refiere al cociente entre la longitud y el diámetro.

3.7.2.17. Número de semillas por fruto (n=20)

Se determinó en base a las semillas que presentaron un tamaño uniforme para cada uno de los frutos de cada clon.

3.7.2.18. Peso de la cáscara del fruto (n=20)

Este descriptor fue determinado en una balanza de precisión determinándose (g), luego de haber retirado las semillas y la placenta del mismo.

3.7.2.19. Grosor del la cáscara del fruto (n=20)

Se registró en centímetros, haciendo uso de una regla graduada, midiendo en el surco de los frutos.

3.7.2.20. Peso seco de la semilla (n=30)

Se determinó haciendo uso de una balanza electrónica (g), cuando las semillas tuvieron aproximadamente 10% de humedad después de haber sido secadas al sol por tres días.

3.7.2.21. Longitud de la semilla seca (n=30)

Se registró medidas en centímetros, haciendo uso de un vernier.

3.7.2.22. Ancho de la semilla seca (n=30)

Se tomaron medidas en centímetros, en la parte más ancha de la semilla haciendo uso de un vernier.

3.7.2.23. Espesor de semilla seca (n=30)

Se determinó el espesor de cada una de las semillas para cada clon, registrándose los datos en centímetros, haciendo uso de un vernier.

3.7.2.24. Relación L/A. de semilla (n=30)

Se determinó en base al cociente entre la longitud y el ancho de las mismas.

3.7.2.25. Porcentaje de grasa en las semillas

Se realizó haciendo uso del método de SOXHLET, utilizando como solvente orgánico al Hexano (según las normas del ITINTEC). Se empleó cinco gramos de almendra molida de cada clon, siendo el tiempo de extracción de 6 horas.

3.8. Metodología y procesamiento de datos

Para la evaluación de caracteres cuantitativos, se hizo uso del tamaño de muestra recomendado por la lista de descriptores especificados para cacao IBPGR y el CATIE, 1983.

Con la información obtenida al final de la caracterización y evaluación preliminar, se hizo lo siguiente:

- ◆ Se determinaron los fenotipos más comunes en base a las frecuencias observadas en los estados del descriptor para todos los descriptores utilizados.
- ◆ Se agruparon las accesiones según sus características morfoagronómicas.
- ◆ Se formaron grupos similares mediante análisis de conglomerados. Para ello se utilizó la siguiente técnica:

3.8.1. Técnica de conglomerados o clusters

A partir de la matriz básica de datos (MBD) se elaboró, utilizando el coeficiente de la distancia Eucladiana (DE), donde los coeficientes de distancia varían de cero a infinito, siendo cero la máxima similitud (CRISCI y LOPEZ, 1983; SOKAL, 1961).

De una matriz de similitud entre OTUS, se construyeron fenogramas por la técnica de ligamiento promedio aritmético "no ponderado" UPGMA (unweighted pair-group method using arithmetic averages).

Para determinar los coeficientes de distancia Eucladiana (DE), se utilizó la siguiente fórmula:

$$DE = \sqrt{\frac{\sum_{k=1}^n (X_{ij} - Y_{ik})^2}{n}}$$

Donde:

X_{ij} = Valor del carácter i en la OTU j .

Y_{ik} = Valor del carácter i en la OTU k .

0 = Máxima similitud.

∞ = Mínima similitud.

n = Número de caracteres.

La matriz básica de datos (MBDS) obtenida se presenta en el anexo, Cuadros 3 y 4.

Esta técnica se usa para la clasificación o agrupamiento de individuos en clases sobre la base de atributos que poseen en común, o para la determinación o asignación de un individuo no identificado o no ubicado, dentro de una clase o grupo de acuerdo a una clasificación constituía previamente. La ventaja de usar esta técnica es que realizada la clasificación en grupos estos no deben sobreponerse, o sea un individuo debe pertenecer a una clase solamente, un carácter o grupo de caracteres debe distinguir a los individuos clasificados.

IV. RESULTADOS

4.1. Del Análisis de conglomerados

4.1.1. Caracteres cualitativos

En el Cuadro 2 y Figura 7, se muestra los caracteres morfológicos cualitativos que exhiben los clones agrupados por su semejanza en dos conglomerados principales, Grupo I y Grupo II, a una distancia taxonómica arbitraria de 7.76, según el método de ligamiento promedio.

El Grupo I, está formado por 2 clones (UTOS), muy semejantes: U-21 y U-69. Estos clones no presentan antocianina en la lígula del pétalo, ni la parte inferior del ovario ni en los frutos maduros, pero si presentan antocianina en el filamento estaminal y lo son de forma elíptica, de superficie rugosa, con surcos primarios de profundidad intermedia; las semillas en sección longitudinal de forma elíptica, con cotiledones frescos de color morado pálido y color de pulpa fresca blanca. Cabe señalar que el clon U-21, fue recolectado en la cuenca del río Ucayali y el clon U-69, fue recolectado en la cuenca del río Urubamba y sus afluentes.

En cambio el Grupo II, está formado por 46 clones (UTOS), que a su vez se subdividen en dos subgrupos: el subgrupo 2.1 con 45 UTOS y el subgrupo 2.2, con una OTU aislada: (clon U-53). El subgrupo 2.1 a su vez se subdivide en dos conjuntos; C1 y C2.

Cuadro 2. Clones semejantes obtenidos del análisis de conglomerados y procedencia geográfica.

Características	Procedencia geográfica	
	Cuenca del ucayali	Cuenca del urubamba
Grupo I		
- Sin antocianina en la lígula del pétalo, en la parte inferior del ovario y frutos maduros.	U-21	U-69
- Con antocianina en el filamento estaminal.		
- Presentan frutos de forma elíptica.		
- Frutos presentan superficie rugosa.		
- Surcos primarios de profundidad intermedia.		
- Semillas de forma elíptica.		
- Cotiledones frescos morado pálido.		
- Pulpa fresca de color blanca.		
Grupo II		
Subgrupo 2.1		
Conjunto (C1)		
Subc. 1.1		
- Con antocianina en el follaje nuevo y botón floral.	U-4, U-11, U-19, U-20, U-24 y U-36.	
Subc. 1.2		
- Con antocianina en el follaje nuevo, botón floral, lígula del pétalo, en la parte superior e inferior del ovario y en lomos de frutos inmaduros.	U-6 y U-15	U-58 y U-66.
- Cotiledones frescos morado pálido.		
- Pulpa fresca de la semilla color amarillenta.		
- Surcos primarios de profundidad intermedia.		
- Frutos inmaduros color verde pigmentados.		

Conjunto (C2)

Subc. 2.1

- Cotiledones frescos morado pálido. U-2, U-7, U-9, U-45 y U-47.
- Color de pulpa fresca amarillenta.
- Con antocianina en el follaje nuevo, botón floral y lígula del pétalo.
- Sin antocianina en la parte superior del ovario y en frutos maduros.

Subc. 2.2

- Presentan frutos de forma oblonga y elíptica. U-1, U-3, U-5, U-10, U-52, U-54, U-55, U-56 U-12, U-22, U-26, U-57, U-59, U-60, U-65
 - Sin antocianina en la parte superior del ovario. U-28, U-30, U-31, U-68, U-70.
 - Sin antocianina frutos maduros. U-32, U-35, U-37, U-38, U-39, U-41, U-43, U-48, U-49, U-51.
-

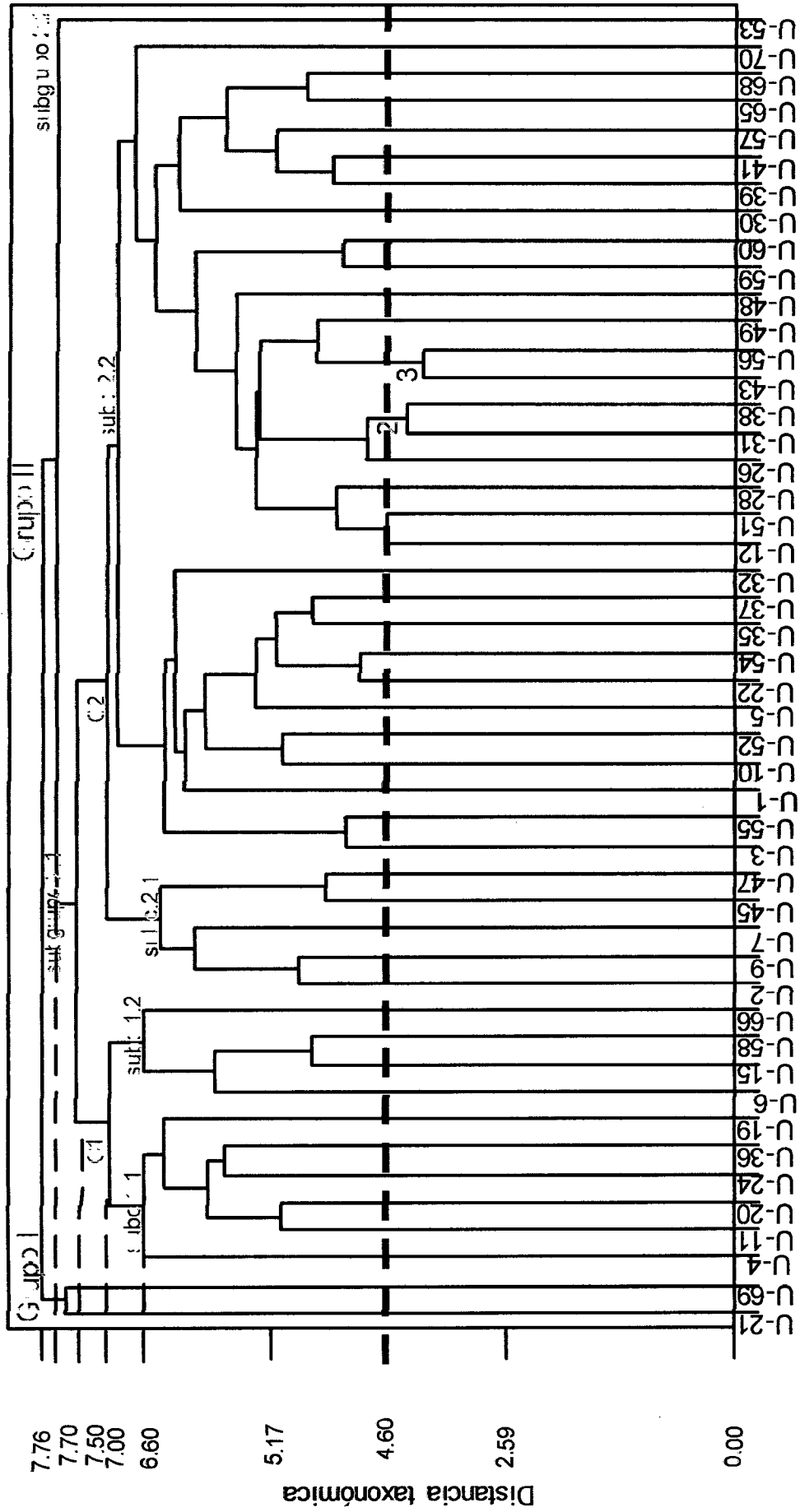


Figura 7. Fenograma de datos cualitativos de 48 clones de cacao de la colección Ucayali-Urubamba

El primer conjunto (C1), se divide en dos subconjuntos: subconjunto 1.1 y el subconjunto 1.2. El primer subconjunto (subc. 1.1), esta formado por 6 clones: U-4, U-11, U-20, U-24, U-36 y U-19, los cuales presentan antocianina en el follaje nuevo y en el botón floral; el segundo subconjunto (subc. 1.2), está formado por 4 clones: U-6, U-15, U-58 y U-66. Dichos clones presentan antocianina en el follaje nuevo, botón floral, lígula del pétalo, en la parte superior e inferior del ovario y en los lomos de los frutos inmaduros. Los cotiledones frescos son de color morado pálido, pulpa fresca de la semilla de color cremosa, profundidad de los surcos primarios intermedia y frutos inmaduros verdes pigmentados.

El segundo conjunto (C2), a su vez se divide en dos subconjuntos: subconjunto 2.1 y subconjunto 2.2. El subconjunto 2.1, está formado por 5 clones: U-2, U-9, U-7, U-45 y U-47, los cuales muestran cotiledones frescos de color morado pálido, color de pulpa fresca cremosa, presentan antocianina en el follaje nuevo, en el botón floral y en la lígula del pétalo, no presentan antocianina en la parte superior de ovario y en fruto maduro; estos clones han sido recolectados de la cuenca del río Ucayali.

El subconjunto 2.2, está formado por 30 clones: U-3, U-55, U-1, U-10, U-52, U-5, U-22, U-54, U-35, U-37, U-32, U-12, U-51, U-28, U-26, U-31, U-38, U-43, U-56, U-49, U-48, U-59, U-60, U-30, U-39, U-41, U-57, U-65, U-68 y U-70, que proceden tanto de la cuenca del río Ucayali como de la cuenca del río Urubamba.

Solamente los clones U-52, U-54, U-55, U-56, U-57, U-59, U-60, U-65, U-68 y U-70, han sido recolectados en la cuenca del río Urubamba; los cuales presentan frutos de forma oblonga y elíptica, sin presencia de antocianina en la parte superior e inferior del ovario, excepto el clon U-5, que si lo presenta; Los frutos maduros no poseen antocianina, excepto los clones U-22 y U-48.

En la misma Figura 7, y a una distancia arbitraria de 4.60, se observan 3 conglomerados y 42 UTOS independientes. El primer conglomerado está formado por los clones U-12 y U-51; el segundo conglomerado formado por los clones U-31 y U-38 y el tercer conglomerado lo forman los clones U-43 y U-56.

Los UTOS (clones) aislados a esa distancia taxonómica son: U-21, U-69, U-4, U-11, U-20, U-24, U-36, U-19, U-6, U-15, U-58, U-66, U-2, U-9, U-7, U-45, U-47, U-3, U-55, U-1, U-10, U-52, U-5, U-22, U-54, U-35, U-37, U-32, U-28, U-26, U-49, U-48, U-59, U-60, U-30, U-39, U-41, U-57, U-65, U-68, U-70 y U-53.

4.1.2. Caracteres cuantitativos

La Figura 8 muestra el arreglo de caracteres cuantitativos en dos grupos principales, Grupo I y Grupo II, a una distancia taxonómica arbitraria de 9.71. El Grupo I, está formado por un OTU aislado (clon U-11), procedente de la cuenca del río Ucayali.

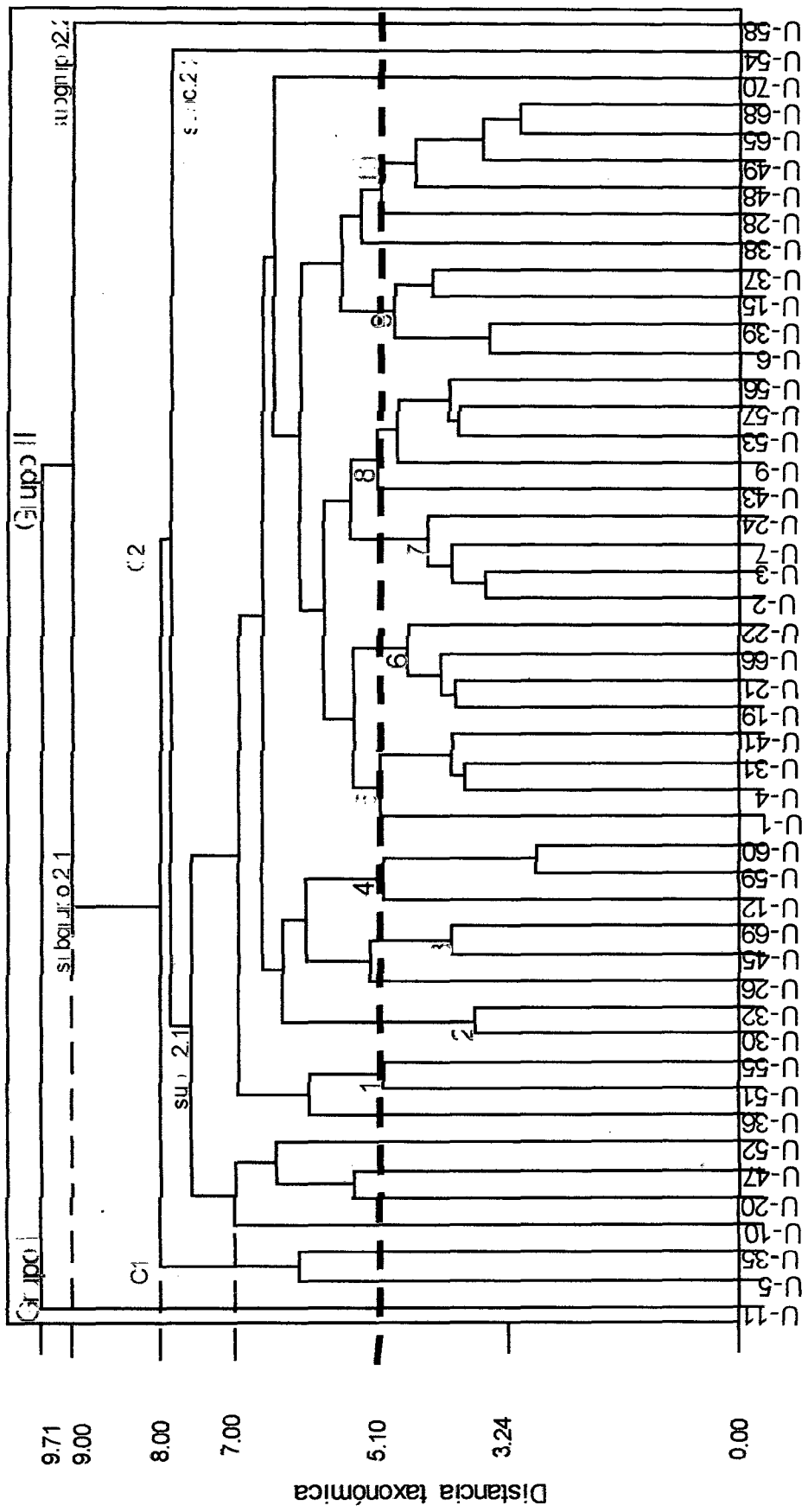


Figura 8. Fenograma de datos cuantitativos de 48 clones de cacao de la colección Ucayali-Urubamba

El Grupo II, se divide en dos subgrupos, el subgrupo 2.1 y el subgrupo 2.2. El primer subgrupo 2.1, a su vez se divide en dos conjuntos. El conjunto1 (C1), que es un núcleo formado por 2 clones: U-5 y U-35; y el conjunto2 (C2), que se divide en dos subconjuntos, subconjunto 2.1 y el subconjunto 2.2. El primer subconjunto (subc. 2.1), está formado por 43 clones: U-10, U-20, U-47, U-52, U-36, U-51, U-55, U-30, U-32, U-26, U-45, U-69, U-12, U-59, U-60, U-1, U-4, U-31, U-41, U-19, U-21, U-66, U-22, U-2, U-3, U-7, U-24, U-43, U-9, U-53, U-57, U-56, U-6, U-39, U-15, U-37, U-38, U-28, U-48, U-49, U-65, U-68 y U-70, de los cuales, solamente los clones U-55, U-69, U-59, U-60, U-66, U-53, U-57, U-56, U-65, U-68 y U-70, fueron recolectados de la cuenca del río Urubamba. El segundo subconjunto (subc. 2.2), está formado por una OTU aislada (clon U-54).

El segundo subgrupo 2.2, está formado por una sola OTU aislada (clon U-58), la misma que ha sido recolectada en la cuenca del río Urubamba.

En la misma Figura 8, y a una distancia taxonómica arbitraria de 5.10, se forman 10 conglomerados. El primer conglomerado está formado por los clones: U-51 y U-55; el segundo conglomerado, por los clones: U-30 y U-32; el tercer conglomerado, por los clones: U-45 y U-69; el cuarto conglomerado, por los clones: U-12, U-59 y U-60; el quinto conglomerado, por los clones: U-1, U-4, U-31 y U-41; el sexto conglomerado, por los clones: U-19, U-21, U-66 y U-22; el séptimo, por los clones: U-2, U-3, U-7 y U-24; el octavo, por los clones: U-43, U-9, U-53, U-57 y U-56; el noveno, por los clones: U-6, U-39, U-15 y U-37 y, el décimo conglomerado, por los clones: U-28, U-48, U-49, U-65, y U-68.

Los UTOS (clones) aislados a esta distancia taxonómica son: U-11, U-5, U-35, U-10, U-20, U-47, U-52, U-36, U-26, U-70, U-54 y U-58.

En la Figura 9, se muestra el fenograma correspondiente a 9 caracteres cuantitativos seleccionados por estar íntimamente relacionados con la productividad del cacao; observándose que a una distancia taxonómica arbitraria de 4.80, se pueden diferenciar dos grandes grupos principales, Grupo I y Grupo II. El Grupo I, está formado por 39 clones (UTOS) y el Grupo II, formado por 9 clones (UTOS): U-12, U-26, U-32, U-38, U-58, U-45, U-69, U-36 y U-10.

En la misma Figura 9, y a una distancia taxonómica arbitraria de 2.90, se forman 9 conglomerados. El primer conglomerado, está formado por los clones: U-3, U-15, U-37, U-9, U-7, U-30, U-2, U-59 y U-60; el segundo conglomerado, por los clones: U-1, U-41, U-4, U-5, U-65, U-6, U-57, U-54, U-55, U-39 y U-24; el tercer conglomerado, por los clones: U-19, U-22, U-21, U-28, U-31, U-49, U-66 y U-68; el cuarto formado, por los clones: U-43, U-53, U-56 y U-48; el quinto conglomerado formado, por los clones: U-51 y U-70; el sexto formado, por los clones: U-20, U-52 y U-35, el séptimo conglomerado, formado , por los clones: U-12 y U-26; el octavo formado, por los clones: U-38 y U-58 y, el noveno conglomerado, está formado por los clones: U-45 y U-69.

Los UTOS (clones) aislados a esa distancia son: U-47, U-11, U-32, U-36 y U-10.

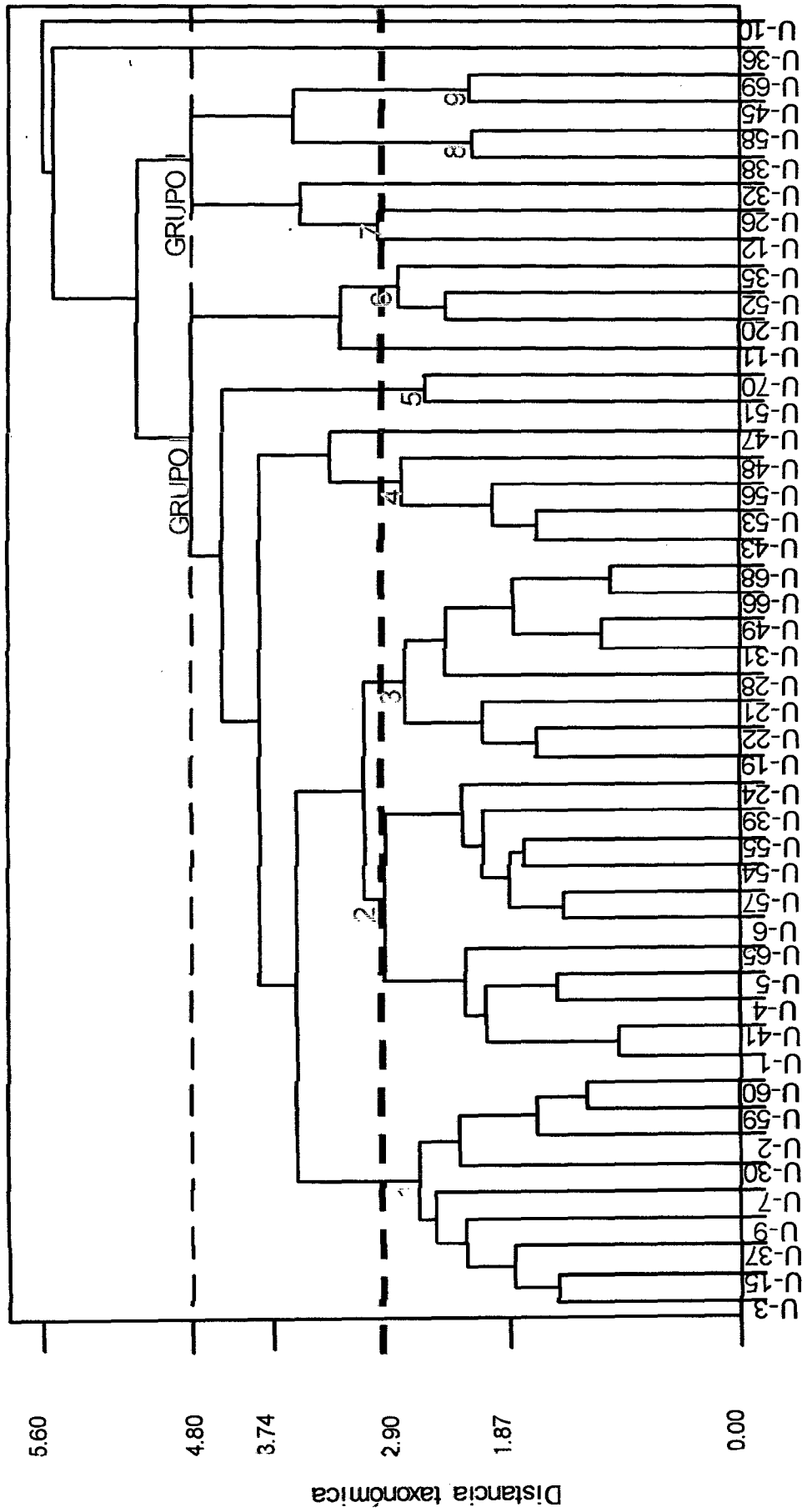


Figura 9. Fenograma para 9 caracteres cuantitativos de 48 clones de cacao de la colección Ucayali-Urubamba ligados a la productividad.

V. DISCUSIÓN

5.1. Del análisis de conglomerados

5.1.1. Caracteres cualitativos

El análisis de conglomerados de 25 caracteres morfológicos cualitativos de 48 clones (UTOS) de la colección Ucayali-Urubamba, a un nivel de distancia taxonómica arbitraria de 7.76, los discriminó en 2 grupos: Grupo I y Grupo II (Figura 7). El Grupo I, formado por los clones U-21 y U-69, muestran caracteres similares, a pesar de su distinta procedencia geográfica. El clon U-69, fue recolectado en el Fundo Sainate (departamento del Cuzco), a 1420 m.s.n.m., en la margen izquierda del río Urubamba; en tanto que el clon U-21, fue recolectado en el Fundo Quiruma (departamento de Ucayali), a 150 m.s.n.m., en la margen derecha del río Ucayali. La fusión de estos dos clones en un conglomerado, implica un buen nivel de similitud en sus caracteres; sin embargo, esta aparente deducción, no lo es realmente, puesto que este ligamiento se da a una distancia taxonómica muy alejada.

Es posible que el clon U-21, esté compartiendo algunos genes del U-69, quien probablemente sea su ancestro no inmediato, ya que por la actividad antrópica y a través de un tiempo prolongado, la progenie de este árbol seleccionado pudo ser sistemáticamente trasladado a áreas más bajas (efecto fundador) siguiendo el curso del río Urubamba que desemboca en el río Ucayali.

Este proceso habría conllevado a la formación de nuevas poblaciones a través del flujo genético y la recombinación genética a medida que fueron colonizando nuevas áreas cada vez más distantes con condiciones edafoclimáticas variables a las que se fueron adaptando a través del tiempo GARCIA, (2005) (comunicación personal).

SANCHEZ – MONGE, (1971), apoya esta hipótesis al señalar que las transformaciones que operan en un proceso evolutivo, son respuestas de la población a los factores ambientales, que son variables. Además, señala que, la eficacia biológica de un individuo mide su contribución a la formación de la descendencia que forma la generación siguiente. Esta condición es variable y parcialmente heredable.

SEVILLA y HOLLE, (1995), también señalan que la adaptación es un conjunto de cambios heredables que se producen en una población de una especie, en respuesta a modificaciones del ambiente donde se desarrolla y reproduce.

El segundo grupo formado por los clones: U-4, U-11, U- 19, U-20, U-24 y U-36, que fueron recolectados de diferentes lugares (ceranos entre sí), a latitudes y altitudes similares (110 y 130 m.s.n.m.), respectivamente (Cuadro 4); con excepción de los clones U-19 y U-20; que a pesar de estar juntos pero separados geográficamente de otros clones, estos exhiben un relativo parentesco genético, probablemente porque que están compartiendo

genes iguales, expresando de esta manera, un alto grado de heredabilidad al igual que los otros clones constituyentes del conglomerado; mientras que el clon U-20 estaría mucho más relacionado con el clon U-11, quien podría ser su ancestro inmediato (Figura 10).

AYALA y KIGER, (1984), sostienen que la especiación geográfica de las poblaciones vegetales en un proceso de separación gradual por el agua (curso de un río por ejemplo), una vez establecida esta nueva población separada geográficamente, empiezan a adaptarse a las condiciones locales y, por tanto, se diferencian genéticamente.

De modo similar al conglomerado anterior, el conglomerado formado por los clones U-6 y U-15, que están en la parte baja del río Ucayali; con coordenadas UTM (X)=498160, (Y)=9189392, y UTM (X)=499999, (Y)=9217030, respectivamente, estarían heredando algunos genes comunes de sus posibles ancestros U-58 y U-66, que también forman este conglomerado y que se encuentran muy distanciados geográficamente. También una explicación similar sería válida para la existencia de otro conglomerado que involucra a los clones U-2, U-9, U-7, U-45 y U-47, de acuerdo a los resultados del análisis fenético confrontado con el estudio de la ubicación geográfica de los mismos (Figura 10).

Con relación a los clones U-3, U-55, U-1, U-10, U-52, U-5, U-22, U-54, U-35, U-37 y U-32 que incluyen una mezcla de clones colectados en la

cuenca del río Ucayali y clones colectados en la cuenca del río Urubamba; también se ajustaría el fundamento dado en el párrafo anterior, evidenciándose que los clones U-52, U-54 y U-55 del río Urubamba (departamento del Cuzco), que están a mayor altitud, habrían aportado genes que después se habrían recombinado con genes de otras poblaciones a través de un periodo de tiempo no determinado, en el que los materiales genéticos se iban trasladando hasta zonas más bajas (departamento de Ucayali) (Figura 10).

Igualmente, en el conglomerado formado por los clones: U-12, U-51, U-28, U-26, U-31, U-38, U-43, U-56, U-49, U-48, U-59, U-60, U-30, U-39, U-41, U-57, U-65, U-68 y U-70, creemos que en la expresión de los caracteres morfológicos (similares o disimilis), habría participado en este proceso factores evolutivos, tales como: flujo de genes y recombinación genética, selección natural y selección antrópica, aislamiento geográfico y probablemente, las mutaciones.

SANCHEZ – MONGE, (1971), corrobora esta hipótesis al sostener que como consecuencia de las transformaciones en la composición genética, se producen radiaciones adaptativas a nuevos ambientes, ajustes a cambios ambientales y variación en la expresión de los caracteres hereditarios.

Finalmente, observamos que el clon U-53, se encuentra aislado del resto de los clones recolectados de la cuenca del río Urubamba (Figura 7), y a pesar de que muestra una relación taxonómica muy distante con los clones

recolectados en la cuenca del río Ucayali, mantiene una ligazón con estos. Esto se puede explicar por el hecho de que este árbol pudo ser seleccionado y llevado por su propietario hacia las zonas más bajas del río Urubamba y que en un tiempo difícil de precisar, algunas mazorcas seleccionadas de su progenie fueron llevadas hacia las zonas más bajas del río Ucayali. Esto implicaría un efecto fundador, pues las pocas semillas se recombinaron con otras de esos lugares y podría haber propiciado la deriva genética, que también contribuye a la diferenciación genética. AYALA y KIGER, (1984), apoya esta hipótesis al señalar que esto sucede cuando las poblaciones son pequeñas o se han originado a partir de unos pocos individuos.

Las similitudes morfológicas se explicarían en términos de heredabilidad (h^2) de esos caracteres en los clones recolectados en la parte baja (cuenca del río Ucayali), los mismos que estarían compartiendo genes similares cuya expresión no se verían afectados por las variaciones ecológicas que son propias de la parte baja con respecto a la parte alta y cuya heredabilidad (h^2) de los caracteres se expresan completamente.

En todos los grupos formados en la Figura 7, se observa que el carácter más común es la presencia de antocianina en la parte superior del ovario, carácter que estaría indicando que todos estos clones comparten el mismo gen y proceden de progenitores comunes o muy afines en sus orígenes.

SANCHEZ – MONGE, (1971), indican que los cambios adaptativos dan lugar a una mayor diversidad y complejidad en la morfología y fisiología de los organismos y también en las interacciones entre poblaciones y ambiente.

Agrega también, que los cambios evolutivos se dan como pequeñas alteraciones en tamaño, forma, etc., más, que por la sustitución de alelos con efectos morfofisiológicos grandes.

En la Figura 7, y a un nivel de distancia taxonómica arbitraria de 4.60 (punto medió = 0.5, que equivaldría a la distancia total), nos muestra 3 conglomerados. El primer conglomerado formado por los clones: U-12 y U-51 que fueron recolectados en zonas distantes pero con altitudes similares (115-132 m.s.n.m.), y que corresponde a la parte baja del río Ucayali, podríamos concluir que el clon U-12 tendría una estrecha relación de parentesco con el clon U-51 que podría ser su ancestro inmediato.

El segundo conglomerado que incluye los clones: U-31 y U-38, al igual que el conglomerado anterior, podríamos suponer que el clon U-31 por estar en la parte más baja de la cuenca del río Ucayali, con respecto al clon U-38, que está ubicado en la parte más alta también sería un miembro de la progenie del clon U-38 (Figura 10).

El tercer conglomerado que esta formado por los clones: U-43 y U-56, que fueron recolectados en la cuenca del río Ucayali y cuenca del río

Urubamba, respectivamente, se puede inferir que el clon U-56 por estar ubicado en la parte alta del río Urubamba (850 m.s.n.m.), podría ser su ancestro inmediato del clon U-43 que se encuentra en la parte baja de la cuenca del río Ucayali (112 m.s.n.m) (Figura 10 y Cuadro 4).

Un estudio de caracterización morfológica en el Banco de Germoplasma de Cacao que incluyó el clon U-70 (GARCÍA, 1998), mostró que es un cacao "blanco", debido a que presenta sus verticilios florales completamente despigmentados e inclusive sus cotiledones, lo que evidencia la existencia de genes mutantes y cuya expresión hereditaria le diferencia de otros clones de la cuenca del río Urubamba.

5.1.2. Caracteres cuantitativos

El análisis de conglomerados de 25 caracteres morfológicos cuantitativos de 48 clones (UTOS) de la colección Ucayali-Urubamba, y a una distancia taxonómica arbitraria de 9.71, determinó la formación de dos grupos: Grupo I y Grupo II, quedando aislado y formando el Grupo I, el clon U-11. Este resultado podría explicarse en términos de su constitución genética divergente con los otros clones y el efecto enmascarador de los factores ambientales.

A niveles más bajos de distancia taxonómica, se observan diferentes conglomerados, cuya homogeneidad implica la compartición de caracteres semejantes como resultado de compartir genes comunes.

En la Figura 8 y a un nivel de distancia taxonómica arbitraria de 5.10 (punto medio = 0.5, equivalente a la distancia total), nos muestra 10 conglomerados, merece destacar el conglomerado 4 con clones U-59 y U-60 con U-12, y el conglomerado 2 con clones U-30 y U-32. El conglomerado 4 estaría demostrando que el U-59 y U-60 son muy semejantes o que están estrechamente emparentados.

Esta aseveración se ve corroborada porque ambos fueron recolectados de lugares geográficamente muy cercanos. El clon U-59 fue recolectado del fundo. Palo Santuyo (Cooperativa Chancamayo) y el clon U-60 fue recolectado del fundo. Limonillo (sector San Miguel), ambos ubicados en el departamento del Cuzco, en la cuenca del río Urubamba. Algunos de estos clones dada su relación de parentesco con el clon U-12, estarían demostrando que uno de ellos pudo ser su ancestro inmediato. En cambio en el conglomerado 2 (clones U-30 y U-32), el estrecho grado de parentesco entre estos clones, particularmente el clon U-30, recolectado en la parte baja del río Ucayali, podría ser su posible progenie del clon U-32, recolectado a una altitud más alta.

En el conglomerado 8 muestra que los clones: U-53 y U-57, están estrechamente emparentados, y éstos dos, con el clon U-56. Ello se puede explicar porque están geográficamente muy cercanos (Figura 10), a pesar de haber sido recolectados en fundos diferentes; existiendo un ligamiento entre estos clones con el clon U-9, recolectado en altitudes y latitudes más bajas de

la cuenca del río Ucayali (fundo Tafur, Contamana). Esta situación implicaría que el clon U-9 sea un descendiente de algunos de estos progenitores. Es más, el clon U-9, al mostrar resistencia a la escoba de bruja (*Crinipellis perniciosa*), este carácter lo pudo haber heredado de unos ancestros que también mostraron resistencia a este patógeno.

5.1.3. Caracteres cuantitativos ligados a la productividad

Con relación al Cuadro 6, que muestra los estadísticos de 10 caracteres cuantitativos comprometidos con la productividad, observamos, que con excepción del carácter peso de fruto, los demás caracteres biométricos, su coeficiente de variación CV, no son altos, lo que estaría demostrando de que estos materiales exhiben valores no muy distantes, haciendo suponer también que, de una u otra manera, estarían compartiendo genes semejantes, puesto que los clones que han sido recolectados de la cuenca del río Ucayali (zonas bajas), son progenies que provienen de zonas altas y muy distantes geográficamente (cuenca del río Urubamba).

La mayor variación exhibida por el peso del fruto en los clones de la colección Ucayali-Urubamba, se podría explicar por ser un carácter biológicamente muy variable, además por las distantes procedencias geográficas en que fueron colectados, su constitución genética, la influencia de los factores ambientales y la interacción de estos con el genotipo (RAMIREZ y ENRIQUEZ, 1987).

Con relación al número de óvulos por ovario los valores oscilaron entre 33 - 59, correspondiendo a los clones U-70 y U-36, respectivamente. El carácter longitud de fruto osciló entre 9.5 - 19.2 cm. para los clones U-52 y U-58, respectivamente. El carácter diámetro del fruto osciló entre 6.0 y 8.9 cm, para los clones U-35 y U-52-U-38, respectivamente, el carácter número de semillas por fruto, los valores oscilaron entre 22 y 51 semillas, para los clones U-11 y U-47-U-36 respectivamente, y para el carácter peso seco de semilla, oscilaron entre 0.5 y 1.5 g. para los clones U-51 y U-10 respectivamente.

Para la longitud de semilla seca, los valores oscilan entre 1.8 y 2.6 cm, para los clones U-51 y U-70-U-10, respectivamente, para el ancho de semilla seca oscilan entre 0.9 y 1.4 cm, para los clones U-51 y U-10; para el porcentaje de grasa de semilla los valores oscilan ente 45 y 60%, para los clones U-58 y U-3 - U15 - U37, respectivamente.

Al igual que al peso de fruto, el peso seco de semilla es un carácter muy variable que depende de factores genéticos y ambientales. En otras palabras, el peso seco de semilla depende del tipo genético u origen y la acción del medio ambiente que interactúa con el genotipo (RAMIREZ y ENRIQUEZ, 1987). De lo anterior podemos presumir que esta variabilidad sea también una cualidad inherente de cada clon, pero en grado menor, tal como se ha reportado (QUIROZ y LOPEZ, 1987).

En la Figura 9, el análisis de conglomerados muestra 9 caracteres morfológicos cuantitativos de 48 clones (UTOS) de la colección Ucayali-Urubamba, en la que a una distancia taxonómica arbitraria de 4.80, se forman dos grupos: Grupo I y Grupo II, quedando aislados los clones U-36 y U-10. Este resultado podría explicarse en términos de su divergencia genética y el efecto enmascarador de los factores ambientales que estarían separándolos del resto de los clones.

En la misma Figura 9 y Cuadro 6, a un nivel de distancia taxonómica arbitraria de 2.90 (punto medio = 0.5, equivalente a la distancia total), nos muestra 9 conglomerados. En dicho fenograma, y para propósito de mejoramiento genética por productividad, destacan los clones U-12, U-10, U-32, U-48 y U-26, por sus bajos índices de mazorca (IM), iguales a 16, 18, 19, 20 y 21, respectivamente.

El clon U-10, es un clon aislado de los otros clones y mantiene un ligamiento lejano con el clon U-12. Esto es importante pues ambos clones, pueden ser hibridazos ya que genéticamente no están emparentados. En cambio los clones U-32 y U-26, por estar muy relacionados taxonómicamente, no serían recomendables al cruzamiento entre ellos, debido a la aparición de genes recesivos en estado homocigoto que sería una evidencia de consanguinidad.

El clon U-48, por estar muy distanciado de los clones anteriormente mencionados, si puede participar como progenitor en planes de cruzamiento con los otros clones.

Cabe destacar que si en un programa de mejoramiento genético, nuestro objetivo es implementar el porcentaje de grasa vegetal, los clones U-3, U-15 y U-37, que destacan por su elevado porcentaje de grasa (60%), y estar formando el mismo conglomerado todos ellos pueden ser utilizados en progenies de mejoramiento de poblaciones por selección recurrente, con la finalidad de acumular genes involucrados en el control genético de este carácter de calidad.

LOCKWOOD y END, (1993), sostiene que Perú es todavía un área incipiente explorada aunque las colecciones iniciales fueron hechos por Pound (1943), contribuyendo con 49 árboles valiosos a los programas de mejoramiento de cacao. En ese sentido, la colección Ucayali, constituye un reservorio de genes potencialmente valiosos para la investigación cacaotera a nivel internacional.

VI. CONCLUSIONES

En base a los resultados obtenidos se ha llegado a las siguientes conclusiones:

1. Las caracterizaciones morfológicas tanto cualitativas como cuantitativas de la colección Ucayali-Urubamba, muestra una moderada variación fenotípica, siendo, los caracteres cuantitativos de mayor variación.
2. El análisis de conglomerados para caracteres cualitativos determinó la existencia de dos grupos marcadamente diferentes, separados taxonómicamente (aproximadamente 90% de disimilitud), que si bien están unidos lejanamente, los clones U-21 y U-69, a su vez también están muy distanciados del resto de clones.
3. Los clones U-21 y U-69; así como los clones U-70 y U-53 que muestran una marcada distancia taxonómica con el resto de clones, pueden ser utilizados como progenitores en planes de cruzamiento.
4. El análisis de conglomerado para caracteres cuantitativos, también determinó la existencia de dos grupos taxonómicamente diferente, mostrando solo un clon aislado (U-11) del otro grupo. En tanto en el conglomerado 2 formado por los clones U-58, U-54 y U-70, se mantienen aislados de los clones que forman dicho conglomerado.

5. Los clones que muestran distancias taxonómicas debajo o ligeramente arriba a la línea arbitraria para los caracteres cualitativos y cuantitativos, respectivamente (U-59 y U-60) y, (U-65 y U-68), se constituyen como clones muy semejantes genéticamente en cada conglomerado.

6. Los clones que destacaron por su potencial productivo son (U-12, U-10, U-32, U-48 y U-26), con excepción del conglomerado (U-32 y U-36), pueden ser utilizado en planes de cruzamientos futuros.

VII. RECOMENDACIONES

1. Documentar una base de datos computarizada con los caracteres cualitativos y cuantitativos de la colección Ucayali-Urubamba.
2. Estudiar mediante las técnicas de conglomerados y de ordenación las demás colecciones conservadas en el Banco de Germoplasma de Cacao de la Universidad Nacional Agraria de la Selva (UNAS).
3. Realizar estudios taxonómicos y complementarlos utilizando técnicas de la biología molecular para una mejor evaluación de la diversidad genética de las accesiones de cacao.

VIII. RESUMEN

El presente trabajo de investigación, se realizó en el Banco de Germoplasma de Cacao de la Universidad Nacional Agraria de la Selva, entre los meses de mayo del 2000 a mayo del 2001, con el objeto de caracterizar morfológicamente el germoplasma de la colección Ucayali-Urubamba, estudiar mediante análisis de conglomerados relaciones de similitud o disimilitud entre los clones e identificar clones potenciales y divergentes que puedan ser utilizados para la formación de híbridos o cultivares policlonales.

El material en estudio fue 48 clones de la colección Ucayali-Urubamba, utilizando 25 caracteres cualitativos y 25 caracteres cuantitativos con sus estados en hojas, flores, frutos y semillas. El estudio taxonómico se realizó mediante técnicas de agrupamiento (análisis cluster), complementando con estadísticos para determinar caracteres cuantitativos que están estrechamente ligados a la productividad.

Los resultados obtenidos del análisis de conglomerados mostraron que la caracterización morfológica tanto para caracteres cualitativos como caracteres cuantitativos de la colección Ucayali-Urubamba, es moderadamente variable, siendo los caracteres cuantitativos los más variables; los clones que obtuvieron el mayor peso seco de semilla fueron: U-10, U-12, U-48, U-26 y U-32, con 1.5, 1.4, 1.4, 1.3 y 1.3 g. respectivamente.

Los clones U-21 y U-69, así como los clones U-70 y U-53, que muestran una marcada distancia taxonómica con el resto de clones, pueden ser utilizados como progenitores en planes de cruzamiento.

Los clones que destacaron por su potencial productivo son los clones: U-12, U-10, U-32, U-48 y U-26, con excepción del conglomerado formado por los clones: U-32 y U-26, pueden ser utilizados en planes de cruzamientos futuros.

Para una mejor comprensión de la magnitud de la diversidad genética de las accesiones (clones) de la colección Ucayali-Urubamba, se hace necesario estudiar utilizando marcadores moleculares.

IX. REFERENCIAS BIBLIOGRÁFICAS

- ALCAZAR, F. 1988. Evaluación de 120 accesiones de germoplasma de maní (*Arachis hypogaea L.*) del Programa de Leguminosas y Oleaginosas de la UNALM en la Costa Central del Perú. Tesis Ing. Agrónomo. Lima-Perú. Universidad Nacional Agraria de la Selva, Tingo María, Perú. 86 p.
- ALFARO, J., Y. y SEGOVIA, V. 1991. Maíces del sur de Venezuela Clasificados por Taxonomía Numérica. [En línea]: (<http://www.redpav.fpolar.info.ve/agrotrop/v.50.html>).
- ANÓNIMO. 1983. Consejo Internacional de Recursos Fitogenéticos. Roma, Italia. 8 p.
- AYALA, F. y KIGER, J. 1984. Genética Moderna. Fondo Educativo Interamericano S.A. México, 836 p.
- BENITO, S. J. A. 1991. Tecnificación del cacao en la amazonía peruana. Fundación para el desarrollo de la amazonía peruana (FUNDEAGRO). Lima, Perú. 156 p.
- CHESSMAN, E. E. 1944. Fertilización and embryogeny in (*Theobroma cacao L.*). Ann. Of. Bot. 41. Trinidad, Tobago. (161): 107-127 p.
- CRISCI, J. V.; y LOPEZ, F. 1983. Introducción a la Teoría y Práctica de la Taxonomía Numérica. Washington, D.C. OEA. Monografía N° 26. serie de Biología. 119 p.
- DE CASTRO, C.T.G. y D. B. BARTLEY, G. 1983. Caracterizado dos recursos genéticos de cacaueiro. Holha, fruto e semente de selecciones de Bahía dos series SIC e SIAL. *Theobroma (B)* 13 (3): 263-273.

- DELGADO DE LA FLOR, F. y H. SANCHEZ. 1981. Genética Avanzada. Perú, C. P. I. A. La Molina. Lima, Perú. Cap. 17. 56 p.
- ENGELS, M. M.; D.B. BARTLEY G. y ENRIQUEZ. 1980. Cacao Descriptores, Their States and modus Operandi, Turrialba (CR). 30 (2): 209 - 218.
- GARCIA, C. L. F. 1991. Mejoramiento genético. Curso moderno del cacao. Tingo María. Pp. 1– 4.
- GARCIA, C. L. F. 2000. Recursos genéticos y mejoramiento del cacao. Contradrogas, Lima, Perú. 18 p.
- GARCIA, C.L.F. 2005. Comunicación personal.
- GARCIA, T. E. 1998. Caracterización y Evaluación ex situ de 21 clones de cacao de la colección Ucayali-Urubamba en Tingo María. Tesis. Ing. Agrónomo. Universidad Nacional Agraria de la Selva, Tingo María, Perú. 123 p.
- GONDAR, N. J. E. 2000. Análisis cluster.[En línea]: (<http://www.Estadistico.com/crets.html>).
- HUAMAN, C. y ARBIZU, C. 1981. Principios y métodos taxonómicos de curso Internacional: Colección, evaluación, conservación y utilización de recursos genéticos. UNA, La Molina. Lima, Perú. 64 p.
- LACHENAUD, P. 1997. Variations in the number of beans per pod in *Theobroma cacao L.* in Ivory Coast. I. The rol of pollen. Jour. Hort. Sci., 69 (6): 1123 – 1129.
- LENNIS, J. y ALVARADO, A. 1990. Clasificación morfológica de 23 cultivares de yuca (*Manihot esculenta Cranz.*) del subtrópico húmedo boliviano. Turrialba, Costa Rica. Vol. 41, Num. 2, 265 p.

- LEON, J. 1968. Fundamentos botánicos de los cultivos tropicales IICA, San José, Costa Rica, Pp 375-384.
- LEON, J. 1987. Botánica de los cultivos tropicales. IICA. San José, Costa Rica. 445 p.
- LOCKWOOD, G., and M. END. 1993. History, Technique and future needs for cacao collection. Pp. 1-14. In Workshop on the Conservation, Characterization and utilization of Cocoa Genetic Resources in the 21 st Century Proc., Port of Spain. 13-17 sept. 1992. The Cocoa Research Unit, Port of Spain, Trinidad. 122 p.
- LOPEZ, H. 1993. Caracterización botánica-agronómica ex-situ de 20 clones de cacao, recolectados de las cuencas de los ríos Ucayali y Urubamba en Tingo María. Tesis Ing. Agrónomo. Universidad Nacional Agraria de la Selva. Tingo María, Perú. 103 p.
- LOPEZ, O y A. ENRIQUEZ. 1985. Metodología para el recuento del número de óvulos por ovario en cacao (*Theobroma cacao L.*). In: Revista cacaotero colombiano. Manizales, Colombia. 31: 30-35.
- LOPEZ, C. y PORRAS, J.C. 2002. Análisis multivariado con Minitab. Universidad Nacional Agraria La Molina. Lima, Perú. pp. 35 – 41.
- MARMOLEJO, D. 1993. Caracterización del germoplasma de Haba en la Sierra Norte con fines de formación de compuestos en Lima. Tesis M.Sc. Universidad Nacional Agraria La Molina. Lima, Perú. 83 p.
- QUIROZ, S. y LOPEZ, O. 1987. Caracterización y relación citogenética de frutos y almendras de cacao de cultivares de la colección de Turrialba, Costa Rica. En: 10º Conferencia Internacional de Investigación en

- Cacao. República Dominicana. Procc. 10º Conf. Int. Inv. Cacao. Pp: 593-598.
- RAMIREZ, L. y ENRIQUEZ, G. 1987. Herencia de algunas características del fruto del cacao. En: 10º Conferencia Internacional de Investigación en Cacao. República Dominicana. Procc. 10º Conf. Int. Inv. Cacao, pp: 587-591.
- SANCHEZ – MONGE, G y PARELLADA. 1971. Diccionario de genética. Ed. Revolucionaria. Instituto Cubano del Libro. La Habana, 165 p.
- SEVILLA, R. y HOLLE, M. 1995. Recursos genéticos vegetales. Lima, Perú. pp. 16.1-16.3.
- SNEATH, P. H. A. SOKAL, R. R. 1973. Numerical taxonomy: The principle and practice of numerical classification, Freeman, San Francisco, ca. USA, 573 p.
- SORIA, J. V. 1987. Informes sobre los hallazgos de plantas de cacao silvestre en la amazonía y cacao criollo en Latinoamérica y México. I foro Intern. cacao. FUPAD. San José. Costa Rica. pp. 1-10.
- SOKAL, R. R. 1961. Distance as a measure of taxonomic similarity. Syst. Zool. Buenos Aires, Argentina. 10: 70-79 p.
- VAN HALL, C. J. 1932. Cacao (2nd Ed) Macmillan, London. United Kingdom. 42 p.
- WOOD, A. R. 1982. Cacao. ED. Continental. S.A. México, 363 p.

X. ANEXOS

Cuadro 3. Caracteres cualitativos codificados de 48 OTUS de la colección Ucayali-Urubamba

CLON	X1	X2	X3	X4	X5	X6	X7	X8	X9	X10	X11	X12	X13	X14	X15	X16	X17	X18	X19	X20	X21	X22	X23	X24	X25
U-1	1	3	2	7	0	1	1	0	0	0	0	1	2	5	5	5	3	5	2	1	0	1	1	3	2
U-2	1	1	3	3	1	2	2	1	0	0	1	1	2	0	3	3	3	5	1	0	0	3	1	3	2
U-3	0	2	2	3	1	1	2	1	0	0	0	1	2	0	2	3	3	5	2	1	0	3	2	3	2
U-4	1	1	2	7	1	2	2	0	1	0	0	1	2	0	2	3	5	5	2	1	1	1	1	5	1
U-5	1	2	2	7	1	1	2	0	0	0	1	1	2	3	5	7	3	5	2	1	0	3	2	3	2
U-6	1	1	2	7	1	2	2	1	0	1	0	1	1	0	3	3	3	5	2	1	0	3	2	3	2
U-7	1	2	2	5	1	3	2	1	1	0	1	0	2	3	3	7	5	5	2	1	0	3	1	3	2
U-9	1	2	3	3	1	2	1	1	1	0	1	0	2	0	4	3	3	3	1	0	0	5	1	3	2
U-10	1	2	2	7	1	1	1	0	0	0	0	1	2	3	3	3	5	7	1	0	0	3	1	3	2
U-11	1	3	2	7	1	2	2	1	0	0	0	1	2	0	5	7	5	5	2	1	1	5	1	5	2
U-12	1	1	2	7	1	3	1	1	1	0	0	0	2	3	3	3	3	5	2	1	0	5	1	5	1
U-15	1	2	2	7	1	2	1	1	1	1	0	1	2	3	5	9	3	5	2	1	1	3	2	3	2
U-19	1	3	2	7	1	1	2	0	0	0	1	1	1	0	5	5	3	5	2	1	1	3	1	5	1
U-20	1	2	3	5	1	1	2	1	0	0	0	0	2	0	5	5	3	5	2	1	0	3	1	5	2
U-21	1	2	3	3	0	1	2	0	1	1	0	1	2	3	2	7	7	5	1	0	0	3	1	3	1
U-22	1	1	3	7	1	2	2	0	0	0	0	1	2	3	5	7	3	5	1	0	1	3	2	3	2
U-24	1	2	3	3	1	2	2	0	0	0	0	0	2	3	3	5	5	7	2	1	1	3	1	3	2
U-26	1	1	3	7	0	1	2	0	1	0	0	1	2	3	5	3	3	5	1	0	0	3	1	5	1
U-28	1	1	2	7	1	2	1	1	0	0	0	1	2	3	2	3	3	5	2	0	0	5	2	5	1
U-30	0	2	3	3	0	2	2	0	1	0	0	0	1	3	3	0	3	3	1	0	0	3	1	5	1
U-31	1	1	3	7	0	1	1	1	1	0	0	1	2	3	2	3	3	5	2	0	0	5	1	5	1
U-32	0	2	3	5	0	1	1	1	1	0	0	1	2	3	5	7	3	5	1	0	0	3	2	5	2
U-35	0	2	2	7	0	1	2	0	0	0	0	1	2	3	5	5	5	5	1	0	0	3	2	3	2
U-36	1	2	2	7	1	2	2	0	0	0	0	0	1	0	5	3	3	5	2	1	1	3	1	1	2

X1: Antocianina en el follaje nuevo
 X2: Angulo basal de la hoja.
 X3: Forma del ápice de la hoja.
 X4: Forma de la hoja.
 X5: Antocianina en el botón floral.
 X6: Color del pedúnculo floral.
 X7: Orientación de sépalos

X8: Antocianina en la lígula del pétalo.
 X9: Antocianina en el filamento estaminal.
 X10: Antocianina en la parte superior del ovario.
 X11: Antocianina en la parte inferior del ovario.
 X12: Compatibilidad genética.
 X13: Forma del fruto.
 X14: Forma de constricción basal del fruto.

X15: Forma del ápice del fruto
 X16: Rugosidad en la superficie del fruto.
 X17: Disposición de un par de lomos.
 X18: Profundidad de los surcos primarios.
 X19: Color del fruto inmaduro.
 X20: Antocianina en el lomo del fruto inmaduro.
 X21: Antocianina en el fruto maduro.

X22: Forma de la sección longitudinal de semilla.
 X23: Forma de la sección transversal de semilla.
 X24: Color del cotiledón de semilla.
 X25: Color de pulpa fresca.

Continuación del cuadro 3

CLON	X1	X2	X3	X4	X5	X6	X7	X8	X9	X10	X11	X12	X13	X14	X15	X16	X17	X18	X19	X20	X21	X22	X23	X24	X25
U-37	0	2	2	5	1	2	2	0	0	0	0	1	2	3	5	7	3	5	2	1	0	3	2	5	2
U-38	1	1	3	7	0	1	2	1	0	0	0	1	2	3	3	3	3	5	1	0	0	5	1	5	1
U-39	1	2	2	7	0	1	2	0	0	0	0	0	2	3	5	5	3	5	1	0	0	3	1	5	2
U-41	1	1	2	7	0	1	2	0	0	0	0	0	1	3	5	3	3	5	1	0	0	5	2	5	1
U-43	1	2	3	7	1	3	1	1	0	0	0	1	2	3	3	3	3	5	1	0	0	3	1	5	1
U-45	1	1	3	5	1	3	1	1	0	0	0	0	1	3	3	5	3	5	1	0	0	1	2	3	2
U-47	1	2	3	5	1	3	2	1	0	0	0	0	2	0	3	3	5	5	1	0	0	3	2	3	2
U-48	1	1	3	7	1	2	1	1	0	0	0	1	2	0	3	0	3	5	1	1	1	5	1	3	1
U-49	1	2	3	7	1	2	2	0	0	0	0	0	2	0	3	3	3	5	1	0	0	5	1	5	1
U-51	1	2	2	7	1	2	1	1	1	0	0	1	2	3	1	3	3	5	1	1	0	5	1	5	1
U-52	1	1	2	5	0	1	2	0	0	0	0	1	2	0	3	5	5	7	1	0	0	3	2	3	1
U-53	1	2	3	3	1	3	1	1	0	1	0	1	2	3	3	0	3	3	1	1	0	3	2	5	1
U-54	1	2	2	5	1	2	2	0	0	0	0	1	2	3	3	9	3	5	1	0	0	3	2	3	2
U-55	0	2	1	5	0	1	2	0	0	0	0	1	2	0	2	3	5	5	2	1	0	3	2	5	2
U-56	1	2	3	7	1	2	1	1	0	0	0	0	2	3	5	3	3	5	1	0	0	3	1	3	1
U-57	1	2	2	3	1	2	2	0	0	0	0	1	1	3	5	3	3	5	1	0	0	3	1	5	1
U-58	1	1	2	7	1	2	2	1	0	1	0	0	2	3	3	9	3	5	2	1	1	3	1	3	2
U-59	1	2	3	3	1	2	1	1	0	0	0	1	2	3	2	7	3	7	1	0	0	5	1	5	1
U-60	1	1	3	3	0	2	1	1	0	0	0	0	2	3	2	7	3	7	1	0	0	5	2	5	2
U-65	1	2	3	5	0	1	2	0	0	0	0	0	2	3	5	3	0	3	1	0	0	3	1	3	1
U-66	1	3	3	7	1	3	2	1	1	1	0	0	3	3	3	5	3	5	2	1	1	1	1	3	2
U-68	1	2	3	7	1	2	2	1	0	0	0	0	1	3	3	3	0	3	1	0	0	3	1	5	1
U-69	0	2	3	5	1	3	1	0	1	0	0	0	2	5	1	7	5	5	2	1	0	3	2	3	1
U-70	0	2	3	5	0	1	1	0	0	0	0	0	2	0	3	3	3	5	1	0	0	3	1	1	1

X1: Antocianina en el follaje nuevo

X2: Angulo basal de la hoja.

X3: Forma del ápice de la hoja.

X4: Forma de la hoja.

X5: Antocianina en el botón floral.

X6: Color del pedúnculo floral.

X7: Orientación de sépalos

X8: Antocianina en la lígula del pétalo.

X9: Antocianina en el filamento estaminal.

X10: Antocianina en la parte superior del ovario.

X11: Antocianina en la parte inferior del ovario.

X12: Compatibilidad genética.

X13: Forma del fruto.

X14: Forma de constricción basal del fruto.

X15: Forma del ápice del fruto

X16: Rugosidad en la superficie del fruto.

X17: Disposición de un par de lomos.

X18: Profundidad de los surcos primarios.

X19: Color del fruto inmaduro.

X20: Antocianina en el lomo del fruto inmaduro.

X21: Antocianina en el fruto maduro.

X22: Forma de la sección longitudinal de semilla.

X23: Forma de la sección transversal de semilla.

X24: Color del cotiledón de semilla.

X25: Color de pulpa fresca.

Cuadro 4. Caracteres cuantitativos codificados de 48 OTUS de la colección Ucayali-Urubamba

CLON	X1	X2	X3	X4	X5	X6	X7	X8	X9	X10	X11	X12	X13	X14	X15	X16	X17	X18	X19	X20	X21	X22	X23	X24	X25
U-1	28.1	10.9	14.7	8.1	3.0	5.1	2.6	5.1	2.2	1.4	2.3	45	318.3	14.6	7.1	2.0	39	244.4	0.9	0.6	2.0	1.0	0.6	1.7	53
U-2	23.8	7.4	10.6	8.0	2.7	7.5	2.3	7.8	1.9	1.1	2.5	42	417.2	14.7	8.0	1.8	36	308.5	0.9	1.0	2.3	1.2	0.8	1.9	56
U-3	17.2	6.8	8.1	8.0	2.9	6.0	2.2	8.0	2.0	1.2	2.1	40	409.2	15.9	8.0	2.0	31	315.0	1.1	1.0	2.2	1.1	0.8	2.0	60
U-4	30.4	13.1	18.8	10.0	3.0	5.5	2.1	7.9	1.9	1.4	2.3	45	328.5	14.1	7.3	1.9	41	260.4	1.2	0.6	1.9	1.0	0.7	1.9	59
U-5	23.8	8.8	13.1	1.0	3.0	8.1	2.3	8.0	2.0	1.3	2.9	39	323.3	14.2	7.2	2.0	37	220.8	1.3	0.6	2.0	1.0	0.6	2.0	59
U-6	21.3	8.0	12.2	9.5	3.0	7.2	2.9	9.0	2.0	1.3	3.0	39	272.8	13.0	6.9	1.8	36	176.3	1.5	0.9	2.2	1.1	0.7	2.0	56
U-7	23.1	7.9	11.8	7.5	3.1	6.5	2.5	7.1	2.0	1.1	2.4	38	403.6	13.8	7.6	1.8	39	356.6	1.3	1.0	2.0	1.2	0.7	1.7	59
U-9	34.2	11.3	15.5	8.0	2.5	7.0	2.5	7.5	1.9	1.0	2.0	37	493.1	13.5	8.6	1.6	34	384.6	1.3	1.0	2.3	1.1	0.7	1.8	58
U-10	15.6	6.4	8.3	7.9	2.6	6.9	2.5	7.1	1.8	1.1	2.0	45	350.0	12.1	8.1	1.5	37	250.0	1.1	1.5	2.6	1.4	1.0	1.9	49
U-11	29.9	10.7	16.4	6.5	1.8	6.0	1.6	6.0	1.2	1.0	2.3	46	299.1	11.6	6.7	1.7	22	204.8	1.1	1.2	2.3	1.1	0.9	1.2	58
U-12	33.2	10.2	17.3	7.5	2.2	7.0	2.2	8.0	2.0	1.1	2.5	51	567.7	16.9	8.3	2.3	45	375.3	1.0	1.4	2.4	1.2	0.8	2.0	55
U-15	19.2	7.4	10.0	9.5	3.1	8.0	3.6	7.4	2.0	1.5	2.1	38	405.4	15.4	7.2	2.1	33	270.7	1.1	0.9	2.1	1.1	0.8	1.9	60
U-19	28.2	10.8	15.5	6.9	2.6	6.3	2.2	7.6	1.9	1.1	2.2	49	448.2	14.1	8.2	1.7	39	352.9	1.1	0.8	2.0	1.1	0.7	1.6	52
U-20	26.2	9.5	12.5	9.0	3.0	7.5	3.2	8.0	2.0	1.2	2.1	45	229.1	9.9	7.0	1.4	31	165.1	0.9	0.9	2.4	1.1	0.9	2.2	51
U-21	27.3	8.9	12.2	8.7	2.8	6.5	2.4	7.2	1.9	1.3	1.7	47	509.6	16.0	8.5	2.1	44	365.9	1.2	0.7	2.1	1.1	0.7	1.6	55
U-22	25.9	8.2	14.4	8.5	2.5	6.5	2.5	6.8	2.0	1.4	3.1	45	472.2	16.3	8.7	1.9	39	337.1	1.4	0.8	1.9	1.1	0.7	1.7	54
U-24	16.4	5.2	7.9	8.7	3.0	7.0	2.0	8.0	2.0	1.1	2.0	45	277.4	14.0	7.0	2.0	36	212.5	1.2	1.0	2.0	1.2	0.8	1.7	52
U-26	30.4	11.5	17.1	8.5	2.8	4.8	2.5	6.3	2.1	1.2	2.2	48	564.3	16.0	8.7	1.8	36	370.6	1.2	1.3	2.2	1.3	0.8	1.7	59
U-28	29.8	11.6	15.6	10.0	3.3	7.4	3.1	8.9	2.1	1.2	3.0	40	464.4	16.4	8.0	2.3	30	328.3	1.2	0.8	2.1	1.0	0.7	2.1	54
U-30	27.5	8.8	13.6	8.3	2.5	5.7	2.1	7.0	2.0	1.1	2.8	41	366.1	14.3	7.2	2.0	38	275.5	0.8	1.1	2.5	1.2	0.8	2.1	57
U-31	31.6	10.8	18.4	7.8	3.0	6.6	2.0	7.1	1.8	1.2	2.6	41	399.3	15.1	7.6	1.9	36	289.9	1.1	0.7	2.0	1.0	0.7	2.0	52
U-32	25.8	8.2	12.7	8.0	2.6	6.2	2.4	7.0	2.0	1.1	3.2	53	386.3	15.0	7.4	2.0	41	220.3	1.0	1.3	2.5	1.1	0.9	2.3	54
U-35	18.9	7.1	10.0	1.0	3.2	6.2	2.2	7.2	1.9	1.1	3.0	43	195.9	11.1	6.0	1.9	39	152.6	0.7	1.0	2.1	1.1	0.8	1.9	56
U-36	18.9	8.2	12.0	9.1	3.0	6.1	2.6	8.0	1.9	1.1	3.0	59	384.1	13.4	7.8	1.7	51	265.5	1.2	0.6	2.1	1.0	0.6	2.1	57

X1: Longitud de hoja.

X2: Ancho de hoja.

X3: Relac. de la long. entre la base hasta la parte más ancha de la hoja.

X4: Longitud del sépalo.

X5: Ancho del sépalo.

X6: Longitud de la lígula del pétalo.

X7: Ancho de la lígula del pétalo.

X8: Longitud del estaminoide

X9: Longitud del ovario.

X10: Ancho del ovario.

X11: Longitud del estilo.

X12: Número de óvulos por ovario.

X13: Peso del fruto.

X14: Longitud del fruto.

X15: Diámetro del fruto.

X16: Relación longitud/diámetro.

X17: Número de semillas por fruto.

X18: Peso de cáscara.

X19: Grosor de la cáscara.

X20: Peso seco de semilla.

X21: Longitud de semilla seca.

X22: Ancho de semilla seca.

X23: Espesor de semilla seca.

X24: Relación longitud entre ancho.

X25: Porcentaje de grasa de semilla.

Continuación del cuadro 4

CLON	X1	X2	X3	X4	X5	X6	X7	X8	X9	X10	X11	X12	X13	X14	X15	X16	X17	X18	X19	X20	X21	X22	X23	X24	X25
U-37	23.4	9.4	11.6	9.4	3.5	7.0	3.0	8.1	2.0	1.5	2.5	34	425.2	15.9	7.8	2.0	32	375.5	1.5	1.2	2.3	1.1	0.8	2.1	60
U-38	33.6	11.1	17.5	8.5	2.9	6.2	2.8	7.8	1.8	1.2	2.0	43	563.7	17.4	8.9	1.9	40	471.7	1.6	0.9	2.3	1.1	0.8	2.1	47
U-39	21.7	7.8	11.7	9.2	3.0	7.5	3.0	8.5	2.0	1.5	3.0	44	336.5	14.8	7.2	2.0	34	313.0	1.4	1.0	2.3	1.1	0.8	2.1	50
U-41	34.6	13.9	18.3	8.0	2.4	6.0	2.0	6.5	2.1	1.2	2.2	47	310.8	14.2	6.9	2.0	41	233.6	1.1	0.7	1.9	1.0	0.7	1.9	52
U-43	31.8	11.1	16.2	8.3	3.0	6.7	1.0	6.8	2.0	1.1	2.0	37	398.6	13.6	8.2	1.6	28	362.0	1.3	1.1	2.0	1.1	0.8	1.8	49
U-45	20.6	7.7	9.6	7.5	2.8	5.1	2.1	6.7	2.0	1.0	2.0	37	589.8	15.8	8.0	2.0	30	376.3	1.2	1.1	2.2	1.3	0.7	1.7	52
U-47	30.4	10.1	14.1	8.0	3.1	8.0	2.5	7.1	2.0	1.5	2.0	30	268.6	12.0	7.4	1.6	22	261.1	1.1	1.0	2.3	1.2	0.8	1.9	50
U-48	28.0	10.4	14.6	8.6	3.0	6.8	2.5	8.3	2.0	1.1	2.5	37	424.2	13.6	8.2	1.6	36	279.2	1.4	1.4	2.3	1.1	0.7	2.1	50
U-49	28.1	10.6	15.2	8.0	2.8	6.4	3.0	8.2	2.0	1.3	2.2	39	350.2	13.2	7.6	1.7	37	321.6	1.2	0.8	2.0	1.0	0.7	2.0	52
U-51	26.2	10.5	13.9	8.0	3.0	6.0	2.9	8.0	2.0	1.2	2.8	39	222.7	12.5	6.6	1.9	36	182.2	1.1	0.5	1.8	0.9	0.6	2.0	50
U-52	23.3	8.2	12.0	8.0	2.2	5.0	2.0	6.5	2.0	1.5	2.1	43	139.2	9.5	6.0	1.6	30	106.9	1.2	1.1	2.3	1.2	0.9	1.9	54
U-53	32.9	9.8	15.4	7.0	2.5	5.3	2.5	7.1	1.7	1.0	2.0	37	402.2	12.9	8.0	1.6	34	332.4	1.3	1.0	2.0	1.2	0.8	1.7	50
U-54	12.6	4.4	6.2	8.5	3.0	7.5	3.2	9.0	2.0	1.1	3.0	40	271.5	13.9	7.0	2.7	35	253.9	1.2	0.8	2.0	1.1	0.8	1.8	49
U-55	17.1	7.2	8.6	7.3	2.7	5.0	2.0	7.3	2.0	1.0	3.0	41	257.2	13.3	7.0	1.9	39	201.8	1.2	0.8	2.2	1.0	0.6	2.2	51
U-56	22.9	8.7	12.0	7.5	2.5	6.0	2.2	7.8	2.0	1.2	2.1	34	296.4	13.1	7.3	1.8	31	241.2	1.2	1.2	2.0	1.2	0.7	1.8	48
U-57	31.0	12.1	13.5	6.8	2.3	6.0	2.4	7.0	1.9	1.1	2.5	38	333.1	12.7	7.2	1.8	33	270.8	1.3	0.8	2.2	1.1	0.7	2.0	52
U-58	5.3	1.7	3.3	8.0	2.5	5.5	2.5	7.5	2.0	1.2	2.0	45	725.0	19.2	8.5	2.2	42	550.0	1.3	0.9	2.4	1.2	0.7	2.0	45
U-59	40.7	14.6	17.5	7.6	2.3	5.8	2.1	7.3	1.8	1.2	2.3	43	461.7	17.7	8.4	2.1	36	363.5	1.4	1.1	2.4	1.2	0.8	2.0	56
U-60	39.6	14.5	17.5	8.3	2.4	5.8	2.0	8.5	2.0	1.2	2.2	42	516.2	16.8	8.0	2.1	35	428.0	1.5	1.2	2.3	1.2	0.9	1.9	58
U-65	33.3	10.2	16.6	8.2	3.2	6.9	3.2	8.0	2.1	1.2	2.2	48	362.1	14.7	7.5	1.9	42	280.4	1.4	0.8	2.2	1.0	0.8	2.2	56
U-66	30.3	11.0	15.4	8.0	2.5	7.2	2.5	7.2	1.9	1.2	1.9	42	378.5	16.9	8.0	2.1	36	301.6	1.5	0.9	2.1	1.0	0.7	1.4	50
U-68	32.1	9.6	16.9	8.5	2.9	7.0	3.3	8.0	2.1	1.2	2.5	43	450.5	16.1	8.0	2.0	40	354.3	1.5	0.9	2.1	1.0	0.7	2.1	50
U-69	28.9	9.4	14.7	9.0	3.0	5.0	2.7	7.0	2.0	1.0	2.3	39	642.0	18.3	8.3	2.2	28	486.9	1.2	1.2	2.2	1.2	0.8	1.8	47
U-70	29.9	9.9	14.9	8.0	2.8	6.6	2.2	6.7	1.4	1.2	2.5	33	281.1	12.0	7.3	1.6	31	217.1	1.3	0.8	1.8	1.0	0.7	1.8	52

X1: Longitud de hoja.

X2: Ancho de hoja.

X3: Relac.de la long. entre la base hasta la parte más ancha de la hoja.

X4: Longitud del sépalo.

X5: Ancho del sépalo.

X6: Longitud de la lígula del pétalo.

X7: Ancho de la lígula del pétalo.

X8: Longitud del estaminoide

X9: Longitud del ovario.

X10: Ancho del ovario.

X11: Longitud del estilo.

X12: Número de óvulos por ovario.

X13: Peso del fruto.

X14: Longitud del fruto.

X15: Diámetro del fruto.

*X16: Relación longitud/diámetro.

X17: Número de semillas por fruto.

X18: Peso de cáscara.

X19: Grosor de la cáscara.

X20: Peso seco de semilla.

X21: Longitud de semilla seca.

X22: Ancho de semilla seca.

X23: Espesor de semilla seca.

X24: Relación longitud entre ancho.

X25: Porcentaje de grasa de semilla.

Cuadro 5. Altitud, coordenadas y zona de ubicación de los 48 clones de la colección Ucayali – Urubamba.

CLON	ALTITUD (m.s.n.m.)	COORDENADAS		UBICACIÓN (zona)
		X	Y	
U-1	110	498160	9189392	18M
U-2	110	498160	9189392	18M
U-3	110	498160	9189392	18M
U-4	110	498160	9189392	18M
U-5	110	498160	9189392	18M
U-6	110	498160	9189392	18M
U-7	110	498160	9189392	18M
U-9	110	498160	9189392	18M
U-10	110	498160	9189392	18M
U-11	110	498160	9189392	18M
U-12	132	472404	9193070	18M
U-15	132	499999	9217030	18M
U-19	130	490785	9281515	18M
U-20	130	490785	9281515	18M
U-21	150	512911	9333101	18M
U-22	150	512911	9333101	18M
U-24	120	579346	9358846	18M
U-26	120	633040	9447208	18M
U-28	120	627496	9447218	18M
U-30	120	627496	9447218	18M
U-31	120	627496	9447218	18M
U-32	110	498160	9189392	18M
U-35	115	490803	9180179	18M
U-36	115	488964	9178336	18M
U-37	115	485287	9176493	18M
U-38	115	481611	9170964	18M
U-39	115	490803	9180179	18M
U-41	115	485286	9180178	18M
U-43	112	509189	9143329	18M
U-45	110	555033	9060379	18L
U-47	110	555021	9051166	18L
U-48	110	555021	9051166	18L
U-49	111	551319	9023530	18L
U-51	115	527466	8986700	18L
U-52	1600	762129	8559758	18L
U-53	1600	762129	8559758	18L
U-54	1600	762129	8559758	18L
U-55	1600	762129	8559758	18L
U-56	850	771549	8598410	18L
U-57	980	762493	8598495	18L
U-58	980	762493	8598495	18L
U-59	940	780878	8625993	18L
U-60	950	771549	8598410	18L
U-65	650	726197	8589586	18L
U-66	750	726197	8589586	18L
U-68	1420	735172	8580290	18L
U-69	1420	735172	8580290	18L
U-70	1450	735172	8580290	18L

Cuadro 6. Estimación de estadísticos muestrales de 10 caracteres cuantitativos de 48 OTUS de la colección Ucayali-Urubamba.

CLON	Nº O/O	P.F	L.F	D.F	NUSE	P.S	L.S.S.	A.S.S	% G.
U-1	45	318.3	14.6	7.1	39	0.6	2.0	1.0	53
U-2	42	417.2	14.7	8.0	36	1.0	2.3	1.2	56
U-3	40	409.2	15.9	8.0	31	1.0	2.2	1.1	60
U-4	45	328.5	14.1	7.3	41	0.6	1.9	1.0	59
U-5	39	323.3	14.2	7.2	37	0.6	2.0	1.0	59
U-6	39	272.8	13.0	6.9	36	0.9	2.2	1.1	56
U-7	38	403.6	13.8	7.6	39	1.0	2.0	1.2	59
U-9	37	493.1	13.5	8.6	34	1.0	2.3	1.1	58
U-10	45	350.0	12.1	8.1	37	1.5	2.6	1.4	49
U-11	46	299.1	11.6	6.7	22	1.2	2.3	1.1	58
U-12	51	567.7	18.9	8.3	45	1.4	2.4	1.2	55
U-15	38	405.4	15.4	7.2	33	0.9	2.1	1.1	60
U-19	49	448.2	14.1	8.2	39	0.8	2.0	1.1	52
U-20	45	229.1	9.9	7.0	31	0.9	2.4	1.1	51
U-21	47	509.6	18.0	8.5	44	0.7	2.1	1.1	55
U-22	45	472.2	16.3	8.7	39	0.8	1.9	1.1	54
U-24	45	277.4	14.0	7.0	36	1.0	2.0	1.2	52
U-26	48	564.3	16.0	8.7	36	1.3	2.2	1.3	59
U-28	40	464.4	18.4	8.0	30	0.8	2.1	1.0	54
U-30	41	366.1	14.3	7.2	38	1.1	2.5	1.2	57
U-31	41	399.3	15.1	7.6	36	0.7	2.0	1.0	52
U-32	53	386.3	15.0	7.4	41	1.3	2.5	1.1	54
U-35	43	195.9	11.1	6.0	39	1.0	2.1	1.1	56
U-36	59	384.1	13.4	7.8	51	0.6	2.1	1.0	57
U-37	34	425.2	15.9	7.8	32	1.2	2.3	1.1	60
U-38	43	563.7	17.4	8.9	40	0.9	2.3	1.1	47
U-39	44	336.5	14.8	7.2	34	1.0	2.3	1.1	50
U-41	47	310.8	14.2	6.9	41	0.7	1.9	1.0	52
U-43	37	398.6	13.6	8.2	28	1.1	2.0	1.1	49
U-45	37	589.8	15.8	8.0	30	1.1	2.2	1.3	52
U-47	30	268.6	12.0	7.4	22	1.0	2.3	1.2	50
U-48	37	424.2	13.6	8.2	36	1.4	2.3	1.1	50
U-49	39	350.2	13.2	7.6	37	0.8	2.0	1.0	52
U-51	39	222.7	12.5	6.6	36	0.5	1.8	0.9	50
U-52	43	139.2	9.5	6.0	30	1.1	2.3	1.2	54
U-53	37	402.2	12.9	8.0	34	1.0	2.0	1.2	50
U-54	40	271.5	13.9	7.0	35	0.8	2.0	1.1	49
U-55	41	257.2	13.3	7.0	39	0.8	2.2	1.0	51
U-56	34	296.4	13.1	7.3	31	1.2	2.0	1.2	48
U-57	38	333.1	12.7	7.2	33	0.8	2.2	1.1	52
U-58	45	725.0	19.2	8.5	42	0.9	2.4	1.2	45
U-59	43	461.7	17.7	8.4	36	1.1	2.4	1.2	56
U-60	42	516.2	16.8	8.0	35	1.2	2.3	1.2	58
U-65	48	362.1	14.7	7.5	42	0.8	2.2	1.0	56
U-66	42	378.5	16.9	8.0	36	0.9	2.1	1.0	50
U-68	43	450.5	16.1	8.0	40	0.9	2.1	1.0	50
U-69	39	642.0	18.3	8.3	28	1.2	2.2	1.2	47
U-70	33	281.1	12.0	7.3	31	0.8	1.8	1.0	52
Promedio	42.0	389.4	14.5	7.6	35.8	1.0	2.2	1.1	53.4
Desv. Stand.	5.3	118.9	2.2	0.7	5.4	0.2	0.2	0.1	4.0
CV(%)	12.6	30.5	15.2	9.2	15.1	20.0	9.1	9.1	7.5

Nº O/O: Número de óvulos por ovario.

D.F: Diámetro del fruto.

L.S.S: Longitud de semilla seca.

P.F: Peso del fruto.

NUSE: Número de semillas por fruto.

A.S.S: Ancho de semilla seca.

L.F: Longitud del fruto.

P.S: Peso seco de semilla.

% G: Porcentaje de grasa de semilla.

I.M: Índice de mazorca