

Resultados preliminares sobre la caracterización molecular de palma de aceite mediante marcadores microsatélites

Preliminary Results on the Molecular Characterization of Oil Palm Using Microsatellites Markers

AUTORES

Diana Marcela Arias Moreno

Programa de Biología y
Mejoramiento de la Palma,
Cenipalma

**Carmenza Montoya
Jaramillo**

Programa de Biología y
Mejoramiento de la Palma,
Cenipalma

**Hernán Mauricio
Romero Angulo**

Programa de Biología y
Mejoramiento de la Palma,
Cenipalma
Departamento de Biología,
Universidad Nacional de Colombia
hromero@cenipalma.org

Palabras CLAVE

Elaeis guineensis, *Elaeis oleifera*,
híbridos interespecíficos (OxG),
marcadores microsatélites,
similitud genética.

Elaeis guineensis, *Elaeis oleifera*,
interspecific hybrids (OxG),
microsatellite markers,
genetic similarity.

Recibido: 25 agosto 2010
Aceptado: 5 octubre 2010

Resumen

Se realizó una caracterización molecular de materiales de palma de aceite *E. guineensis* Jacq. (comerciales y silvestres) y *E. oleifera* (procedentes de plantaciones comerciales) mediante marcadores microsatélites, con el fin de establecer las posibles diferencias y/o similitudes genéticas. El análisis de los datos se llevó a cabo mediante una matriz de similitud entre individuos de acuerdo con el coeficiente de similitud genética de Nei y Li (1979), y a partir de la cual se construyó el dendrograma con el método de agrupamiento UPGMA. En el dendrograma y el análisis de correspondencias múltiples, obtenidos a partir de las muestras de *E. guineensis* provenientes de diferentes casas comerciales se observa la conformación de tres grupos. Los grupos A y B agrupan los materiales producidos por casas comerciales de Malasia, Francia, Costa Rica y Colombia, presentando un alto grado de similaridad genética. El grupo C lo conforman los híbridos interespecíficos (OxG). En los materiales de *E. guineensis* provenientes de Camerún se observó un índice de similitud genética de 55 %, indicando una alta variabilidad genética, sin embargo, no se aprecia una clara asociación entre el origen geográfico y los grupos resultantes. En el dendrograma y el análisis de coordenadas principales de las muestras de palma de aceite *E. oleifera* se observó la conformación de dos grupos asociados con su sitio de origen geográfico, presentando alelos específicos por sitio y una baja similaridad genética (44%) entre estos.

Abstract

A molecular characterization of wild and commercial African oil palm (*Elaeis guineensis* Jacq) and of American oil palm (*Elaeis oleifera*) belonging to commercial plantations was performed, using microsatellite markers. The aim was to estimate possible differences and/or genetic similarities among the different materials. The analysis of the



information was performed by generating a similarity matrix among individuals using the genetic similarity coefficient of Nei and Li (1979). With the resulting data a dendrogram was built using the UPGMA grouping method. The dendrogram and the multiple correspondence analysis, made with samples of *E. guineensis* from different commercial seed producers show the formation of three groups. Groups A and B clustered materials produced by commercial seed producers in Malaysia, France, Costa Rica and Colombia, showing a high degree of genetic similarity. The group C is made up of interspecific hybrids (OxG). The materials *E. guineensis* from the Republic of Cameroon, showed a genetic similarity index 55%, indicating a high genetic variability, but a clear association between geographical origin and the resulting groups could not be established. In the dendrogram and principal coordinate analysis of the samples of American oil palm *E. oleifera*, the conformation of two groups associated with their geographical origin site was observed. The materials presented site-specific alleles and low genetic similarity (44%) among them.



Introducción

La creciente demanda de aceite de palma y aumentos en los costos del cultivo requiere de materiales vegetales con mayor potencial genético, mayor producción y capacidad de respuesta a enfermedades. El 80% de los 198 millones de semillas de palma de aceite africana *Elaeis guineensis* Jacq. que se producen en el mundo cuentan con una base genética demasiado estrecha. Esto debido a que comparten el parental femenino Dura Deli con algunas introgresiones, combinado con tres parentales masculinos (Pisíferas) Avros, La Mé y Yagambi (Bakoumé, 2007 y Cochard, 2009). Por esto, los actuales materiales comerciales homogenizan el desempeño del cultivo en diferentes aspectos. Este hecho ha impulsado a los mejoradores de palma a dar mayor importancia a los recursos genéticos del género *Elaeis* con el fin de incrementar la variabilidad genética en los programas de fitomejoramiento. Para tal fin Cenipalma propuso establecer bancos de germoplasma de *Elaeis guineensis* Jacq. con la mayor variabilidad genética posible para las características agronómicas, así como fuentes de resistencia a factores bióticos y abióticos que permitan generar nuevas variedades con ventajas competitivas en producción y en costos unitarios (Rey et ál., 2004). Cenipalma logró la prospección, coleta y conservación *ex-situ* de materiales de palma de aceite procedentes de Camerún, mediante convenio con el *Institute for Agricultural Research and Development* (IARD) de ese país y la cofinanciación por el Ministerio de Agricultura y Desarrollo Rural (MARD) en la convocatoria 2006.

Por otra parte, la palma de aceite americana (*Elaeis oleifera* Cortes) representa también un recurso genético importante, ya que se encuentra en estado silvestre y semidomesticada, con altos potenciales de mejora (Rey et ál., 2007). Esta palma es muy similar a la palma de aceite africana (*E. guineensis* Jacq.) aunque presenta un hábito de crecimiento diferente, ya que la palma africana es erecta y de relativo rápido crecimiento y la americana crece lentamente y prostrada al suelo.

Aun cuando la mayoría de las plantaciones comerciales están constituidas por materiales de palma africana tipo Ténera, en Latinoamérica estos materiales son atacados por numerosas plagas y enfermedades que no han sido reportadas en otras partes del mundo. En la búsqueda de soluciones permanentes para estos problemas sanitarios desde hace unos años se han empezado a sembrar de manera comercial cruces interespecíficos entre *E. oleifera* y *E. guineensis*, materiales conocidos de manera genérica como híbridos OxG.

La importancia de la procedencia de las madres *E. oleifera* en el comportamiento de los híbridos OxG ha llevado a que plantaciones comerciales y productores de semillas tengan palmas americanas recolectadas en diferentes sitios de Centroamérica y del trapezio amazónico, a partir de las cuales se están conformando los programas de mejoramiento genético para la producción comercial de semillas de estos materiales. Sin embargo, hasta el momento no se tiene información de cuál es la diversidad genética que se está



manejando dentro de estos programas. Especialmente no se tiene claro cuáles son las distancias genéticas entre materiales de diferentes procedencias, estos aspectos son muy importantes para poder tener una base genética necesaria para el mejoramiento de la palma de aceite.

Una limitante en el avance de los programas de mejoramiento de palma de aceite ha sido la naturaleza perenne del cultivo, lo cual implica largos ciclos de selección que involucran amplias áreas experimentales en las cuales se tendría que esperar por lo menos siete años para definir el comportamiento agronómico y seleccionar parentales para el diseño de cruzamientos. Frente a esta situación, el uso de marcadores moleculares podría acelerar los procesos de selección y hacer más eficiente la utilización de los recursos genéticos. Los marcadores moleculares tipo microsatélites o SSR (*Simple Sequence Repeats*) han sido los más utilizados en el mundo en estudios de variabilidad y relaciones de similaridad genética entre individuos de palma de aceite (Billote et ál., 2001; Billote et ál., 2005; Bakoumé et ál., 2007; Norziha et ál., 2008 y Singh et ál., 2008; Cochard et ál., 2009). Estos estudios han demostrado la utilidad de los marcadores moleculares en la evaluación de la diversidad y la estructura genética para el establecimiento de colecciones núcleo y la conservación del acervo genético en palma de aceite (Rajinder et ál. 2008). A su vez esta información permite el fortalecimiento del programa de mejoramiento como un componente de la caracterización molecular del género *Elaeis*, con el fin de planear cruces adecuados que permitan aumentar variantes alélicas para lograr materiales comerciales altamente productivos.

El objetivo de este trabajo es determinar las posibles diferencias y/o similitudes genéticas de materiales de palma de aceite *E. guineensis* Jacq (comerciales y silvestres) y *E. oleifera* (procedentes de plantaciones comerciales) mediante marcadores microsatélites.

Materiales y métodos

El estudio se dividió en tres partes determinadas por el origen de los materiales genéticos analizados. Es así que se hicieron análisis genéticos de materiales comerciales y de poblaciones naturales de palma africana (*E. guineensis*), y de palmas americanas presentes en casas comerciales en Colombia.

Para el análisis genético de materiales comerciales de palma africana (*E. guineensis*) se utilizaron 54 muestras foliares de materiales comerciales de diferentes casas como Malasia, Francia, Costa Rica y Colombia, los cuales se codificaron de uno a tres dentro de cada casa comercial y, para diferenciar entre estas, se asignó una letra del alfabeto. La etiqueta de los materiales está dada por el nombre de sus progenitores. Así, el individuo *Deli x YagambiA3* representa al individuo número tres, procedente de un cruce *Deli x Yagambi* de la casa comercial A. Junto con estas muestras se evaluaron nueve híbridos interespecíficos *E. oleifera x E. guineensis* (OXG). Estos materiales se encuentran sembrados en un ensayo agronómico de Cenipalma en el Centro Experimental El Palmar de la Vizcaína en Barrancabermeja.

Para el análisis de poblaciones naturales de palma africana se utilizaron 311 muestras foliares (plantas de vivero) provenientes de la colecta realizada en Camerún y sembradas en el Centro Experimental El Palmar de la Vizcaína, las cuales corresponden a 6 poblaciones (codificadas con las letras A a F).

Para el análisis genético de materiales de palma americana (*E. oleifera*) se utilizaron 74 muestras foliares *E. oleifera* procedentes de plantaciones comerciales denominadas como A, B, C y D.

En todos los casos para la extracción y cuantificación del ADN genómico total cada muestra foliar fue macerada con nitrógeno líquido y mediante el kit de extracción de Quiagen (Ref: 69106) se aisló el ADN siguiendo las instrucciones del fabricante. Este fue cuantificado mediante gel de agarosa y espectrofotómetro y, finalmente, las muestras fueron diluidas a una concentración de 5 ng/μl. Todas las muestras de ADN se evaluaron mediante PCR (Reacción en Cadena de la Polimerasa) utilizando marcadores tipo microsatélites, según las condiciones de amplificación reportadas por Billotte et ál. (2001) y Singh et ál. (2008). Para la visualización del producto de amplificación se realizó un gel denaturante de poliacrilamida, teñido con nitrato de plata.

Los alelos se registraron usando un marcador de peso molecular de 10 pb, de acuerdo con el rango de peso reportado por Billote et ál. (2001) y Singh et ál. (2008) para cada microsatélite. Los alelos resultantes se codificaron en una matriz binaria de 1 (presencia) y 0 (ausencia).

Con los datos obtenidos se realizó un análisis de conglomerados, lo que constituye una técnica estadística que consiste en buscar grupos (conglomerados) en un conjunto de observaciones de forma tal que aquellas que pertenecen a un mismo grupo se parecen, mientras que aquellas que pertenecen a grupos distintos son disímiles, según algún criterio de distancia o de similitud genética. Mediante este análisis se generó un dendrograma de similitud genética con el método de agrupamiento UPGMA (*Unweighted Pair-Group Mean Arithmetic Average*), a partir de la matriz de similitud entre individuos de acuerdo con la definición de Nei y Li (1979) así: $S_{ij} = 2a / (2a + b + c)$. Donde S_{ij} es la similitud entre los individuos i y j ; a es el número de bandas presentes en ambos i y j ; b es el número de bandas presentes en i y ausentes en j ; y c es el número de bandas presentes en j y ausentes en i . Para tal fin se utilizó el programa estadístico NTSYS pc 2.11L (Rohlf, 2000).

Con los datos obtenidos se realizó un análisis estadístico por coordenadas principales, el cual generó un diagrama en dos dimensiones, de tal forma que las distancias geométricas entre individuos pudieran reflejar las distancias genéticas con la mínima distorsión. Los patrones de agregación en tal diagrama revelan similitud genética entre individuos (Mohammadi y Prasanna 2003). Para tal fin se utilizó el programa estadístico NTSYS pc 2.11L (Rohlf, 2000). Este análisis se puede realizar cuando hay datos faltantes (*Missing Data*). Así mismo, se hizo un análisis de correspondencias múltiples el cual permitió ver la representación simultánea de individuos y de variables (alelos), a partir de una matriz de Distancia χ^2 . Para tal fin se utilizó el programa estadístico SAS 9.1. Este análisis se puede realizar cuando NO hay datos faltantes.

Resultados y discusión

Caracterización molecular de materiales comerciales de palma de aceite

Se obtuvo la amplificación de diecisiete microsatélites reportados por Billotte et ál. (2001), como ejemplo se aprecia la amplificación del SSR PR01 (Figura 1). De los SSR amplificados, quince fueron polimórficos (88%), con un promedio de cuatro alelos por cebador y un rango de 1 a 8 alelos amplificados.

Con la información obtenida se procedió a la construcción del dendrograma (Figura 2), que muestra la conformación de tres grupos con base en sus similitud genética. El grupo A con un $\sim 66\%$ de similitud es el más grande y agrupa materiales producidos por casas comerciales de Malasia, Francia, Costa Rica y Colombia. De este grupo resalta que la totalidad de individuos comparten el mismo parental femenino Deli, con variaciones en el parental masculino. El grupo B con $\sim 76\%$ de similitud contiene materiales producidos en Francia y en Colombia que comparten los mismos parentales, es decir Deli x La Mé. El grupo C lo conforman los híbridos interespecíficos OxG con una similitud de $\sim 52\%$, siendo el grupo con mayor distancia genética entre sus integrantes y separado de los materiales comerciales tipo Ténera. Este resultado habría de esperarse, ya que su genoma cuenta con aporte de *E. oleifera* y por ende se alejan de los *E. guineensis*. Es de anotar que se encontraron nuevos alelos y únicos para los híbridos OxG (Datos sin publicar).

El análisis de Correspondencias Múltiples (Figura 3) también exhibe la conformación de estos tres grupos y, además, muestra en mayor detalle la formación de dos grupos al interior de los híbridos OxG, evidenciado una mayor variabilidad genética entre estos.

El alto valor de similitud genética entre los materiales comerciales podría estar sustentado, en primer lugar, en que desde el inicio de los programas de mejoramiento genético de Malasia e Indonesia empezaron a realizar su selección genética a partir de cuatro palmas sembradas en el Jardín Botánico de Bogor de Java (Indonesia), hecho que ha provocado uniformidad en el material productivo que se encuentra distribuido mundialmente, generando un efecto de estrechez en la base genética (Bakoumé, 2007; Cochard B., 2009) y a la subsecuente dispersión de estas semillas a nivel mundial (Billotte et ál., 2001). Como se puede observar en el dendrograma obtenido, la similitud genética descansa en el hecho de emplear como base en los programas de mejoramiento los parentales femeninos de origen Deli y los parentales masculinos de origen Avros, Yagamby y La Mé, entre otros (Corley y Tinker, 2003). Además, la metodología de mejoramiento vegetal empleada en palma de aceite, en este caso la selección recurrente y la selección recurrente recíproca, busca la homogenización del

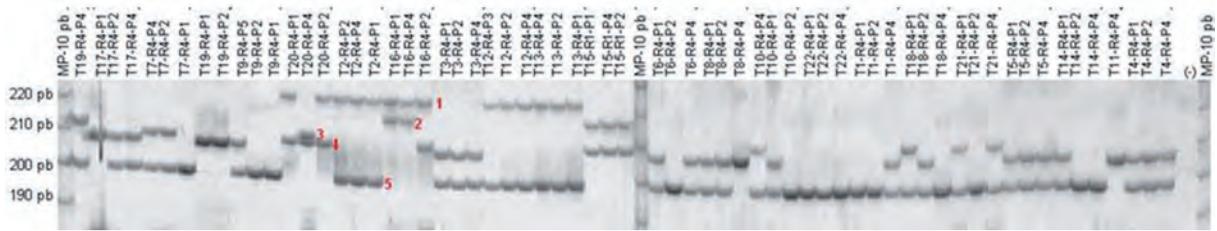


Figura 1. Amplificación del microsatélite *mEgCIR0008* en los materiales comerciales de palma de aceite.

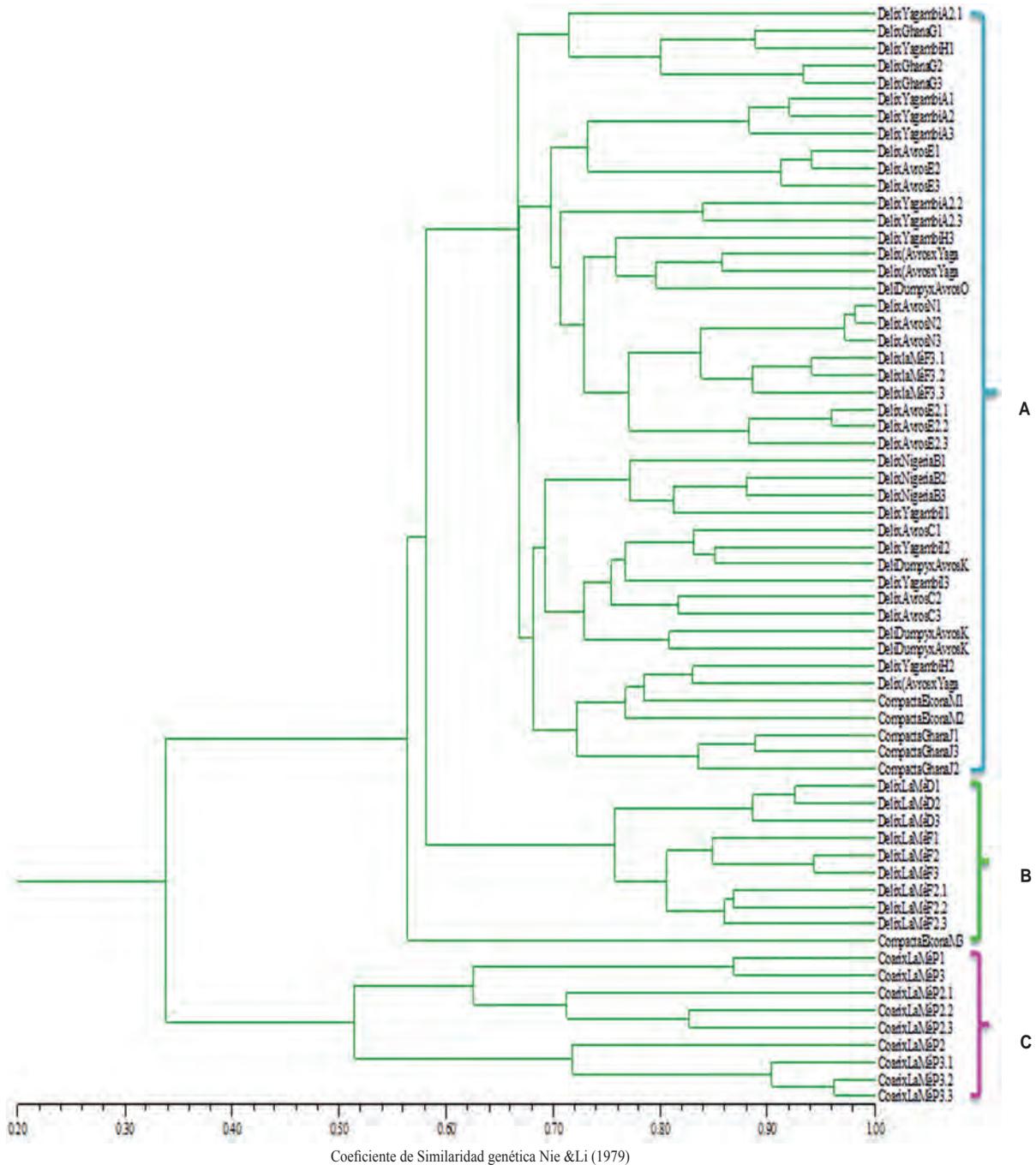


Figura 2. Dendrograma por individuos de materiales comerciales de palma de aceite *E. guineensis*, realizado con el coeficiente de similitud genética Nei-Li (1979) y el método de agrupamiento UPGMA.

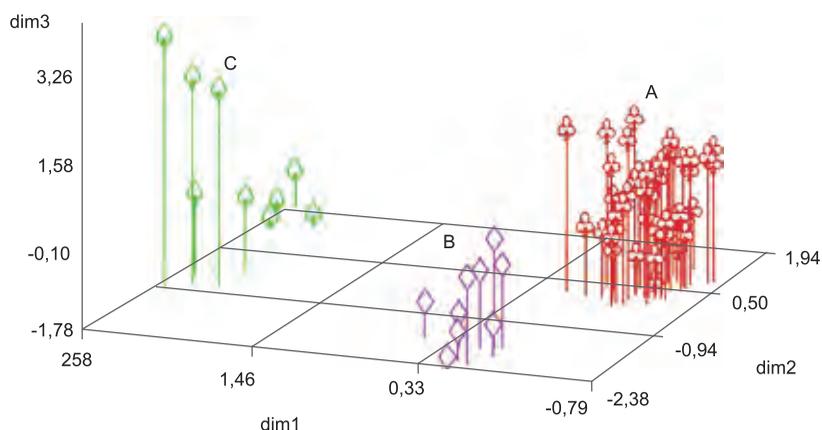


Figura 3. Diagrama en tres dimensiones del Análisis de Correspondencias Múltiples en materiales comerciales de *E. guineensis* e híbridos *E. oleífera* x *E. guineensis*. Las letras A, B y C representan los grupos resultantes.

cultivo en aras de uniformidad agronómica y estabilidad genotípica, lo cual conlleva de manera lógica a los resultados observados (Corley y Tinker, 2003). El alto grado de similaridad genética que se apreció con los diecisiete SSR, es congruente con los resultados reportados por diferentes estudios de diversidad genética de *E. guineensis* de origen silvestre, en los cuales se encuentran materiales tipo Deli Dura como referencia y se concluye que las poblaciones mejoradas tienen menos diversidad genética.

Según un análisis con marcadores RFLP (*Restriction Fragment Length Polymorphism*) los materiales mejorados se agrupan con 80% de similaridad genética, (Mayes et ál., 2000) y presentan 17% de *loci* polimórficos, versus el 65% presente en poblaciones silvestres provenientes de Camerún (Maizura et ál., 2001). Cochard et ál., (2009) en un estudio de diversidad genética con dieciseis marcadores SSR, que abarca diversos orígenes de materiales mejorados y silvestres, observó una clara separación del grupo con origen *Deli* de aquellos procedentes de Costa de Marfil, como lo es el material La Mé y el resto de materiales provenientes de África Central. Los auto-

res concluyen que la diferencia tan marcada de los grupos mejorados refleja el impacto de las cuatro o cinco generaciones sobre la estructuración de la diversidad genética. Para corroborar estos resultados se realizó una caracterización molecular en donde se utilizaron diez palmas por cada cruzamiento de cada casa comercial. Los resultados fueron congruentes y se observó la conformación de los mismos tres grupos obtenidos en este trabajo.

Caracterización molecular de materiales silvestres de palma de aceite provenientes de Camerún

En las 311 muestras de palma de aceite provenientes de Camerún se evaluaron nueve marcadores microsatélites reportados por Billotte et ál. (2001), los que fueron 100% polimórficos (Figura 4), resultado favorable para futuros estudios de caracterización molecular del programa de mejoramiento genético de Cenipalma.

En total se obtuvieron 47 alelos y el número de alelos por cada *loci* varió en un rango de 2 a 8 con un promedio de 5,2. Se registraron 44 alelos con una

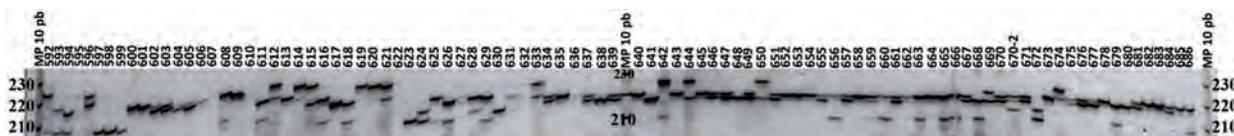


Figura 4. Amplificación del microsatélite *mEgCIR0008* en los materiales comerciales de palma de aceite.



presencia inferior a 5%, lo que indica que la mayoría de alelos están en una frecuencia intermedia y, a su vez, predice la alta variabilidad genética de las poblaciones estudiadas. En el dendrograma (Figura 5) obtenido, se observa un índice de similitud genética de 55% indicando una alta variabilidad genética entre los 311 individuos con los nueve *loci* SSR evaluados. En este dendrograma no se aprecia una clara asociación entre el origen geográfico y los grupos resultantes. Se observa que el nodo más distante, lo componen dos

familias de la población E. Esto confirma que las poblaciones, a pesar del distanciamiento geográfico, no están aisladas genéticamente y, por el contrario, se evidencia un constante intercambio de flujo génico que favorece la diversidad de las mismas. En este estudio se obtuvieron resultados similares a los obtenidos por Maizura et ál. (2006) donde se exploró la diversidad de once países africanos, con RFLP (*Restriction Fragment Length Polymorphism*) y Camerún presentó uno de los valores más altos de porcentaje de polimorfismos,

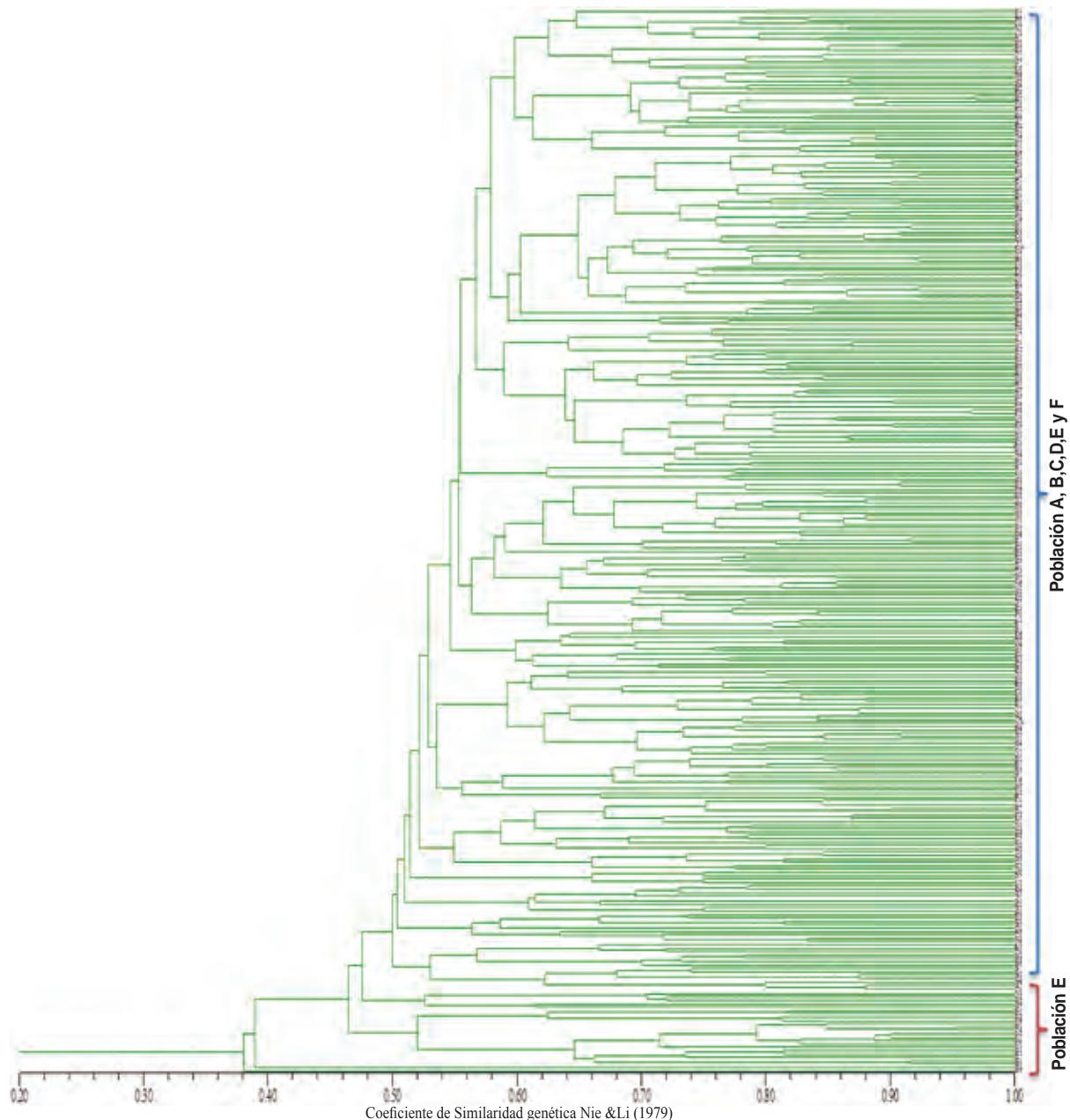


Figura 5. Dendrograma por individuos *E. guineensis* procedentes de Camerún, realizado con el coeficiente de similitud genética Nei-Li (1979) y el método de agrupamiento UPGMA.

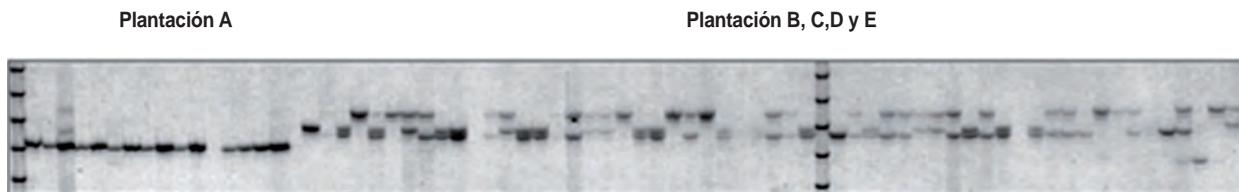


Figura 6. Patrón de amplificación del microsatélite *mEgCIR0219* en materiales de palma de aceite *Elaeis oleifera*.

así como el valor medio de heterocigosidad observada (0,219). Bakoumé (2006), analizando *E. guineensis* proveniente de 45 poblaciones de 10 países africanos, reporta a las poblaciones de Camerún como fuentes de alta diversidad genética.

Singh et ál. (2008), analizando la diversidad de *E. guineensis* con SSR derivados de EST, encontró en las muestras de Camerún el 100% de los loci polimórficos y una de las más altas diversidades, al igual Nigeria y Congo. En el estudio de Cochard et ál. (2009) con marcadores SSR en poblaciones de *E. guineensis* provenientes del África, las muestras provenientes de Camerún exhiben alta heterocigosidad (0,724) en comparación a otros orígenes. En estos resultados preliminares se aprecia la alta diversidad genética del material *E. guineensis* colectado en Camerún, respondiendo a las expectativas y objetivos del programa de mejoramiento genético de Cenipalma, que busca incorporar material diverso que a largo plazo permita obtener nuevas variedades de palma específicas para las necesidades del sector palmicultor colombiano.

Caracterización molecular de materiales de palma de aceite *Elaeis oleifera*

En los 74 materiales se evaluaron 29 cebadores SSR (con un cebador doble locus) para un total de 30 locus evaluados reportados por Billotte et ál. (2001) y Singh et ál. (2008). En el patrón de amplificación de los microsatélites se pudo observar la diferencia de alelos amplificados entre las muestras *E. oleifera* provenientes de la plantación A y las muestras de las otras tres plantaciones (Figura 6).

De los 30 SSR amplificados, 25 fueron polimórficos (83%) y cinco (PR10, PR11, PR14, PR25 y PR26) fueron monomórficos (17%). En total amplificaron 94 alelos, el promedio fue de tres alelos por cebador, con un rango de 1 a 6 alelos amplificados. Con la información obtenida se procedió a realizar el análisis de datos para lo cual se utilizaron varios *softwares*, entre

ellos el programa GenAlex (*Genetic Analysis in Excel*), programa que se utiliza para llevar a cabo estudios de genética de poblaciones y representación de los datos obtenidos mediante estadística descriptiva. En la Figura 7 se puede observar que las muestras de *E. oleifera* de la plantación A presentan un alelo exclusivo (207 pb) con una frecuencia de 1,00 para el locus mEgCIR0008. Esta población en general presentó alelos específicos en todos 30 locus.

En el dendrograma de la Figura 8 se observa la conformación de dos grupos con base en origen geográfico. El grupo A con una similaridad genética del ~ 92 entre los individuos que lo conforman, que corresponden a *E. oleifera* pertenecientes a la plantación A, provenientes de la región de Taisha, localizada en el Estado Morona Santiago al suroriente de Ecuador. Es de anotar que estos dieciséis individuos son altamente monomórficos, es decir, que todos tienen el mismo genotipo en los treinta microsatélites evaluados y se haría necesario evaluar más materiales para confirmar este resultado. Esto apoya la hipótesis

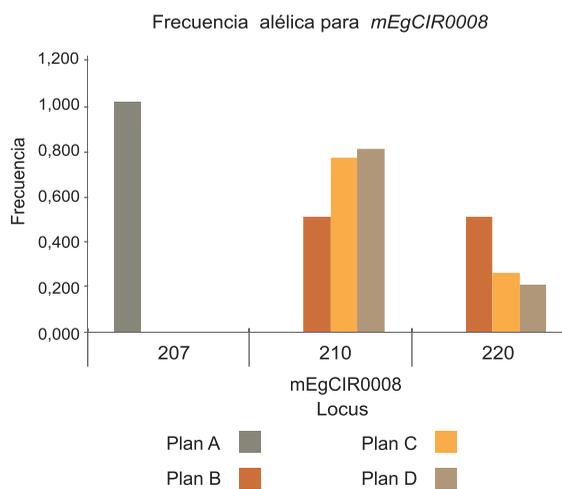


Figura 7. El alelo 207 del microsatélite *mEgCIR0008*, solo está presente en muestras de *Elaeis oleifera* de la plantación A, con una frecuencia de 1,00.

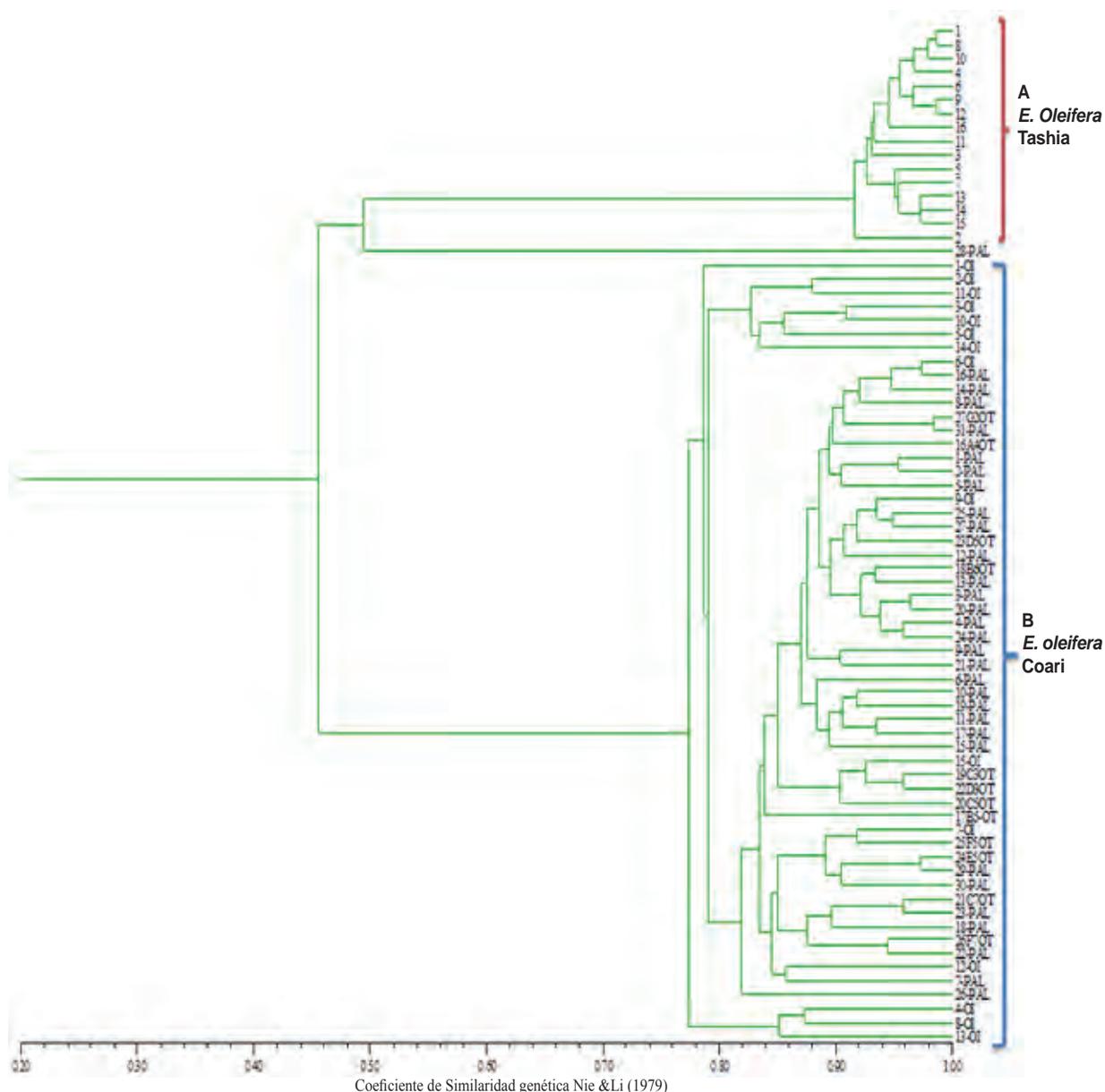


Figura 8. Dendrograma por individuos de *Elaeis oleifera* procedentes de cuatro plantaciones, realizado con el coeficiente de similitud genética Nei-Li (1979) y el método de agrupamiento UPGMA.

de que esos grupos experimentaron procesos de deriva genética y cuellos de botella recientes, a pesar del continuo distribución de *E. oleifera* en la Amazonia (Billotte et ál., 2001).

El grupo B con una similaridad genética del ~ 78 , corresponde a *E. oleifera* pertenecientes a las plantaciones B, C y D, las cuales atribuyen el origen de estas palmas al municipio de Coari en Brasil, perteneciente al estado de Amazonas. Según nuestros resultados, se observa un alto valor de similaridad genética entre las palmas que conforman cada uno de los grupos, pero

una baja similaridad genética (44%) entre los grupos A y B; es decir, que las palmas evaluadas de origen Tashia son diferentes genéticamente de las palmas de origen Coari. El análisis de coordenadas principales (Figura 9), también exhibe la conformación de estos dos grupos (A y B).

La conformación de los dos grupos evidenciados en nuestros resultados, asociados con su sitio de origen geográfico, presentando alelos específicos por sitio, son congruentes con los resultados obtenidos por Barcelos et ál. (1999) al poder discriminar

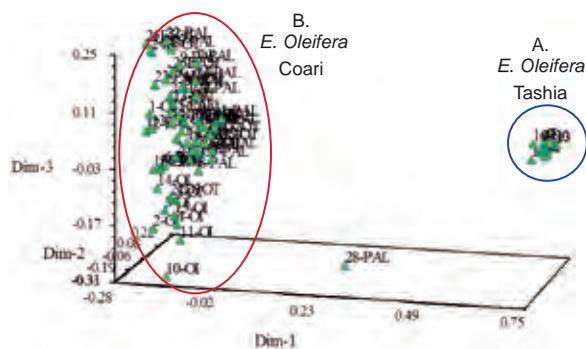


Figura 9. Diagrama en tres dimensiones del análisis de coordenadas principales en materiales de palma de aceite *Elaeis oleifera*. Las letras A y B representan los grupos resultantes.

grupos entre *E. oleifera* provenientes de La Guyana Francesa, Surinam y Perú por alelos específicos. Billotte et ál. (2001), mediante un análisis de correspondencia factorial realizado con 20 marcadores en 19 accesiones de *E. oleifera*, observaron que a lo largo del primer eje se distinguen cuatro grupos de cuatro diferentes áreas geográficas: Brasil, Centroamérica, Perú, Guyana Francesa y Surinam. Aunque las relaciones genéticas marcan una pauta sobre la cercanía de estos materiales y pueden ser herramientas en la dirección de un programa de mejoramiento, es prioridad señalar la importancia de la evaluación del desempeño agronómico, las respuestas fisiológicas, la resistencia a enfermedades, etc. y, con base en estos factores, delinear las estrategias de mejoramiento.

Conclusiones

En palma de aceite se habla mucho de la estrechez en la base genética de los materiales de siembra, los resultados corroboran esta afirmación toda vez que muestran que los materiales comerciales sembrados

en Colombia, a excepción de los híbridos interespecíficos OxG, presentan altos valores de similitud genética. Esto justifica el esfuerzo que hacen diferentes programas de mejoramiento genético, incluido el de Cenipalma, por ampliar la base genética de la palma a través de la colecta de materiales silvestres en los centros de origen tanto en África como en América y mediante programas de intercambio de germoplasma. Precisamente, a partir del análisis de los materiales colectados por Cenipalma en Camerún se observa un índice de similitud genética de 55%, de tal manera que la introducción de estas palmas en el programa de mejoramiento va a permitir ampliar la base genética de los materiales para Colombia.

De todas maneras, aunque las relaciones genéticas marcan una pauta sobre la cercanía de estos materiales y éstas pueden ser una herramienta útil en la planeación de estrategias del programa de mejoramiento de Cenipalma, es importante tener en cuenta otros criterios como la evaluación del desempeño agronómico, las respuestas fisiológicas y la resistencia a enfermedades, entre otros, para hacer más eficiente el proceso de selección y garantizar avances genéticos significativos en el menor tiempo posible.

Agradecimientos

Los autores expresan sus agradecimientos a los analistas de laboratorio Diana Dovalés, Duzley Velandia y Cristian Bustos, por su apoyo en la ejecución técnica de este proyecto. Al doctor Leonardo Rey Bolívar, ex - director del programa de mejoramiento genético de Cenipalma y actualmente vinculado a la empresa Aceites Manuelita S.A, por sus valiosos aportes. Al Ministerio de Agricultura y Desarrollo Rural por su cofinanciación. La investigación de Cenipalma es apoyada por el Fondo de Fomento Palmero, administrado por Fedepalma.

Bibliografía

Bakoumé, C.; Wickneswari, R.; Rajjanaidu, N.; Kushairi, A.; Amblard, P.; Billotte, N. 2007. Diversidad alélica de poblaciones naturales de palma (*Elaeis guineensis* Jacq.) detectada por marcadores microsatélites. Implicación en conservación. *Palmas* (Colombia), 28(especial, Tomo 1): 149-158.

Bakoume, C.R. 2006. Genetic diversity of natural oil palm (*Elaeis guineensis* Jacq.) populations using microsatellite markers. PhD. Thesis, University Kebangsaan Malaysia, Kuala Lumpur.

Barcelos, E.; Second, S.; Kahn, F.; Amblard, P.; Lebrun, P.; Seguin, M. 1999. Evolution, variation and classification of palms. *In Memorias. New York Botanical Garden N.Y.* 83:191-201.





- Billotte, N.; Marseillac, N.; Risterucci, A. M.; Adon, B.; Brottier, P.; Baurens, F. C.; Singh, R.; Herrán, A.; Billot C.; Asmady, H.; Amblard, P.; Durand-Gasselín, T.; Courtois, B.; Asmono, D.; Cheah, S.C.; Rohde, W.; Ritter, E.; Charrier, A. 2005. Microsatellite-based high density linkage map in oil palm (*Elaeis guineensis* Jacq.). *Theoretical and Applied Genetics* 110:754–765.
- Billotte, N.; Rusterucci, A.M.; Barcelos, E.; Noyer, J.L.; Amblard, P.; Baurens, F.C. 2001. Development, characterization, and across-taxa utility of oil palm (*Elaeis guineensis* Jacq.) microsatellite markers. *Genome* 44 (3): 413-425.
- Cochard, B.; Adon, B.; Rekima, S.; Billotte, N.; Desmier de Chenon, R.; Koutou, A.; Nouy, B.; Omoré, A.; Purba, A.R.; Glazsmann, J-C.; Noyer, J-L. 2009. Geographic and genetic structure of African oil palm diversity suggest new approaches to breeding. *Tree genetics and genomes* 5:493-504.
- Corley, R.H.V.; y Tinker, P.B. 2009. La palma de aceite. (E. Maldonado y F. Maldonado, Trads.) Bogotá (Colombia): Fedepalma. (Trabajo original publicado en 1967).
- Maizura, I.; Rajanaidu, N.; Zakri, A.H.; Cheah, S.C. 2006. Assessment of genetic diversity in oil palm (*Elaeis guineensis* Jacq.) using Restriction Fragment Length Polymorphism (RFLP). *Genetic Resources and Crop Evolution*, 53:187-195.
- Maizura, I.; Cheah, S.C.; Rajanaidu, N. 2001. Genetic diversity of oil palm germplasm collections using RFLPs. In: *Proceedings of 2001 PIPOC International Palm Oil Congress – Cutting-edge technologies for sustained competitiveness*. (Agriculture). p.526-535. Kuala Lumpur (Malasia).
- Mayes, S.; Jack, P.L.; Corley, H. 2000. The use of molecular markers to investigate the genetic structure of an oil palm breeding programme. *The Genetical Society of Great Britain. Heredity* 85 288±293.
- Nei, M.; Li, W.H. 1979. Mathematical model for studying genetic variation in terms of restriction endonucleases. In: *Proceedings of the National Academy of Sciences*. 76(10):5269-5273.
- Norziha, A.; Rafii, M. Y.; Maizura, I.; Ghizan, S. 2008. Genetic variation among oil palm parent genotypes and their progenies based on microsatellite markers. *Journal of Oil Palm Research*. 20: 533-541.
- Peakall, R.; Smouse, P. 2006. GenAIE version 6.0: Genetic Analysis in Excel. Population genetic software for teaching and research. *Molecular Ecology. Notes* 6:288-295.
- Rohlf, F.J. 2000. *NTSYSpc: Numerical taxonomy and multivariate system*. Version 2.1. Exeter Publishing, Ltd., Setauket, New York. Programa Informático.
- Rey, L.; Gómez, P.; Ayala, I.; Rocha, P.; Prada, F. 2007. La variabilidad del germoplasma y su relación con el éxito de un programa de mejoramiento de palma de aceite. *Palmas* (Colombia) 28(especial, Tomo 1): 166-175.
- Rey, L.; Gómez, P.L.; Ayala, I.; Delgado, W.; Rocha, P. 2004. Colecciones genéticas de palma de aceite *Elaeis guineensis* (Jacq.) y *Elaeis oleifera* (H.B.K.) de Cenipalma: Características de importancia en el sector palmicultor. *Palmas* (Colombia) 25 (2): 39-48.
- Singh, R.; Mohd, N.; Ting, N.; Rosli, R.; Tan, S.; Leslie, E.; Ithnin, M.; Cheah S. 2008. Exploiting an oil palm EST database for the development of gene-derived SSR markers and their exploitation for assessment of genetic diversity *Biologic*. 63/2: 227-235, *Section Cellular and Molecular Biology DOI: 10.2478/s11756-008-0041-z*.