

VARIABILIDAD GENÉTICA Y LA DIVERGENCIA EN LAS POBLACIONES NATURALES DE *Orbignya phalerata* Mart. (BABASÚ) MEDIANTE MARCADORES MORFOAGRONÓMICOS

Kaesel J. Damasceno-Silva¹, M. A. Carvalhaes¹, M. F. Santos², P. S. C. Lima¹

¹Pesquisador, Embrapa Meio-Norte; e-mail: kaesel@cpamn.embrapa.br

²Universidade Federal do Piauí

Palabras clave: extracción de frutos, varianzas genéticas

Introducción

El babasú es una palmera oleífera no cultivada y originaria del Brasil ampliamente distribuida por más de 18 millones de hectáreas, cuya estructura productiva se basa en el extrativismo, en especial, siendo fuente de renta de muchas poblaciones.

Objetivos

Estimar la variabilidad y la divergencia genética de tres poblaciones naturales de babasú sometidas a diferentes intensidades de extracción de frutos, por medio de marcadores morfológicos en tres localidades en el estado de Piauí, Nordeste brasileño.

Metodología

El muestreo aleatorio simple, obedeció a una distancia de 50 m de una palma a otra, y un total de 20 palmeras en cada población natural. Los siguientes datos fueron medidos: número de racimos / planta (NCP), circunferencia a nivel del suelo (CAS), circunferencia a la altura del pecho (CAP), altura del tallo (ALT), peso de los frutos / planta (PFP), peso de las almendras / planta (PAP), peso de las almendras / peso de los frutos (PA / PF), número de frutos / planta (NFP), peso medio de los frutos (PMF), número de almendras (NAM) y el peso medio de almendras (PMA). La medición de la altura del estipe, de CAS y CAP fueron realizadas con la ayuda de una cinta métrica, con un machete fueron cogidos directamente de las palmeras, empaquetados en una bolsa de plástico debidamente identificados y pesados. La extracción de las almendras se realizó de forma manual, por las quebradoras de babasú, posteriormente esas almendras fueron contadas y pesadas con la ayuda de una balanza digital de precisión y expresada en gramos. Estas características morfológicas fueron sometidas a análisis de varianza univariado y multivariado por el método de la distancia Euclidiana Media Padronizada y el agrupamiento fue realizado por el Método Aglomerativo de Tocher y UPGMA.

Resultados y discusión

El teste de t indicó diferencias significativas ($p < 0.01$) entre los caracteres dentro de cada población, con valores más altos para la población de Esperantina, para caracteres de interés como el número de almendras (NAM) (602.10), el peso frutos / planta (PFP) (19.30) y el número de frutos / planta (NFP) (203.25) (Tabla 3).

La población de Teresina presentó las mejores medias para los caracteres CAS, CAP, ALT, y PMA, mientras que en la ciudad de Esperantina, fueron observadas medias más altas para las variables PFP, PAP, PA/PF, NFP e NAM, es decir, las características más importantes para la producción de fruta, lo que subraya el potencial genético de la población de esta localidad.

Las estimaciones de las varianzas genéticas, para los caracteres CAS, CAP, PFP, PAP, NFP y PMF fueron superiores a las residuales, lo que indica la posibilidad de selección para estos caracteres. Para la altura de estipe (ALT) y peso medio de las almendras (PMA), las estimaciones del componente genético fueron nulas (Cuadro 1), como una evidencia de ausencia de la variabilidad de estos.

Cuadro 1. Cuadrados medios (CM) para los once caracteres evaluados em tres poblaciones de babasú, Teresina, PI, 2011.

Caracteres	CM			CM _e	σ^2_g	σ^2_e
	ESP	JFR	TER			
NCP	11.50**	1.00*	1.35*	0.089	0.02198	0.1377
CAS	161.40**	160.85**	174.05**	8.523	1477.53	0.9993
CAP	122.30**	125.55**	133.65**	5.773	665.63	0.9985
ALT	437.80**	473.95**	604.65**	35.019	0	24527
PFP	19.30**	8807.51**	12379**	1841.260	67804	0.01506
PAP	17779.59**	528.57**	836.45**	148.980	443892	0.1421
PA/PF	0.09*	0.05*	0.07*	0.007	1.06×10^{-6}	0.001
NFP	203.25**	68.00**	87.95**	15.641	4892.98	0.04997
PMF	98.20**	136.75**	133.44*	8.415	1.05×10^{-10}	1416.31
NAM	602.10**	190.90**	269.70**	44.790	40122	1
PMA	2.95**	2.68**	3.07**	0.157	0	0.4981

ESP, JFR e TER: municipios de Esperantina, José de Freitas y Teresina, respectivamente.

* y ** Significativo por el test de t, a 5% e 1% de probabilidad, respectivamente.

Las distancias entre pares de genotipos oscilaron entre 0.14 y 3.61. La mayor diferencia se encontró entre los genotipos JF57 (José de Freitas) y E24 (Esperantina). Por otro lado, la menor distancia en este estudio fue de 0.14 entre los genotipos JF59 y JF58 ambos de José de Freitas.

La agrupación por el método de Tocher, así como el método UPGMA, promovió la formación de tres grupos. El grupo tenía más de 96.6% de los genotipos con los representantes de las tres poblaciones.

Los grupos II y III fueron formados por un solo genotipo cada uno, el genotipo del grupo II T5, que tiene la mayor PMF, mientras que el genotipo formado por el grupo III, E24, además de ser el más divergentes, presenta las mejores respuestas en relación con las variables analizadas, como el mayor NCP, el mayor PFP, el mayor PAP, el NFP y NAM.

Para el análisis de componentes principales, se encontró que los tres primeros componentes explican 71.80% de la variabilidad. La variación acumulada fue distribuida entre los diversos componentes (Cruz y Carneiro, 2003; Cruz et al. 2004).

Conclusión

El manejo, a través del extrativismo de frutos, pueden estar influyendo en la variabilidad de las poblaciones estudiadas, sobre todo en la población de Esperantina donde la actividad es intensa.

La recolección de frutos y la posible acción antrópica en la dispersión de semillas están promoviendo una mayor divergencia en estas poblaciones expresados en características relacionadas con producción que presentan las medias más altas como: peso del fruto por planta (PFP), peso de almendras por planta (PAP), el número de frutos por planta (NFP) y el número de almendras (NAM). Este trabajo indica que el mejoramiento genético de babasú puede mostrar resultados prometedores.

Bibliografía

- Cruz, C. D.; Carneiro, P. C. S. 2003. Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético, Viçosa, MG, UFV, vol. 2, cap. 6, 357-434 p.
- Cruz, C. D.; Regazzi, A. J.; Carneiro, P. C. S. 2004. Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético, Viçosa, MG, UFV, v. 1, 480 p.