

# Diversidad genética de cacao en el Perú

Evert Thomas<sup>1</sup>, Sixto Iman<sup>2,3</sup>, Rachel Atkinson<sup>1</sup>, Diego Zavaleta<sup>1</sup>, Carlos Rodríguez<sup>1</sup>, Sphyros Lastra<sup>1</sup>, Edgardo Murrieta<sup>4</sup>, Abel Farfan<sup>1</sup>, Juan Castro<sup>2</sup>, José Ramírez<sup>2</sup>, Angelo Samanamud<sup>2,3</sup>, Cleydi Paredes<sup>3</sup>, Karina Arango<sup>1</sup>, Wilbert Cruz<sup>1</sup>, Marleni Ramirez<sup>1</sup>, Dapeng Zhang<sup>5</sup>

<sup>1</sup> Bioversity International, Av. la Molina 1895, La Molina, 15024 Lima, Peru

<sup>2</sup> Universidad Nacional de la Amazonia Peruana, Av. Grau 1072, Iquitos, 16001, Loreto, Perú

<sup>3</sup> Instituto Nacional de Innovación Agraria, Av. La Molina 1981, La Molina, 15024, Lima, Perú

<sup>4</sup> Consultor independiente, experto cacao

<sup>5</sup> United States Department of Agriculture, Beltsville

## Citación sugerida para primer capítulo:

Evert Thomas, Sixto Iman, Rachel Atkinson, Diego Zavaleta, Carlos Rodríguez, Sphyros Lastra, Edgardo Murrieta, Abel Farfan, Juan Castro, José Ramírez, Angelo Samanamud, Cleydi Paredes, Karina Arango, Wilbert Cruz, Marleni Ramirez, Dapeng Zhang (2023). Diversidad genética de cacao en el Perú. pp. 9-56 en Catalogo de cacaos de Perú, Evert Thomas, Sphyros Lastra, Diego Zavaleta (Eds.) Bioversity International y MOCCA, Lima Peru.

## Introducción

El cacao, como especie botánica, se originó hace aproximadamente 10 millones de años (Richardson et al., 2015). Ha tenido un periodo muy largo de evolución como consecuencia de cambios climáticos pasados, y la interacción con otra fauna y flora antes de la llegada de los primeros humanos a las Américas hace apenas 15 a 30 mil años atrás (Ardelean et al., 2020). La llegada del humano a las Américas coincidió con el periodo de la última glaciación. Durante este periodo una reducción en la precipitación causó un fuerte impacto en la vegetación del área que hoy día conocemos como la cuenca Amazónica, probablemente cubierta

por áreas de bosque húmedo tropical intercaladas por bosques secos, e inclusive sabanas.

Como consecuencia, los primeros humanos que llegaron a la cuenca Amazónica encontraron diferentes áreas boscosas con cacao, separados por otros tipos de vegetación. La adaptación a condiciones de crecimiento locales dió origen a diferentes variedades o ecotipos de cacao. Este proceso de diversificación de diferentes poblaciones de cacao, probablemente ocurrió con mayor intensidad en la Amazonía Peruana a causa de su cercanía a los Andes, donde las condiciones



climáticas se mantuvieron con mayor humedad, y donde el aislamiento de poblaciones fué ayudado por el sinfín de valles en la ceja de selva (Thomas et al., 2012).

Al encontrarse con esta diversidad de cacao, las primeras poblaciones humanas iniciaron los procesos de domesticación, inicialmente mediante la selección de árboles con mazorcas de mejor sabor de pulpa fresca, que llevaron a sus campamentos, donde inicialmente germinaron entre los desechos de cocina, y gradualmente se comenzó a cultivar y distribuir sobre mayores distancias. De esta manera, el ser humano se convirtió en el dispersor más importante de cacao hasta el día de hoy. De hecho, es muy probable que el dispersor original de cacao se extinguiera como consecuencia de los cambios climáticos de la última glaciación, en combinación con la caza humana.

Desde los primeros intentos de selección y cultivo, los humanos comenzaron a ampliar la diversidad de cacao que encontraron originalmente. Como resultado, hoy en día contamos con múltiples grupos genéticos de cacao en sus centros de diversidad y domesticación, la gran mayoría con presencia en Perú (Motamayor et al 2008). Estos grupos genéticos son una combinación de 3 orígenes predominantes: origen natural, origen humano (cultivares), y grupos que son una combinación de los dos.

La Figura 1 muestra los diferentes grupos genéticos conocidos internacionalmente en el cacao hasta la fecha, como resultado de varios estudios científicos (Are-

valo-Gardini et al., 2019; CespedesDel Pozo et al., 2018; Motamayor et al., 2008; Thomas et al., 2012; Zhang et al., 2012, 2009, 2006; Zhang and Motilal, 2016). Existen unos dos grupos adicionales en Colombia, pero no está clara su distribución geográfica hasta el momento (Osorio-Guarín et al., 2017)

A pesar de que el mapa en Figura 1 confirma que la mayoría de los grupos genéticos de cacao se concentran en el Perú, quedan muchos vacíos en el muestreo. En este capítulo presentamos los resultados de un muestreo genético realizado en el Perú (Figura 2) bajo el liderazgo de la Alianza de Bioersity International y el Centro Internacional para la Agricultura Tropical (CIAT) y el Instituto Nacional de Innovación Agraria (INIA). El muestreo y la caracterización genética se realizó dentro del marco de permisos N° 001-2021-MIDAGRI-INIA/DGIA y N° 0003-2021-INIA-DGIA. Mientras que siguen habiendo regiones importantes que carecen de muestreo genético, p.ej zonas transfronterizas con Ecuador, Colombia y Brasil, consideramos que los resultados que aquí presentamos representan un importante avance en revelar la verdadera diversidad genética de cacao que existe en el Perú.

El muestreo se realizó tanto en fincas de agricultores y colecciones de germoplasma (Ceccarelli et al., 2022; Lavoie et al., 2023) como en bosque natural. Sin embargo, el lugar de colecta no es necesariamente un indicador confiable para diferenciar variedades silvestres de cacao domesticados, o en proceso de domesti-



**Figura 1. Diferentes grupos genéticos conocidos internacionalmente hasta antes de este estudio como resultado de varios estudios científicos. El fondo verde representa la cobertura boscosa tropical (Tscharrntke et al., 2023).**

cación. De un lado, los mismos agricultores colectan muchas veces semillas de poblaciones silvestres que luego establecen en sus fincas, mientras que por otro lado, cacao que hoy se encuentran en bosque alto alguna vez fueron cultivados por la gente y se quedaron cuando el área fue abandonada y el bosque regresó.

El proceso de domesticación en cacao es un proceso continuo que, como se ha mencionado arriba, probablemente empezó con la llegada de los primeros humanos a la cuenca Amazónica. La evidencia más antigua e indiscutible de esta

domesticación son los restos arqueológicos de la cultura Moche-Chinchipec-Marañón ubicada en la parte Amazónica del norte peruano, sur ecuatoriano, la que data de más de 5.300 años atrás (Olivera-Núñez 2018; Zarrillo et al. 2018). Entre los cacao domesticados o en proceso de domesticación se destacan los cultivares tradicionales que claramente se pueden distinguir por su composición genética que evidencia la huella de intervención humana, típicamente manifestada por fijación de genes relacionados con rasgos de interés humano, y consecuente reducción de diversidad alélica. Por



ejemplo, árboles puros de los tres cultivares tradicionales Criollo, Nacional y Catongo (Figura 1) tienen todos granos blancos, muy probablemente resultado de selección prolongada de semillas menos amargas. Estos tres cultivares tradicionales son los más conocidos creados por las poblaciones indígenas precolombinas, pero hay indicaciones de que existen otros tales cultivares como el cacao Chunchu, que se destaca por su diversidad genética, fenotípica y sensorial sin par.

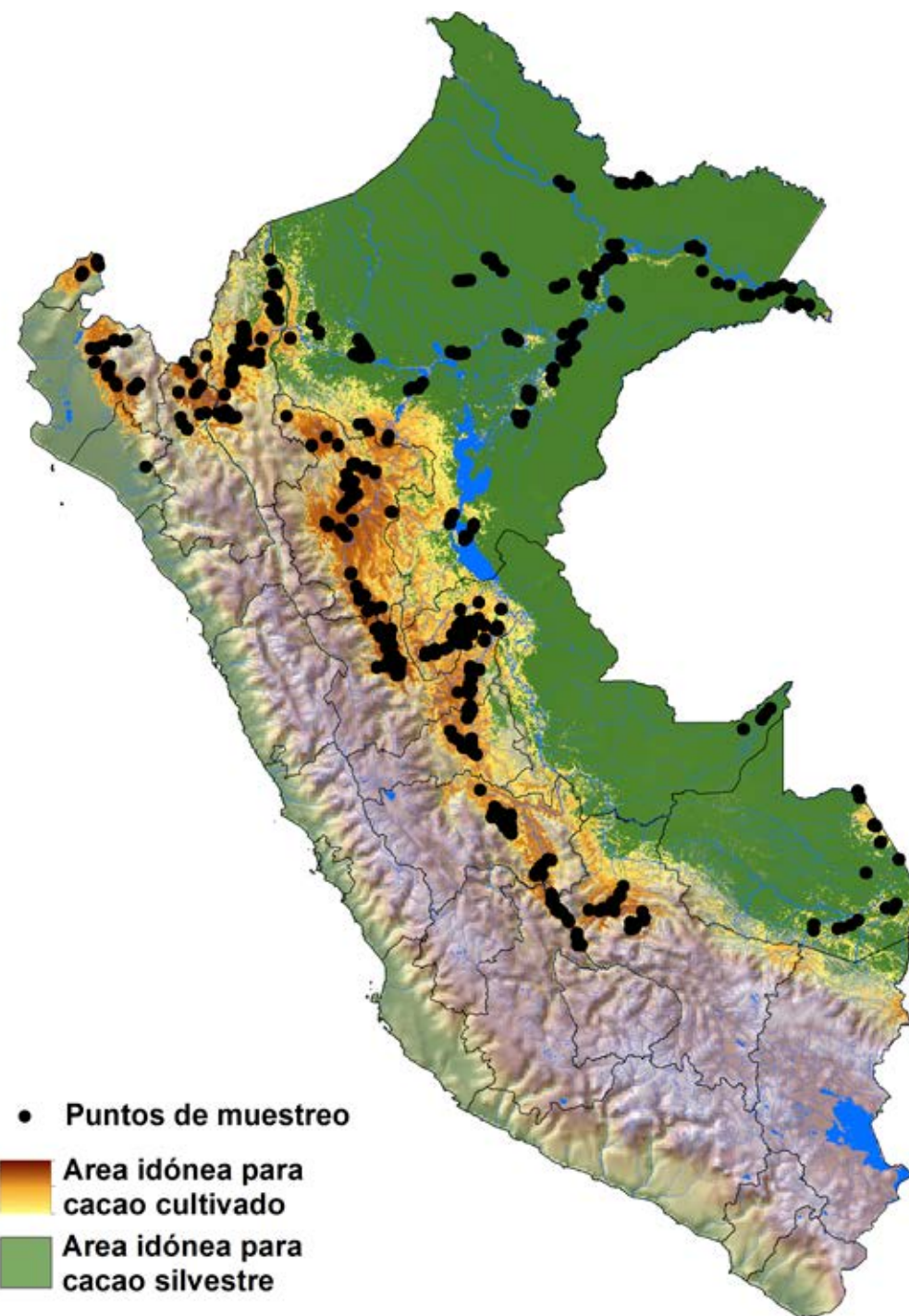
Después de la colonización europea se intensificó el cultivo de cacao en las Américas, dando origen a nuevos procesos de domesticación enfocados en la creación de híbridos entre cacaos de diferentes grupos genéticos, principalmente relacionados a la búsqueda de cacaos más productivos y resistentes a plagas y enfermedades. De hecho, actualmente la mayoría del cacao cultivado en las Américas son híbridos de múltiples orígenes.

Entre los primeros híbridos que llegaron a tener éxito en la producción comercial del cacao están los llamados trinitarios, llamados así por haberse originado en Trinidad y Tobago. En la isla se solía cultivar cacao del grupo genético criollo, hasta que la devastación de la producción por la llegada de la *Monilia* llevó a la introducción de cacaos pertenecientes al grupo genético Amelonado. Como resultado de polinización abierta en campos de agricultores, entre árboles del grupo genético Criollo y el grupo Amelonado, comenzaron a surgir híbridos entre los dos grupos, algunos

de los cuales mostraron un desempeño superior a los materiales originales en cuanto a productividad y resistencia a plagas. Algunos de estos híbridos fueron seleccionados y distribuidos internacionalmente, incluso al Perú. Entre los más conocidos se destacan los ICS-1, 6, 39 y 95, abreviación de la Imperial College Selection. Todos estos genotipos tienen una composición genética única, a pesar de que todos representan cruces de árboles madre pertenecientes a los grupos genéticos Criollo y Amelonado.

Una situación muy parecida ocurrió en la costa de Ecuador, donde cacao del grupo genético Nacional es nativo desde tiempos precolombinos. Aquí también la devastación de la producción por escoba de bruja y moniliasis condujo a la generación de híbridos entre cacaos de los grupos genéticos Nacional y Amelonado. Entre los más conocidos híbridos de este tipo se encuentran los EET, creados en la Estación Experimental Tropical Pichilingue del INIAP, Ecuador e introducidos en varias partes del Perú.

El cacao híbrido tal vez más famoso y más usado en el Perú, el CCN51 (Colección Castro Naranjal), surgió en la plantación del agrónomo Ecuatoriano, Homero Castro, como resultado de polinización cruzada entre un cacao Trinitario (híbrido entre Criollo y Amelonado) y un cacao Peruano IMC (Iquitos Mixed Calabacillo), perteneciente al grupo genético Iquitos (Boza et al., 2014), que fue colectado en Loreto, y actualmente es muy usado como patrón (principalmente el clon IMC67), en plantaciones de cacao injertado en



**Figura 2** Distribución de áreas idóneas para cacao cultivado (a escala comercial) y silvestre, y localización de puntos de muestreo para caracterización genética



todo el Perú.

Considerando que muchos de los híbridos arriba mencionados y muchos más genotipos de diferentes orígenes extranjeros fueron introducidos muchas veces hasta décadas pasadas, y se han recombinado con otros cacaos de diferente composición genética resultado de propagación sexual en los campos de agricultores, estos híbridos ya no son puros con una composición genética única. En la mayoría de los casos representan acervos genéticos donde una buena parte del genoma de los híbridos originales se ha recombinado con genomas de diferentes orígenes. En este sentido consideramos que es más pertinente referir a estos cacaos como cultivares modernos. Este tipo de cultivares modernos también se generaron en el mismo Perú. Un ejemplo de esto son los cacaos llamados VRAE, por la región donde mas probablemente se originaron.

En lo que sigue presentamos los diferentes grupos genéticos que se pudieron diferenciar en nuestro muestreo que es el mas grande hecho a la fecha. Distinguimos entre grupos genéticos que representan cultivares tradicionales, grupos que son de origen predominantemente natural, y cultivares modernos. Es importante resaltar que esta clasificación es preliminar y puede cambiar a futuro cuando mas datos se vuelvan disponibles. Sin embargo, consideramos que es una clasificación pragmática para caracterizar la diversidad de cacao que hemos muestreado.

Aparte de indicar los posibles orígenes genéticos de los genotipos incluidos

en este catálogo, los grupos genéticos también pueden servir como aporte a la meta del país de implementar un sistema de denominación de origen para cacao (Plan Nacional para el Desarrollo de la Cadena de Cacao y Chocolate al 2030, 2022).

Los grupos genéticos son resultado de una caracterización genética con 308 marcadores SNP que incluyó, además de nuestras 3413 muestras propias, también 323 muestras representativas de los diez grupos genéticos descritos por Motamayor et al (2008) como referencia: Criollo, Nacional, Amelonado, Guianas, Marañon, Iquitos, Curaray, Purús, Nanay y Contamana. Todos estos grupos genéticos, excepto Guianas, están presentes en el Perú, sea de forma silvestre o mediante introducciones de material genético híbrido (por ejemplo, los Trinitarios o los EETs), o puro. Por ende, los incluimos entre el conjunto de grupos genéticos que se presentan a continuación para facilitar la interpretación de los orígenes de los diferentes genotipos incluidos en este catálogo.

Usamos el software Structure (Pritchard et al., 2000) para identificar los grupos genéticos más estables escudriñando escenarios desde 10 hasta 35 grupos diferentes (K=10-35). Es claro que existen un sinfín de procesos de hibridación entre diferentes grupos genéticos, tanto en el mundo silvestre como en las plantaciones de los agricultores. En los mapas que muestran la distribución de cada grupo genético solo incluimos aquellos individuos que tienen una probabilidad

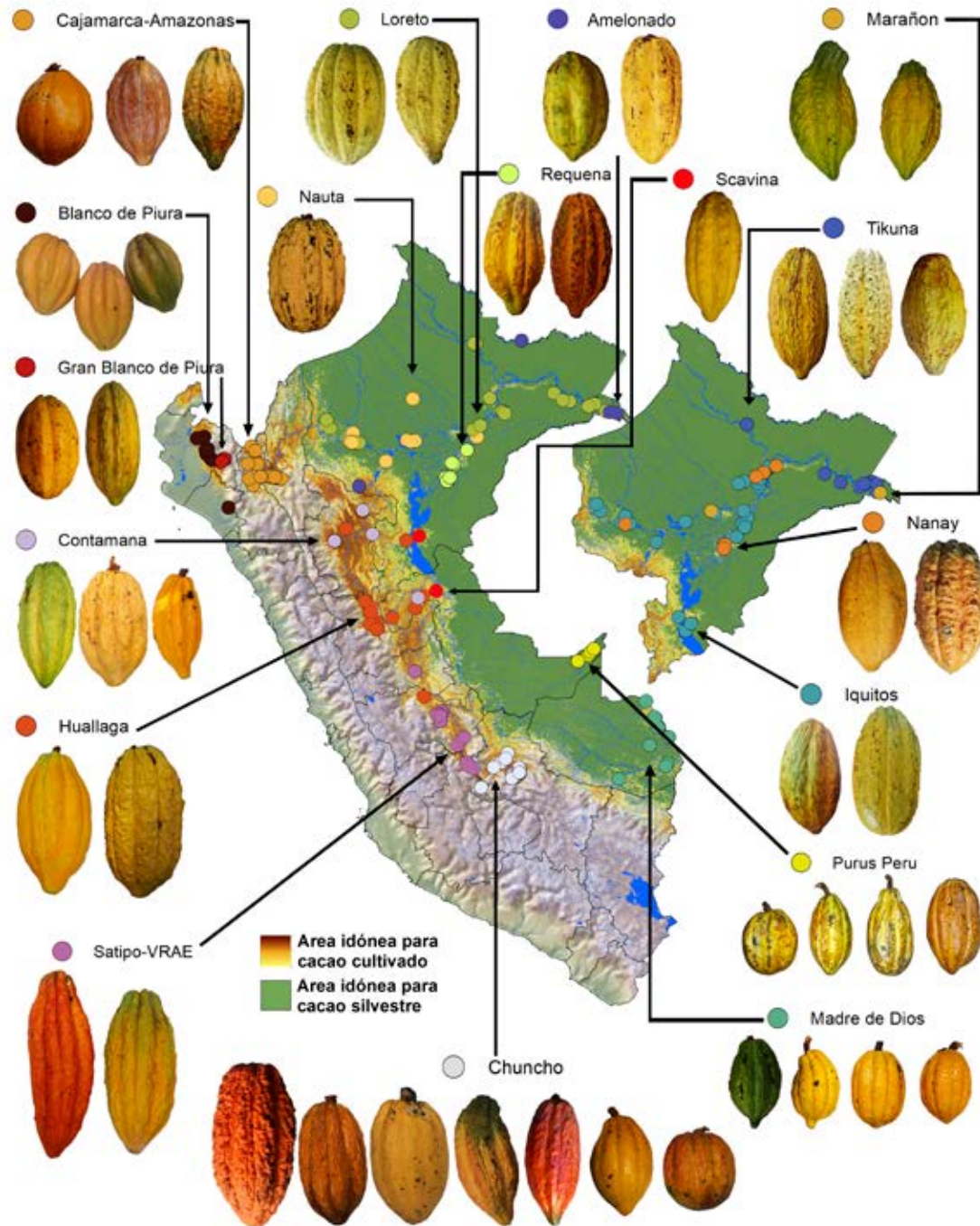
superior a 80% de pertenecer a dicho grupo genético.

Los grupos genéticos de cacao se han movido mucho en el país, inicialmente mediante procesos de intercambio y expansión por parte de los pueblos indígenas y en las últimas décadas a través de una plétora de proyectos y personas activos en la cadena de valor del cacao que colectaron semillas o varas yemeras en un lado del país, y lo llevaron a otra parte. Esto dificulta la identificación del origen y

la distribución natural de muchos grupos genéticos. Para facilitar esa identificación nos guiamos por aquellos árboles de cacao que combinan mayor edad con la probabilidad de parentesco más alta. Sin embargo, en ausencia de un muestreo más sistemático, particularmente en vegetación silvestre, nuestras inferencias acerca de orígenes y distribución nativa de los grupos genéticos deben considerarse como una primera aproximación que puede refinarse a futuro.



# Grupos genéticos de cacao silvestre y cultivares tradicionales nativos del Perú



Resumen de la distribución de grupos genéticos que representan poblaciones de cacao silvestre y cultivares tradicionales

## 1. Iquitos

El grupo genético Iquitos fue caracterizado por primera vez en la publicación de Motamayor et al (2008). Es un grupo que tiene presencia también en Ecuador, Colombia y Brasil. En el Perú, el grupo tiene distribución amplia en el departamento de Loreto.

En la clasificación de Motamayor et al (2008) IMC67 (Iquitos Mixed Calabacillo) era parte del grupo genético Iquitos, pero según nuestros datos genéticos se separa en otro grupo que consideramos el IMC67 cultivar mas adelante.



Grupo Genético  
■ Iquitos



## 2. Loreto

El grupo genético Loreto tiene una distribución similar al Iquitos. Esto podría indicar que ha habido mucho movimiento de material genético de estos grupos por parte de los pueblos indígenas a lo largo de los ríos en el departamento de Loreto. Para obtener más claridad sobre el origen del grupo hace falta un muestreo más exhaustivo a lo largo del departamento de Loreto, mas que todo en la región Amazónica fronteriza con Ecuador.



■ Area idónea para cacao cultivado  
■ Area idónea para cacao silvestre



Grupo Genético  
■ Loreto

## 3. Nauta

El grupo genético Nauta debe su nombre a Nauta, la capital de la provincia de Loreto, donde se encuentran los distritos de Urarinas, Trompeteros y Tigre en las cuencas de las cuales se colectaron representantes de este grupo. Parece tener una distribución geográfica relativamente confinada que podría indicar que el origen del grupo se encuentra en esta región.



■ Area idónea para cacao cultivado  
■ Area idónea para cacao silvestre



0 1 2 3 4 5 cm



Grupo Genético  
■ Nauta



## 4. Ticuna

El grupo genético Ticuna se refiere al grupo indígena asentado en los lugares donde fueron colectadas las muestras representativas del grupo. Para obtener más claridad sobre el origen del grupo hace falta un muestreo mas exhaustivo a lo largo del departamento de Loreto, mas que todo en la región tansfronteriza con Colombia.



Area idónea para cacao cultivado  
Area idónea para cacao silvestre



Grupo Genético  
■ Ticuna



## 5. Nanay

El grupo genético Nanay fue caracterizado por primera vez en la publicación de Motamayor et al (2008). Su distribución nativa parece estar restringida al departamento de Loreto. Los árboles de cacao en Ucayali y Huánuco fueron muestreados en los jardines clonales de la Universidad Nacional de Ucayali y la Universidad Nacional Agraria de La Selva, respectivamente, allí marcados como Pound-7.



Area idónea para cacao cultivado  
Area idónea para cacao silvestre



Grupo Genético  
■ Nanay



## 6. Amelonado Catongo

El grupo genético Amelonado fue caracterizado por primera vez en la publicación de Motamayor et al. (2008). Es considerado un cultivar tradicional, mas que todo por su estatus cultivado-domesticado en el noreste de Brasil. Es probable que este grupo genético tuvo su origen en la zona fronteriza entre Perú Colombia y Brasil, desde donde material genético fue llevado hacia la embocadura del río Amazonas por los primeros habitantes humanos de la Amazonía (Thomas et al., 2012).

El Catongo es una variedad de amelonado que tiene granos blancos que podrían ser el resultado de selección de granos menos amargos por parte de las poblaciones precolombinas. En nuestro muestreo encontramos arboles representantes del grupo Amelonado en vegetación natural en diferentes partes de Loreto.



Distribución del grupo Amelonado según Motamayor et al. (2008)



Grupo Genético  
■ Amelonado

## 7. Marañón

El Marañón es uno de los grupos genéticos descritos por Motamayor et al. (2008), refiriendo a su origen potencial en la cuenca del río Marañón, mientras que su distribución se extiende a lo largo del río Amazonas hasta su desembocadura en el Océano Atlántico. En nuestro muestreo encontramos dos representantes del grupo Marañón en el departamento de Loreto, uno sobre el río Marañón y uno sobre el río Amazonas. Sin embargo, tenían probabilidad de membresía entre 70 y 80%.

Las muestras con probabilidad de membresía >80%, las muestreamos en el banco de germoplasma de la Universidad Nacional Agraria de La Selva, marcados con códigos PA-150 y PA-726, el jardín clonal de la Agencia Agraria Pichari bajo código TSH-659 y la granja Yanayaku en Cajamarca bajo código TSA-654.



Area idónea para cacao cultivado  
Area idónea para cacao silvestre



Distribución del grupo Marañón según Motamayor et al. (2008)



Grupo Genético  
■ Marañón





## 8. Contamana

El grupo genético Contamana fue caracterizado por primera vez en la publicación de Motamayor et al. (2008), extendiéndose desde Cusco hasta Loreto a lo largo de los ríos Urubamba/Vilcanota y Ucayali.

Sin embargo, al incluir nuestras muestras en el análisis, es claro que el grupo original de Motamayor et al. (2008) agrupa mucha más diversidad que un solo grupo. En la clasificación de Motamayor et al. (2008), tanto los grupos genéticos Chuncho y Madre de Dios, descritos más adelante, eran parte del Contamana, pero con base en nuestros análisis es claro que se trata de grupos separados. Además, se diferencian tres grupos adicionales en el Contamana de Motamayor et al. (et al.): un grupo que proponemos llamar el “verdadero” Contamana (el presente grupo), un grupo Scavina y un grupo Requena.

De estos, el grupo Contamana parece estar más relacionado con el grupo Chuncho. Tiene la distribución más amplia de los subgrupos del Contamana original de Motamayor et al. (2008) y además de las cuencas de los ríos Urubamba/Vilcanota y Ucayali, también muestreamos árboles antiguos del grupo en las cuencas de los ríos Tambo y Huallaga. Sin embargo, para poder descartar la posibilidad de que en estas cuencas se trata de árboles introducidos hace varias décadas haría falta más muestreo.



### Distribución del grupo Contamana, combinando nuestras muestras con las consideradas por Motamayor et al. (2008)

Es interesante notar que en el departamento de Ucayali muestreamos un cacao de semilla blanca en este grupo. El punto en el mapa que coincide con la ciudad de Tarapoto corresponde a la colección de germoplasma del ICT.



Grupo Genético  
■ Contamana



## 9. Scavina

El grupo genético Scavina ya fue identificado por Motamayor et al. (2008) como un subgrupo netamente peruano de Contamana. En nuestro estudio solo muestreamos dos árboles de cacao en este grupo, uno del jardín clonal de la Universidad Nacional de Ucayali, marcado como SCA-6 y uno del jardín clonal de la Agencia Agraria Pichari en Cusco, marcado como SCA-12.

Los materiales pertenecientes a Scavina han sido usados en programas de mejoramiento de cacao por sus cualidades sensoriales superiores. Un ejemplo es el TSH-565 que lleva parte del Scavina y parte de ICS-1 en su genoma.



**Distribución del grupo Scavina, combinando nuestras muestras con las consideradas por Motamayor et al. (2008)**

## TSH-565



## 10. Requena

El grupo genético Requena, uno de los subgrupos del grupo Contamana originalmente propuesto por Motamayor et al. (2008) tiene una distribución restringida por el río Ucayali Bajo en el tramo justo antes de su unión con el río Marañón para formar el río Amazonas.



0 1 2 3 4 5 cm



Grupo Genético  
■ Scavina



0 1 2 3 4 5 cm



Grupo Genético  
■ Requena



# 11. Cajamarca-Amazonas

El grupo genético Cajamarca-Amazonas está muy asociado a los grupos Blanco y Gran Blanco de Piura, los que a su vez están relacionados al grupo Nacional definido por Motamayor et al. (2008). Sin embargo, en nuestro análisis de Structure, únicamente hasta el escenario de 10 grupos genéticos los grupos Cajamarca-Amazonas, y Blanco y Gran Blanco de Piura estaban juntos en un solo clúster. A partir de 11 clústeres o más, el Nacional siempre fue clasificado como grupo aparte.

Es probable que el grupo Cajamarca-Amazonas representa un cultivar antiguo de cacao cuya domesticación se puede haber iniciado hace más de 5,300 años antes del presente por la cultura Mayo Chinchipe Marañón. Tanto en áreas ceremoniales en Santa Ana La Florida en Ecuador (Zarrillo et al., 2018) como en Montegrande en Jaén, Perú (Olivera-Núñez, 2018) se encontró evidencia de uso de cacao por la élite de aquella sociedad. Posiblemente esta cultura tuvo



un interés en cacao de semilla blanca, sea por razones espirituales sea por razones sensoriales. Mientras que los cacaos del grupo Cajamarca-Amazonas tienen a menudo semillas blancas (p.ej el Fortunato-4 que es parte de este grupo), no es un rasgo predominante. Sin embargo, el cacao introducido desde la Amazonia a las costas de Perú y Ecuador vía rutas precolombinas de comercio, era originalmente 100% blanco, lo que podría indicar que el cacao blanco tenía una connotación especial para los pueblos precolombinos de la región.



Area ceremonial con representacion antropomorfa en Montegrande, Jaen (foto: Quirino Olivera Nuñez).



## 12. Blanco de Piura

Como se menciona antes, el grupo genético Blanco de Piura está muy asociado al grupo Cajamarca-Amazonas y a su vez están relacionados al grupo Nacional definido por Motamayor et al. (2008). Representa un cultivar antiguo que podría venir desde el tiempo de los Moches, como es evidente de los múltiples artefactos y artesanías hallados en la costa Peruana. La mayoría de árboles en este grupo tienen granos blancos o una mezcla de granos blancos y morados. El cacao Mayascon de Ferreñafe, Lambayeque, pertenece a este grupo.

En Piura no hay suficiente precipitación para que el cacao sobreviva sin intervención humana, y todo cacao de Piura es irrigado, antes a escala pequeña en los jardines alrededor de las casas y actualmente con sistemas de riego tecnificado. Los árboles de cacao



Area idónea para cacao cultivado  
Area idónea para cacao silvestre

pertenecientes a este grupo genético que muestreamos en Cajamarca y San Martín son muy probablemente introducciones de material de origen Piurano.



Collar Moche de frutos de cacao en oro recuperado de la huaca del señor de Sipan, Chiclayo, indicando su importancia para la élite (foto: Quirino Olivera Nuñez).



Grupo Genético  
■ Blanco de Piura



Vasija Sicán con cuatro frutos de cacao y golletes antropomorfos, excavada en el Cerro Huaranga, sector III del Parque Arqueológico de Batán Grande, Pítipo, Ferreñafe, Lambayeque. Documentado en una tumba bajo el Proyecto Arqueológico Sicán. Archivo: Museo Nacional de Sicán (cortesía Carlos G. Elera Arévalo)

Cacao de Mayascon, Pítipo, Ferreñafe, Lambayeque (foto Carlos G. Elera Arévalo)



### 13. Huallaga

El grupo Huallaga tiene una distribución amplia y no es muy claro donde podría estar su origen. Sin embargo los árboles mas antiguos (estimados en 50 años) fueron muestreados en Huánuco, y nuestra hipótesis es que este grupo fue introducido en varias partes del país desde Huánuco, lo que es respaldado por su presencia en múltiples bancos de germoplasma y jardines clonales en Cusco, Junín, San Martín y Amazonas. Los genotipos H-9, 12, 28, 46 y 55 de la colección Huallaga de la Universidad Agraria de la Selva es parte de este grupo.



Area idónea para cacao cultivado  
Area idónea para cacao silvestre



Grupo Genético  
■ Huallaga



0 1 2 3 4 5 cm

### 14. Satipo-VRAE

El grupo genético Satipo-VRAE parece estar mas asociado al grupo Huallaga y es el grupo menos estable en comparaciones entre los múltiples escenarios que consideramos en Structure, en el sentido que a veces algunos árboles son clasificados en el grupo Huallaga, y a veces en este grupo. Sin embargo, consideramos que es justificado considerarlo como grupo genético diferenciado hasta que una mayor intensidad de muestreo genético lo vuelva redundante. Su origen esta probablemente compartido entre la region de VRAE y Satipo.



Area idónea para cacao cultivado  
Area idónea para cacao silvestre



Grupo Genético  
■ Satipo-VRAE



0 1 2 3 4 5 cm



# 15. Chuncho

El cacao Chuncho de Cusco es un cultivar antiguo que es único en el mundo, más que todo por su diversidad de variedades que son conocidas por los agricultores bajo nombres locales diferenciados. Dichos nombres locales no siempre se refieren a caracteres fenotípicos fáciles de observar. Por ejemplo, el Chuncho Cáscara de Huevo se caracteriza por tener un mesocarpio muy delgado aunque no se nota en el fruto entero. El Chuncho es el cacao nativo más alto del mundo, que tradicionalmente se cultiva encima de los 1.600 metros sobre el nivel del mar.

Es probable que el Chuncho fué domesticado por los Matsigenkas y sus antepasados. El Chuncho en general se caracteriza por tener pulpa dulce, frutal y floral y granos con (muy) bajo amargor. La diversidad de sabores de pulpa descritos para el conjunto de variedades de chuncho no tiene par en el mundo. Hay variedades con mazorcas y granos muy pequeños (p.ej Chuncho Emilia), hasta muy grandes (p.ej Chuncho de Montaña), y hay unas tres variedades de Chuncho con granos blancos (Común, Chuncho, Pamuco).

La distribución nativa del Chuncho está probablemente limitada al valle de la Convención y los materiales que muestreamos en la region del VRAE probablemente representan introducciones antiguas y más recientes. Las muestras en Junín corresponden al banco de germoplasma de Machu Picchu Foods.



Chuncho Emilia



Chuncho Pamuco



Chuncho Pamuco Rugoso



Cáscara de Huevo



Chuncho Señorita

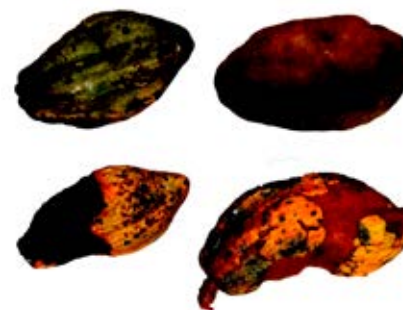


Achoccha



Chuncho

Chuncho Clásico



Chuncho Lagarto



Chuncho Blanco

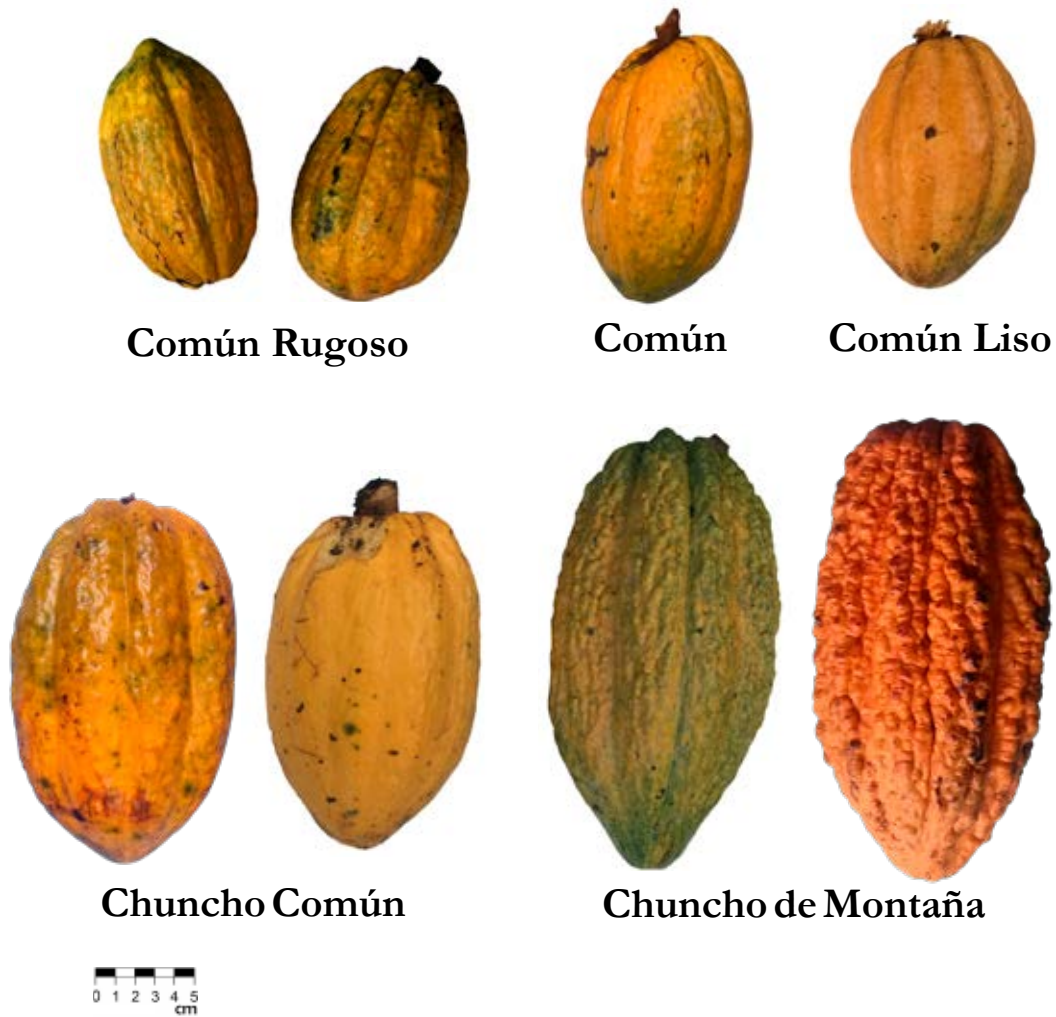


## 16. Madre de Dios

El Madre de Dios es un grupo genético silvestre, muy cercano tanto al cacao Chuncho como al cacao Nacional boliviano. Es un grupo diverso tanto fenotípicamente como sensorialmente, pero en general con frutos pequeños.



Grupo Genético  
■ Madre De Dios



## 17. Purús Perú

El grupo Purús Perú es un grupo genético nuevo recientemente descubierto por la ciencia. Ocupa un lugar intermedio entre los grupos de Madre de Dios y el Purús descrito anteriormente por Motamayor et al. (2008) cuya distribución mayormente esta en el oeste de Brazil.

Las primeras experiencias con la producción de chocolate con base en granos de cacao de este grupo sugieren que el Purús Perú es un cacao fino de aroma. Existen algunos genotipos que se destacan por tener granos blancos.



Area idónea para cacao cultivado  
Area idónea para cacao silvestre



Grupo Genético  
Purús Perú



## Grupos genéticos de cacao silvestre y cultivares tradicionales no nativos con presencia en el Perú

### 18. Nacional

El grupo genético Nacional, a pesar de estar relacionado a los grupos Blanco y Gran Blanco de Piura y Cajamarca-Amazonas está más que todo presente en Tumbes como híbrido. La afinidad genética mas alta a este grupo que encontramos fue de 70% (ver foto abajo). La presencia del cacao Nacional en Tumbes es principalmente por la influencia ecuatoriana dado que la costa de Ecuador es la principal área de la distribución nativa del grupo Nacional.

Sin embargo, múltiples genotipos que son híbridos entre Nacional y otros grupos genéticos han sido introducidos en diferentes partes del Perú. Los mas conocidos son los EET que tradicionalmente eran híbridos entre Nacional y Amelonado. Al igual que para los cultivares ICS-1, 6 y 95 los análisis en algunos escenarios de grupos genéticos



Area idónea para cacao cultivado  
Area idónea para cacao silvestre

mostraron que EET se diferenció como grupo genético independiente, pero siendo menos estable no lo consideramos como un cultivar moderno como tal.





## EET-4



## EET-228



## 19. Curaray

Encontramos en nuestro muestreo una presencia muy débil del grupo Curaray en el Perú, principalmente correspondiendo a materiales introducidos como híbridos, como es el caso del EET-400, por ejemplo.

En los departamentos de Iquitos y Amazonas no muestreamos ningún árbol de cacao con algún nivel de parentesco significativo con el Curaray. Sin embargo es probable que el grupo esté presente en la región Amazónica fronteriza con el Ecuador donde representa el principal grupo silvestre nativo.



Curaray puro de granos blancos de la Asociación Wiñak de la comunidad Archidona, Napo, Amazonía ecuatoriana (foto: Jan Schubert)

## EET400



## 20. Criollo

Como mencionamos arriba, la distribución nativa del grupo genético criollo cubre Centroamérica y el norte de Colombia y Venezuela. El criollo puro tiene semillas blancas y cualidades sensoriales superiores. El grupo criollo tiene presencia en el Perú a través de los múltiples genotipos de cacao Trinitario que han sido introducidos desde el banco de germoplasma CRC de Trinidad y Tobago (notablemente los ICS-1, 6, 39, 95) y Costa Rica (notablemente los UF). Los Trinitarios son típicamente híbridos entre los grupos genéticos Criollo y Amelonado como se puede apreciar en los perfiles genéticos mostrados abajo.

Cabe mencionar que muchos de los genotipos Trinitario ya están muchos años en el país, y se han recombinado genéticamente con otros cacaos de diferente composición genética resultado de propagación sexual en los campos de agricultores. Por ende, aunque la gente siga usando los códigos de los genotipos originales, en la mayoría de los casos ya representan acervos genéticos donde una buena parte del genoma de los genotipos originales se ha recombinado con genomas de diferentes orígenes, y se han diferenciado en grupos genéticos a los que nos referimos como cultivares modernos (p.ej. cultivares ICS-1, 6, 95).

Curiosamente, éste no es el caso para todos los genotipos de Trinitario. Por ejemplo, la composición genética de los árboles ICS-39 que muestreamos eran híbridos perfectos entre los grupos

criollo y amelonado en la mayoría de los casos. Posiblemente, ha habido menos propagación sexual de este genotipo por parte de los agricultores y se ha mantenido relativamente puro, tal vez porque es percibido como susceptible a Monilia. Otra explicación podría ser que los otros ICS (1, 6, 95) tengan alguna parte en su genoma que es dominante en la herencia genética mediante propagación sexual, permitiendo su asignación a diferentes grupos genéticos.



ICS-1



Grupo Genético  
 ■ Amelonado  
 ■ Criollo

ICS-6



Grupo Genético  
 ■ Amelonado  
 ■ Criollo

ICS-39



Grupo Genético  
 ■ Amelonado  
 ■ Criollo

UF-29



Grupo Genético  
 ■ Amelonado  
 ■ Criollo

### Composición de algunos de los genotipos puros del grupo Trinitario

## 21. Purús

Solo encontramos una presencia muy débil en el Perú del grupo Purús, con individuos en Madre de Dios que tuvieron una afinidad al grupo de máximo 30%..



# Cultivares modernos

## 22. Gran Blanco de Piura

El grupo Gran Blanco de Piura es muy relacionado al Blanco de Piura y podría considerarse un cultivar moderno derivado del mismo. Es el resultado de un programa de selección realizado por la APPCACAO y la Cooperativa Agraria Norandino y se trata de genotipos de cacao altamente productivos y de casi 100% granos blancos, con un perfil sensorial distintivo..

La Cooperativa Agraria Norandino tiene un jardín clonal de genotipos superiores del Gran Blanco de Piura en la comunidad de La Quemazón del distrito San Juan de Bigote, desde donde se esta expandiendo el cultivo mediante diseño clonal.



■ Area idónea para cacao cultivado  
 ■ Area idónea para cacao silvestre



Grupo Genético  
 ■ Gran Blanco de Piura



## 23. CCN-51 cultivar

El CCN51 es el cacao híbrido mas popular en el Perú por su precocidad, alta productividad, y relativa resistencia contra plagas y enfermedades. Boza et al. (2014) revelaron que el genotipo originalmente creado por el ing. Homero Castro en el fundo Naranjal, Ecuador, era el resultado de un cruce entre el genotipo IMC-67 y el cacao Trinitario ICS-95.

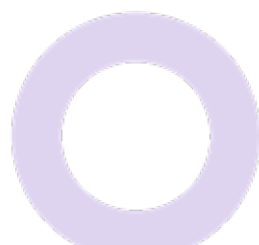
Sin embargo, hoy en día lo que es llamado CCN-51 en el Perú muchas veces ya no corresponde al genotipo original pero mas bien es un cultivar moderno por haber acumulado partes del genoma de múltiples diferentes grupos genéticos como resultado de propagación sexual por parte de los agricultores.

A pesar de ello, la huella genética del CCN-51 cultivar parece ser tan pronunciada que siempre se diferencia como grupo genético, independiente en todos los escenarios de 10 hasta 35 grupos que consideramos. Por otro lado, hay algunos árboles considerados localmente como CCN-51 que parecen ser resultado de cruces entre IMC-67 e ICS-1. El ICS-1 no fue considerado entre posibles progenitores del CCN-51 en el estudio de



Area idónea para cacao cultivado  
Area idónea para cacao silvestre

Boza et al (2014) y entonces podría ser una pista para futuras investigaciones



Grupo Genético  
■ CCN-51 cultivar



Grupo Genético  
■ IMC-67 cultivar  
■ ICS-1 cultivar



## 24. ICS-1 cultivar

El cultivar ICS-1 es el resultado de la recombinación del genotipo ICS-1 (un cruce entre los grupos Criollo y Amelonado – ver sección del grupo Criollo) originalmente introducido desde Trinidad y Tobago, con cacaos de diferente composición genética por propagación sexual por parte de los agricultores.

Curiosamente, los árboles de cacao que probablemente son clones puros del genotipo original ICS-1 se diferencian en su perfil genético como cruces entre los grupos Criollo y Amelonado, mientras que los del ICS-1 son agrupados en el grupo genético ICS-1.



Grupo Genético

Amelonado  
Criollo



Grupo Genético

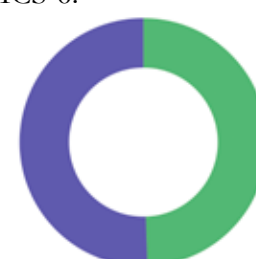
ICS-1 cultivar



## 25. ICS-6 cultivar

Igual como para el ICS-1, el cultivar ICS-6 es el resultado de la recombinación del genotipo ICS-6 (un cruce entre los grupos Criollo y Amelonado – ver sección de grupo Criollo) originalmente introducido desde Trinidad y Tobago, con cacaos de diferente composición genética por propagación sexual por parte de los agricultores.

Curiosamente, los árboles de cacao que probablemente son clones puros del genotipo original ICS-6 se diferencian como cruces entre los grupos Criollo y Amelonado, mientras que los del ICS-6 cultivar son agrupados en el grupo genético ICS-6.



Grupo Genético

Amelonado  
Criollo



Grupo Genético

ICS-6 cultivar



## 26. ICS-95 cultivar

El cultivar ICS-95, igual como los cultivares ICS-1 y 6, es el resultado de la recombinación del genotipo ICS-95 (un cruce entre los grupos cultivar Criollo y Amelonado – ver sección de grupo Criollo) originalmente introducido desde Trinidad y Tobago, con cacaos de diferente composición genética, por propagación sexual por parte de los agricultores.

En nuestros análisis genéticos, contrario a los casos de ICS-1 and 6, ningún árbol marcado como ICS-95 se identificó en su perfil genético como cruce entre los grupos Criollo y Amelonado, y mas bien todos se agruparon en el grupo genético ICS-95



Grupo Genético  
■ ICS-95 cultivar



## 27. IMC-67 cultivar

Consideramos como cultivar moderno al grupo genético IMC-67 por su uso muy difundido en el Perú y Latinoamérica principalmente como patrón. Curiosamente, la muestra original de IMC-67 en los análisis de Motamayor et al (2008) no está incluida en este cultivar, pero más bien forma parte del grupo genético Iquitos descrito arriba. Es posible que esto se debe a algún error en el etiquetado. Por otro lado no encontramos en nuestro muestreo ningún representante del grupo IMC67 en el departamento de Loreto, dificultando la identificación de su origen.

El genotipo originalmente colectado por Pound como IMC-67 es progenitor de muchos híbridos en uso actualmente, donde el más famoso tal vez es el CCN-51.



Grupo Genético  
■ IMC-67 cultivar



## 28. VRAE-15 cultivar

El VRAE-15 recibió su nombre por haber surgido en plantación de agricultor en la región de VRAE (Valle de los ríos Apurímac y Ene). Ha sido introducido en Huánuco y Ucayali también bajo el nombre CMP-15, pero este es genéticamente idéntico al VRAE-15 sugiriendo que se trata de una copia del mismo tomado posteriormente.

Nuestros análisis genéticos sugieren que el VRAE-15 es un híbrido entre los cultivares ICS-1 y IMC-67 y los grupos Scavina y Huallaga-Satipo-VRAE. Este último representa la unión entre los grupos descritos anteriormente Huallaga y Satipo-VRAE, porque no hay certeza absoluta a que grupo pertenecía el progenitor. Sin embargo, es probable que ha sido un genotipo local del VRAE perteneciente al grupo genético Satipo-VRAE.

Las buenas características productivas y sensoriales del VRAE-15 explican su éxito y expansión en plantaciones en diferentes partes del país, incluyendo Madre de Dios



Grupo Genético  
■ VRAE-15 cultivar

### Origen genético del VRAE-15



Grupo Genético  
■ IMC-67 cultivar  
■ ICS-1 cultivar  
■ Scavina  
■ Huallaga-Satipo-VRAE



## 29. VRAE-99 cultivar

Al igual como el VRAE-15, el VRAE-99 recibió su nombre por haber surgido en plantación de agricultor en la región de VRAE (Valle de los ríos Apurímac y Ene). Ha sido introducido en Huánuco y Ucayali también bajo el nombre CMP-99, pero este es genéticamente idéntico al VRAE-99, sugiriendo que se trata de una copia del mismo tomado posteriormente.

Nuestros análisis genéticos sugieren que el VRAE-99 es un híbrido entre el cultivar ICS1 y los grupos Scavina y Huallaga-Satipo-VRAE. Este último representa la unión entre los grupos descritos anteriormente Huallaga y Satipo-VRAE, porque no hay certeza absoluta a que grupo pertenecía el progenitor. Sin embargo, es probable que ha sido un genotipo local del VRAE perteneciente al grupo genético Satipo-VRAE.

Las buenas características productivas y sensoriales del VRAE-99 explican su éxito y expansión en plantaciones en diferentes partes del país.



Area idónea para cacao cultivado  
Area idónea para cacao silvestre



Grupo Genético  
■ VRAE-99 cultivar



### Origen genético del VRAE-99



Grupo Genético  
■ ICS-1 cultivar  
■ Scavina  
■ Huallaga-Satipo-VRAE

0 1 2 3 4 5 cm

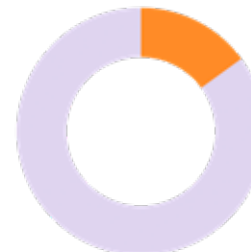
## 30. CYP-99 cultivar

Solo recientemente el CYP (Colección Yopla Pucapillo) está cogiendo fuerza en plantaciones en San Martín, Huánuco y Ucayali, principalmente por su precocidad, alta productividad y calidad sensorial interesante. Nuestro análisis genético lo clasifica como 84% cultivar CCN51 y 16% Nanay. Es producto de polinización abierta en campo del agricultor Yopla en Pucapillo, San Martín, pero no es muy claro aún cuales exactamente eran sus progenitores.



Area idónea para cacao cultivado  
Area idónea para cacao silvestre

### Origen genético del CYP-99



Grupo Genético  
■ CCN-51 cultivar  
■ Nanay



Grupo Genético  
■ CYP-99 cultivar



0 1 2 3 4 5 cm



# Referencias

Ardelean, C.F., Becerra-valdivia, L., Pedersen, M.W., Schwenninger, J., Oviatt, C.G., Macías-quintero, J.I., Arroyo-cabral, J., Sikora, M., Ocampo-díaz, Y.Z.E., Rosa-díaz, J.J.D. La, Huerta-arellano, V., Marroquín-fernández, M.B., 2020. Evidence of human occupation in Mexico around the Last Glacial Maximum. *Nature* 584, 87–92.

Arevalo-Gardini, E., Meinhardt, L.W., Zuñiga, L.C., Arévalo-Gardni, J., Motilal, L., Zhang, D., 2019. Genetic identity and origin of “Piura Porcelana”—a fine-flavored traditional variety of cacao (*Theobroma cacao*) from the Peruvian Amazon. *Tree Genet. Genomes* 15, 11.

Boza, E.J., Motamayor, J.C., Amores, F.M., Cedeño-Amador, S., Tondo, C.L., Livingstone, D.S., Schnell, R.J., Gutiérrez, O.A., 2014. Genetic characterization of the cacao cultivar CCN 51: Its impact and significance on global cacao improvement and production. *J. Am. Soc. Hortic. Sci.* 139, 219–229.

Ceccarelli, V., Lastra, S., Loor Solorzano, R.G., Wenceslao Chacon, Walter Nolasco, M., Sotomayor Cantos, I.A., Plaza Avellan, Luis Fernando Aracelly Lopez, Diana . Fernandez Anchundia, F.M., Dessauw, D., Orozco-Aguilar, L., Thomas, E., 2022. Conservation and use of genetic resources of cacao (*Theobroma cacao* L.) by gene banks and nurseries in six Latin American countries. *Genetic Resources and Crop Evolution* 69, 1283–1302. <https://doi.org/10.1007/s10722-021-01304-3>

Céspedes-Del Pozo, W.H., Blas-Sevillano, R., Zhang, D., 2018. Assessing Genetic Diversity of Cacao (*Theobroma cacao* L.) Nativo Chuncho in la Convención, Cusco-Perú. *Proc. Int. Symp. Cocoa Res. (ISCR)*, Lima Peru 13-17 Novemb. 2017 87, 149–200.

Lavoie, A., Thomas, E., Olivier, A., 2023. Local working collections as the foundation for an integrative conservation of *Theobroma cacao* L. in Latin America. *Frontiers in Ecology and Evolution* 1063266. <https://doi.org/10.3389/fevo.2022.1063266>

Motamayor, J.C., Lachenaud, P., da Silva E Mota, J.W., Loor, R., Kuhn, D.N., Brown, J.S., Schnell, R.J., 2008. Geographic and genetic population differentiation of the Amazonian chocolate tree (*Theobroma cacao* L.). *PLoS One* 3, e3311.

Olivera-Núñez, Q., 2018. Jaén, Arqueología y Turismo. Municipalidad Provincial de Jaén, Jaén, Perú.

Osorio-Guarín, J.A., Berdugo-Cely, J., Coronado, R.A., Zapata, Y.P., Quintero, C., Gallego-Sánchez, G., Yockteng, R., 2017. Colombia a Source of Cacao Genetic Diversity As Revealed by the Population Structure Analysis of Germplasm Bank of *Theobroma cacao* L. *Front. Plant Sci.* 8, 1–13.

Pritchard, J.K., Stephens, M., Donnelly, P., 2000. Inference of Population Structure Using Multilocus Genotype Data. *Genetics* 155, 945–959.

Richardson, J.E., Whitlock, B.A., Meerow, A.W., Madriñán, S., 2015. The age of chocolate: a diversification history of *Theobroma* and Malvaceae. *Front. Ecol. Evol.* 3, 1–14.

Thomas, E., van Zonneveld, M., Loo, J., Hodgkin, T., Galluzzi, G., van Etten, J., 2012. Present Spatial

Diversity Patterns of *Theobroma cacao* L. in the Neotropics Reflect Genetic Differentiation in Pleistocene Refugia Followed by Human-Influenced Dispersal. *PLoS One* 7, e47676.

Tscharntke, T., Ocampo-Ariza, C., Vansyngel, J., Ivañez-Ballesteros, B., Aycart, P., Rodriguez, L., Ramirez, M., Steffan-Dewenter, I., Maas, B., Thomas, E., 2023. Socio-ecological benefits of fine-flavor cacao in its center of origin. *Conservation Letters* 16, e12936. <https://doi.org/10.1111/conl.12936>

Zarrillo, S., Gaikwad, N., Lanaud, C., Powis, T., Viot, C., Lesur, I., Fouet, O., Argout, X., Guichoux, E., Salin, F., Solorzano, R.L., Bouchez, O., Vignes, H., Severts, P., Hurtado, J., Yopez, A., Grivetti, L.,

Blake, M., Valdez, F., 2018. The use and domestication of *Theobroma cacao* during the mid-Holocene in the upper Amazon. *Nat. Ecol. Evol.* 1.

Zhang, D., Arevalo-Gardini, E., Mischke, S., Zúñiga-Cernades, L., Barreto-Chavez, A., Del Aguila, J.A., 2006. Genetic diversity and structure of managed and semi-natural populations of cocoa (*Theobroma cacao*) in the Huallaga and Ucayali Valleys of Peru. *Ann. Bot.* 98, 647–55.

Zhang, D., Boccara, M., Motilal, L., Mischke, S., Johnson, E.S., Butler, D.R., Bailey, B., Meinhardt, L., 2009. Molecular characterization of an earliest cacao (*Theobroma cacao* L.) collection from Upper Amazon using microsatellite DNA markers. *Tree Genet. Genomes* 5, 595–607.

Zhang, D., Martínez, W.J., Johnson, E.S., Somarriba, E., Phillips-Mora, W., Astorga, C., Mischke, S., Meinhardt, L.W., 2012. Genetic diversity and spatial structure in a new distinct *Theobroma cacao* L. population in Bolivia. *Genet. Resour. Crop Evol.* 59, 239–252.

Zhang, D., Motilal, L., 2016. Origin, Dispersal, and Current Global Distribution of Cacao Genetic Diversity, in: Bailey, B.A., Meinhardt, L.W. (Eds.), *Cacao Diseases*. Springer International Publishing, Cham, pp. 3–31.

