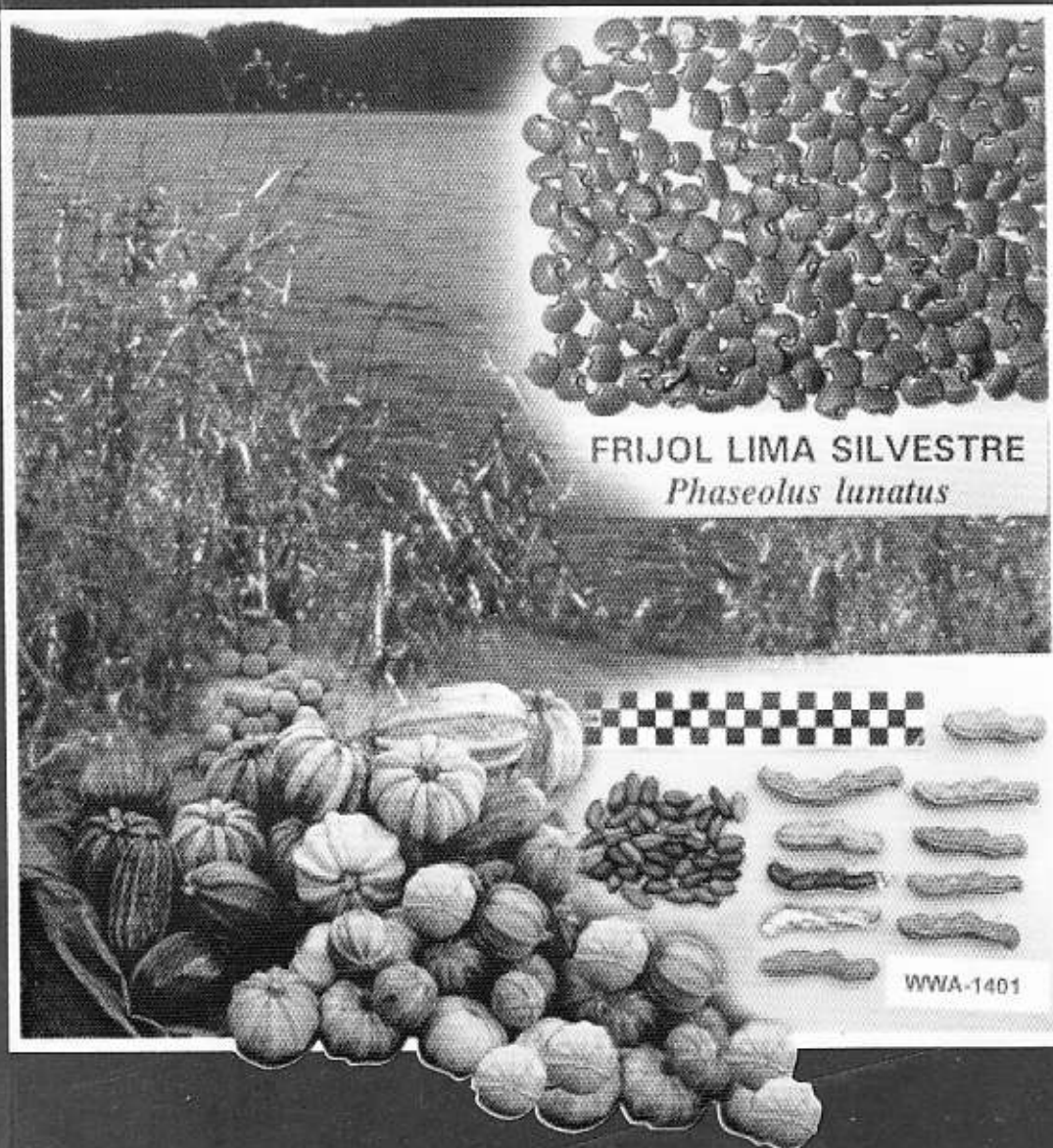
FRIJOL LIMA SILVESTRE  
*Phaseolus lunatus*

# Recursos Fitogenéticos



**APORTES CIENTÍFICO-TECNOLÓGICOS EN SISTEMAS  
DE PRODUCCIÓN AGRÍCOLA Y RECURSOS NATURALES RENOVABLES**

*La Revista Tikalia es el órgano oficial de divulgación de la Facultad de Agronomía de la Universidad de San Carlos de Guatemala. Su propósito es contribuir al desarrollo de las Ciencias Agrícolas mediante la publicación de artículos científicos y técnicos que reflejan los resultados de las investigaciones que realizan profesores y estudiantes de la Facultad; así como la publicación de artículos teóricos elaborados por científicos y técnicos de otras universidades e instituciones de investigación agrícola que se adecúen a las necesidades del desarrollo académico de la Facultad.*

*Los autores son responsables del contenido de sus artículos.*

 **Tikalía**

Órgano de divulgación de la  
Facultad de Agronomía  
Universidad de San Carlos de Guatemala

Vol. XVII, No. 1



Guatemala  
1999

**Facultad de Agronomía  
Universidad de San Carlos de Guatemala**

**Junta Directiva**

Decano: Ing. Agr. Rolando Lara Alecio  
Secretario: Ing. Agr. Guillermo Méndez Beteta  
Vocal I: Ing. Agr. Juan José Castillo Mont  
Vocal II: Ing. Agr. William Roberto Escobar López  
Vocal III: Ing. Agr. Alejandro Hernández  
Vocal IV: Br. Oscar Guevara Pineda  
Vocal V: Br. José Domingo Mendoza

**Comité Editorial**

Lic. David Pinto Díaz  
Dr. Luis Mejía  
Dr. Ariel Ortíz  
Ing. Agr. Mario Alberto Méndez  
Periodista Dennis Escobar Galicia

**Portada:** Recursos fitogenéticos, fotografías de César Azurdia.

Edición y Artes Finales: F&G Editores  
Telefax: (502) 4740214  
e-mail: fgeditor@guate.net

Impresión: Fotograbado Llerena  
Telefax: (502) 2324372

Revista *Tikalía*  
Facultad de Agronomía  
Universidad de San Carlos de Guatemala  
Ciudad Universitaria, zona 12  
Guatemala, Guatemala  
Teléfono: (502) 4769770  
Fax: (502) 4769770  
Correo electrónico: comited.agro@usac.edu.gt

## PRESENTACIÓN

*Tikalia* presenta en este número seis artículos sobre recursos fitogenéticos; en todos participó como investigador principal el doctor César Azurdia, docente de la Facultad de Agronomía de la Universidad de San Carlos de Guatemala que ha profundizado en el estudio sobre uso, mejoramiento y valoración de la agrobiodiversidad y los recursos genéticos.

Guatemala es ampliamente reconocido como un centro de origen y diversidad de plantas cultivadas, por ejemplo: maíz, frijol, algodón, cacao, aguacate. Éstas han sido diseminadas por el mundo y en la actualidad constituyen una parte importante de la economía mundial. El incremento de la población humana requiere de una mayor cantidad de alimentos; por lo que una forma de enfrentar el desafío es mejorar los materiales genéticos a cultivar.

*Conservación de la biodiversidad: su relación dentro del contexto de los huertos familiares en Mesoamérica*, nos indica que el estudio de este tema puede revelar diferentes aspectos, ecológicos, socioeconómicos y relativos a conservación de recursos genéticos vegetales.

El artículo sobre *Diversidad genética de maní en Guatemala*—considerado como primer reporte que muestra una visión de la variabilidad de maní en Guatemala— en sus resultados se indica que especies introducidas en tiempos ancestrales han generado variabilidad genética.

En *Las cucurbitas de Guatemala* se indica que dicho cultivo comprende cuatro especies cultivadas: *C. moschata*, *C. pepo*, *C. ficifolia* y *C. argyrosperma*. Además señala la existencia de dos especies silvestres: *C. lundelliana* y *C. sororia*. El estudio muestra que *Cucurbita* tiene alta diversidad genética, tanto en las

características morfológicas como en contenido nutricional del mesocarpio y de la semilla.

El artículo *Tasa de cruzamiento y estructura genética de una población de zapote* contiene información importante sobre el tipo de reproducción; además la información sobre estructura genética de las poblaciones permite diseñar una metodología de muestreo y conservación.

En el informe sobre la diversidad genética de *Phaseolus vulgaris* silvestre se presentan los resultados del análisis utilizando marcadores bioquímicos (faseolinas) en los cuales destaca la relación entre similitud genética y región de procedencia del material genético analizado.

Finalmente, el artículo sobre *Evolución del frijol piloy o nun* nos demuestra que esta especie (*Phaseolus polyanthus*) es distinta al *Phaseolus coccineus* y que su centro de origen es Guatemala.

***Los editores***

## CONTENIDO

- 7** Conservación de la biodiversidad: su relación dentro del contexto de los huertos familiares en Mesoamérica  
*César Azurdía y José Miguel Leiva*
- 25** Diversidad genética de maní (*Arachis hypogaeae*) en Guatemala: distribución y erosión  
*César Azurdía, David Williams, Karen Williams, Waldemar Nufío*
- 41** Las cucurbitas de Guatemala  
*César Azurdía*
- 59** Tasa de cruzamiento y estructura genética de una población de zapote (*Pouteria sapota*)  
*César Azurdía, Helmer Ayala, Luis Mejía, Mikkel Grum, Francisco Figueroa, Nestor Colindres, Salvador Ayala*
- 81** Diversidad genética de *Phaseolus vulgaris* silvestre de Guatemala usando marcadores bioquímicos (faseolinas) y marcadores moleculares (AFLPs)  
*César Azurdía, Daniel Debouch, Joe Tohme, Inés Chacón, Viviana González*
- 99** Evolución del frijol piloy o nun (*Phaseolus polyanthus*), una especie originaria de Guatemala  
*César Azurdía, Fred Bliss, Daniel Debouch*

## CONSERVACIÓN DE LA BIODIVERSIDAD: SU RELACIÓN DENTRO DEL CONTEXTO DE LOS HUERTOS FAMILIARES EN MESOAMÉRICA

César Azurdia y José Miguel Leiva



### Resumen

La diversidad genética de las plantas cultivadas presente en Mesoamérica es el resultado de la interacción de la variación geográfica y la riqueza cultural. Sin embargo, dicha diversidad está siendo sometida a un proceso de erosión genética. Por esta razón, los esfuerzos de conservación deberán enfocarse a conservación *ex situ* complementada con conservación *in situ*. La conservación de la biodiversidad en huertos familiares es considerada una opción importante ya que dichos agrosistemas han sido parte de la cultura mesoamericana. Es reconocido que el estudio de huertos familiares puede revelar diferentes aspectos tales como ecológicos, socioeconómicos y relativos a conservación de recursos genéticos vegetales. Algunas experiencias obtenidas en México y en Guatemala indican que los huertos familiares juegan un papel importante en la economía de los agricultores así como en el proceso de conservación de la biodiversidad. A pesar que alguna investigación ha sido desarrollada en este campo, se considera necesario desarrollar un programa de investigación debido a que el papel completo de estos agrosistemas no es bien conocido.

Palabras claves: Mesoamérica, huerto familiar, conservación *in situ*, biodiversidad

**Biodiversity conservation  
It's Relationship Within the Context  
of Mesoamerican Home Gardens**

**Summary**

Crop plant genetic diversity in Mesoamerica is the result of the interaction of geographic variation and richness of culture. Recent times have shown that these resources are being eroded, consequently, conservation efforts are focused on ex situ conservation which must be complemented by in situ conservation. Conservation of biodiversity in home gardens is considered an important option as it has always been part of the Mesoamerican culture. It is recognized that the study of home gardens may reveal many different aspects including socioeconomical, ecological and plant resources conservation. Mexican and Guatemalan experiences indicate that home gardens play an important roll in the farmer economy, as well as in the process of conservation of biodiversity. Although some research has been pursued on home gardens, it is clear that a research program must be launched as the complete roll of these agrosystems is not well known.

**Key words:** Mesoamerica, home garden, in situ conservation, biodiversity.

## INTRODUCCIÓN

La distribución de la diversidad genética de plantas no se produce al azar, es un proceso selectivo preferentemente localizado en áreas específicas del globo. El denominador común para todas esas áreas es que en ellas se muestra un patrón de variación ecogeográfico y riqueza cultural, dando como resultado una espectacular diversidad genética regional. Mesoamérica, como uno de los puentes geográficos entre los continentes, es reconocida por la mayoría de científicos como un corredor y conductor de la flora, uniendo Norte América, Sur América y el Caribe. Como resultado, en Mesoamérica se presentan muchas especies de plantas propias de dichas regiones, así como un buen número de especies endémicas. Es importante señalar que esta región fue el área en la cual habitaron los mayas, grupo humano de gran

desarrollo cultural. Por lo tanto, se puede decir que no es una coincidencia la alta diversidad genética de muchas plantas cultivadas presentes en Mesoamérica.

Mesoamérica, un megacentro de diversidad genética, es el hogar de un número significativo de especies poco conocidas (silvestres y cultivadas) y ampliamente reconocidas como plantas útiles para la población nativa. En los tiempos actuales, estas especies están sucumbiendo ante la degradación de su ambiente natural y el desarrollo de sistemas de producción basados en alta tecnología. Sin embargo, es notorio que en áreas en donde se desarrolla agricultura tradicional, existe espacio para estas especies. Es obvio que los pequeños agricultores juegan un papel importante en la conservación y desarrollo de las especies poco conocidas y de alta utilidad, considerándolas como un componente de su sistema de producción [Azurdia, 1981].

En la actualidad, los esfuerzos de conservación se han concentrado en conservación *ex situ*. Estas técnicas de conservación deben de ser complementadas con conservación *in situ*. En el pasado, el concepto de conservación *in situ* fue referido para conservar a los silvestres progenitores de las plantas cultivadas. Las especies forestales y la conservación de variedades autóctonas o razas locales obsoletas ha sido completamente ignorado [Damiana, 1996]. La conservación *in situ* de landraces y variedades de plantas cultivadas tiene la ventaja que a través de este método de conservación el proceso de evolución no se detiene.

Los huertos familiares son una combinación de plantas que incluyen árboles, arbustos y hierbas, desarrollada en forma adyacente a una casa o de

*Los huertos familiares son una combinación de plantas que incluyen árboles, arbustos y hierbas, desarrollada en forma adyacente a una casa o de un componente de un hogar.*

un componente de un hogar. Estos jardines son sembrados y mantenidos por los miembros del grupo familiar y sus productos son destinados inicialmente para consumo en el hogar, como plantas con valor ornamental y proveyendo de sombra a la gente y a los animales domésticos.

De acuerdo con Nair [1993], un huerto familiar comprende una asociación íntima de árboles de múltiple propósito, arbustos combinados con cultivos anuales y perennes, así como ganado dentro de los componentes de una casa individual. Torquebiau [1994] clasifica a los huertos familiares dentro de la categoría de agroforestería.

La conservación de la biodiversidad en huertos familiares es considerada una opción importante ya que esta práctica ha sido siempre parte de la cultura mesoamericana. Por lo tanto, estos bancos vivientes de genes deberán tomarse en cuenta y considerarlos como un complemento o copia de las colecciones *ex situ*. En este artículo se describirá brevemente algunos ejemplos de conservación *in situ* en huertos familiares de Mesoamérica. Se reconoce que se deberá de realizar un intenso trabajo en este campo subexplotado.

## EL PAPEL DE LOS HUERTOS FAMILIARES

El estudio de huertos familiares revela aspectos socioeconómicos, ecológicos y de conservación de recursos vegetales. Los huertos familiares han jugado un papel importante en la economía de los pequeños agricultores, sin embargo, no se ha realizado un estudio económico detallado. Se reconoce que aproximadamente el 30% del ingreso familiar depende de

*La conservación de la biodiversidad en huertos familiares es considerada una opción importante ya que esta práctica ha sido siempre parte de la cultura mesoamericana.*

la venta de productos provenientes del huerto familiar, especialmente cuando se incluyen productos como leña, madera, frutos, cultivos y plantas medicinales [Leiva, 1998]. Por su alta diversidad en la composición y estructura, los huertos familiares reflejan la composición y función de un ecosistema natural. Este tipo de agrosistema es refugio de vida silvestre y además puede regular el microclima. La composición de los huertos familiares también muestra que estos agrosistemas son repositorios de muchas especies, especialmente aquellas que se desarrollan en forma silvestre, de malezas o cultivadas. Dichas especies están generalmente en peligro en su hábitat, por lo que se considera urgente estudiar los huertos familiares de la región, con lo cual se podrá entender, mejorar y apoyar este método de conservación *in situ*, a la fecha poco utilizado.

### ALGUNAS EXPERIENCIAS MEXICANAS

El ejemplo a discutir se estudió en los Valles Centrales de Oaxaca, localizados en una región montañosa del sur-este de México, a 530 kilómetros de la Ciudad de México, con una altitud de aproximadamente 1550 metros sobre el nivel del mar (msnm). En el centro del valle se encuentra localizada la ciudad de Oaxaca, capital del estado, la cual está en el centro de siete municipios. El valle tiene un clima semi seco y un régimen de lluvias de 600 mm anuales, la temperatura media es de 20 °C. La mayoría de la población habla zapoteco y español. En la orilla de la ciudad de Oaxaca se encuentran las ruinas de Montalván, una ciudad zapoteca antigua.

El estudio fue conducido en todos los valles

**Cuadro 1**  
**ESPECIES VEGETALES PRESENTES EN LOS HUERTOS**  
**FAMILIARES DE LOS VALLES CENTRALES DE OAXACA, MÉXICO**

Especie	Nombre común	Utilidad
<i>Jacobinia spicigera</i>	Hierba del tinte	Extracción de colorante
<i>Schinus molli</i>	Pirú	Medicinal, ornamental
<i>Parmentiera edulis</i>	Cuajilote	Medicinal, alimentación humana
<i>Tecoma stans</i>	Tronador	Medicinal, ornamental
<i>Tournefortia hartwegiana</i>	Hierba del negro	Medicinal
<i>Bursera sp.</i>	Palo mulato	Medicinal, cercos vivos
<i>Sambucus mexicana</i>	Sauco	Medicinal, cercos vivos
<i>Chenopodium ambrosoides</i>	Epazote	Alimentación humana, medicinal
<i>Artemisia mexicana</i>	Estafiate	Medicinal
<i>Parthenium bipinnatifidum</i>	Flor de pajarito	Alimentación de aves
<i>Parthenium hysterophorus</i>	Flor de pajarito	Alimentación de aves
<i>Verbesina aff. perymenioides</i>	-----	Ritual, cercas vivas
<i>Echeveria sp.</i>	La quemada	Medicinal, ornamental
<i>Carya sp.</i>	Nogal	Alimentación humana, medicinal
<i>Marrubium vulgare</i>	Marrubio	Medicinal
<i>Salvia mycrophylla</i>	Mirto	Medicinal
<i>Salvia tiliaefolia</i>	Cuancam	Entretimiento de niños
<i>Rosmarinus officinalis</i>	-----	Medicinal
<i>Brongniartia lupinoides</i>	Hierba del piojo	Cerca viva, control de plagas
<i>Desmanthus virgatus</i>	Guaje silvestre	Alimentación humana
<i>Leucena esculenta</i>	Guaje	Alimentación humana, medicinal
<i>Prosopis laevigata</i>	Mezquite	Medicinal, leña, alimentación humana
<i>Malpighia mexicana</i>	Nanche	Alimentación humana, cerca viva
<i>Malva parviflora</i>	Malva	Medicinal
<i>Malvaviscus arboreus</i>	-----	Ornamental, cerca viva
<i>Mirabilis jalapa</i>	Maravilla	Ornamental
<i>Plantago major</i>	Llantén	Medicinal, alimento de animales
<i>Plumbago pulchella</i>	-----	Extracción de tintes

continúa cuadro 1

Especie	Nombre común	Utilidad
<i>Ruta graveolens</i>	Ruta	Medicinal
<i>Sapindus saponaria</i>	Pipes	Fuente de jabón
<i>Datura arborea</i>	Floripondia	Ornamental, medicinal
<i>Datura aff. discolor</i>	Toluache	Medicinal
<i>Solanum sp.</i>	-----	Cerca viva
<i>Petroselinum hortense</i>	Perejil	Medicinal, alimentación humana
<i>Lippia triphylla</i>	Cedrón de castilla	Medicinal

Fuente: Azurdia [1981].

[Azurdia, 1981] tratando de entender el papel que juegan las malezas (arvenses y ruderales) en el proceso de agricultura tradicional. Se identificaron 214 especies útiles. Este número incluye especies en diferente estado de evolución, tal como silvestres, malezas o plantas cultivadas, creciendo en diferentes ambientes como bancos de los ríos, a lo largo de los caminos, en áreas cultivadas, dentro de los bosques, en áreas con sucesión ecológica secundaria, y en huertos familiares.

Muchas de las especies reportadas fueron recolectadas en su hábitat natural. Fue notorio observar que cuando las especies tienen amplia utilización, éstas se encuentran creciendo dentro de los huertos familiares, particularmente aquellas especies que no están a disponibilidad en los mercados locales. Las diferentes especies presentes en huertos familiares se muestran en el cuadro 1. Muchas de estas especies crecen como plantas silvestres, pero dada la amplia utilización que se hace de las mismas, se han plantado en el huerto familiar. Es notorio que la mayoría de especies se utiliza con fines medicinales, asimismo, hay ciertas especies que son útiles

*Muchas de estas especies crecen como plantas silvestres, pero dada la amplia utilización que se hace de las mismas, se han plantado en el huerto familiar.*

para satisfacer particulares enfoques antropocéntricos de la cultura zapoteca de los Valles Centrales de Oaxaca. Por ejemplo rituales, entretención de los niños, extracción de pigmentos, fuente de jabón, alimentación de pájaros. El número de especies reportadas en el cuadro 1 es equivalente al 16% del total de plantas útiles reportadas en el estudio.

Las plantas medicinales merecen atención especial dado su inmenso valor en la prevención o tratamiento de enfermedades comunes. Su conservación asegura la retención del conocimiento indígena asociado con sus propiedades únicas así como su correcta aplicación. Es importante considerar que la concientización entre la gente local del valor de la biodiversidad y la medicina indígena puede ser alcanzada en el ámbito de la población.

El ejemplo anterior, así como los que se mencionarán posteriormente, muestra claramente que los huertos familiares han jugado un papel importante

**Cuadro 2**  
**NÚMERO DE ESPECIES PRESENTES EN LOS HUERTOS FAMILIARES DE LA REGIÓN CENTRAL DE VERACRUZ, MÉXICO, LISTADAS POR CATEGORÍA ANTROPOGÉNICA.**

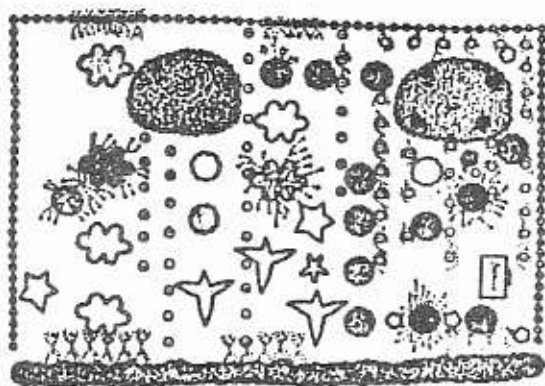
Localidad	Cereales	Raíces	Azúcares	Grasa	Proteínas	Hortalizas
Lechuga	0	2	1	2	0	2
Potrero	1	2	1	3	0	9
Fco. Paz	1	0	0	1	0	7
Loma Agos.	0	0	0	2	0	4
Nicolas B.	0	0	0	3	0	7
Sn. J. Chip.	0	0	0	2	0	4
Vasquez	1	0	0	1	1	10
Tejería	0	1	1	0	0	2
Los Perales	1	1	0	0	2	15
Xometla	0	0	0	0	0	3

en la evolución de plantas cultivadas, ya que en esta área es en donde se inicia la domesticación de especies silvestres o semisilvestres.

Otro ejemplo interesante es reportado por Pérez y Cruz [1994]. Ellos describen los diferentes huertos familiares presentes en la región central de Veracruz. Este trabajo sugiere una metodología apropiada para el estudio de los huertos familiares. Se propone en dicho trabajo estudiar aspectos tales como el proceso de producción, fisonomía de los componentes vegetales, determinación de los centros de origen de las especies viviendo en el huerto familiar y establecimiento de las diferentes categorías antropogénicas a las que pertenecen los diferentes productos obtenidos a partir del huerto familiar. Los resultados más importantes reportados por dichos autores indican que se estudiaron un total de 110 huertos familiares en 10 localidades; el tamaño de los huertos varió de 97.3 a 361.8 metros cuadrados; se determinaron 224

**Cuadro 2**  
**NÚMERO DE ESPECIES PRESENTES EN LOS HUERTOS**  
**FAMILIARES DE LA REGIÓN CENTRAL DE VERACRUZ,**  
**MÉXICO, LISTADAS POR CATEGORÍA ANTROPOGÉNICA.**

Frutas	Madera	Especias	Estimulantes	Medicinales	Ornamentales
22	0	4	1	16	23
28	2	12	1	26	107
16	0	4	1	10	35
10	0	2	0	6	39
19	0	6	1	8	76
8	0	5	0	10	45
9	3	4	1	14	53
15	0	8	0	13	41
14	0	5	0	9	94
4	0	6	0	14	43



**Figura 1. Diagrama de un huerto familiar en la localidad de Santa Lucia, Guatemala.**  
Fuente: (E. Anderson, *Plants, man, and life*. Berkeley: University of California Press, 1952).



**Figura 2. Símbolos representados en la Figura 1.** Los símbolos no representan únicamente la distribución de las plantas en el plano, sino que además, la forma de cada uno de ellos indica una categoría particular de planta. Figuras circulares indican árboles frutales (como ciruela y durazno) de origen europeo; figuras redondas irregulares representan árboles frutales (manzanilla) de origen americano. Las punteadas para especies enredaderas, círculos pequeños para arbustos, estrellas grandes para plantas suculentas y figuras irregulares en forma de cuña para especies de musáceas. La masa irregular localizada en el límite de la Fig. 1 representa un cerco vivo de chichicaste, un arbusto utilizado por los Mayas (E. Anderson, *Plants, man, and life*, Berkeley: University of California Press, 1952).

especies pertenecientes a 84 familias y 189 géneros como componentes de la vegetación; 26% de las especies reportadas son de origen mesoamericano. La mayoría de especies son usadas como fuente de vitaminas y minerales (hortalizas y frutas), medicina y ornamentales (cuadro 2). Finalmente se apunta que los huertos familiares están sufriendo un proceso de modernización o drástica modificación ya que los agricultores están cambiando el objetivo de producción de alta diversidad de productos a producción uniforme destinada al mercado.

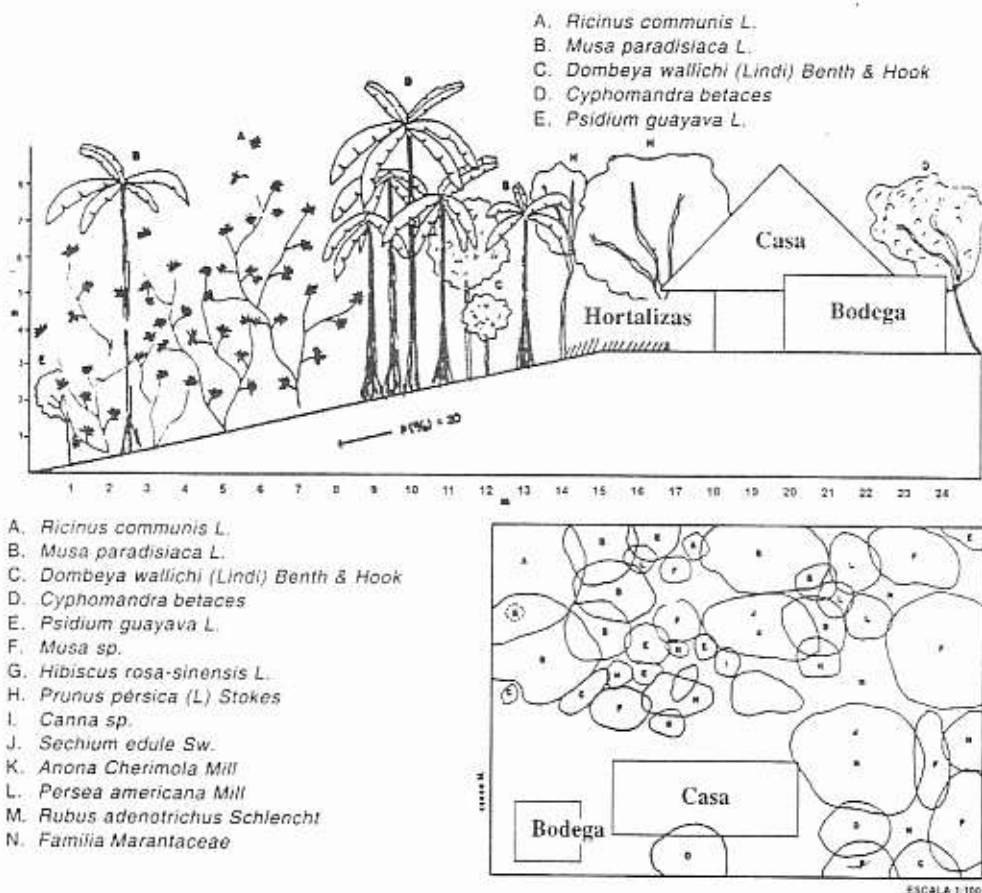
### ALGUNOS EJEMPLOS DE GUATEMALA

Uno de los estudios más famosos en huertos familiares fue desarrollado por Anderson [1952], quien describió la estructura y composición de un huerto familiar en el poblado de Santa Lucía. Él encontró que este sistema produce diferentes productos a lo largo de todo el año y que siempre había disponibilidad de alimentos y condimentos. El agrosistema fue cuidadosamente diseñado para prevenir la erosión del suelo y la colonización de la parcela por malezas indeseables, a la par de tratar de retener la humedad del suelo y haciendo el mejor uso posible del espacio y el suelo. El huerto familiar constituido por 25 especies es un ejemplo de la clase de cultivo múltiple que sigue cercanamente el patrón de un ecosistema natural (figuras 1 y 2). En las figuras 1 y 2 se puede observar que cerca del 50% de las especies presentes en el huerto familiar son especies nativas.

Un estudio modelo de huertos familiares en Guatemala fue desarrollado por Leiva y López [1985] en la cuenca del río Polochic localizada en la parte

*El huerto familiar constituido por 25 especies es un ejemplo de la clase de cultivo múltiple que sigue cercanamente el patrón de un ecosistema natural.*

oriental del país. Esta área es parte de la vertiente del Caribe y su altitud varía desde los 2,000 msnm en la parte más alta hasta cerca del nivel del mar en su parte final. Dada esta circunstancia, se puede encontrar a lo largo de la cuenca diferentes clases



**Figura 3.** Presentación esquemática de la estructura del huerto familiar típico de la parte alta de la cuenca del Río Polochic (Purulhá, Baja Verapaz, Guatemala). Fuente: Leiva y López (1985).

- |   |   |
|---|---|
| A. <i>Glicinia sepium</i> (Jacq) Stend    | M. <i>Anacardium occidentale</i> L.                 |
| B. <i>Musa</i> sp.                        | N. <i>Inga paterna</i>                              |
| C. <i>Mangifera indica</i> L.             | O. <i>Bixa orellana</i>                             |
| D. <i>Terminalia catappa</i> Steud        | P. <i>Citrus</i> sp.                                |
| E. <i>Coffea</i> sp.                      | Q. <i>Crescentia alota</i> HBK                      |
| F. <i>Cocos nucifera</i> L.               | R. <i>Byrsonima crassifolia</i>                     |
| G. <i>Orbignya cohume</i> (Mart) Dahigran | S. <i>Cajanus indicus</i> Spreng                    |
| H. <i>Theobroma cacao</i> L.              | T. <i>Artocarpus altifolius</i> (Parkinson) Fosberg |
| I. <i>Cacropia</i> sp.                    | U. <i>Erithrina</i> sp.                             |
| J. <i>Binbacaces aquática</i> Aubl.       | V. <i>Zea mays</i>                                  |
| K. <i>Sacharum officinarum</i>            | W. <i>Hibiscus rosa-sinensis</i> L.                 |
| L. <i>Spondias</i> sp.                    | X. <i>Brosimum alicastrum</i> Swartz                |

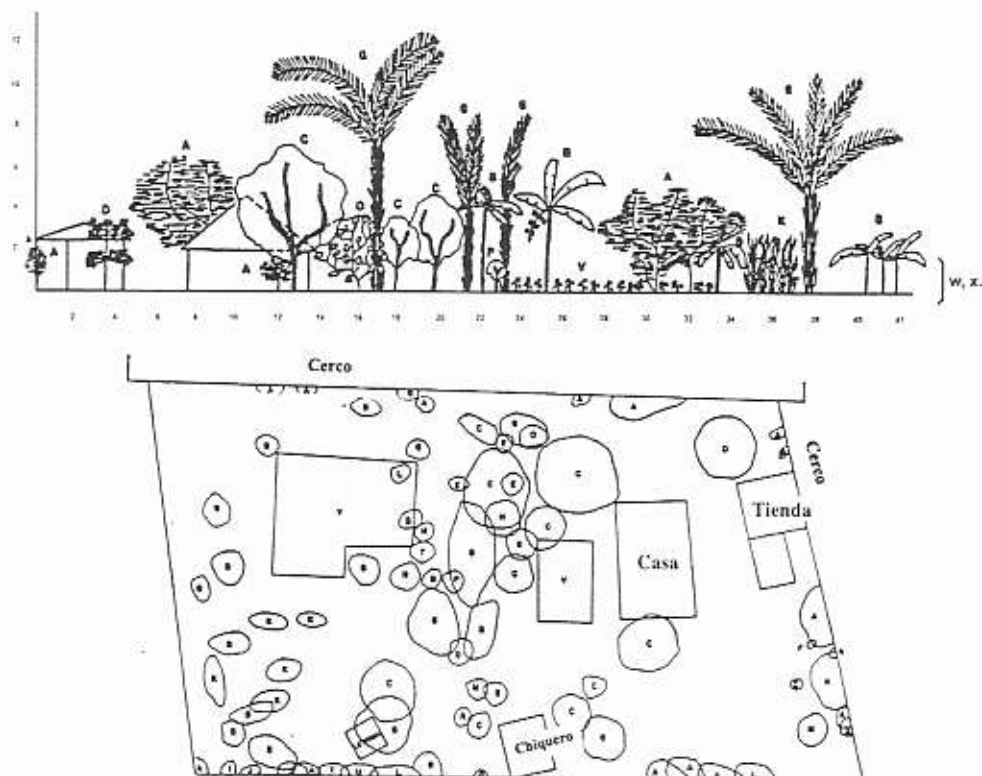


Figura 4. Presentación esquemática de la estructura del huerto familiar típico de la parte baja de la cuenca del Río Polochic (El Estor, Izabal, Guatemala).

Fuente: Leiva y López (1985).

CUADRO 3  
COMPOSICIÓN DE LOS HUERTOS FAMILIARES EN  
SAN AGUSTÍN ACASAGUASTLÁN, EL PROGRESO, GUATEMALA

Especie	D	AB	F	DR	ABR	FR	VI
<b>Estrato arbóreo</b>							
<i>Pouteria sapota</i>	85	18.54	100	38.6	47.6	19.23	105.43
<i>Manilkara zapota</i>	25	6.20	60	11.4	15.9	11.54	38.84
<i>Citrus sinensis</i>	35	0.53	80	15.9	1.4	15.39	32.69
<i>Lycania platypus</i>	10	5.11	40	4.5	13.1	7.7	25.30
<i>Persea schiedeana</i>	15	3.60	60	6.8	6.7	11.54	25.04
<i>Manguifera indica</i>	15	3.22	40	6.8	8.3	7.7	25.30
<i>Theobroma bicolor</i>	10	0.22	40	4.5	0.6	7.7	12.80
<i>Santhoxilon sp.</i>	5	1.61	20	2.3	4.1	3.84	10.24
<i>Castilloa elastica</i>	5	0.51	20	2.3	1.3	3.84	7.44
<i>Eugenia jambos</i>	5	0.27	20	2.3	0.7	3.84	6.84
<i>Inga paterna</i>	5	0.11	20	2.3	0.3	3.84	6.44
<i>Mammea americana</i>	5	0.02	20	2.3	0.1	3.84	6.24
<b>Estrato arbustivo</b>							
<i>Chamaedorea sp.</i>	4,812		100	81		43.48	124.48
<i>Coffea arabica</i>	500		50	8.4		21.74	30.14
<i>Theobroma cacao</i>	313		30	5.3		13.05	18.34
<i>Musa sapientum</i>	125		20	2.1		8.70	10.80
<b>Estrato herbáceo</b>							
		<b>CR</b>		<b>FR</b>			<b>VI</b>
<i>Chamaedorea sp.</i>		24.90		24.32			49.22
<i>Eugenia jambos</i>		30.80		13.51			44.31
<i>Pouteria sapota</i>		17.00		27.03			44.03
<i>Phylodendrum guttiferum</i>		13.80		13.51			27.31
<i>Manguifera indica</i>		4.35		8.11			12.46
<i>Xanthosoma robustum</i>		4.35		5.41			9.76
<i>Manilkara zapota</i>		2.80		5.41			8.21
<i>Lycania platypus</i>		2.00		2.70			4.70

D= Densidad; AB= área basal; F= frecuencia; DR= densidad relativa; ABR= área basal relativa; FR= frecuencia relativa; VI= valor de importancia; CR= cobertura relativa.

Fuente: Paiz [1994].

de huertos familiares en los diferentes estratos ecológicos así como étnicos. Las figuras 3 y 4 muestran las características de un huerto familiar de la parte más alta y más baja de la cuenca respectivamente. La composición vegetal indica que los huertos familiares localizados en climas templados y fríos son menos diversos que los presentes en climas cálidos y húmedos, tal como se esperaba. Adicionalmente, el 63% de las especies presentes en el huerto familiar de El Estor, Izabal (parte baja de la cuenca) son nativas de Guatemala, mientras que en Purulhá (parte alta de la cuenca) solamente el 29% de las especies son nativas. En la mayoría de los huertos familiares del área se cosechan productos que son destinados al consumo familiar, sin embargo, existen algunos huertos especializados en los que la producción es destinada a la venta en los mercados locales o regionales. El mejor ejemplo lo representan los huertos familiares en los que la pacaya (*Chamaedorea tepejilote*), una palmaceae que produce inflorescencias comestibles, es el principal producto comercial del huerto. En este tipo de huertos familiares, los agricultores proporcionan manejo a dichos agrosistemas para incrementar la producción principal. Dándose por lo tanto, manipulación de los diferentes estratos de la composición vegetal y también el uso de insumos agrícolas.

En algunas regiones de Guatemala existen huertos familiares cuyo objetivo principal es la comercialización de la cosecha. Un ejemplo ha sido descrito por Paiz [1994] en la población de San Agustín Acasaguastlán, El Progreso, en donde los árboles frutales tropicales son los cultivos dominantes. El ecosistema constituido por este tipo de huerto familiar es muy similar a un bosque tropical, por ejemplo,

los árboles altos forman los niveles superiores, los cuales están dispersos entre otros árboles más pequeños, arbustos, enredaderas y hierbas, de tal manera que se ocupan todos los espacios disponibles entre el dosel superior y el nivel inferior. Esta composición hace posible el uso más eficiente de todos los nichos ecológicos disponibles (Cuadro 3). En el cuadro 3 se puede observar que las especies dominantes son las especies frutales nativas (13 de un total de 18).

### CONSIDERACIONES GENERALES

Con base en las fuentes bibliográficas y en la información mencionada en el presente artículo, se reconoce que los huertos familiares juegan un papel importante en la economía de los agricultores así como en el proceso de conservación de la biodiversidad. Algunas de las características más importantes de un huerto familiar son: se desarrolla dentro de él un proceso de producción el cual proporciona productos agrícolas utilizados por los agricultores; su estructura y función son similares a la de los ecosistemas naturales; en los huertos familiares se ha venido desarrollando un proceso de evolución bajo domesticación; almacenan alta variación específica; su tamaño generalmente es pequeño y están localizados en el lugar en donde al agricultor vive; la producción generalmente es consumida en el hogar.

A pesar de reconocerse que en los huertos familiares existe alta diversidad de especies, también es necesario reconocer que dentro de un huerto familiar hay poca variación genética dentro de las especies. Esto refleja necesariamente la condición en cuanto a diversidad genética intraespecífica de

*Los huertos familiares juegan un papel importante en la economía de los agricultores así como en el proceso de conservación de la biodiversidad.*

un bosque tropical natural, en donde el número de especies es grande, pero cada especie está representado por pocos individuos. Sin embargo, si se toma en consideración la totalidad de huertos familiares presentes en una comunidad, se incrementará el número de individuos conservados por especie particular y de igual manera, la diversidad intraespecífica.

Aunque alguna investigación se ha desarrollado en el tema huertos familiares como reservorio de biodiversidad genética, está claro que un programa de investigación en este tópico es necesario, para poder entender el papel de dichos agrosistemas. Además, en muchas regiones de Mesoamérica los huertos familiares están sufriendo un proceso de cambio debido a factores externos como incremento en el tamaño de las poblaciones humanas que requieren más espacio para vivienda, adaptación de nuevas tecnologías por parte de los agricultores y cambio a nuevos tipos de agricultura. Por esta razón, es necesario desarrollar investigación en los siguientes tópicos: un inventario completo de huertos familiares en cada región ecológica y región étnica; inventario de especies presentes; estudios de la estructura del agrosistema; construir una base de datos; estudios del flujo de energía; diseño de un plan de manejo que permita la conservación y uso sustentable de los componentes del sistema. También es recomendable crear un sistema de concientización a los encargados de desarrollar políticas nacionales para que en los programas se incluyan este tipo de estudios y apoyen la utilización y conservación en huertos familiares. Solamente en esta forma estaremos en capacidad de salvaguardar la riqueza de la biodiversidad presente en los huertos familiares para la prosperidad de las generaciones venideras.

*En muchas regiones de Mesoamérica los huertos familiares están sufriendo un proceso de cambio debido a factores externos como incremento en el tamaño de las poblaciones humanas que requieren más espacio para vivienda, adaptación de nuevas tecnologías por parte de los agricultores y cambio a nuevos tipos de agricultura.*

## BIBLIOGRAFÍA

- ALTIERI, M. AND L. MERRICK. 1987. *In situ* conservation of crop genetic resources through maintenance of traditional farming systems. *Economic Botany* 41(1): 86-96.
- ANDERSON, E. 1952. *Plants, man and life*. Berkeley: University of California Press.
- AZURDIA, C. 1981. Estudio de las malezas en Valles Centrales de Oaxaca. Tesis de Maestro en Ciencias. Colegio de Postgraduados, Chapingo, México. 242 p.
- DAMANIA, A.B. 1996. Biodiversity conservation: a review of options complementary to standard *ex situ* methods. *Plant Genetic Resources Newsletter* (107): 1-18.
- LEIVA, J.M; J. LÓPEZ. 1985. Los sistemas agroforestales de la cuenca del río Polochic: composición y características. *Tikalía (Guatemala)* 1 y 2: 47-84.
- LEIVA, J. M. 1998. El Rol de los huertos familiares para la conservación *in situ* en Guatemala. Facultad de Agronomía, USAC. 10 p.
- PAIZ, C.M. 1994. Caracterización de las áreas irrigadas en la cuenca del río Hato, San Agustín Acasaguastlán, El Progreso. Tesis Ing. Agrónomo. Guatemala, Facultad de Agronomía, Universidad de San Carlos de Guatemala. 104 p.
- PÉREZ, E; A. CRUZ. 1994. Los huertos familiares en la zona centro de Veracruz. In: Universidad Autónoma de Chapingo (ed.). *Revista de Geografía Agrícola* (20): 89-107.
- NAIR, P.L. 1993. *An introduction to agroforestry*. Kluwer Academic Publishers/ICRAF. pp 85-97.
- TORQUEBIAU, E. 1994. *An introduction to the concepts of agroforestry*. ICRAF. Nairobi, Kenya. 53 p.

## DIVERSIDAD GENÉTICA DE MANÍ (*Arachis hypogaeae*) EN GUATEMALA: DISTRIBUCIÓN Y EROSIÓN

César Azurdia, David Williams,  
Karen Williams, Waldemar Nufio



### Resumen

El maní es originario de Sur América, sin embargo, se considera que éste ha sido cultivado en el área Mesoamericana desde tiempos prehispánicos, por lo que se espera que las razas locales presentes contenga alta variabilidad genética. Se inició el proyecto tendiente a generar un modelo en base a SIG para determinar la distribución, riqueza y riesgo de erosión genética de maní en Guatemala. El mapa preliminar elaborado en el CIAT fue probado a nivel de campo, mediante la realización de una gira de prospección y recolección. Se muestreó el oriente, centro, sur y occidente de Guatemala, recolectándose un total de 33 accesiones pertenecientes a las seis variedades botánicas de *Arachis hypogaeae*, haciéndose notorio la presencia de la var. *hirsuta*, reportada únicamente para algunas localidades de México. Los resultados obtenidos confirman que especies introducidas en tiempos ancestrales han generado variabilidad genética considerable, la cual en los tiempos actuales está sometida a erosión genética. Éste es el primer reporte que muestra una visión de la variabilidad genética de maní en Guatemala.

Palabras claves: Maní, diversidad genética, SIG, erosión genética, raza local.

### Genetic Diversity of Peanut (*Arachis hypogaeae*) in Guatemala: Distribution and Variability

#### Summary

The peanut is native to South America, however, it is generally recognized that it was introduced to Mesoamerica in prehistoric

times. As a result, we expected to find genetic diversity in this area. A GIS project was started to determine the distribution of genetic diversity, richness and risk of genetic erosion in the peanut germplasm of Guatemala, and the preliminary map done at CIAT GIS laboratory was proven in the field. A field exploration and recollection of germplasm was pursued in the East, South, Central, and West of Guatemala, as a result a total of 33 accessions belonging to the six botanical peanut varieties were obtained. It is important to highlight the presence of var. *hirsuta*, a taxon so far present only in Mexico. These results showed that prehispanic introduced species have generated genetic diversity, these will be conserved due to the presence of erosion genetic risks. This is the first report which shows a general view of the genetic variability of the peanut in Guatemala.

Key words: Peanut, genetic variability, GIS, genetic erosion, landrace.

## INTRODUCCIÓN

A través de incontables generaciones, las variedades antiguas de los agricultores (landraces) han sido seleccionadas en función de sus características específicas por agricultores que desarrollan agricultura tradicional. Como resultado de esta prolongada selección, las razas locales obtenidas están altamente adaptadas a condiciones climáticas locales, suelos, enfermedades, plagas, prácticas culturales y usos. La gran variabilidad intraespecífica presente en las razas locales representa una fuente amplia de diversidad genética dentro del acervo génico primario del cultivo. Para obtener la máxima diversidad genética en las razas locales se requiere hacer muestreos en regiones habitadas por diferentes grupos étnicos y localizadas en diferentes zonas agro-ecológicas. La colección tiene más valor cuando se obtiene el material directamente a partir de las poblaciones humanas que los han estado manejando por largo tiempo, de tal manera que información adicional como condiciones locales de crecimiento, enfermedades, usos

*La gran variabilidad intraespecífica presente en las razas locales representa una fuente amplia de diversidad genética dentro del acervo génico primario del cultivo.*

del cultivo, etc., pueden obtenerse a partir de fuentes primarias.

La sobrevivencia de las razas locales en su ambiente nativo es a menudo afectada por factores de tipo social, económico y ambiental, lo cual puede producir el desplazamiento de razas locales por cultivos modernos, aculturación y desplazamiento de la población nativa y degradación ambiental. El resultado de esta pérdida de diversidad genética es conocida como "erosión genética". Los recursos genéticos en peligro de erosión genética deben ser tomados especialmente en cuenta para su conservación.

El maní es originario de Sur América, sin embargo, se considera que ha sido cultivado en el área mesoamericana desde tiempos prehispánicos, razón por la cual se espera que las razas locales presentes en dicha área puedan tener alta diversidad genética. Algunos estudios realizados en el área mexicana así lo demuestran [Williams, 1994]. Por lo tanto, se espera que en Guatemala, en donde no se ha hecho ningún tipo de estudio con cobertura nacional, se presente diversidad genética de este cultivo, que de una u otra manera está sometida a erosión genética y que necesita ser protegida y utilizada.

El presente documento contiene los resultados obtenidos en la exploración y recolección de maní desarrollada durante la segunda quincena de noviembre y primera semana de diciembre de 1997 en la región occidental, sur y oriental del país. Se contó con el apoyo del Departamento de Agricultura de Estados Unidos (USDA) y del Instituto Internacional de Recursos Fitogenéticos (IPGRI).

*El maní es originario de Sur América, sin embargo, se considera que ha sido cultivado en el área mesoamericana desde tiempos prehispánicos.*

## MARCO REFERENCIAL

*Existe la posibilidad que por lo menos una de las especies progenie viva todavía en el sur este de Bolivia o lugares adyacentes a Brasil o Paraguay.*

El maní cultivado es un anfídiploide de ancestros aún no definidos [Krapovickas y Gregory, 1994]. Se ha propuesto como antecesoros posibles del maní a las especies diploides *A. cardenasii* y a *A. batizocoi* [Gregory y Gregory, 1976]. Sin embargo, Fernández y Krapovickas [1994] mencionan que los que tienen mejores posibilidades de ser los progenitores son *A. duranensis* y *A. ipaensis* distribuidos en el nor oeste de Argentina y al sur este de Bolivia. Existe la posibilidad que por lo menos una de las especies progenie viva todavía en el sur este de Bolivia o lugares adyacentes a Brasil o Paraguay.

El maní cultivado está constituido por dos subespecies, *hypogaeae* y *fastigiata*. La subespecie *hypogaeae* tiene dos variedades botánicas, var. *hypogaeae* tipificada por el maní tipo Virginia y la var. *hirsuta*, representada por el tipo rastrero peruano. Por otro lado, la subespecie *fastigiata* tiene cuatro variedades botánicas. La variedad *fastigiata* (tipo Valencia), variedad *peruviana* (tipo Valencia Peruviana), variedad *aequatoriana* (tipo Zaruma) y la variedad *vulgaris* (tipo Español).

Los materiales genéticos pertenecientes a la subespecie *hypogaeae* se caracterizan por ser de ciclo de vida largo, hábito rastrero, tallo principal estéril, clavos débiles y sus semillas presentan dormancia. A su vez, los materiales genéticos típicos de la variedad *fastigiata* son de corta vida, hábito erecto, tallo principal con presencia de flores, clavos fuertes y no presentan dormancia sus semillas.

El maní es un cultivo introducido a Mesoamérica en época precolombina proveniente directa o indirectamente de Sur América tal como lo fue el chile

habanero (*Capsicum chinensis*), el chile de caballo (*Capsicum pubescens*), el chilacayote (*Cucurbita ficifolia*) y el tzol (*Cucurbita maxima*). Se considera que siguió la ruta Sur América, Antillas y Mesoamérica, aunque no se descarta la posibilidad de que haya sido introducido vía terrestre a todo lo largo de Centroamérica. Durante el desarrollo del proyecto arqueobotánico de Tehuacán en los años sesenta fueron descubiertos restos prehistóricos de maní [Smith, 1967]. Estos restos son de maní totalmente domesticado, pertenecientes a las etapas Venta Salada y Palo Blanco, correspondientes a un periodo que comenzó alrededor de 200 años antes de Cristo. Por lo tanto, los materiales genéticos introducidos desde tiempos prehispánicos han sufrido un largo proceso de manipulación por parte de los agricultores mesoamericanos, razón por la cual, se considera que en dicha región existe variabilidad genética diferente a la presente en Sur América.

*Los materiales genéticos introducidos desde tiempos prehispánicos han sufrido un largo proceso de manipulación por parte de los agricultores mesoamericanos.*

## METODOLOGÍA

Con la información contenida en el último censo agrícola nacional se elaboró un mapa de Guatemala en el que se mostraba la distribución e importancia del cultivo del maní en el país. Esta información es la base inicial requerida para conocer la distribución y cantidad de diversidad genética en Guatemala, utilizando un modelo de SIG, el cual está siendo desarrollado en colaboración con el IPGRI en el laboratorio del CIAT, utilizando ARC-VIEW (un sistema de información geográfico, SIG).

Tomando como base el mapa mencionado, se planificó una gira de exploración y recolección durante

**Cuadro 1**  
**DATOS DE PASAPORTE MÁS IMPORTANTES DE LAS**  
**ACCESIONES DE MANÍ (*Arachis hypogaeae*), GUATEMALA, 1997**

Acc. No.	Localidad	Coordenadas		
		Latitud Oeste	Longitud Norte	Altitud (msnm)
1400	Cuatro Caminos, Santa Ana Huista, Huehuetenango	15°42'44.5	91°53'04.2	762
1401	La Laguna, Jacaltenango, Huehuetenango	15°45'58.9	91°50'53.2	765
1402	La Laguna, Jacaltenango, Huehuetenango	15°46'01.5	91°50'57.3	767
1403	La Laguna, Jacaltenango, Huehuetenango	15°46'01.5	91°50'57.3	767
1405	La Laguna, Jacaltenango, Huehuetenango	15°46'01.5	91°50'57.3	767
1406	La Laguna, Jacaltenango, Huehuetenango	15°46'01.5	91°50'57.3	767
1407	Buxup, Jacaltenango, Huehuetenango	15°42'35.4	91°48'49.3	932
1408	Buxup, Jacaltenango, Huehuetenango	15°42'35.4	91°48'49.3	932
1409	Buxup, Jacaltenango, Huehuetenango	15°42'35.4	91°48'49.3	932
1410	Chejoj, Cuilco, Huehuetenango	15°24'24.4	91°52'34.8	1283
1411	Chejoj, Cuilco, Huehuetenango	15°24'24.4	91°52'34.8	1283
1412	Malacatán, San Marcos	14°54'37.6	92°03'20.6	500
1413	Malacatán, San Marcos	14°54'37.6	92°03'20.6	500
1415	Flores Costa Cuca, Quetzaltenango	14°38'17.4	91°50'11.6	525
1417	Chacalté Sis, Cuyotenango, Suchitepéquez	14°31'24.3	91°34'55.7	380
1419	Samayac, Suchitepéquez	14°34'45.4	91°27'41.7	710
1420	Samayac, Suchitepéquez	14°34'45.4	91°27'41.7	710
1421	El Arisco, Tiquisate, Escuintla	14°17'26.9	91°25'49.3	155
1422	San Lorenzo El Cubo, Sacatepéquez	14°32'14.5	90°46'18.2	1572
1424	Ciudad Vieja, Sacatepéquez	14°31'23.8	90°45'53.2	1540
1425a	San Miguel Chicaj, Baja Verapaz	15°05'40.3	90°23'33.7	985
1425b	San Miguel Chicaj, Baja Verapaz	15°05'40.3	90°23'33.7	985
1426	San Miguel Chicaj, Baja Verapaz	15°05'40.3	90°23'33.7	985
1427	San Miguel Chicaj, Baja Verapaz	15°05'40.3	90°23'33.7	985
1428	Xororagua, Chiquimula, Chiquimula	14°46'12.2	89°34'24.5	600
1431	San Juan, Asunción Mita, Jutiapa	14°19'42.5	89°44'06.5	610
1432	Valle Nuevo, Asunción Mita, Jutiapa	14°17'16.0	89°42'38.6	590
1433	Valle Nuevo, Asunción Mita, Jutiapa	14°17'16.0	89°42'38.6	590
1434	Valle Nuevo, Asunción Mita, Jutiapa	14°17'16.0	89°42'38.6	590
1435	Las Trojes, Amatitlán, Guatemala	14°29'45.0	90°38'49.4	1392
1436	Las Trojes, Amatitlán, Guatemala	14°29'45.0	90°38'49.4	1392
1437	Las Trojes, Amatitlán, Guatemala	14°29'45.0	90°38'49.4	1392
1438	Las Trojes, Amatitlán, Guatemala	14°29'45.0	90°38'49.4	1392

las dos últimas semanas de noviembre y la primera de diciembre de 1997 a la región occidental, sur, oriental y nor este del país. El resto del país se explorará al final de 1999. En cada localidad se tomaron muestras de una a dos libras de semilla (incluida la cáscara), se tomaron fotografías de cada accesión y se llenó una boleta en la que se reportan los principales datos de pasaporte y aspectos etnobotánicos. El material genético recolectado fue dividido en tres partes iguales, las cuales fueron enviadas al USDA, al Dr. Krapovickas y la otra se ha depositado en el banco de germoplasma de la Facultad de Agronomía para futuros ensayos de caracterización, así como para conservación.

## RESULTADOS Y DISCUSIÓN

Se colectaron un total de 33 accesiones de material cultivado por los agricultores guatemaltecos, las cuales forman la base de una colección nacional de maní guatemalteco. Las colectas incluyen materiales de reciente introducción así como antiguos, materiales mejorados y criollos, incluyendo por lo menos un ejemplo de cada una de las seis variedades botánicas de *A. hypogaeae* (cuadros 1 y 2). Resulta interesante mencionar que se encontró dentro de las accesiones la variedad *hirsuta*, aparentemente introducida muy tempranamente, y las variedades *peruviana* y *aequatoriana*, evidentemente introducidas en años recientes por organizaciones no gubernamentales u organizaciones internacionales trabajando con los pueblos indígenas retornados de México, quienes recientemente están ocupando nuevamente sus tierras.

Se supone que al momento del arribo de los

*Se encontró dentro de las accesiones la variedad hirsuta, aparentemente introducida muy tempranamente, y las variedades peruviana y aequatoriana.*

**Cuadro 2**  
**DETERMINACIÓN PRELIMINAR DE LAS RECOLECCIONES**  
**DE MANÍ (*Arachis hypogaeae*) REALIZADAS EN GUATEMALA, 1997**

Área e identificación	Especie	Nombre vulgar
<b>Huista, Huehuetenango</b>		
WWA-1400	<i>A. hypogaeae hypogaeae hypogaeae</i>	Manía Wash
WWA-1401	<i>A. hypogaeae fastigiata aequatoriana</i>	Manía gringa
WWA-1402	<i>A. hypogaeae fastigiata peruviana</i>	Capullo
WWA-1403	<i>A. hypogaeae hypogaeae hypogaeae</i>	Manía criolla
WWA-1405	<i>A. hypogaeae fastigiata peruviana</i>	Capullo
WWA-1406	<i>A. hypogaeae fastigiata vulgaris</i>	Manía china
WWA-1407	<i>A. hypogaeae fastigiata fastigiata</i>	Manía jamaica
WWA-1408	<i>A. hypogaeae fastigiata peruviana</i>	Manía amarilla
WWA-1409	<i>A. hypogaeae fastigiata peruviana</i>	Capullo
<b>Cuilco, Huehuetenango</b>		
WWA-1410	<i>A. hypogaeae hypogaeae hypogaeae</i>	Cobán, extranjera
WWA-1411	<i>A. hypogaeae hypogaeae hirsuta</i>	Manía criolla
WWA-1412	<i>A. hypogaeae hypogaeae vulgaris</i>	China, Cuilca
<b>Nicá, San Marcos</b>		
WWA-1413	<i>A. hypogaeae hypogaeae hypogaeae</i>	Grande, Charola
<b>Costa Cuca, Quetzaltenango</b>		
WWA-1415	<i>A. hypogaeae hypogaeae hypogaeae</i>	Manía criolla
<b>La Máquina, Suchitepéquez</b>		
WWA-1417	<i>A. hypogaeae hypogaeae vulgaris</i>	Manía china
WWA-1419	<i>A. hypogaeae hypogaeae hypogaeae</i>	Olmeca
WWA-1420	<i>A. hypogaeae hypogaeae hypogaeae</i>	Virginia de Chiquimula
<b>Tiquisate, Escuintla</b>		
WWA-1421	<i>A. hypogaeae fastigiata vulgaris</i>	Breve, China
<b>Ciudad Vieja, Sacatepéquez</b>		
WWA-1422	<i>A. hypogaeae hypogaeae hypogaeae</i>	Criolla
WWA-1424	<i>A. hypogaeae hypogaeae hypogaeae</i>	Criolla
<b>San Miguel Chicaj, Baja Verapaz</b>		
WWA-1425a	<i>A. hypogaeae hypogaeae hypogaeae</i>	Manía grande
WWA-1425b	<i>A. hypogaeae hypogaeae hypogaeae</i>	Manía grande
WWA-1426	<i>A. hypogaeae hypogaeae hypogaeae</i>	De tres pepitas
WWA-1427	<i>A. hypogaeae fastigiata fastigiata</i>	Chocolate

continúa cuadro 1

Área e identificación	Especie	Nombre vulgar
Chiquimula WWA-1428	<i>A. hypogaeae hypogaeae hypogaeae</i>	Criolla
Asunción Mita, Jutiapa WWA-1431	<i>A. hypogaeae hypogaeae hypogaeae</i>	Manía
WWA-1432	<i>A. hypogaeae hypogaeae hypogaeae</i>	Manía lerdá
WWA-1433	<i>A. hypogaeae hypogaeae hypogaeae</i>	Manía lerdá
WWA-1434	<i>A. hypogaeae hypogaeae hypogaeae</i>	Nicaragüense
Amatitlán, Guatemala WWA-1435	<i>A. hypogaeae hypogaeae hypogaeae</i>	Manía rosada
WWA-1436	<i>A. hypogaeae hypogaeae hypogaeae</i>	Manía morada
WWA-1437	<i>A. hypogaeae fastigiata fastigiata</i>	Manía de aceite
WWA-1438	<i>A. hypogaeae hypogaeae hypogaeae</i>	Grande, blanca

españoles a Mesoamérica, el maní ya estaba presente, sin embargo, aparentemente no era un cultivo de importancia alimenticia ya que no es mencionado por los códices producidos en tiempos de la conquista. Es hasta el siglo XVI cuando Francisco Hernández [1790] menciona que él encontró en México maníes introducidos de Haití por los españoles. Al respecto, Krapovickas [1968] menciona que si la introducción provino de Haití, estos materiales deberían de ser del tipo Virginia, el cual era el cultivado en Las Antillas en aquellos tiempos. Para el caso de Guatemala, los resultados obtenidos (cuadro 3) indican coincidentemente que los materiales llamados criollos, es decir, los reconocidos por los agricultores como los más antiguos, son del tipo Virginia con dos semillas. Los mejores ejemplos son los encontrados en Costa Cuca, Quetzaltenango; San Miguel Chicaj, Baja Verapaz; Amatitlán, Guatemala; Chiquimula, Chiquimula. Otra accesión interesante fue la encon-

**Cuadro 3**  
**CARACTERÍSTICAS MÁS IMPORTANTES DE LAS ACCESIONES**  
**DE MANÍ (*Arachis hypogaeae*) RECOLECTADAS EN GUATEMALA. 1997**

# acc.	# semillas por fruto/ color	Tipo de planta	Periodo de cultivo (meses)	Tiempo de introducción	Otras características
1400	2 canela	arbustiva	3	5 años	Sabor excelente
1401	4-5 púrpura	arbustiva	4	3-4 años	Resistente a roya
1402	2-3 canela	erecta	—	3 años	Resistente a roya
1403	2 canela	rastrera	3 1/2-4	variedad criolla	Difícil de cosechar
1405	3 púrpura	—	4	muy reciente	—
1406	2 rosada	erecta	2 1/2-3	—	Germinación en el fruto
1407	4 rojas	—	—	Reciente	Resistente enfermedades
1408	3 canela	—	—	2-3 años	—
1409	2-3 púrpura	—	—	Reciente	Introducida por NGO
1410	2-3 café	rastrera	4-5	3	Comprada en Jacalt.
1411	2-3 púrpura	rastrera	5	variedad criolla	Planta y clavo púrpura
1412	2-3 rosada	—	—	—	—
1413	2-3 canela	—	—	—	Tipo Virginia
1415	2 canela	rastrera	4	variedad criolla	Siendo reemplazada
1417	2 rosada	arbustiva	3	5 años	—
1419	2 café	—	—	—	Semilla aceitosa
1420	2 rosada	—	—	—	—
1421	2 canela	erecta	3	5 años	Fruto pequeño
1422	2 rosada	rastrera	6	variedad criolla	—
1424	2 rosada	—	6	variedad criolla	Tipo Virginia
1425a	2 rojas	rastrera	4	variedad criolla	Para producción aceite
1425b	2 rosadas	rastrera	4	variedad criolla	Para producción aceite
1426	2-3 canela	rastrera	4	variedad criolla	Tipo Virginia
1427	3-4 rojas	erecta	3	variedad criolla	Siendo reemplazada
1428	2 canela	rastrera	4	variedad criolla	Tipo Virginia
1431	2 canela	rastrera	3	15 años	Tipo Virginia
1432	2 canela	rastrera	3 1/2	variedad criolla	Tipo Virginia
1433	2 rojas	rastrera	3 1/2	10 años	Traída de la Máquina
1434	2-4 rojas	erecta	2 1/2	20 años	Tipo Valencia
1435	2 café	rastrera	6	variedad criolla	Tipo Virginia
1436	2 púrpura	—	6	variedad criolla	—
1437	3-4 rojas	rastrera	3	variedad criolla	Siendo reemplazada
1438	2-3 rosada	rastrera	6	variedad criolla	—

trada en Checoj, Cuilco (accesión # 1411), perteneciente al taxón *A. hypogaeae hypogaeae* var. *hirsuta*, la cual según los agricultores de la región es una variedad antigua. Antes de este hallazgo, materiales genéticos de este taxón habían sido reportados para Mesoamérica, únicamente en México [Williams, 1994] y Perú, de donde es originario. Este material genético para el caso de México tiene la desventaja que los clavos son largos y débiles, por lo que la cosecha tiene que ser manual, su producción es baja comparada con variedades mejoradas y es tardía (6 meses). Para el caso del material presente en Checoj se reporta un ciclo de vida de por lo menos cinco meses. Estas características negativas posiblemente son la razón del porqué este material está poco distribuido en Guatemala, con tendencia a desaparecer.

El maní en Guatemala se encuentra distribuido en regiones pertenecientes a tres zonas de vida, la región de menor altitud sobre el nivel del mar (bosque muy húmedo subtropical cálido) ubicada en la costa sur; la región de altitud intermedia (bosque húmedo subtropical templado) que es el área en donde más se produce maní; y la parte más alta, correspondiente al bosque muy húmedo montano bajo en los alrededores de la Antigua Guatemala.

Es notorio que la mayor diversidad de maní se encuentra en el departamento de Huehuetenango (cuadro 2), ya que los materiales genéticos presentes en dicha área pertenecen en conjunto a las seis variedades de *A. hypogaeae* conocidas. Esto se debe a que en dicha área se encuentran cultivados algunos materiales antiguos (caso de la variedad *hirsuta*), así como otros materiales no presentes en las otras regiones de Guatemala, recién introducidos, los cuales están desplazando a los primeros. En Buxup, Jacalte-

*La mayor diversidad de maní se encuentra en el departamento de Huehuetenango.*

nango por ejemplo, los agricultores mencionan que algunas variedades antiguas ya no se utilizan. El material genético conocido con el nombre común de "manía de gringo" (*A. hypogaeae fastigiata* var. *aequatoriana*) según los agricultores es fácil de cosechar y además es resistente a la roya. Otro material de reciente introducción es la llamada "manía wash" la que alcanza el mejor precio en el mercado debido a que tiene el mejor sabor. Posiblemente la diversidad presente en este departamento se debe en parte a que las comunidades humanas tienen contacto directo con las comunidades mexicanas, intercambiando materiales genéticos de los diferentes cultivos del área, así como por tener dichas comunidades alta diversidad etnolingüística. Similares resultados se han obtenido al estudiar la diversidad genética de maíz en dicho departamento, lo cual, como era de esperarse es la más alta en el país [FAO, 1998].

En la costa sur de Guatemala, el cultivo de maní es menos importante como lo fue algunos años atrás, debido a que en esta región se siembran cultivos con mayor valor comercial como caña de azúcar, hule, algodón, soya. Sin embargo, en pequeños parcelamientos se puede observar algunas áreas aún con presencia de maní. De acuerdo con el cuadro 2, las accesiones pertenecen básicamente a la variedad botánica *hypogaeae* del tipo Virginia (accesiones del # 1413 al 1421).

La región de Guatemala más productora de maní está ubicada en el departamento de Chiquimula. En este sentido, no es de extrañar que en el área se siembre exclusivamente un material genético tipo Virginia (conocido como shusho en la región), el cual ha sido cultivado desde tiempos ancestrales. Dada la importancia del cultivo en la región, el Centro

*La diversidad presente en este departamento se debe en parte a que las comunidades humanas tienen contacto directo con las comunidades mexicanas, intercambiando materiales genéticos de los diferentes cultivos del área.*

Universitario de oriente ha principiado a desarrollar un programa de investigación en maní, en el cual se están probando materiales mejorados introducidos de la Universidad de Carolina del Norte y del ICRISAT.

El área de Baja Verapaz ha sido tradicionalmente una área productora de maní, en donde a la fecha se pueden encontrar materiales genéticos tradicionales del tipo Virginia, lo que sugiere la antigüedad del cultivo en la región. Se mencionó por parte de los agricultores que en el área de San Miguel Chicaj algunos materiales genéticos han ido desapareciendo, tal el caso de un tipo de maní llamado "país", el cual ya no fue posible encontrarlo en la región. Igual suerte está corriendo la accesión # 1427, material tipo Valencia, el cual ya es bastante raro en el área.

En Asunción Mita, Jutiapa, los materiales genéticos presentes son variedades locales del tipo Virginia, a excepción del material identificado con el número 1434, el cual es tipo Valencia, muy similar al material identificado con el número 1407 presente en Buxup, Jacaltenango. En esta región no se reportan materiales genéticos mejorados de introducción reciente, sin embargo, los agricultores se muestran receptivos al uso de los mismos.

En la región de Amatitlán el maní ha sido un cultivo importante debido a que el mismo es empleado en la elaboración de dulces típicos, los cuales son comercializados en el área turística del lago de Amatitlán. Sin embargo, de acuerdo con los informantes de la localidad, el área de siembra se ha ido restringiendo, a tal grado que ya no se siembra en las planicies que rodean al lago, sino que solamente en las partes más altas como es la localidad de Las Trojes. En dicha área todavía se cultivan variedades

*En el área de San Miguel Chicaj algunos materiales genéticos han ido desapareciendo, tal el caso de un tipo de maní llamado "país", el cual ya no fue posible encontrarlo en la región.*

tradicionales del tipo Virginia y una del tipo Valencia, la cual está siendo abandonada debido a que su semilla es muy pequeña y su producción es baja. Este último material genético es denominado "manía de aceite" debido al alto contenido del mismo en la semilla, siendo un material genético muy similar al presente en Buxup, denominado "manía jamaica". La accesión número 1436 tiene semillas con testa color negro, siendo el único ejemplar que se ha encontrado a la fecha en el país con estas características.

*En el departamento de Izabal se exploró una buena área del mismo sin obtenerse ninguna accesión a pesar que en años anteriores se reportaba el cultivo del maní en algunas áreas pequeñas.*

En el departamento de Izabal se exploró una buena área del mismo sin obtenerse ninguna accesión a pesar que en años anteriores se reportaba el cultivo del maní en algunas áreas pequeñas. La búsqueda se concentró con mayor énfasis en la localidad de Livingston, comunidad garífuna ubicada en la orilla del mar Caribe y cuyo origen está ligado a las comunidades antillanas. La exploración en dicha región tiene su base en que se considera que la palabra maní proviene del arawako, palabra escuchada por los españoles que acompañaban a Colón cuando primeramente conocieron este cultivo en Las Antillas en 1492 [Williams, 1994]. Por lo tanto, es de suponer que debido al origen de la población garífuna, podrían encontrarse en Livingston materiales antiguos de maní. Sin embargo, los garífunas actuales se dedican muy poco a la agricultura, por lo que no fue posible encontrar ningún tipo de maní. Los entrevistados no reconocieron la presencia de dicho cultivo en el área aun en tiempos pasados.

Los resultados obtenidos confirman que especies introducidas en tiempos ancestrales han generado variabilidad genética, por lo tanto, no se puede dejar por un lado el estudio de especies introducidas y

enfatar únicamente en plantas cuyo centro de origen y diversidad es Guatemala. Es evidente que el cultivo del maní actualmente no es de mucha importancia económica en Guatemala, siendo desarrollado por agricultores tradicionales que han conservado de alguna manera sus materiales criollos. Sin embargo, la introducción de materiales genéticos mejorados está afectando la presencia de los materiales antiguos. En este sentido, el esfuerzo realizado durante esta primera gira de exploración y recolección tuvo su recompensa, ya que se tiene por primera vez una visión de la variabilidad genética presente en Guatemala así como material reproductivo que será almacenado convenientemente y también caracterizado a nivel de campo para estudiarlo con más detalle. En una segunda fase se realizará una segunda gira de exploración y colecta a la región norte del país, de tal manera que al final de la misma se tenga establecida la colección nacional de maní guatemalteco. Similarmente, a corto plazo se establecerá el primer ensayo de caracterización morfoagronómica de los materiales genéticos disponibles.

*El esfuerzo realizado durante esta primera gira de exploración y recolección tuvo su recompensa, ya que se tiene por primera vez una visión de la variabilidad genética presente en Guatemala.*

## BIBLIOGRAFÍA

- FAO. 1998. El papel de la mujer en la conservación de los recursos genéticos del maíz. FAO/Proyecto GCP/GUA/007/NET. 39 pp.
- FERNÁNDEZ, A; A. KRAPOVICKAS. 1994. Cromosomas y evolución en *Arachis* (Leguminosae). Bonplandia 8: 187-220.
- GREGORY, W.; M. GREGORY. 1976. Groundnut. In: N.W. Simmonds (ed.), Evolution of crop plants. Longman Group Ltd. London. 151-154.

- HERNÁNDEZ, F. 1790. De historia plantarum novae hispaniae. Operacum edita, tum inedita. C.G. Ortega, Madrid.
- KRAPOVICKAS, A. 1968. Origen, variabilidad y difusión del maní (*Arachis hypogaeae*). Actas y memorias XXXVII Congreso Internacional de Americanistas 2: 517-534.
- KRAPOVICKAS, A. A.; W.C. GREGORY. 1994. Taxonomía del género *Arachis* (Leguminosae). Bonplandia 8(1-4): 1-186.
- SMITH, J., C.E. 1967. Plant remains. en D. S. Byers (ed.). The Prehistory of the Tehuacan Valley, Vol. 1 University of Texas Press, Austin, Texas, USA. 220-255.
- WILLIAMS, D. 1994. Exploración etnobotánica para recursos fitogenéticos de cacahuete en México. En: Memorias del 1er. Simposium Internacional sobre etnobotánica en Mesoamérica "Efraim Hernández X.; J.A. Cuevas; E. Estrada y E. Cedillo (eds.). Universidad Autónoma Chapingo, México. 137-147.
- WILLIAMS, D. 1996. Aboriginal farming system provides clues to peanut evolution. In: B. Peickersgill and J.M. Lock (eds.). Advances in Legume Systematics 8: Legume of Economic importance, Royal Botanic Gardens, Kew. 11-17.

## LAS CUCURBITAS DE GUATEMALA

César Azurdia



### Resumen

*Cucurbita* en Guatemala comprende cuatro especies cultivadas (*C. moschata*, *C. pepo*, *C. ficifolia* y *C. argyrosperma*) y dos especies silvestres (*C. lundelliana* y *C. sororia*). Las diferentes formas en las que los frutos de *Cucurbita* son consumidos por la gente reflejan la profunda relación existente entre la cultura y las plantas. Las accesiones estudiadas mostraron que *Cucurbita* tiene alta diversidad genética tanto en lo referente a características morfológicas de la planta como a contenido nutricional del mesocarpio y de la semilla. Por ejemplo, para el ayote (*C. moschata*) el contenido de proteína en la semilla varió de 26.0 a 40.4 % y de 36.0 a 40.4 % en pepitoria (*C. argyrosperma*); el contenido de aceite en la semilla varió de 45.1 a 56.9% y 48.6 a 57.8 % en *C. moschata* y *C. argyrosperma* respectivamente. Esta información puede ser utilizada en el desarrollo de un programa de mejoramiento que beneficie tanto a la agricultura nacional como mundial.

Palabras clave: *Cucurbita*, diversidad genética, caracterización morfológica, composición nutricional.

### The Cucurbits of Guatemala

#### Summary

*Cucurbita* in Guatemala comprises four cultivated species (*C. moschata*, *C. pepo*, *C. ficifolia*, and *C. argyrosperma*) and two wild species (*C. lundelliana* and *C. sororia*). The different ways in which people use the fruits reflects the deep relationship between culture and plants. The studied germplasm accessions showed that *Cucurbita* has high genetic diversity in both morphological characteristics

and nutritional value of the mesocarp and seeds. For instance, in ayote (*C. moschata*), seed protein content range from 26.0 to 40.4% and from 36.0 to 40.4% in pepitoria (*C. argyrosperma*). The oil content in the seeds ranged from 45.1 to 56.9% and 48.6 to 57.8% in *C. moschata* and *C. argyrosperma*, respectively. This information could be used as basic information previous to pursuing a breeding program that will be useful for both national and international agriculture.

Key words: Cucurbita, genetic diversity, morphologic characterization, nutritional composition.

## INTRODUCCIÓN

Mesoamérica es considerada uno de los lugares más importantes de origen y diversidad de plantas cultivadas. Guatemala como parte de la región mesoamericana tiene diferentes clases de plantas usadas como alimento, forraje y fuente de aceite. Las especies de cucurbita están ampliamente distribuidas en el país, en donde han sido cultivadas en forma tradicional como parte del sistema frijol-maíz-cucurbita. Cuatro especies cultivadas, *C. moschata*, *C. pepo*, *C. ficifolia* y *C. argyrosperma*, y dos especies en estado silvestre, *C. lundelliana* y *C. sororia* están presentes en Guatemala. La variabilidad genética de este germoplasma es mencionada por Bailey [1929], Bukasov [1930], Whitaker y Davis [1962], IBPGR [1983], y Nee [1990]. Sin embargo, un estudio detallado de las cucurbitas de Guatemala no había sido desarrollado hasta 1981 cuando el Programa de Recursos Genéticos de la Facultad de Agronomía de la Universidad de San Carlos (FAUSAC) inició estudios con germoplasma de especies nativas de Guatemala. Los objetivos de la investigación fueron: coleccionar el germoplasma presente en el país; conocer acerca del contenido nutricional del mesocarpio y de la semilla; evaluar algunas características agronómicas en los materiales genéti-

*Un estudio detallado de las cucurbitas de Guatemala no había sido desarrollado hasta 1981.*

cos considerados como relevantes. Este reporte provee un resumen sobre la información acerca de la variabilidad genética en las especies cultivadas en Guatemala. Información más detallada se puede obtener en las fuentes bibliográficas primarias.

## ANTECEDENTES

*Cucurbita* es un género del nuevo mundo conteniendo cerca de 26 especies, de las cuales solamente cinco son cultivadas [IBPGR, 1983]. Todas las especies contienen 20 cromosomas pequeños en forma de rodo y se cree que las especies cultivadas son poliploides secundarios con una base numérica de  $X=10$ . Además, hay dos clases de genomas, uno constituido por *C. argyrosperma*, *C. moschata*, *C. pepo* y *C. maxima* y el otro por *C. ficifolia*. Las especies cultivadas se pueden cruzar libremente entre ellas aunque generalmente producen híbridos parcial o totalmente estériles. Las especies silvestres forman un grupo de plantas xerofíticas y mesofíticas y se cree que el grupo mesofítico es más primitivo a partir del cual el grupo xerofítico evolucionó [Singh, 1990].

Evidencia arqueológica, geográfica, lingüística y cultural indica que *Cucurbita* es nativa de Sur y Norte América. *C. moschata* y *C. argyrosperma* evolucionaron en la parte central de México hasta la región de Centroamérica, *C. pepo* en el sur de Estados Unidos y norte de México. Por otro lado, *C. ficifolia* aún no tiene asignada región de origen y evolución debido a que no existe evidencia alguna. La única especie que evolucionó en Sur América es *C. maxima*, en donde en la actualidad se puede encontrar su máxima diversidad genética. Algunas

*Evidencia arqueológica, geográfica, lingüística y cultural indica que Cucurbita es nativa de Sur y Norte América.*

Se cree que México es la región en donde las tres especies fueron domesticadas debido a que adicionalmente a los factores lingüísticos, arqueológicos y culturales que evidencian lo anterior, en este país existe el 80% de las especies silvestres.

de las especies cultivadas son simpátricas con las especies silvestres a partir de las cuales se supone que evolucionaron. Por ejemplo, *C. pepo* está relacionada con *C. texana* (distribuida en Estados Unidos) y *C. fraterna* (encontrada en México), *C. argyrosperma* y la silvestre *C. sororia*, *C. maxima* y su relacionada *C. andreana*. En general se cree que México es la región en donde las tres especies fueron domesticadas debido a que adicionalmente a los factores lingüísticos, arqueológicos y culturales que evidencian lo anterior, en este país existe el 80% de las especies silvestres.

## DISTRIBUCIÓN GEOGRÁFICA EN GUATEMALA

Información detallada de la distribución de las especies de *Cucurbita* en Guatemala ha sido mostrada por Azurdia y Gonzales [1986]. El chilacayote (*C. ficifolia*) y el güicoy (*C. pepo*) están presentes en el altiplano central y occidental en localidades que van desde los 1,400 msnm a 2,600 msnm. El ayote (*C. moschata*) es el de más amplia distribución y es cultivado en áreas ya sea con clima cálido seco o cálido húmedo localizadas en altitudes que van desde el nivel del mar hasta los 1,600 msnm. La pepitoria (*C. argyrosperma*) es cultivada en el norte y sur del país en áreas con altitudes comprendidas de 0 a 1,500 msnm.

Las especies silvestres crecen como ruderales o poblaciones silvestres en localidades con clima cálido húmedo y cálido seco en el norte y sur del país en altitudes que van desde 0 a 500 msnm. Es interesante anotar que las especies cultivadas *C.*

*moschata* y *C. argyrosperma* se traslapan en su distribución con las especies silvestres, mientras que *C. pepo* y *C. ficifolia* no lo hacen. Esta información es valiosa cuando se hacen estudios de relaciones filogenéticas entre plantas cultivadas y especies silvestres.

## ETNOBOTÁNICA

Es reconocido que la cultura maya que floreció en Guatemala antes del arribo de los conquistadores europeos cultivaron maíz, frijol y calabazas. El estudio de los diferentes nombres vernáculos que las cucurbitas reciben en Guatemala da una pista para entender y reconfirmar el hecho que estas

**Cuadro 1**  
**NOMBRES COMUNES DE LAS**  
**DIFERENTES CUCURBITAS PRESENTES EN GUATEMALA**

Especie	Nombre común	Lengua nativa
<i>C. ficifolia</i>	chilacayote	q'eqchi', kaqchikel
	oc	tz'utujil, k'iche'
<i>C. moschata</i>	ayote	kaqchikel
	cum	k'iche', q'eqchi'
<i>C. pepo</i>	güicoy	kaqchikel, poqomam
	mucum	tz'utujil
	micoyo	kaqchikel
	tzool	maya
<i>C. argyrosperma</i>	saquil	q'eqchi'
	chigua	maya
<i>C. lundelliana</i>	conchej	jakalteko
	choc	jakalteko

Fuente: Azurdia y González [1986].

especies están asociadas con la cultura maya (cuadro 1).

Los patrones de variación observados en las cucurbitas cultivadas de Guatemala se deben a los diferentes usos que la gente ha hecho de ellas. De esta manera, está claro que las tendencias evolutivas reflejan la variación del pericarpio y/o de la semilla. Por ejemplo, *C. pepo* es importante por el consumo humano del mesocarpio mientras que la semilla es usada solamente como material reproductivo, por lo tanto, la máxima variabilidad es observada en el tamaño, forma, color y sabor del fruto. También en *C. argyrosperma* la selección humana ha enfatizado en la semilla antes que en el fruto. De esta manera, existe alta variabilidad en el tamaño y forma de la semilla antes que en el fruto. La población que vive en algunas áreas del departamento de Baja Verapaz consume las hojas y flores de *C. argyrosperma*, en cuyo caso seleccionan materiales genéticos con flores grandes de color amarillo y hojas grandes y lisas. El mesocarpio de la pepitoria tiende a ser astringente y es generalmente descartada o usada como alimento de los animales domesticados. Las semillas son rostizadas y consumidas, como «boquitas» o *snacks*

**Cuadro 2**  
**VALOR NUTRICIONAL DEL MESOCARPIO DE**  
**26 ACCESIONES DE CHILACAYOTE (*C. ficifolia*)**

Contenido de humedad (%)	fibra cruda (%)	proteína (%)	cenizas (%)	azúcares totales ° Brix
81-82	7.47-9.62	2.77-5.19	2.35-8.92	3.22-10.90

Fuente: Ortiz [1986].

o son molidas y usadas en sopas especiales como el pepián. Según Merrick [1990], el nombre común pepitoria es un claro indicio de la selección que el hombre ha hecho de la semilla para su consumo. El caso de *C. moschata* es interesante ya que la gente consume tanto las semillas como el mesocarpio, por lo que alta variabilidad es observada tanto en el fruto como en la semilla.

La relación entre cultura y cultivos incluye un componente religioso. Por ejemplo, el Día de los Santos (primero de noviembre) es un día de feriado nacional, el cual es celebrado en parte, comiendo una comida especial preparada con diferentes clases de vegetales y carnes y combinando con un dulce elaborado de ayote (*C. moschata*). A pesar que los frutos y semillas de *C. ficifolia* son consumidos como alimento humano, esta especie muestra la menor variabilidad en comparación con las otras especies discutidas. Esto se debe a que el chilacayote no tiene amplio rango de distribución y además porque se cree que en Centroamérica no se encuentra el centro de origen de dicha especie, por lo que no se espera encontrar alta diversidad genética. Las especies silvestres no son consumidas por la gente debido a las cantidades grandes de cucurbitacina amarga contenida en los frutos. La gente utiliza los frutos para lavar ropa debido al alto contenido de saponinas presentes en los frutos y semillas.

Algunos estudios realizados en el área mexicana en donde habitaron los mayas muestran resultados similares a los reportados [Lira, 1985; Zizumbo, 1986], por lo tanto existe adecuada evidencia biológica y cultural para apoyar la idea que algunas cucurbitas tienen su centro de origen y diversidad, así como su centro de domesticación en Mesoamérica.

*El nombre común pepitoria es un claro indicio de la selección que el hombre ha hecho de la semilla para su consumo.*

*Las especies silvestres no son consumidas por la gente debido a las cantidades grandes de cucurbitacina amarga contenida en los frutos.*

## CARACTERIZACIÓN DE CUCURBITAS CULTIVADAS

### 1. *Cucurbita ficifolia*

Algunos caracteres agronómicos son altamente variables como son el tamaño del tallo principal, el número de tallos secundarios, la relación flores femeninas/ flores masculinas, el número de frutos maduros, la relación entre número de flores femeninas y número de frutos, el número de hojas, la longitud y diámetro del ovario.

Ortiz [1986] indica que el germoplasma de chilacayote en general muestra bajo nivel de variabilidad ya que aproximadamente el 60% de caracteres cuantitativos y cualitativos estudiados eran monomórficos en las 26 accesiones estudiadas. De acuerdo con Nee [1990], *C. ficifolia* contrasta con las otras cucurbitas cultivadas por la alta uniformidad de la forma, tamaño, y color de sus frutos. Sin embargo, Mendoza [1984] menciona que algunos caracteres agronómicos son altamente variables como son el tamaño del tallo principal, el número de tallos secundarios, la relación flores femeninas/flores masculinas, el número de frutos maduros, la relación entre número de flores femeninas y número de frutos, el número de hojas, la longitud y diámetro del ovario. Adicionalmente, Mendoza [1984] y Ortiz [1986] observaron que existe asociación entre varios caracteres agronómicos, por ejemplo, plantas que florecen temprano producen frutos con las cavidades más grandes y consecuentemente con el menor contenido de pulpa; además, los frutos ovales tienen el mesocarpio más grueso y las semillas de mayor tamaño. En relación con el valor nutricional del mesocarpio (cuadro 2), es notorio que *C. ficifolia* muestra diversidad en los diferentes componentes analizados. Esto es importante porque en las partes más altas del país el chilacayote es la única cucurbita que es cultivada.

Todas las accesiones estudiadas mostraron en los frutos y semillas las características del taxón *C. ficifolia*, por lo tanto se considera que los materiales

genéticos caracterizados pertenecen a dicho taxón. La distribución de esta especie en Guatemala muestra que está aislada de las especies silvestres, por lo tanto no existe ninguna pista para clarificar sus relaciones filogenéticas. Finalmente, Nee [1990] cree que los ancestros silvestres de *C. ficifolia* no están en Mesoamérica sino que en el área andina.

## 2. *C. moschata*

Ésta es la cucurbita con mayor variabilidad presente en Guatemala debido a los diferentes tipos de pericarpio, color y sabor del mesocarpio, tamaño y forma del fruto, y color y tamaño de la semilla. De acuerdo a Arévalo [1987], Tumax [1987] y Osorio [1988], el germoplasma guatemalteco de *C. moschata* muestra dos o más estados en el 76% a 97% de caracteres estudiados, de tal manera que se puede decir que la variabilidad genética es alta. Alguna asociación entre caracteres agronómicos ha sido identificada. Semillas blanco-café están asociadas positivamente con el número de semillas por fruto y negativamente con el contenido de azúcar en el mesocarpio. Adicionalmente, el diámetro de la escama de la flor está

*El germoplasma guatemalteco de C. moschata muestra dos o más estados en el 76% a 97% de caracteres estudiados, de tal manera que se puede decir que la variabilidad genética es alta.*

Cuadro 3  
VALOR NUTRICIONAL DEL  
MESOCARPIO Y SEMILLA DE *C. moschata*

Fuente	# de cultivares caracterizados	Mesocarpio			Semilla	
		Proteína (%)	Fibra cruda (%)	Azúcar (Brix)	Proteína (%)	Aceite (%)
Osorio [1988]	15	4.7-17.1.3.	6-19.5 5	8-15.1	15.0-40.5	48.2-52.7
Tumax [1987]	24	5.6-9.7	7.0-14.0	-----	29.4-40.2	45.1-56.4
Arévalo [1987]	13	4.2-13.1 4	5-12.4	-----	27.0-37.0	49.0-57.0

positivamente asociado con el grosor del mesocarpio. Hubo considerable variabilidad en el valor nutricional del mesocarpio y la semilla (cuadro 3). El contenido de proteína y aceite en las semillas es alto, lo que explica porqué la gente ha seleccionado la semilla y el mesocarpio como alimento.

*C. moschata*  
y *C. argyrosperma* no se  
aparean  
aparentemente  
cuando crecen  
juntas aunque  
las dos especies  
son  
consideradas  
como  
interfértilas.

Tomando como base el descriptor de las especies de *Cucurbita* cultivadas propuesto por Whitaker y Davis [1962] se encontró que el germoplasma de *C. moschata* estudiado contenía el 12%, 6% y 0% de los caracteres típicos de *C. argyrosperma*, *C. maxima* y *C. ficifolia* respectivamente. Nee [1990] menciona que *C. moschata* y *C. argyrosperma* comparten algunas características de la parte vegetativa, de las flores y de las semillas. Adicionalmente, Puchaski y Robinson citados por Nee [1990] mencionan que *C. moschata* y *C. argyrosperma* comparten bandas isoenzimáticas aunque los patrones isoenzimáticos en general fueron diferentes. Además, Merry [1990] indica que *C. moschata* y *C. argyrosperma* no se aparean aparentemente cuando crecen juntas aunque las dos especies son consideradas como interfértiles. La razón de la presencia de características de *C. maxima* en el

Cuadro 4  
VALOR NUTRICIONAL DEL MESOCARPIO  
DEL FRUTO DEL GÜICOY (*C. pepo*)

Proteína (%)	3.77 - 7.65
Fibra cruda (%)	8.75 - 12.63
Cenizas (%)	9.63 - 19.33
Azúcares totales	8.31 - 11.17
Caroteno (mg/100 g de materia seca)	0.70 - 5.16

Fuente: Azurdia et al. [1995].

germoplasma guatemalteco de *C. moschata* no está claro debido a que *C. maxima* no ha sido reportada para Guatemala.

### 3. *C. pepo*

Aunque los agricultores tienen sus propios patrones específicos de selección de güicoy, los materiales genéticos estudiados mostraron alta variabilidad. Aguilar [1981], Rodríguez [1988] y Figueroa (no publicado) mencionan que en la caracterización de güicoy, el 75% de caracteres estudiados mostraron dos o más estados y el 25% restante fueron monomórficos. Los caracteres que mostraron la más alta variabilidad fueron el tamaño de la hoja, número de tallos secundarios, días a floración, forma y tamaño del fruto, grosor del mesocarpio y número de semillas por fruto. Adicionalmente, se estableció que la longitud del tallo principal es un buen indicador del comportamiento de algunos caracteres agronómicos ya que éste está positivamente asociado con días a floración, contenido de proteína en el mesocarpio, número de flores femeninas por planta y longitud del ciclo biológico. Con respecto a valor nutricional, se reportó que existe variabilidad en el germoplasma caracterizado (cuadro 4) similar a la reportada para otras especies de cucurbita ya mencionadas.

Las características del güicoy son similares a las descritas por Whitaker y Davis [1962] para *C. pepo*. Adicionalmente, las áreas en donde el güicoy es cultivado en Guatemala son similares a aquellas reportadas por Nee [1990] en Norte América y Europa. Una excepción a este grupo puede ser una clase de güicoy especial denominado «tzoob» colectado en la región maya de Petén. Este material genético es

*En la caracterización de güicoy, el 75% de caracteres estudiados mostraron dos o más estados y el 25% restante fueron monomórficos. Los caracteres que mostraron la más alta variabilidad fueron el tamaño de la hoja, número de tallos secundarios, días a floración, forma y tamaño del fruto, grosor del mesocarpio y número de semillas por fruto.*

cultivado también en la península de Yucatán, México, en donde recibe el mismo nombre. El tzool es bastante similar al güicoy en los aspectos relativos a requerimientos agronómicos ya que éste requiere buenas prácticas de fertilización y control de plagas y malezas. El tzool difiere del güicoy en que debe ser cultivado en áreas cálidas y también en la forma y tamaño del fruto así como principalmente en las características de la semilla, las cuales coinciden con las descritas para *C. maxima*.

Mediante el desarrollo de un programa de mejoramiento de güicoy coordinado por la FAUSAC [Vásquez *et al.*, 1997], se obtuvieron materiales genéticos con alto contenido de provitamina A, con buen rendimiento y frutos con características aceptables por los demandantes.

#### 4. *C. argyrosperma*

García [1985] y Otzoy [1986] indican que el germoplasma de *C. argyrosperma* caracterizado mostró alta variabilidad morfológica debido a que solamente el 26% de los caracteres estudiados fueron constantes

**Cuadro 5**  
VALOR NUTRICIONAL DEL MESOCARPIO Y  
SEMILLA DE PEPITORIA (*C. argyrosperma*)

carotenos mg/100g	Mesocarpio		Semilla		
	azúcares g/100g	proteína cruda(%)	fibra (%)	proteína (%)	aceite (%)
4.5-83.4	0.26-5.13	3.2-16.0	6.3-20.5	36.0-40.4	8.6-57.8

Fuente: Otzoy [1986].

en todos los materiales genéticos. La longitud del tallo principal es importante para predecir el comportamiento de algunos caracteres agronómicos. Por ejemplo, éste está positivamente asociado al peso de los frutos, grosor del epicarpio y mesocarpio, número de semillas por fruto, periodo a la floración, contenido de carotenos y proteína en el mesocarpio, longitud del estilo, estigma y corola de la flor femenina. Adicionalmente, los materiales genéticos colectados en las localidades más altas (1,500 msnm) mostraron los frutos más grandes, el ciclo de vida más largo, el mayor número de semillas por fruto y el más alto contenido de aceite en la semilla.

Entre las cucurbitas que producen semillas comestibles, pepitoria es la más popular. Es cultivada principalmente para la producción de semilla aunque el mesocarpio es consumido solamente por cerdos y caballos. Sin embargo, el mesocarpio tiene valor nutricional similar al mesocarpio del ayote (cuadro 5).

Utilizando la técnica de análisis cluster, Otzoy [1986] encontró que el germoplasma de *C. argyrosperma* está constituido por dos grupos morfológicamente distintos. El primero, constituido por materiales provenientes de las partes más bajas del país, mientras que el segundo está constituido por accesiones provenientes de las partes más altas. Basado en la descripción botánica dada por Bukasov [1930], quien diferenció dos variedades de acuerdo al tamaño de los órganos aéreos, Otzoy [1986] menciona que el primer grupo pertenece al taxón *C. mixta var. cyanoperizona* y el segundo a *C. mixta var. stenosperma* el cual ha sido reportado solamente en México. Sin embargo, más recientemente, Merry [1990] y Merry y Bates [1989] proporcionaron más información acerca de la sistemática de pepitoria, con base en la

*El germoplasma de C. argyrosperma está constituido por dos grupos morfológicamente distintos. El primero, constituido por materiales provenientes de las partes más bajas del país, mientras que el segundo está constituido por accesiones provenientes de las partes más altas.*

cual se puede decir que lo más seguro es que ambos grupos mencionados por Otzoy pertenecen a *C. argyrosperma* var. *argyrosperma* en el censo de Merrit.

*C. argyrosperma* comparte el mismo hábitat con *C. sororia*, el cual de acuerdo con Merry [1990] es el más probable ancestro de *C. argyrosperma*, existiendo además evidencia de introgresión genética entre ellos.

El área de distribución de *C. argyrosperma* se traslapa con la de *C. lundelliana*, por tal razón se puede suponer que existe alguna relación filogenética entre ellas. Sin embargo, Nee [1990] anota que «sus características vegetativas y reproductivas no son nada similares ni se cruzan libremente». Por otro lado, *C. argyrosperma* comparte el mismo hábitat con *C. sororia*, el cual de acuerdo con Merry [1990] es el más probable ancestro de *C. argyrosperma*, existiendo además evidencia de introgresión genética entre ellos. Adicionalmente, Otzoy [1986] reporta la existencia de una accesión cultivada con mesocarpio amargo, la cual proviene de una región en la cual *C. argyrosperma* y *C. sororia* crecen juntas. Ésta puede ser una evidencia de introgresión de material genético de *C. sororia* a *C. argyrosperma*.

## CONSIDERACIONES FINALES

Los resultados discutidos y los reportados por Zizumbo [1986], sugieren que probablemente el área mexicana y guatemalteca es un centro antiguo e independiente de origen y diversidad de plantas cultivadas en donde especies como *Cucurbita*, *Phaseolus*, *Capsicum* y *Zea* evolucionaron.

Esta investigación ha mostrado que Guatemala tiene alta diversidad genética en las diferentes especies de *Cucurbita* cultivadas debido al hecho que existe riqueza cultural y riqueza biológica como resultado de una larga interacción hombre-planta. La

información básica generada puede ser la base para la creación de un programa de mejoramiento que pueda crear beneficios para la agricultura local y mundial.

Es necesario señalar que el mesocarpio y la semilla de las especies cultivadas de cucurbita son ricas en nutrientes, particularmente proteínas y aceites, ambos importantes en la nutrición humana. La población guatemalteca presenta problemas serios de avitaminosis A, por lo cual, la utilización de materiales genéticos mejorados ricos en dicha proteína, como es el caso del güicoy, es una buena alternativa para solucionar el problema. Guatemala, un país en desarrollo puede aprovechar estos recursos para mejorar la nutrición y salud de sus habitantes.

La introducción de materiales genéticos de cucurbita mejorados, destinados principalmente a la producción intensiva y destinados a la exportación (caso del suchini y otros) está contribuyendo al desplazamiento de materiales genéticos nativos. Por lo tanto, es urgente continuar con los programas de conservación y utilización de la gran gama de variabilidad genética aún existente en las cucurbitas nativas de Guatemala.

*La información básica generada puede ser la base para la creación de un programa de mejoramiento que pueda crear beneficios para la agricultura local y mundial.*

## BIBLIOGRAFÍA

- AGUILAR, M. 1981. Caracterización de 20 cultivares de güicoy (*Cucurbita pepo* var. *aurantia*) del altiplano central de Guatemala. Tesis Ing. Agr. Guatemala, Universidad de San Carlos, Facultad de Agronomía. 111 p.
- ARÉVALO, J. 1987. Caracterización agromorfológica y bromatológica de 13 cultivares de ayote (*Cucurbita* spp.) en Escuintla, Guatemala. Tesis Ing. Agr. Guatemala,

- Universidad de San Carlos, Facultad de Agronomía.  
122 p.
- AZURDIA, C., M. GONZALES. 1986. Informe final del proyecto de recolección de algunos cultivos nativos de Guatemala. Facultad de Agronomía. Universidad de San Carlos de Guatemala; Instituto de Ciencia y Tecnología Agrícolas; Consejo Internacional de Recursos Fitogénéticos. 256 p.
- AZURDIA, C.; F. FIGUEROA; W. RODRÍGUEZ; L. CASTILLO; B. MILIÁN; F. VÁSQUEZ. 1995. Güicoy (*Cucurbita pepo*). En: Azurdia (ed.). Caracterización de algunos cultivos nativos de Guatemala. Facultad de Agronomía, Universidad de San Carlos de Guatemala; Instituto de Ciencia y Tecnología Agrícolas; International Board for Plant Genetic Resources. 57-64 pp.
- BAILEY, L.H. 1929. The domesticated cucurbitas. *Gentes Herb.* 2: 62-115.
- BUKASOV, S.M. 1930. The cultivated plants of Mexico, Guatemala, and Colombia. Leningrad. 531-532.
- FIGUEROA, F. Caracterización agromorfológica y bromatológica de 11 cultivares de güicoy (*Cucurbita pepo*) en La Alameda, Chimaltenango, Guatemala. No publicado.
- GARCÍA, R. 1985. Caracterización preliminar de 16 entradas del cultivar saquil o pepitoria (*Cucurbita mixta*) del municipio de Salamá, Baja Verapaz. Tesis Ing. Agr. Guatemala, Universidad de San Carlos, Facultad de Agronomía. 137 p.
- INTERNATIONAL BOARD FOR PLANT GENETIC RESOURCES. 1983. Genetic resources of Cucurbitaceae. Rome, Italy.
- LIRA, R. 1985. Identidad taxonómica de las calabazas cultivadas (*Cucurbita spp.*) en la península de Yucatán. *Biótica* 10 (3): 301-307.

- MENDOZA, E. 1984. Recolección y caracterización de germoplasma de chilacayote (*Cucurbita ficifolia*) del altiplano occidental de Guatemala. Tesis Ing. Agr. Guatemala, Universidad de San Carlos, Facultad de Agronomía. 207 p.
- MERRICK, L. 1990. Systematics and evolution of a domesticated squash, *Cucurbita argyrosperma* and its wild and weedy relatives. In: D.M. Bates, R.W. Robinson, and C. Jeffrey (eds.). Biology and utilization of the cucurbitaceae. Cornell University Press, Ithaca, N.Y. 77-95.
- MERRICK, L. AND D.V. BATES. 1989. Classification and nomenclature of *Cucurbita argyrosperma*. *Baileya* 23 (2): 94-102.
- NEE, C. 1990. The domestication of *Cucurbita* (Cucurbitaceae). *Economic Botany* 44 (3): 56-68.
- ORTIZ, S. 1986. Caracterización agromorfológica y bromatológica de 15 cultivares de chilacayote (*Cucurbita ficifolia*) en Guatemala, Guatemala. Tesis Ing. Agr. Guatemala, Universidad de San Carlos, Facultad de Agronomía. 67 p.
- OSORIO, R. 1988. Caracterización agromorfológica y bromatológica de 15 cultivares de ayote (*Cucurbita moschata*) en Jutiapa, Guatemala. Tesis Ing. Agr. Guatemala, Universidad de San Carlos, Facultad de Agronomía. 95 p.
- OTZOY, M. 1986. Caracterización agromorfológica y bromatológica de 18 cultivares de pepitoria (*Cucurbita mixta*) en el valle de San Jerónimo, Baja Verapaz. Tesis Ing. Agr. Guatemala, Universidad de San Carlos, Facultad de Agronomía. 90 p.
- RODRÍGUEZ, W. 1988. Caracterización de 16 cultivares de güicoy (*Cucurbita* sp.) en la Alameda, Chimaltenango, 6 p.

- TUMAX, O. 1987. Caracterización agromorfológica y bromatológica de 24 cultivares de ayote (*Cucurbita moschata*) en Fray Bartolomé de Las Casas, Alta Verapaz. Tesis Ing. Agr. Guatemala, Universidad de San Carlos, Facultad de Agronomía. 95 p.
- SINGH, A.K. 1990. Cytogenetics and evolution in the Cucurbitaceae. In: D. M. Bates, R.W. Robinson, and C. Jeffrey (eds.). Biology and utilization of the Cucurbitaceae. Cornell University Press, Ithaca, N.Y. 10-28.
- VÁSQUEZ, F.; B. BARRIENTOS; J. MORALES; E. CARRILLO; E. PRETZANZIN; R. VELÁSQUEZ; J. SALAZAR. 1997. Informe final de investigación. Identificación y obtención de materiales genéticos de güicoy (*Cucurbita pepo*) con buenas características de demanda y con alto contenido de provitamina A (betacaroteno). Facultad de Agronomía, Universidad de San Carlos de Guatemala. 59 p.
- WHITAKER, T. AND G.N. DAVIS. 1962. Cucurbits. London. 250 p.
- ZIZUMBO, D. 1986. Aspectos etnobotánicos de las calabazas silvestres y cultivadas (*Cucurbita* spp.) de la península de Yucatán. Bol. Esc. Antro. Univ. Yucatán 13: 15-29.

## TASA DE CRUZAMIENTO Y ESTRUCTURA GENÉTICA DE UNA POBLACIÓN DE ZAPOTE (*Pouteria sapota*)

César Azurdia, Helmer Ayala, Luis Mejía, Mikkel Grum,  
Francisco Figueroa, Nestor Colindres, Salvador Ayala



### Resumen

El zapote (*P. sapota*) es una especie frutal nativa de Mesoamérica. Estudios previos basados en caracteres morfológicos y bioquímicos han mostrado la existencia de alta diversidad genética. Sin embargo, se desconocía el tipo de reproducción en dicha especie. En dos poblaciones de zapote cultivado en la cuenca del río Hato en San Agustín Acasaguastlán, El Progreso se determinó su tasa de cruzamiento y estructura genética. Los resultados obtenidos indicaron que la población de la parte alta de la cuenca tiene una tasa de cruzamiento de 0.81, mientras que la población de la parte baja, 0.87, lo que indica que *P. sapota* es una especie preferentemente alógama. El estudio de la estructura genética de la población mostró que se tiene mayor diversidad genética dentro de las poblaciones que entre poblaciones, lo cual es característico de especies alógamas. Los resultados obtenidos son importantes ya que el conocimiento del tipo de reproducción define el tipo de mejoramiento genético a utilizar, asimismo, la información referente a estructura genética de las poblaciones permite diseñar una metodología de muestreo y conservación.

Palabras claves: zapote, tasa de cruzamiento, estructura genética, isoenzima, multilocus.

### Outcrossing Rate and Genetic Structure of a Sapote (*Pouteria sapota*) Population

#### Summary

*P. sapota* is a tropical fruit tree species native to Mesoamerica. Previous studies have been focused on germplasm inventory,

identifying areas of rich genetic diversity and germplasm characterization (morphological and biochemical), this body of knowledge has shown that *P. sapota* has a high array of genetic diversity. On the other hand, nothing is reported in the literature on pollination or pollinators in the Sapotaceae. Two populations were studied on the San Agustín Acasaguastlán, El Progreso area. The outcrossing rate and the genetic structure of the populations was determined by using biochemical markers (isozymes). The multilocus outcrossing rate estimated in the higher populations was 0.81 and in the lower population was 0.87, this means that *P. sapota* is a predominant outcross species. The genetic structure parameters indicated that in the *P. sapota* populations, there is higher genetic diversity within populations rather than that found between populations, which is common in outcrossing species. As a result, in this species population, sampling should be focused on more individuals in each population rather than in more populations.

Key words: sapote, outcrossing rate, genetic structure, isozyme, multilocus.

## INTRODUCCIÓN

*Los recursos genéticos de estas especies están desapareciendo como resultado de la explotación de cultivos exóticos, sistemas de producción que utilizan tecnología avanzada y destrucción de hábitat.*

Guatemala como parte de Mesoamérica, uno de los siete centros de origen y diversidad de plantas cultivadas, tiene un número significativo de especies cultivadas poco conocidas que han sido parte de la dieta de la población nativa. En la actualidad los recursos genéticos de estas especies están desapareciendo como resultado de la explotación de cultivos exóticos, sistemas de producción que utilizan tecnología avanzada y destrucción de hábitat. Conociendo dicha realidad, el Instituto Internacional de Recursos Fitogenéticos (IPGRI) y la Facultad de Agronomía de la Universidad de San Carlos de Guatemala (FAUSAC) han estado desarrollando investigación en el campo de los recursos genéticos vegetales de cultivos nativos de Mesoamérica desde el año 1982. Parte de este esfuerzo es el proyecto financiado por el Banco Interamericano de Desarrollo (BID) en el que se está estudiando aspectos relativos a diversidad, conserva-

ción y uso sostenible de los recursos genéticos de cultivos nativos de América Tropical; subproyecto de Sapotáceas.

Después de dos años de operación, el proyecto de Sapotáceas ha realizado actividades como inventario del germoplasma presente en el país, identificación de áreas con alta diversidad genética, caracterización de germoplasma (morfológica y bioquímica), conservación *ex situ* (colecciones de campo) y preparación de reportes técnicos.

En la literatura no se reporta nada en cuanto a polinización y polinizadores en Sapotaceae. De acuerdo a Pennington [1990], las flores de *P. sapota* pueden ser unisexuales (plantas dioicas) o bisexuales. Por otro lado, se ha mencionado que las flores son hermafroditas y perfectas, observándose en algunas ocasiones árboles solitarios con fructificación baja. Sin embargo, durante el desarrollo del inventario de sapotáceas, se pudo observar abundantes árboles solitarios con alta producción de frutos, lo cual indica que estos árboles en dichas condiciones son capaces de autopolinizarse. Ante estas circunstancias, se consideró necesario realizar investigación para determinar el tipo de cruzamiento presente en zapote, ya que es bien sabido que información referente a sistema de cruzamiento, subdivisión de las poblaciones y distancia genética entre subpoblaciones, es información crítica para planificar estrategias de conservación, muestreo y mejoramiento.

El proyecto ha establecido los protocolos para el análisis de isoenzimas con alta resolución y polimorfismo [Azurdia *et al.*, 1997c]. Las técnicas resultantes permitieron iniciar estudios sobre hibridación en las sapotáceas utilizando las enzimas polimórficas identificadas. Al inicio de esta investigación se decidió

*Se consideró necesario realizar investigación para determinar el tipo de cruzamiento presente en zapote, ya que es bien sabido que información referente a sistema de cruzamiento, subdivisión de las poblaciones y distancia genética entre subpoblaciones, es información crítica para planificar estrategias de conservación, muestreo y mejoramiento.*

*Se decidió estudiar P. sapota como modelo ya que esta especie es la más importante desde el punto de vista económico y además la misma muestra alta diversidad en el país y en la región.*

estudiar *P. sapota* como modelo ya que esta especie es la más importante desde el punto de vista económico y además la misma muestra alta diversidad en el país y en la región [Azurdia, Martínez y Ayala, 1997; Azurdia *et al.*, 1997]. El estudio fue realizado en la localidad de San Agustín Acasaguastlán, El Progreso, debido a que en esta localidad se encuentran gran cantidad de árboles frutales tropicales en los huertos localizados a lo largo de la cuenca del río Hato.

La caracterización morfológica preliminar *in situ* fue realizada seguida de un estudio isoenzimático para determinar las tasas de cruzamiento y la estructura genética de dos poblaciones, una localizada en la parte alta de la cuenca y la otra en la parte baja. Los objetivos de la investigación fueron la cuantificación de las tasas de cruzamiento, determinar la distribución de la diversidad dentro y entre poblaciones y familias, medir la heterocigosidad presente en los padres *urs* la presente en la F1.

## METODOLOGÍA

### Área de estudio

San Agustín Acasaguastlán es una comunidad en donde los frutos tropicales son cultivos de importancia económica. El área total cubierta con huertos frutícolas es de 247 hectáreas (41.96% del área cultivada), en la cual el zapote y el chico son los más abundantes [Paiz, 1994]. Este sitio tiene los árboles frutales distribuidos a lo largo de una pendiente que va de 200 a 800 metros sobre el nivel del mar (msnm). La figura 1 indica la localización y características del lugar de estudio.

**CARACTERIZACIÓN *IN SITU*.** De diciembre de 1995 a enero de 1996 se seleccionaron un total de 78 árboles distribuidos a todo lo largo de la cuenca, distanciados unos de otros a una distancia horizontal aproximada de 300 metros. Se caracterizaron siguiendo el descriptor creado por nuestro grupo [Azurdia *et al.*, 1997b], el cual está basado en características morfológicas. Los datos obtenidos fueron utilizados para hacer un dendrograma.

**COLECCIÓN DE SEMILLA.** Se obtuvieron 20 frutos de cada uno de los 78 árboles caracterizados, de tal

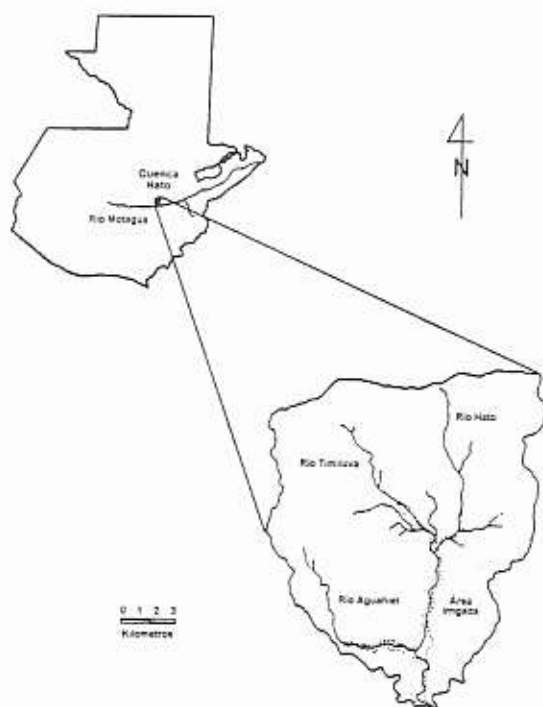


Figura 1. Localización y detalles de la cuenca del río Hato, San Agustín Acasaguastlán, El Progreso.

manera de contar con las 78 familias a estudiar (F1). El genotipo maternal fue inferido basado en el arreglo de la progenie. Además, con base en diferencias ecológicas se dividió la población original en dos poblaciones, la primera correspondiente a la parte alta de la cuenca (40 árboles) y la segunda a la parte baja (38 árboles).

**ANÁLISIS ISOENZIMÁTICO.** Las semillas obtenidas se sembraron en la Unidad Docente Productiva Sabana Grande en el departamento de Escuintla perteneciente a la FAUSAC, trasladándose a los campos de la Facultad de Agronomía cuando habían alcanzado el tamaño adecuado.

Extracto crudo de las hojas más jóvenes fue obtenido a partir de plantas de tres meses de edad y corrido en geles de acrilamida al 12%. Cuatro enzimas, esterasa (EST), peroxidasa (PRX), xiquimato dehidrogenasa (SKDH) y alcohol dehidrogenasa (ADH) determinadas como polimórficas previamente [Azurdia *et al.*, 1997c], fueron utilizadas para estimar el sistema de cruzamiento y los parámetros relativos a estructura genética.

**ESTIMACIÓN DEL SISTEMA DE CRUZAMIENTO.** Para estimar la tasa de cruzamiento ( $t_m$ ) mediante el uso de varios loci se empleó el método conocido como MLT [Ritland, 1990]. Este programa está basado en el modelo de varios loci propuesto por Ritland y Jain [1981]. El genotipo maternal más probable para cada familia fue estimado utilizando el método de Newton-Raphson. Los valores relativos a heterocigosidad media esperada y observada ( $H_{exp}$  y  $H_{obs}$ , respectivamente) y los índices de fijación ( $F$ ) fueron calculados usando la fórmula  $F = 1 - (H_{obs}/H_{exp})$ .

**ANÁLISIS DE DIVERSIDAD GENÉTICA.** El valor de diversidad genética de Nei [1973] fue utilizado en el análisis para medir la diversidad genética total ( $H_t$ ) de los datos isoenzimáticos, así como la diversidad genética intra poblacional ( $H_s$ ) e inter poblacional ( $D_{st}$ ). Las distancias de Nei ( $D$ ) fueron utilizadas para calcular las distancias genéticas entre las poblaciones estudiadas.

## RESULTADOS Y DISCUSIÓN

### Enzimas polimórficas

Se estudiaron cuatro isoenzimas previamente consideradas como polimórficas (SKDH, ADH, PRX y EST), sin embargo, solamente dos produjeron resultados consistentes y fácilmente interpretables desde el punto de vista genético. Para el caso de EST, dos loci fueron expresados, cada isoenzima designada por un número en referencia a su posición relativa en la gel, en donde el número más bajo corresponde al locus más cercano a la región anodal (EST1, EST2). Los alelos dentro de los loci fueron designados de la misma manera. La esterasa es una enzima polimórfica produciendo nueve bandas altamente reproducibles [Azurdia *et al.*, 1997c]. Sin embargo, su interpretación genética es difícil [Mejía y Enríquez, 1996]. Los resultados mostrados en la figura 2 indican que en la región más catodal existen dos genes, cada uno de ellos con dos alelos. Estos resultados son similares a los reportados por Tanksley y Rick [1980] y West y Garber [1967] quienes indican que la esterasa es una enzima monomérica con dos alelos en tomate y frijol común respectivamente.

*La esterasa es una enzima polimórfica produciendo nueve bandas altamente reproducibles.*



Figura 2. Gel de acrilamida en que se muestran las isoenzimas de esterasa en *Pouteria sapota*. Estas isoenzimas están determinadas por dos genes con dos alelos cada una.

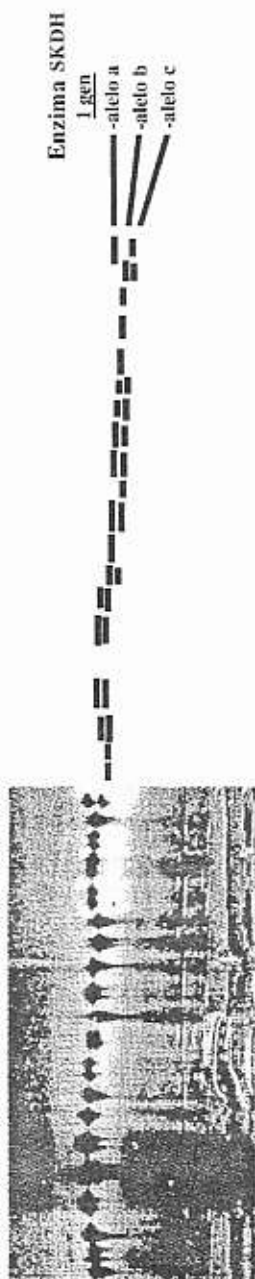


Figura 3. Gel de acrilamida en que se muestra las isoenzimas de SKDH en *Pouteria sapota*. La enzima SKDH está determinada por un gene y tres alelos.

SKDH es una enzima monomérica con tres alelos (figura 3), los cuales muestran alta resolución y consistencia. El control genético de esta isoenzima ha sido mostrado en muchos cultivos [tomate, Tansley, 1981; Chile, Mcleod *et al.*, 1983; *Petunia*, Wijsman, 1983]. Los otros dos sistemas (PRX y ADH) no fueron consistentes, por lo que se decidió usar solamente SKDH y EST para los análisis estadísticos.

### Tasa de cruzamiento

Las tasas de cruzamiento estimadas para las 40 familias de la población alta utilizando el programa multilocus fue de 0.81 y 0.79 con el programa de un locus. De igual manera, en la población de la parte baja la tasa de cruzamiento obtenida fue de 0.87 y 0.85 respectivamente (cuadro 1). Estos resultados concuerdan con otros estudios recientes en donde se muestra que las estimaciones realizadas con el método multilocus es más alta que las obtenidas por medio del método un sólo locus [El-Kassaby *et al.*, 1987; Azurdia, 1994].

Comparaciones de las tasas de cruzamiento obtenidas por ambos métodos han sido utilizadas para hacer estudios de endogamia antes que para establecer el porcentaje de autocruza [Shaw, Kahler y Allard, 1981]. En este estudio, la tasa de endogamia estimada mediante la utilización del procedimiento multilocus fue de 19% en contraste con 23.1% utilizando el método un sólo locus en la población de la parte alta de la cuenca, mientras que los resultados obtenidos en la población de la parte baja fueron 13.5% y 14.6% respectivamente. Debido a que los datos obtenidos por el método un sólo locus están influenciados por alguna forma adicional a autocruza-

*Las tasas de cruzamiento estimadas para las 40 familias de la población alta utilizando el programa multilocus fue de 0.81 y 0.79 con el programa de un locus.*

miento, la diferencia en magnitud entre los estimados obtenidos por un sólo locus y multilocus puede deberse a cruzamientos consanguíneos.

De acuerdo con Pennington [1990], las flores de *P. sapota* son bisexuales y tienen un estilo usualmente exserta tanto en el estado de yema floral como de flor, lo cual puede promover polinización abierta.

Se ha reportado que la densidad en plantas con flores es un factor importante que determina la tasa de cruzamiento en especies arbóreas, principalmente en el bosque tropical lluvioso. Por ejemplo, en *Cannavallia*, *Ceiba* y *Quarabea* en el bosque tropical lluvioso de Panamá, las tasas de cruzamiento están efectivamente asociadas con la densidad de los árboles en floración [Murawski y Hamrick, 1991]. En nuestro estudio, no está completamente claro porqué en la población de la parte alta de la cuenca en donde la densidad es de 92 árboles por hectárea [Paiz, 1994] la tasa de cruzamiento obtenida es de 0.81, mientras

**Cuadro 1**  
**ESTIMADOS DE LAS TASAS DE CRUZAMIENTO**  
**(tm) MEDIANTE EL MÉTODO MULTILOCUS Y UN SOLO LOCUS**  
**PARA TRES GENES EN DOS POBLACIONES DE *Pouteria sapota***  
**DE SAN AGUSTÍN ACASAGUASTLÁN, EL PROGRESO, GUATEMALA**

	Población	
	Alta	Baja
(tm) multilocus	0.81	0.867
(tm) un sólo locus	0.796	0.854
Diferencia de tasa de cruzamiento	0.041	0.012
Tasa de endogamia multilocus	0.19	0.135
Un sólo locus	0.23	0.146
No. familias	40	38
No. de descendientes	400	380

que en la parte baja donde la densidad es de 65 árboles/ha [Paiz, 1994] la tasa de cruzamiento reportada es de 0.867. Basado en nuestros resultados, las razones no son obvias para este comportamiento. Sin embargo, una explicación probable podría ser el efecto de factores ambientales como micro hábitat y disponibilidad de polinizadores.

### Estructura genética de las poblaciones

La estructura genética de las poblaciones expresada como la diversidad genética debido a las frecuencias alélicas de los diferentes loci polimórficos, asociación genotípica entre los diferentes loci y la diferenciación genética entre poblaciones, es determinada en gran manera por el sistema de cruzamiento de la especie. *P. sapota* no es una excepción (cuadro 2). Como se

**Cuadro 2**  
**TASAS DE CRUZAMIENTO PROMEDIO (tm) Y**  
**COMPONENTES DE DIVERSIDAD DE NEI EN DOS POBLACIONES DE**  
***Pouteria sapota* DE SAN AGUSTÍN ACASAGUASTLÁN, EL PROGRESO**

	Población	
	Alta	Baja
tm (%)	81	86.7
Ht	0.51	0.52
Hs	0.44	0.46
Dst	0.06	0.06
Gst	0.12	0.12
Dm	0.06	0.06
Rst	0.13	0.13

Ht= diversidad genética total de los loci polimórficos; HS= diversidad genética promedio entre familias; Ds diversidad genética total entre familias; Gts= coeficiente de diferenciación genética; Dm= diferenciación genética absoluta; Rst= relación diversidad genética interpoblacional y diversidad genética intrapoblacional.

esperaba, la población de la parte baja de la cuenca con la tasa de cruzamiento más alta (86.5%) fue la que reportó la diversidad genética más alta tanto en los loci polimórficos ( $H_t$ ) así como en la diversidad genética dentro de las subpoblaciones ( $H_s$ ), y por otro lado, baja diversidad genética entre subpoblaciones ( $D_{st}$ ). Estos resultados están en concordancia con el conocimiento general acerca del papel jugado por el sistema de cruzamiento como elemento ecológico determinante de la estructura genética de las poblaciones [Hamrick, 1982, Schermse y Lande, 1985]. Este principio indica que el cruzamiento reduce la subdivisión de la población y refuerza el movimiento del polen, dando como resultado, incremento en la probabilidad de que el polen alcance mayor longitud en su dispersión (los alelos son compartidos más ampliamente), previniendo con esto la diferenciación de las poblaciones.

Con base en dos isoenzimas y siete frecuencias alélicas, los valores de distancia de Nei e identidad de Nei, 0.008 y 0.992 respectivamente, mostraron

**Cuadro 3**  
**FRECUENCIA GENÉTICA DE LOS**  
**LOCI EN DOS POBLACIONES DE *P. sapota***  
**DE SAN AGUSTÍN ACASAGUASTLÁN, EL PROGRESO**

	Población baja	Población alta
SKDH1	0.366	0.466
SKDH2	0.464	0.451
SKDH3	0.170	0.083
EST1-1	0.537	0.506
EST1-2	0.463	0.494
EST2-1	0.536	0.565
EST2-2	0.464	0.435

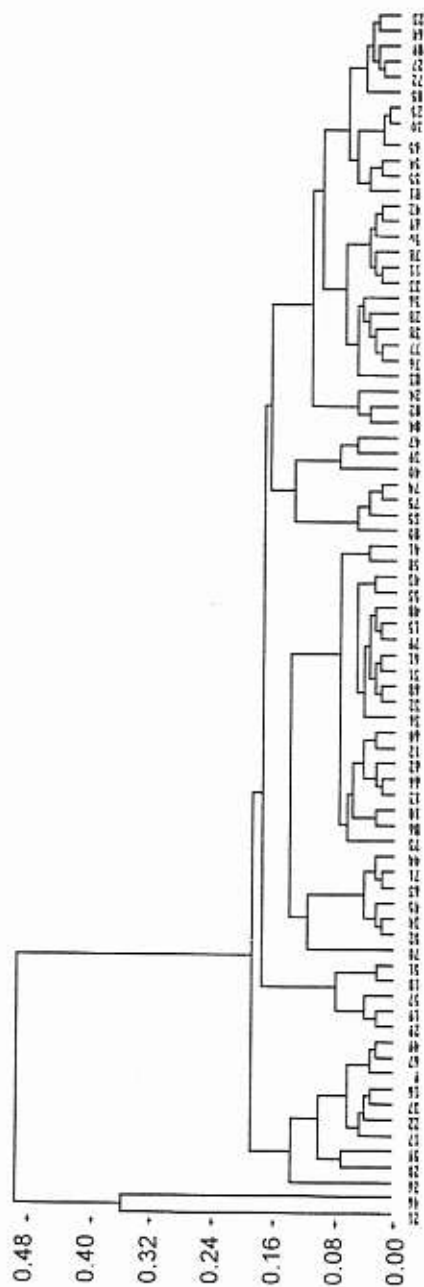


Figura 4. Relaciones entre las diferentes familias de zapote (*Pouteria sapota*) utilizando caracteres isoenzimáticos.

Ésta es una confirmación adicional que especies predominantemente alogámicas no muestran diferenciación entre poblaciones.

que no existe una clara separación entre las dos poblaciones de *P. sapota* de San Agustín Acasaguastlán. Ésta es una confirmación adicional que especies predominantemente alogámicas no muestran diferenciación entre poblaciones. Adicionalmente, el cuadro 3 muestra que no hay diferencias significativas en las frecuencias alélicas de todos los loci entre las dos poblaciones de *P. sapota*.

Evidencia adicional se muestra cuando se analiza el *cluster* constituido por todas las familias con base en datos isoenzimáticos (figura 4). Aparentemente, con base en dicha información, no existe diferenciación entre las poblaciones de la parte alta y baja de la cuenca del río Hato. En la figura 4 se puede observar que las familias identificadas con el número 54 y 55 están cercanamente relacionadas desde el punto de vista genético, al igual que con la familia número 81. En el campo, la familia 54 y 55 están separadas 350 m (figura 5), distancia que no es significativa para evitar el movimiento de polen de un árbol madre al otro. Por otro lado, la familia 81 y familias 54 y 55 están separadas 6.75 kilómetros. Otro ejemplo, la familia número 11 es casi similar a las familias 42, 69, 50 y 78, sin embargo, ambos grupos están separados por 8 kilómetros (figura 5).

Aunque existe una clara diferenciación ecológica entre las dos áreas en donde las poblaciones en estudio crecen, no hay aparente separación genética entre ambas. Al menos tres razones pueden explicar este comportamiento. Primero, existe la posibilidad que en este estudio no se hallan analizado suficientes alelos, por lo tanto, no hay suficiente información genética para separar las dos poblaciones. Es recomendable incrementar el número de sistemas enzimáticos a usar. Segundo, el alto valor de alogamia

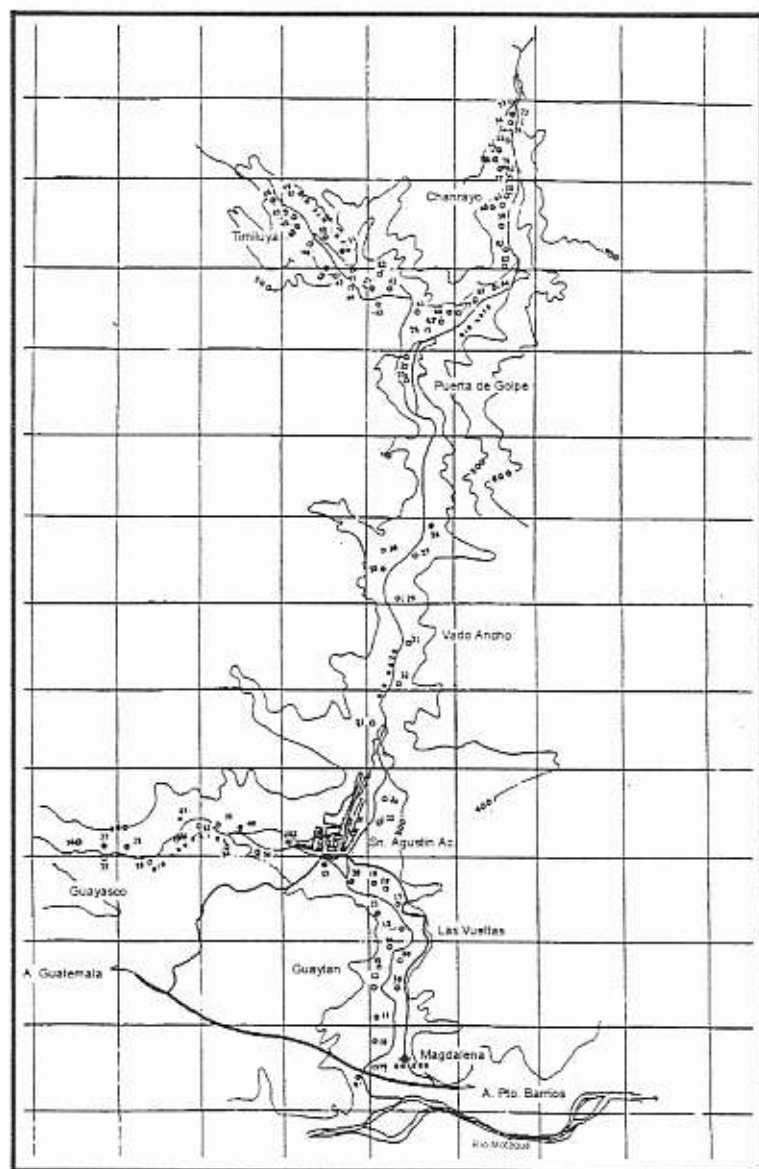


Figura 5. Localización de los árboles estudiados a lo largo de la cuenca del río Hato, San Agustín Acasaguastlán, El Progreso.

en las poblaciones ( $t_m=0.81$  en la población de la parte alta y  $t_m=0.87$  en la población de la parte baja) no permite que se dé diferenciación entre poblaciones. La polinización cruzada reduce la subdivisión de las poblaciones, favorece el movimiento del polen e incrementa la probabilidad que los genes se dispersen a larga distancia, lo cual previene la diferenciación entre poblaciones. Tercero, la población de zapote está distribuida a lo largo de la cuenca del río Hato en áreas con pendiente pronunciada. Por esto, semillas o frutos pueden ser transportados de la parte alta del río a la parte baja. También, existe continuo intercambio de materiales genéticos entre las diferentes poblaciones humanas que viven en el área (12 aldeas alrededor de la cuenca). En cualquier caso, ha existido un intercambio o mezcla de información genética entre ambas poblaciones ecológicas.

Basado en el supuesto que las dos poblaciones de zapote son genéticamente similares, se calcularon los parámetros de genética de poblaciones, los cuales se muestran en el cuadro 4. Como era de esperarse, la diversidad genética total de los loci polimórficos fue de 0.53, el promedio de la diversidad genética entre subpoblaciones es alta (0.53) comparada con la diversidad genética total entre poblaciones

Cuadro 4

COMPONENTES DE DIVERSIDAD DE NEI EN UNA POBLACIÓN DE *Pouteria sapota* (POBLACIÓN ALTA Y BAJA UNIDAS) DE LA CUENCA DEL RÍO HATO, SAN AGUSTÍN ACASAGUASTLÁN EL PROGRESO

Ht	Hs	Dst	Gst	Dm	Rst
0.5313	0.5294	0.00182	0.000342	0.00363	0.00686

(0.0018). Por lo que se puede concluir que la población de zapote distribuida a lo largo de la cuenca del río Hato es una población predominantemente alógama con alta diversidad genética.

### Heterocigosidad en plantas maternas y su progenie

Los datos de heterocigosidad media esperada y observada en plantas maternas y su progenie obtenidos se muestran en el cuadro 5. La heterocigosidad esperada (Hexp) fue calculada a partir de las frecuencias genéticas asumiendo apareamiento al azar para cada locus individual. Tanto la frecuencia alélica en los árboles maternos como en la progenie son similares, al igual que las tendencias en la heterocigosidad observada en ambas generaciones. La heterocigosidad observada en la progenie y en los árboles maternos de ambas poblaciones no están cercanas a la heterocigosidad esperada. De igual manera, los

*Como era de esperarse, la diversidad genética total de los loci polimórficos fue de 0.53, el promedio de la diversidad genética entre subpoblaciones es alta (0.53) comparada con la diversidad genética total entre poblaciones (0.0018).*

**Cuadro 5**  
**HETEROCIGOSIDAD ESPERADA (HEXP) Y OBSERVADA (HOB), TASAS DE CRUZAMIENTO (tm) E ÍNDICE DE FIJACIÓN (F) PARA POBLACIONES MATERNA Y DE LA PROGENIE DE *Pouteria sapota* DE SAN AGUSTÍN ACASAGUASTLÁN, EL PROGRESO, GUATEMALA**

Población	Hexp	Hobs	F	tm (%)
		Materna		
Parte alta de la cuenca	0.50	0.77	-0.54	81
Parte baja de la cuenca	0.51	0.77	-0.51	87
		Progenie		
Parte alta de la cuenca	0.51	0.76	-0.49	
Parte baja de la cuenca	0.53	0.67	-0.26	

valores del índice de fijación ( $F$ ) no difieren marcadamente entre plantas parentales y progenie en ambas poblaciones. Tanto los valores de  $F$  para los árboles maternos como la progenie fueron significativamente diferentes de cero, el valor de  $F$  esperado bajo condiciones de equilibrio según la ley de Hardy-Weinberg. Valores negativos de  $F$  fueron obtenidos tanto para las poblaciones materna como progenie.

Aunque puedan existir otras explicaciones, en general se dice que valores negativos de  $F$  están asociados con apareamiento no ordenado y con selección favoreciendo a aquellos genotipos heterocigóticos tanto en poblaciones maternas como de la progenie, mientras que valores positivos están relacionados con cruzamiento ordenado y endogamia.

Estos resultados indican dos conclusiones, 1) las poblaciones de zapote no están en equilibrio de Hardy-Weinberg, y 2) está ocurriendo selección en favor de individuos heterocigóticos debido que en las plantas maduras y plántulas se observa más heterocigosidad que la esperada. Cuando ocurre endogamia como resultado de autogamia y de polinización entre parientes, las líneas con genotipos homocigóticos aparentemente no desarrollan a pesar que se haya formado el embrión y el fruto. Esto es sugerido por la disparidad entre el exceso de heterocigotos en los árboles parentales y de la progenie en ambas poblaciones. Alguna evidencia que soporta este comportamiento es ofrecida por Smartt [1988], quien observó que semillas resultantes del cruce de *Phaseolus coccineus* silvestre con un material cultivado de la misma especie mostró más rápido crecimiento que las semillas obtenidas por medio de autofertilización de la accesión cultivada. Esto puede ser la evidencia de un efecto heterocigótico. El

*Estos resultados indican dos conclusiones, 1) las poblaciones de zapote no están en equilibrio de Hardy-Weinberg, y 2) está ocurriendo selección en favor de individuos heterocigóticos debido que en las plantas maduras y plántulas se observa más heterocigosidad que la esperada.*

incremento en la adaptabilidad asociado con incremento en la heterocigosidad ha sido documentado en varias plantas [Ledig, 1986].

Las estrategias de muestreo con la finalidad de conservación genética deben de tomar en consideración factores como frecuencia de muestreo, tamaño de la muestra, etc., los cuales están basados en información de genética de poblaciones tales como variación en la diversidad genética dentro y entre poblaciones, nivel de heterocigosidad, y frecuencia alélica de alelos particulares [Jain, 1976]. Además, una buena descripción de la subdivisión de las poblaciones y la distancia genética entre poblaciones es un elemento crítico en planificación de muestreo y metodologías de conservación *in situ*. Basado en la información generada por el presente estudio, está claro que la población de *P. sapota* tiene una estructura genética determinada en gran medida por el sistema de cruzamiento. En *P. sapota* el muestreo de poblaciones deberá enfocarse en un mayor número de individuos en cada población antes que muestrear mayor número de poblaciones. En especies de polinización cruzada como *P. sapota* en donde la diversidad genética se encuentra dentro de la población antes que entre poblaciones, el muestreo deberá usar un esquema de cuadrantes, en el que más individuos en cada población deberán muestrearse antes que muchas poblaciones.

La información obtenida en el presente estudio, especialmente el *cluster* basado en caracteres morfológicos e isoenzimáticos deberá ser utilizado en el diseño de colecciones nucleares de zapote tal como ha sido indicado por Azurdia *et al.* [1997].

Debido a que el sistema de cruzamiento en plantas varía tal como lo hace cualquier otra caracterís-

*En P. sapota el muestreo de poblaciones deberá enfocarse en un mayor número de individuos en cada población antes que muestrear mayor número de poblaciones.*

tica, es recomendable utilizar un mayor número de sistemas isoenzimáticos así como más poblaciones colectadas en diferentes estaciones, años y localidades.

## BIBLIOGRAFÍA

- AZURDIA, C. 1994. Genetic diversity in the *Phaseolus vulgaris* complex in Guatemala. PhD Dissertation. University of California, Davis.
- AZURDIA, C.; E. MARTÍNEZ; H. AYALA. 1997. Distribución, variabilidad y riesgo de erosión genética de algunas sapotáceas en Guatemala. *Ciencia y Tecnología (Guatemala)* (2): 81-101
- AZURDIA, C.; E. MARTÍNEZ; H. AYALA; B. NUFIO. 1997a. Colección nuclear, una alternativa para el manejo de colecciones de germoplasma: caso del zapote en Guatemala. *Ciencia y Tecnología* (2): 105-114.
- AZURDIA, C.; E. MARTÍNEZ; H. AYALA y V. MARTÍNEZ. 1997b. Sapotáceas del sur-occidente de Guatemala. *Ciencia y Tecnología (Guatemala)* (2): 35-55.
- AZURDIA, C.; L. MEJÍA y B. NUFIO. 1997c. Variabilidad en frutales tropicales nativos de *Pouteria* (Sapotaceae) utilizando marcadores isoenzimáticos. *Ciencia y Tecnología (Guatemala)* (2): 3-25.
- BROWN, A.H.D. and R.W. ALLARD. 1970. Estimation of the mating system in open-pollinated maize populations using isozyme polymorphisms. *Genetics* 66: 133-145.
- EL-KASSABY, Y.A.; M.D. MEAGHER; J. PARKINSON; and F.T. PORTLOCK. 1987. Allozyme inheritance, heterozygosity and outcrossing rate in *Pinus monticola* near Ladysmith, British Columbia. *Heredity* 58: 173-181.

- HAMRICK, J.L. 1982. Plant population genetics and evolution. *Amer. J. Bot.* 69(10): 1685-1693.
- JAIN, S.K. 1976. Population structure and the effects of breeding systems. In: Frankel O.H., Hawkes J.G. (eds.) *Crop genetic resources for today and tomorrow*. Cambridge University Press, London, pp 15-36.
- LEDIG, T.F. 1986. Heterozigosity, heterosis and fitness in outbreeding plants. In M.E. Soulé (ed.), *Conservation biology*, 77-104. Sinauer, Sunderland, MA.
- MCLEOD, M.J.; S.I. GUTTMAN and W.H. ESHBAUGH. 1983. Peppers (*Capsicum*). In S.D. Tanksley and T.J. Orton (eds.) *Isozyme in Plant Genetics and Breeding, Part B*. 189-201. Elsevier Science Publisher B.V. Amsterdam.
- MEJÍA, J. y E. ENRÍQUEZ. 1996. Identificación de 25 clones de cacao *Theobroma cacao* L. por electroforesis de isoenzimas. *Tikalía (Guatemala)* XIV (2): 11-26.
- MURAWSKI, D.A. and J.L. HAMRICK. 1992. Mating system and phenology of *Ceiba pentandra* (Bombacaceae) in central Panama. *J. Hered.* 83: 401-404.
- NEI, M. 1973. Analysis of gene diversity in subdivided populations. *Proc. Nat. Acad. Sci. USA.* 70(12): 3321-3323.
- PAIZ, C.M. 1994. Caracterización de las áreas irrigadas en la cuenca del río Hato, San Agustín Acasaguastlán, El Progreso. Tesis Ing. Agr. Universidad de San Carlos, Facultad de Agronomía. 101p.
- PENNINGTON, T.D. 1990. Sapotaceae. Monograph 52. *Flora Neotropica*. The New York Botanical Garden. New York, USA. 770 p.
- RITLAND, K. 1990. A series of Fortran computer programs for estimating plant mating systems. *J. Hered.* 81: 235-237.
- RITLAND, K. and S.K. JAIN. 1981. A model for the estimation

of outcrossing rate and gene frequencies using independent loci. *Heredity* 47: 35-52.

- SCHEMSKE, D.W. and R. LANDE. 1985. The evolution of self-fertilization and inbreeding depression in plants. II. Empirical observations. *Evolution* 39: (1)41-52.
- SHAW, D.V., A.L. KAHLER and R.W. ALLARD. 1981. A multilocus estimator of mating system parameters in plant populations. *Proc. Natl. Acad. Sci., USA* 78: (2)1298-1302.
- SMARTT, J. 1988. Morphological, physiological, and biochemical changes in *Phaseolus* beans under domestication. In: P. Gepts (ed.). *Genetic resources of Phaseolus beans*. Dordrecht, The Netherlands. Kluwer 143-161.
- TANKSLEY, S.D. 1981. Map positions of Prx-1, Skdh-1, and Pgm-1. *Rept. Tomato Genet. Coop.* 31: 18-19.
- TANKSLEY, S.D. and C.M. RICK. 1980. Genetic of esterase in species of *Lycopersicon*. *Theo. Appl. Genet.* 56: 209-219.
- WEST, N.B. and E.D. GARBER. 1967. Genetic studies of variant enzymes. II. The inheritance of esterase and leucine aminopetidase in *Phaseolus vulgaris* X *P. coccineus*. *Canad. J. Genet. Cytol.* 9: 646-655.
- WIJSMAN, H.J.W. 1983. *Petunia*. In S.D. Tanksley and T.J. Orton (eds.) *Isozymes in Plant Genetics and Breeding, Part B*. 229-252. Elsevier Science Publishers B.V., Amsterdam.

## DIVERSIDAD GENÉTICA DE *Phaseolus vulgaris* SILVESTRE DE GUATEMALA USANDO MARCADORES BIOQUÍMICOS (FASEOLINAS) Y MARCADORES MOLECULARES (AFLPs)

César Azurdia, Daniel Debouck,  
Joe Tohme, Inés Chacón, Viviana González



### Resumen

Se considera que el germoplasma de *Phaseolus vulgaris* silvestre de Guatemala constituye un acervo genético importante dado que en estudios previos se ha mostrado que éste es diferente al resto del germoplasma de origen Mesoamericano. Debido a que se cuenta con una colección de accesiones que cubre la mayor parte del territorio guatemalteco, se decidió estudiar con más detalle dicho germoplasma. El análisis utilizando marcadores bioquímicos (faseolinas) mostró que existen diferentes tipos de faseolinas, las cuales dependen básicamente de la región de procedencia del material genético, ya que aparentemente existe un gradiente de occidente a oriente, pasando por una condición intermedia en el altiplano central. Mediante la utilización de dos primers se obtuvieron 163 bandas polimórficas utilizando la técnica AFLPs. El análisis de similitud genética representado mediante un fenograma mostró que la mayoría de accesiones se agrupan según región de procedencia. Una excepción lo constituyó los materiales provenientes de Quesada, Jutiapa, los cuales están representados en los diferentes grupos configurados. Estos resultados deben de ser utilizados en el momento en el cual se pretenda realizar conservación *in situ*, dado que muestran claramente la distribución de la variabilidad genética de *Phaseolus vulgaris*.

Palabras claves: *Phaseolus*, silvestre, faseolinas, AFLPs, diversidad genética.

**Genetic Diversity of Wild *Phaseolus vulgaris*  
of Guatemala by Using Biochemical Markers (Phaseolins)  
and Molecular Markers (AFLPs)**

**Summary**

It is recognized that the wild *Phaseolus vulgaris* germplasm of Guatemala is a unique germplasm in comparison to the other sources of *P. vulgaris* germplasm of the Americas. Due to the fact that a complete array of accessions of these germplasm were available, it was decided to study such accessions in more detail. By using phaseolins it was shown that there are different types of faseolins and also they varied according to their region of origin. The different types of phaseolin showed a decline from the western region to the eastern. The AFLPs study based on two primers and 163 polimorphic bands, showed that genetic diversity is distributed according to region of procedence. One exception is the genetic material from Quesada which has accessions clustered in nucleus of different regions. This information will be the base for future establishment of in situ conservation areas.

**Key words:** *Phaseolus*, wild, phaseolins, AFLPs, genetic diversity.

## INTRODUCCIÓN

Guatemala como centro de origen y diversidad de plantas cultivadas es un área importante a estudiar, especialmente cuando se requiere conocer diversidad genética presente en poblaciones silvestres de especies con importancia económica. El frijol común es reconocido como una de las fuentes de proteína más importantes que existen, a la par de que es una fuente alimenticia básica en los países latinoamericanos y africanos, por lo que la mejora de los materiales cultivados es una preocupación constante. De esta manera, el conocimiento de la distribución y composición de la variabilidad genética de aquellas poblaciones silvestres en las cuales aún se encuentran genes importantes en cuanto a resistencia a estrés, plagas, enfermedades, etc., es un paso fundamental tanto en aspectos de mejoramiento como de conservación y muestreo. *Phaseolus vulgaris* es una especie

nativa de América Latina, encontrándose poblaciones en estado silvestre desde el norte de México hasta el norte de Argentina [Toro *et al.*, 1990]; asimismo, se ha evidenciado que dicha especie tiene dos centros de domesticación bien definidos, el andino y el mesoamericano con una fase de transición en Colombia [Gepts, 1988; Gepts and Bliss, 1986]. De esta cuenta, se ha puesto énfasis en materiales silvestres y cultivados de Mesoamérica, especialmente de México. Ante esta situación, se hace necesario estudiar con más detalle las poblaciones de frijol silvestre presentes en Guatemala, ya que evidencias recientes (se mencionarán en el acápite de antecedentes) señalan al material silvestre guatemalteco como un grupo totalmente diferente al de origen mexicano, a la par que se vislumbra la posibilidad de que los frijoles silvestres presentes en el área central de Guatemala sean los posibles antecesores de los materiales cultivados de origen mesoamericano; en otras palabras, existe la posibilidad de que Guatemala sea otro centro de origen y domesticación del frijol común, confirmando los señalamientos vertidos por Miranda Colín [1967] quién indica que puede existir un centro primario de origen de *P. vulgaris* en la región occidental de Guatemala y México.

El presente documento es un avance del trabajo de investigación desarrollado en la unidad de recursos fitogenéticos y la unidad de biotecnología del CIAT, durante el mes de noviembre de 1995, relacionado con diversidad genética en las poblaciones de frijol silvestre de Guatemala a la fecha disponibles, utilizando marcadores bioquímicos (faseolina) y marcadores moleculares, precisamente la técnica nueva denominada AFLP [Vos *et al.*, 1995].

*Existe la posibilidad de que Guatemala sea otro centro de origen y domesticación del frijol común, confirmando los señalamientos vertidos por Miranda Colín quién indica que puede existir un centro primario de origen de P. vulgaris en la región occidental de Guatemala y México.*

## ANTECEDENTES

### Recolección de germoplasma

La presencia de diversidad genética en los materiales cultivados de frijol en Guatemala fue reportada por primera vez en los trabajos de recolección realizados por científicos rusos a principios del presente siglo [Bukasov, 1930]. Referente a materiales en estado silvestre, la primera cita es dada por Standley y Steyermark [1946] quienes reportan dicha especie en estado silvestre para Guatemala. Sin embargo, el dato más fehaciente es proporcionado por McBryde [1945] quien indica que en el año 1943 él encontró en un lugar cercano a Jacaltenango, Huehuetenango unas plantas muy similares al bien conocido frijol riñón, solamente que tenía semilla más pequeña. Éste fue realmente el primer reporte de la presencia de frijol común en estado silvestre en Mesoamérica. Trabajos posteriores de recolección de germoplasma de frijol incluyen los de Norvell [reportados por Gentry, 1969] y Debouck y colaboradores [Debouck, 1988; Debouck y Soto, 1988; Debouck, 1995]. De esta manera, a la fecha se tiene cubierta buena parte del territorio nacional, considerándose que existe buena representación del germoplasma de frijol silvestre en Guatemala.

### Estudios bioquímicos y moleculares

El estudio desarrollado por Koenig y Gepts [1989] agrupó a los materiales silvestres guatemaltecos entre el gene *pool* mesoamericano como era de esperarse, sin embargo, no se pudo establecer diferencias

significativas entre los materiales guatemaltecos de acuerdo a su región de procedencia, debido a que se utilizaron pocas accesiones (cinco) y asimismo, a que el uso de isoenzimas no proporciona suficientes marcadores, dado que las isoenzimas en *P. vulgaris* no muestran suficientes polimorfismos. En la misma línea de trabajo, Azurdia [1994] no encontró diferencias significativas entre los siete materiales silvestres de origen guatemalteco estudiados, utilizando información isoenzimática.

Schmit *et al.* [1993] estudiaron el ADN del cloroplasto en especies silvestres de *Phaseolus* y encontraron que mediante el análisis de mutaciones de punto, los materiales guatemaltecos representaban una variación sumamente interesante, a tal grado que en el análisis filogenético realizado, el material procedente de la región central de Guatemala (DGD 1616) era diferente al de la región oriental [DGD 3423], al mismo tiempo, se mostró que ambos materiales genéticos eran distintos al resto de materiales americanos. Utilizando ADN mitocondrial, Khairallah *et al.* [1992] mostraron que los patrones de RFLPs encontrados en el material cultivado de origen mesoamericano son más similares a aquellos presentes en la accesión silvestre DGD 1610 proveniente de Sacatepéquez, Guatemala. Estos resultados dan indicios que el altiplano central de Guatemala puede ser un área específica de domesticación. Dichos autores sugieren que se debe de analizar mayor número de accesiones silvestres así como de cultivadas para sacar conclusiones referentes a la inquietud de si Guatemala es un centro de domesticación de *P. vulgaris*.

Mediante la utilización de ADN genómico, Azurdia [1994] aplicando la técnica denominada RAPDs

*Los patrones de RFLPs encontrados en el material cultivado de origen mesoamericano son más similares a aquellos presentes en la accesión silvestre DGD 1610 proveniente de Sacatepéquez, Guatemala.*

*Las accesiones de origen guatemalteco (11 en total) representan un grupo de diversidad interesante, el cual es distinto de los materiales silvestres de origen mexicano, algo no reportado previamente.*

con 23 *primer* polimórficos y un total de 93 bandas, mostró que los materiales silvestres de origen guatemalteco se diferencian de acuerdo a su región de procedencia. Así, un grupo está constituido por aquellos provenientes del altiplano central y el otro procedente del oriente de Guatemala. Más recientemente, Tohme *et al.* [1996] usando la técnica recién desarrollada denominada AFLPs en ADN genómico, encontraron que las accesiones de origen guatemalteco (11 en total) representan un grupo de diversidad interesante, el cual es distinto de los materiales silvestres de origen mexicano, algo no reportado previamente. Adicionalmente dichos autores indican que Guatemala ha recibido poca atención en estudios de evolución de *Phaseolus*, aunque éste es el único país en el que se encuentra *P. polyanthus* en forma silvestre, el ancestro de *P. polyanthus* cultivado. Esto sugiere que Guatemala es un ambiente único que pudo haber jugado un papel importante en la evolución de *Phaseolus*, por lo que indican que frijoles silvestres de este país deben de ser estudiados más en detalle junto con materiales provenientes de Chiapas, área que presenta condiciones ecológicas y étnicas similares.

## MATERIALES Y MÉTODOS

### Germoplasma utilizado.

Para el estudio de faseolinas se tomaron 30 semillas por cada una de las poblaciones silvestres provenientes de Guatemala (29 accesiones). Para el ensayo en el cual se aplicó la técnica de AFLPs, se estudiaron adicionalmente 10 materiales cultivados, 9 provenien-

tes del área mesoamericana y uno del área andina, así como un silvestre representativo del área norte andina (cuadro 1). Los materiales cultivados fueron escogidos tomando como base un estudio previo de materiales cultivados de origen mesoamericano utilizando la técnica RAPDs, en el que se pudo establecer la presencia de los grupos Jalisco, Durango, Puebla, Centro América Rojo y Negro Tropical [Tohme, 1995, comunicación personal]. El material silvestre andino se consideró debido a que es una accesión que posee el tipo de faseolina I, considerado como el tipo ancestral de las faseolinas [Kami *et al.*, 1995].

### **Determinación de tipo de faseolinas**

Se aplicó la metodología utilizada en el laboratorio de determinación de tipos de proteína de la unidad de Recursos Genéticos del CIAT. Ésta consiste básicamente en la separación de las proteínas totales y la separación de las mismas por medio de electroforesis a lo largo de una gel de poliacrilamida al 13%. Algunos tipos de faseolina no identificados plenamente se deberán de determinar en electroforesis en dos dimensiones y teñido con plata.

### **Aislamiento de ADN y aplicación de la técnica de AFLPs**

Se siguió la metodología utilizada por el laboratorio de Genética Molecular del CIAT, la cual es explicada en detalle en Tohme *et al.* [1995].

**Cuadro 1**  
**DATOS DE PASAPORTE MÁS IMPORTANTES**  
**DE LAS ACCESIONES DE *Phaseolus vulgaris***  
**UTILIZADOS EN LOS ESTUDIOS DE DIVERSIDAD GENÉTICA**

No. CIAT	Identificación del colector	País	Departamento	Altitud	condición biológica
	Norvell 3871	GUA	Sacatepéquez		Silvestre
	Norvell 3872	GUA	Sacatepéquez		Silvestre
	Norvell 3904	GUA	Sacatepéquez		Silvestre
	DGD 1610	GUA	Sacatepéquez	1550	Silvestre
	DGD 1611	GUA	Sacatepéquez	1280	Silvestre
	DGD 1616	GUA	Sacatepéquez	1550	Silvestre
	DGD 1619	GUA	Sacatepéquez	1820	Silvestre
	DGD 3060	GUA	Chimaltenango	1330	Silvestre
	DGD 3061	GUA	Chimaltenango	1350	Silvestre
	DGD 3066	GUA	Sololá	1330	Silvestre
	DGD 3078	GUA	Quetzaltenango	2050	Silvestre
	DGD 3081	GUA	Quetzaltenango	1730	Silvestre
	DGD 3083	GUA	Quetzaltenango	1760	Silvestre
	DGD 3074	GUA	Huehuetenango	1180	Silvestre
	DGD 3075	GUA	Huehuetenango	1540	Silvestre
	DGD 2459	GUA	Guatemala	1740	Silvestre
	DGD 2461	GUA	Guatemala	1740	Silvestre
	DGD 3057	GUA	Guatemala	1550	Silvestre
	DGD 2440	GUA	Santa Rosa	1430	Silvestre
	Norvell 3356	GUA	Santa Rosa	2000	Silvestre
	Cojulun 78G3A	GUA	Jalapa		Silvestre
	DGD 2430	GUA	Jalapa	1280	Silvestre
	DGD 2431	GUA	Jalapa	1280	Silvestre
	DGD 2432	GUA	Jalapa	1510	Silvestre
	Norvell 3447	GUA	Jutiapa	873	Silvestre
	Norvell 3448	GUA	Jutiapa	873	Silvestre
	Norvell 3450	GUA	Jutiapa	873	Silvestre
	DGD 2423	GUA	Chiquimula	1390	Silvestre
	DGD 2417	GUA	El Progreso	1250	Silvestre
G 11430		MEX	Puebla		Cultivado
G 11010		MEX	Durango		Cultivado
855		MEX	Jalisco		Cultivado
18996			Centro América Rojo		Cultivado
4383			Negro Tropical		Cultivado
686		GUA			Cultivado

continúa cuadro 1

No. CIAT	Identificación del colector	País	Departamento	Altitud	condición biológica
685		GUA			Cultivado
15846		GUA			Cultivado
18970		GUA			Cultivado
5481		Andino			Cultivado
G23583	DGD 1788	PER	Piura	920	Silvestre

### Análisis de los datos

Se estableció la diversidad genética presente en las poblaciones de *Phaseolus vulgaris* analizadas mediante el cálculo de una matriz de disimilitud (distancia genética de acuerdo al índice de Nei) y de similitud (coeficiente de Dice), y la elaboración de un fenograma basado en la técnica UPMGA. Todos los análisis mencionados se hicieron utilizando el paquete estadístico NTSYS (versión 1.70) (Exeter Publishing Ltd., Setauket, N.Y. 1992).

## RESULTADOS Y DISCUSIÓN

### Variabilidad en tipos de faseolinas

En un primer ensayo conducido por M.I. Chacón se encontró sorprendente variabilidad en las accesiones de frijol silvestre de Guatemala, siendo aún más sorprendente la existencia de variabilidad intrapoblacional tal como se puede apreciar en el cuadro 2. Es notorio que la faseolina presente depende en general de la región de procedencia del material genético, ya que aparentemente existe un gradiente de occidente a este, pasando por una condición intermedia en

*Es notorio que la faseolina presente depende en general de la región de procedencia del material genético.*



resultados no son sorprendentes si se tiene en mente que en estudios previos [Azurdia, 1994; Khairallah *et al.*, 1992; Schmit, *et al.*, 1993; Tohme *et al.*, 1995] ya se había anticipado la existencia de diferencias genéticas entre las accesiones de frijol silvestre de las diferentes regiones ecofisiográficas y étnicas de Guatemala.

En el ensayo de faseolinas en discusión se utilizaron alrededor de 10 semillas por accesión y en algunos de los casos se utilizó semilla progenie de las semillas originales, por lo tanto se consideró necesario profundizar en este estudio mediante el uso de semillas originales, así como en el incremento del número de semillas a estudiar (30 semillas).

### **Análisis basado en marcadores AFLPs**

Utilizando el *primer* «a» no se obtuvo amplificación de los materiales genéticos DGD1611, DGD 2459 y el material cultivado de origen andino (G5481). De esta manera, en los 37 materiales restantes se pudo observar la presencia de 108 bandas sujetas a estudio. Con esta información se procedió a elaborar una matriz de similitud (Coeficiente de Dice) y un fenograma. Los resultados obtenidos mostraron que los materiales genéticos identificados con los números Norvell 3356 y DGD 1619 son totalmente distintos a todo el germoplasma estudiado, inclusive al material de origen andino, el cual se consideró desde un principio como un material distinto a todos los materiales silvestres y cultivados utilizados (resultados no mostrados en el presente informe). Estos resultados son sumamente inesperados, ya que en estudios previos se ha llegado a mostrar [Tohme *et al.*, 1995] que los materiales de origen guatemalteco son un

grupo homogéneo que se separa como grupo de los materiales silvestres mexicanos y andinos, por lo tanto, se presume que alguna parte de la técnica AFLPs empleada no fue lo suficiente precisa para establecer los patrones polimórficos reales existentes en estas dos accesiones. Una posibilidad es que la doble digestión llevada a cabo antes de la primera amplificación no fue completa. Se sugiere repetir el proceso completo en estos dos materiales genéticos.

Algunos otros aspectos importantes observados en este fenograma son: los materiales cultivados se agrupan en el mismo grupo, siendo bastante similares a materiales genéticos silvestres procedentes del centro y occidente de Guatemala, además, el material DGD 1461 procedente de Amatitlán, Guatemala, se diferencia notablemente del resto de materiales genéticos silvestres.

Cuando se amplificaron los fragmentos de ADN utilizando el *primer «c»*, no hubo respuesta en los materiales Norvell 3356, Norvell 3448, DGD 1619, DGD 1417, DGD 2459 y CO78G3A. En total se identificaron 56 bandas en un total de 34 accesiones. Es notorio que en esta prueba no hubo amplificación de los materiales genéticos «extremadamente variables» (Norvell 3356 y DGD 1619) previamente mencionados, por lo tanto se refuerza la tesis de que se hace necesario realizar el procedimiento completo, siendo preferible iniciar con aislamiento de ADN. El fenograma obtenido mostró que el material de origen andino, tanto silvestre como cultivado es diferente a los materiales silvestres y cultivados de origen guatemalteco y mesoamericano; además, los materiales cultivados de origen mesoamericano nuevamente se agrupan con materiales silvestres procedentes del occidente y parte central de Guatemala.

*Los materiales cultivados se agrupan en el mismo grupo, siendo bastante similares a materiales genéticos silvestres procedentes del centro y occidente de Guatemala.*

Finalmente, el material DGD 1461 nuevamente mostró ser diferente al resto de materiales cultivados y silvestres de origen mesoamericano estudiados.

Con la información obtenida con los *primer* «a» y «c», se obtuvieron un total de 163 bandas amplificadas en 32 accesiones, dado que del total, con el *primer* «a» no amplificaron 3 materiales y con el *primer* «c» no amplificaron 5, todos ellos correspondientes a materiales silvestres, a excepción del material cultivado andino. Se elaboraron dos fenogramas, uno basado en *Nei's genetic distance* y el otro en *Dice genetic similarity coefficient*, obteniéndose en ambos casos los mismos resultados (figura 1). Se definen claramente cinco grupos de accesiones, el menos similar al resto de accesiones estudiadas, constituido solamente por el material silvestre de origen andino; el grupo constituido únicamente por el cultivar DGD2459 que se aparta totalmente tanto del resto de materiales silvestres como de los cultivados; un grupo constituido básicamente por materiales provenientes del altiplano central de Guatemala, con la excepción del material Norvell 3447 proveniente de Quesada, Jutiapa; un grupo constituido por todos los materiales cultivados junto con materiales silvestres de Huehuetenango y Quetzaltenango y un material proveniente de Quesada, Jutiapa (Norvell 3450); y el quinto grupo, constituido por materiales provenientes del oriente de Guatemala con la excepción de dos materiales genéticos provenientes del altiplano central, el DGD 1610 de Santa María de Jesús, Sacatepéquez y el DGD2430 de San Miguel Dueñas, Sacatepéquez.

Estos resultados no son sorprendentes si se revisa de nuevo los antecedentes, los cuales indicaban que los materiales genéticos de Guatemala están

*Los materiales genéticos de Guatemala están organizados de acuerdo a región de procedencia, dado que cada una de ellas, es decir, presentan condiciones ecofisiográficas y etnológicas distintas, lo cual se espera que redunde en el tipo de diversidad genética de las especies vegetales presentes en las mismas.*



suma importancia conservar dichos materiales genéticos ya sea en condiciones *in situ* o *ex situ*. Desafortunadamente, a la fecha no se tienen datos de pasaporte exactos de dichos materiales, por lo cual, no se puede verificar a nivel de campo la presencia o ausencia de dichos materiales genéticos. Otra área que es importante en cuanto a diversidad genética es el altiplano central, ya que dentro del mismo se encuentran materiales genéticos que presentan características propias de los grupos del altiplano central y del oriente, así como una accesión que se diferencia totalmente de todos los materiales cultivados y silvestres de origen mesoamericano estudiados (DGD 1616); por lo tanto esta región es otro punto medular si se pretende realizar búsqueda de diversidad genética así como si se pretende realizar conservación *in situ*. Los materiales cultivados mesoamericanos, tanto los de origen mexicano como los típicos guatemaltecos se presentan agrupados en el mismo grupo, reflejando su alta similitud, especialmente los de origen guatemalteco; además, estos materiales por alguna razón son más similares a los materiales silvestres del occidente de Guatemala. ¿Será posible que estos materiales silvestres tengan alguna participación en el origen de estos materiales cultivados o que simplemente pueda haberse dado algún tipo de introgresión entre ellos?, ésta es una pregunta importante que nos puede dar ciertas luces para dilucidar el origen del material cultivado a partir del silvestre guatemalteco. Con la información obtenida al presente, no se puede contestar dichas preguntas.

Los resultados obtenidos deben de ser tomados como preliminares, ya que para verificar exactamente la relación zona ecológica de procedencia – grupo

genético, se requiere tomar en cuenta los siete materiales silvestres que no amplificaron con los dos *primer* utilizados, así como ampliar el número de accesiones, principalmente de la parte correspondiente a la sierra de las minas, ya que esta región se viene considerando como una área en la cual posiblemente los materiales genéticos presentes en la misma, sean diferentes a los de las otras regiones mencionadas. Parece muy interesante el desarrollar estudios de AFLPs en ADN mitocondrial dado que la alta tasa de rearrreglo del genoma podría darnos mucha información referente a diversidad genética así como relaciones filogenéticas entre materiales silvestres y cultivados. Si se requiere profundizar en el establecimiento de la existencia de diferentes grupos genéticos de acuerdo a la región de procedencia, una técnica que parece sumamente interesante es la de microsatélites. Finalmente, si se requiere profundizar en cuanto al establecimiento de si Guatemala es un centro de origen de frijol común, se sugiere hacer secuenciación de genes específicos, tales como faseolinas tal como fue demostrado por Kami *et al.* [1995] o bien estudiar RFLPs en ADN de mitocondria.

*Parece muy interesante el desarrollar estudios de AFLPs en ADN mitocondrial dado que la alta tasa de rearrreglo del genoma podría darnos mucha información referente a diversidad genética así como relaciones filogenéticas entre materiales silvestres y cultivados.*

Referente a la técnica de AFLPs, se puede mencionar que la misma es una técnica sumamente poderosa ya que tiene las ventajas de tener alta repetitividad, se obtienen resultados mucho más rápido que los obtenidos con RFLPs y aun que los obtenidos con la técnica de RAPDs; el único problema que presenta es de que se están tomando como similares dos bandas que ocupan la misma posición, lo cual no nos garantiza que sean bandas similares ya que pueden ser similares solamente en cuanto a longitud pero pertenecer a diferente parte del genoma. Sin embargo,

para nuestro caso, en el cual ya existía alguna información referente a la organización de la variabilidad genética de los frijoles silvestres y cultivados de Guatemala, esta técnica se considera satisfactoria, dado que los resultados obtenidos vinieron a esclarecer y reforzar las expectativas planteadas al inicio del experimento.

### BIBLIOGRAFÍA

- AZURDIA, C. 1994. Genetic diversity in the *Phaseolus vulgaris* complex in Guatemala. Ph D. thesis, Davis California, USA. 138 p.
- BUKASOV, S. M. 1930. The cultivated plants of Mexico, Guatemala and Colombia. Bull. Appl. Bot. Genet. Pl. Breed. (Leningrad) Supplement. 47: 1-553.
- DEBOUCK, D. 1988. *Phaseolus* germplasm collection in central and eastern Guatemala. Mimeographed, International Union for Conservation of Nature and Natural Resources, Gland, Switzerland.
- DEBOUCK, D. y J. SOTO. 1988. Recolección de germoplasma de *Phaseolus* (frijol) en el occidente de Guatemala. Tikalia (Guatemala) 6: 17-34.
- GENTRY, H.S. 1969. Origin of the common bean, *Phaseolus vulgaris*. Econ. Bot. 23(1): 55-69.
- GEPTS, P. 1988. A middle American and an Andean common bean gene pool. In Genetic Resources of *Phaseolus* Beans (P. Gepts, ed.); pp 375-390. Kluwer Academic Publishers, Dordrecht, Holland.
- GEPTS, P. and F. BLISS. 1986. Phaseolin variability among wild and cultivated common beans (*Phaseolus vulgaris*) from Colombia. Econ. Bot. 40: 469-478.
- KAMI, J.; V. BECERRA; D. G. DEBOUCK and P. GEPTS. 1995.

- Identification of presumed ancestral DNA sequences of phaseolin in *Phaseolus vulgaris*. Proc. Acad. Sci. USA 92: 1101-1104.
- KHAIRALLAH, M.; B. SEARS and M.W. ADAMS. 1992. Mitochondrial restriction fragment length polymorphisms in wild *Phaseolus vulgaris* L.: insights on the domestication of the common bean. Theor. Appl. Genet. 84: 915-922.
- KOENIG, R. and P. GEPTS. 1989. Allozyme diversity in wild *Phaseolus vulgaris*: further evidence for two major centers of diversity. Theor. Appl. Genet. 78: 809-817.
- MCBRYDE, F.W. 1945. Cultural and historical geography of southwest Guatemala. Smithsonian Inst. Publ. 4: 1-184.
- MIRANDA C., S. 1967. Origen de *Phaseolus vulgaris* L. (frijol común). Agrociencia 1: 99-109.
- SCHMIT, V., P. DU JARDIN, J.P. BAUDOIN and D.G. DEBOUCK. 1993. Use of chloroplast DNA polymorphisms for the phylogenetic study of seven *Phaseolus* taxa including *P. vulgaris* and *P. coccineus*. Theor. Appl. Genet. 87(4): 506-516.
- STANDLEY, P.C. and J. STEYERMARK. 1946. Flora of Guatemala. Part V. Fieldiana, Botany 24: 1-502.
- TOHME, J.; D.O. GONZÁLEZ; S. BEEBE and M. DUQUE. 1996. AFLP Analysis of gene pools of a wild bean core collection. Crop. Sci. 36: 1,75-1384.
- TORO, O.; J. TOHME and D.G. DEBOUCK. 1990. Wild bean (*Phaseolus vulgaris* L.): description and distribution. Centro Internacional de Agricultura Tropical, Cali, Colombia. 106 p.
- VOS, P.; R. HOGERS; M. BLECKER, M. REIJANS; T. VANDER LEE; M. HORNES; A. FRIJTERS; J. POT; J. PELEMAN; M. KUIPER and M. ZABEAN. 1995. AFLP: a new technique for DNA fingerprinting. Nucleic Acid Research (submitted).

## EVOLUCIÓN DEL FRIJOL PILOY O NUN (*Phaseolus polyanthus*), UNA ESPECIE ORIGINARIA DE GUATEMALA

César Azurdía, Fred Bliss, Daniel Debouck



### Resumen

Guatemala como centro de origen y diversidad de plantas cultivadas presenta riqueza genética en *Phaseolus*. De las especies cultivadas, *P. polyanthus* es poco conocida, a tal grado que comúnmente se le confunde con su pariente ligado *P. coccineus*. Aspectos etnobotánicos y la presencia de accesiones en estado silvestre únicamente en Guatemala, sugieren que Guatemala es el centro de origen de dicha especie. Estudios moleculares y bioquímicos indican que *P. polyanthus* en estado silvestre es muy similar a *P. polyanthus* en estado cultivado, asimismo, basado en marcadores de ADN total (isoenzimas, RAPD's) *P. polyanthus* es más similar a *P. coccineus*; mientras que basado en fragmentos de restricción de ADN de cloroplasto, *P. polyanthus* es más similar a *P. vulgaris*. Estos resultados refuerzan la teoría referente al origen híbrido de *P. polyanthus* y además, establecen que *P. polyanthus* debe ser tratado como otra entidad taxonómica.

Palabras clave: Evolución, *Phaseolus*, marcadores moleculares, origen híbrido.

### Evolution of Piloy Bean (*Phaseolus polyanthus*), a Guatemalan's Native Species

#### Summary

Guatemala as a center of origin and diversity of crop plants, is rich in *Phaseolus* genetic diversity. *P. polyanthus*, a cultivated species, is not well known and often is mistaken with its ally *P. coccineus*. Ethnobotanical data and the presence of wild populations

only in Guatemala suggest that this country is the center of origin and diversity. Molecular and biochemical studies indicated that wild *P. polyanthus* is closely related to cultivated *P. polyanthus*. Similarly, genomic DNA markers (isozymes and RAPD's) showed that *P. polyanthus* is more closely related to *P. coccineus* rather than to the other cultivated *Phaseolus* species. Moreover, chloroplast DNA markers (RFLP's) have indicated that *P. polyanthus* is closer to *P. vulgaris* than to the other *Phaseolus* species. These results reinforce the hybrid origin theory of *P. polyanthus*, and also suggest that *P. polyanthus* be considered as an independent taxon.

Key words: Evolution, *Phaseolus*, molecular markers, hybrid origin.

## INTRODUCCIÓN

Guatemala es ampliamente reconocido como un centro de origen y diversidad de plantas cultivadas tales como maíz, frijol, algodón, cacao, aguacate, las cuales han sido diseminadas por el mundo y en la actualidad constituyen una parte importante de la economía de muchos países. El incremento de la población humana requiere el incremento de los alimentos disponibles, por lo tanto, una forma de enfrentar el problema es mediante el mejoramiento de los materiales genéticos a cultivar. Sin embargo, el proceso de mejora en plantas cultivadas conlleva el problema que la variabilidad genética en las variedades obtenidas es reducida notablemente. Es decir, a pesar de obtener beneficios en cuanto a incremento en la producción o mejora en la calidad del producto de interés, las nuevas variedades reducen su capacidad en cuanto a respuesta a otro tipo de factores ambientales adversos (plagas, enfermedades, estrés biótico, etc.).

Por esta razón, los mejoradores, científicos que en la mayoría de los casos desarrollan sus actividades en países desarrollados o en centros internacionales

localizados en países en desarrollo, siempre están tras la búsqueda de genes presentes en los materiales genéticos más primitivos o en estado silvestre para poder ampliar la base genética de sus variedades mejoradas. Es en este momento cuando los centros de origen y diversidad de plantas cultivadas juega un papel importante. Precisamente, es en estos lugares en donde crecen en forma silvestre a lo largo y ancho de las extensas montañas, los parientes silvestres de las plantas cultivadas.

En el caso del frijol, Guatemala es el centro de origen y diversidad de cuatro especies de frijol, el frijol común (*Phaseolus vulgaris*), frijol piloy o chamberote (*P. coccineus*), frijol lima (*P. lunatus*) y otra clase de frijol también llamado piloy o nun (*P. polyanthus*). Además, se cuenta con numerosas especies silvestres que de alguna manera podrían ser útiles en el mejoramiento de las especies cultivadas.

De las especies cultivadas, *P. polyanthus* es la menos conocida ya que no tiene la importancia comercial que tienen *P. vulgaris* y *P. lunatus* y además, se le confunde constantemente con *P. coccineus*. En el presente documento se presentará información que de alguna manera esclarece el estatus de *P. polyanthus*, mostrándose que es una especie distinta y que precisamente su centro de origen es Guatemala.

Guatemala es el centro de origen y diversidad de cuatro especies de frijol, el frijol común (*Phaseolus vulgaris*), frijol piloy o chamberote (*P. coccineus*), frijol lima (*P. lunatus*) y otra clase de frijol también llamado piloy o nun (*P. polyanthus*). Además, se cuenta con numerosas especies silvestres que de alguna manera podrían ser útiles en el mejoramiento de las especies cultivadas.

### CONSIDERACIONES NECESARIAS PARA ENTENDER EL ORIGEN Y DOMESTICACIÓN DE *P. polyanthus*

El frijol piloy o nun es un cultivo frecuente en las partes templadas y frías del país, en donde comparte

la mayoría de veces el mismo hábitat que la otra clase de piloy chamborote, el cual como ya se anotó pertenece a *P. coccineus*. Desde el punto de vista agronómico el nun es interesante debido a que tiene un rango de adaptación más grande que el que presenta tanto el frijol común y el chamborote. Además, parece ser que *P. polyanthus* tiene caracteres que lo hace más resistente a ciertas enfermedades que atacan a las dos especies de frijol mencionadas. Asimismo, el valor culinario del nun es más alto que el del chamborote debido a que las amas de casa mencionan que el nun tiene sabor más agradable por lo que su precio en el mercado es considerablemente más alto que el del frijol común y el del chamborote.

*Phaseolus polyanthus* cultivado está distribuido desde el sur de México hasta la región andina. Debido a su semejanza morfológica con *P. coccineus*, esta especie ha sido considerada como una subespecie de *P. coccineus* [Delgado, 1988]. Sin embargo, la presencia de poblaciones silvestres en la parte central de Guatemala [Schmit y Debouck, 1991] así como otras evidencias de tipo biológico como comportamiento reproductivo y análisis bioquímico, plantean la inquietud acerca de su verdadero estatus. De esta manera, Debouck *et al.* [1991] indican que el piloy debe ser considerado como una especie diferente y la ubican como *P. polyanthus*. Ante esta situación, se plantea una nueva interrogante relativa al centro de origen y domesticación de esta especie. Inicialmente se debe mencionar que para contestar esta pregunta, se debe hacer diferentes tipos de estudios que involucren aspectos biológicos (taxonomía, bioquímica, fisiología, paleobotánica, ecofisiografía), arqueología y etnobotánica.

*Debouck et al. indican que el piloy debe ser considerado como una especie diferente y la ubican como P. polyanthus.*

La presencia de poblaciones silvestres de piloy en Guatemala es un elemento fundamental para pensar en primera instancia que nuestro país es el centro de origen y domesticación del piloy, sin embargo, es necesario realizar más expediciones de colecta especialmente en el sur de México en donde podrían encontrarse algunas de estas poblaciones.

En el aspecto etnobotánico, la información que se tiene para Guatemala indica que el frijol piloy silvestre es consumido por algunas personas (el caso de la población silvestre presente en la Laguna de Calderas, Amatitlán), lo cual es importante desde el punto de vista de evolución bajo domesticación porque se tiene entonces referencias del primer paso en la larga etapa de domesticación que se debe seguir, es decir, el hombre se ha interesado por una especie silvestre que le representa alguna utilidad, por lo tanto trata de cultivarla para incrementar los beneficios particulares que de ella obtiene. Adicionalmente, la relación hombre-planta existente para el caso del piloy y las comunidades humanas guatemaltecas queda reflejada en el hecho que esta especie es apreciada en alimentación humana y que tiene su propio nombre en lengua nativa (nun).

*La presencia de poblaciones silvestres de piloy en Guatemala es un elemento fundamental para pensar en primera instancia que nuestro país es el centro de origen y domesticación del piloy.*

### **DISTRIBUCIÓN DE *P. polyanthus* SILVESTRE EN GUATEMALA**

A la fecha se han realizado tres exploraciones de *Phaseolus* silvestre en Guatemala, incluyendo *P. polyanthus*. La primera de ellas fue realizada en la cordillera volcánica y en el departamento de San Marcos [Debouck, 1986], en la parte central y oriental de Guatemala [Debouck, 1988] y en el centro y

occidente de Guatemala [Debouck, Azurdia y Martínez, 1996]. En las dos primeras exploraciones se llegó a establecer la presencia de seis poblaciones silvestres, de la siguiente manera: en el este de Sololá (una), oeste de Chimaltenango (dos), sur de Sacatepéquez (dos) y sur oeste de Guatemala (una).

Como resultado de la tercera expedición, se adicionaron una población en el sur-este de Sololá (# 3093) y una en el este de Quetzaltenango (# 3093). Observaciones previas referentes al hecho que esta especie es una enredadera típica creciendo en áreas poco perturbadas del bosque húmedo montano bajo subtropical, fueron completamente confirmadas por las poblaciones nuevas estudiadas. Dicha zona de vida ocupa una pequeña porción de la pendiente de la cordillera volcánica, ahora convertida en plantaciones de café. Aunque *P. polyanthus* silvestre se puede beneficiar un poco de la perturbación de la vegetación natural, la misma no sobrevive a intenso clareo de la misma.

La colecta # 3067 indica la presencia de *P. polyanthus* silvestre en el sur del lago de Atitlán (era conocida su presencia en la parte norte mediante la muestra # 1631 colectada en un viaje anterior). El bosque húmedo montano bajo se extiende hasta la parte más occidental del lago de Atitlán, por lo tanto, en dicha área se supone la presencia de la especie en mención. Se realizó un recorrido en la ruta Santa Lucía Utatlán (2,400 msnm) – Pamezabal – Santa Clara La Laguna (1930 msnm) para determinar la presencia de *P. polyanthus*, sin embargo, no se logró alcanzar altitudes más bajas en donde usualmente se localiza dicha especie. Debido a que la zona del volcán San Pedro está todavía muy poco comunicada, existe la posibilidad de encontrar *P.*

*Aunque P. polyanthus silvestre se puede beneficiar un poco de la perturbación de la vegetación natural, la misma no sobrevive a intenso clareo de la misma.*

*polyanthus* cerca de San Pedro la Laguna. La población # 1631 (1,680 msnm) encontrada en 1985 aún está presente, aunque de alguna manera reducida por el hecho que la carretera antigua ha sido transformada en una moderna autopista que conduce de Panajachel a Sololá.

La muestra # 3093 probablemente marca el final de la distribución de *P. polyanthus* en el occidente de la pendiente de la cordillera volcánica del Pacífico. Esto debido a que el bosque montano bajo termina en Santa María de Jesús en el este de Quetzaltenango. Un espécimen de herbario (Steyermark 37495 depositado en el Field Museum de Chicago) encontrado en la vertiente sur del volcán Tajumulco en elevaciones comprendidas de 1,300 a 1,500 msnm puede ser *P. polyanthus* silvestre o bien una muestra de una población cultivada o escapada. La muestra en mención fue recolectada en una región ubicada en el bosque muy húmedo montano bajo subtropical, el cual es mucho más húmedo que la zona de vida en la cual es frecuente *P. polyanthus*, por lo que la dispersión de sus semillas puede ser un problema.

En el mismo lugar en donde se recolectó la muestra # 3093 se encontró otras plantas con un grano rosado-bayo (40.9 g de peso en 100 semillas). No se sabe si esta población es parte de la variación natural de la población silvestre (semillas oscuras, relativamente grandes, 100 semillas pesaban 39.6 g) o el resultado de introgresión a partir de poblaciones cultivadas o escapadas de *P. polyanthus* creciendo en las cercanías. Por observaciones previas [Azurdia, 1994; Debouck, 1988] se conoce que dicha introgresión puede ocurrir.

Semillas de *P. polyanthus* cultivado, colectadas en enero de 1995 en una finca cercana a San Juan

*La muestra # 3093 probablemente marca el final de la distribución de P. polyanthus en el occidente de la pendiente de la cordillera volcánica del Pacífico.*

Chamelco, Alta Verapaz y denominado "nun" mostraban un patrón variegado interesante, con diferentes manchas de gris y blanco sobre un fondo bayo, tal como si hubiese sido cruzado con *P. polyanthus* silvestre. Resulta interesante revisar el hecho que Freytag y Vakii habían colectado en 1978 una población en estado silvestre de *P. polyanthus* (F&V 78-Gua-132) de la misma área, por lo tanto, extendiendo los posibles hábitats de este taxón al bosque muy húmedo subtropical frío, restringido a los alrededores de Cobán y la Sierra de Chuacús. En el caso de que esto sea cierto, se puede indicar que *P. polyanthus* tiene una mayor distribución, presentándose en dos rangos montañosos en el interior del territorio guatemalteco.

### ESTUDIOS EVOLUTIVOS UTILIZANDO MARCADORES BIOQUÍMICOS Y MOLECULARES

Morfológicamente los individuos en estado silvestre y los materiales domesticados de *P. polyanthus*, son muy similares, siendo el tamaño y color de la semilla un carácter diferencial. La semilla del material cultivado es ligeramente más grande y de colores llamativos, mientras que las semillas del material silvestre presentan color oscuro, típico de los materiales silvestres, es decir, un color que se confunde con el color del suelo como defensa ante predadores. Los estudios conducidos durante el período de 1990 a 1994 por el autor principal del presente escrito, en el departamento de Genética de la Universidad de California, en Davis, Estados Unidos como parte de un estudio global en el germoplasma de varias especies de

*Phaseolus*, indicaron que mediante el uso de marcadores bioquímicos (proteínas de almacenamiento e isoenzimas) y marcadores moleculares (RAPDs en ADN total y RFLPs en ADN de cloroplasto), las poblaciones silvestres de *P. polyanthus* están poco diferenciadas de las poblaciones cultivadas de *P. polyanthus* de Guatemala. Por ejemplo, mediante el uso de isoenzimas (figura 1), el fenograma obtenido no muestra separación importante entre dichos materiales genéticos (figura 2). En dicha figura es notorio que *P. coccineus* (tanto en estado silvestre como domesticado) está más emparentado a *P. polyanthus* que a *P. vulgaris* (tanto en estado silvestre y domesticado como proveniente del centro mesoamericano o andino).

Mediante el uso de marcadores moleculares se puede encontrar algunas diferencias mayores entre los materiales genéticos en estado silvestre y los materiales genéticos cultivados (figura 3). Esto se debe básicamente a que los marcadores moleculares ofrecen mayor número de polimorfismos, distribuidos a lo largo del genoma. En la figura 4 se puede observar nuevamente que los materiales genéticos silvestres están más cercanamente emparentados a los materiales genéticos cultivados de *P. polyanthus*, antes que con otras especies de *Phaseolus*, especialmente



Figura 1. Gel de almidón en el que se muestra la expresión de la isoenzima SKDH en *Phaseolus polyanthus*. Se observa un gen con dos alelos.

*P. coccineus*, el cual ha sido mencionado insistentemente como el taxón al cual pertenecen las poblaciones de *P. polyanthus*. En esta figura es notorio que el grupo de *P. coccineus* en estado silvestre está más emparentado con el correspondiente grupo de *P. coccineus* en estado domesticado, lo cual indica claramente que *P. coccineus* es un taxón totalmente distinto a *P. polyanthus*, aunque emparentados cercanamente.

De las figuras 2 y 4 se puede mencionar a manera de conclusión que basados en información genética obtenida a través de marcadores bioquímicos y moleculares (isoenzimas y RAPDs de ADN total), *P. polyanthus* es un taxón constituido por dos grupos

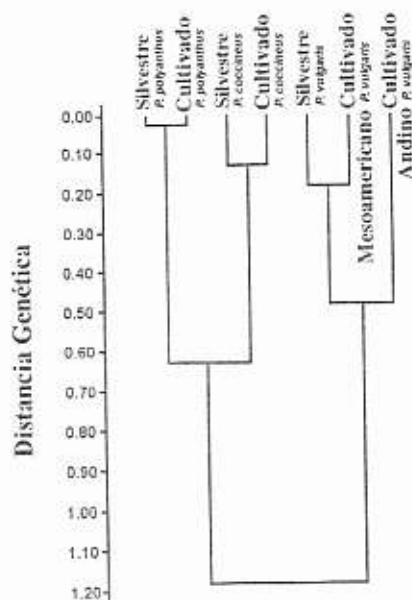
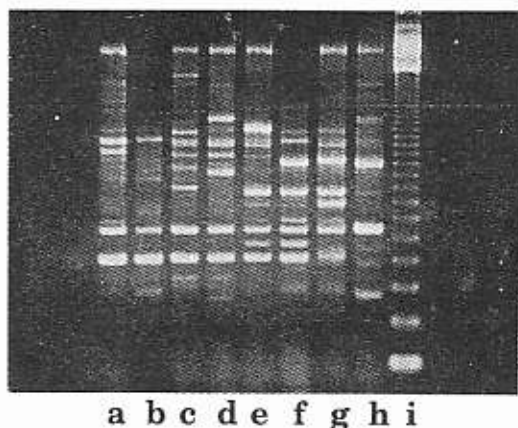


Figura 2. Fenograma mostrando las relaciones entre los diferentes estatus biológicos de *P. vulgaris*, *P. coccineus* y *P. polyanthus* basados en distancias genéticas de Nei a partir de datos isoenzimáticos.

genéticos, el grupo en estado silvestre y el grupo de materiales en estado cultivado; además, es notorio que *P. polyanthus* como taxón está más emparentado a *P. coccineus*, antes que con las otras dos especies estudiadas (*P. vulgaris* y *P. lunatus*). Ésta es la razón por la cual desde el punto de vista morfológico ambos grupos son bastante similares a tal grado que como ya se ha mencionado, se considera pertenecen al mismo taxón.

Se ha mencionado insistentemente que *P. polyanthus* es de origen híbrido, resultante de un cruce entre *P. coccineus* y *P. vulgaris*, en cuyo caso, el padre fue el primero y la madre el segundo. Estos resultados han logrado cierto respaldo cuando se procede a realizar cruces recíprocos, en cuyo caso, los mejores resultados se han obtenido cuando *P. coccineus* juega el papel de padre.



**Figura 3. Marcadores RAPD en especies de *Phaseolus*.** a = *P. polyanthus* silvestre; b = *P. polyanthus* cultivado; c = *P. coccineus* silvestre; d = *P. coccineus* cultivado; e = *P. vulgaris* silvestre; f = *P. vulgaris* cultivado de origen mesoamericano; g = *P. vulgaris* cultivado de origen andino; h = *P. lunatus* silvestre; i = marcador molecular (123).

La morfología de *P. polyanthus* es más cercana a *P. coccineus*, sin embargo, se puede observar perfectamente un carácter típico de *P. vulgaris* en *P. polyanthus*, precisamente la posición de los restos de los cotiledones después de la germinación. La adaptación ecológica de *P. polyanthus* es sumamente interesante, ya que la misma comprende parte de la región en la cual está distribuida *P. vulgaris* y parte de la distribución de *P. coccineus*; en otras palabras, nuevamente da la impresión de ser producto de dicho cruce. Esto puede explicar el hecho que *P. polyanthus* sea más variable molecularmente que

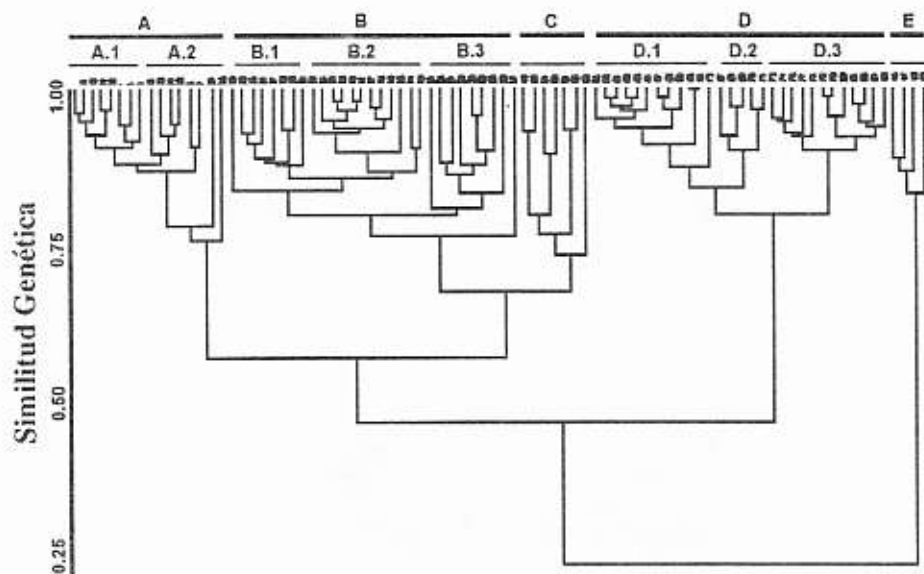
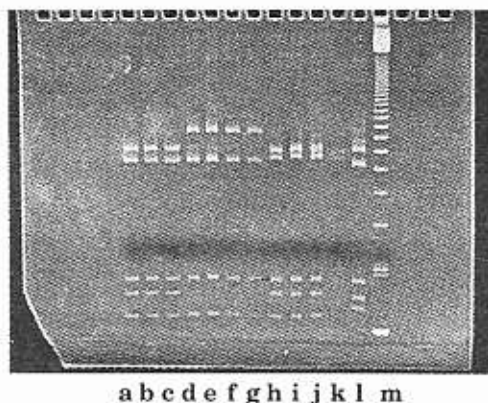


Figura 4. Fenograma mostrando las relaciones entre las poblaciones de las diferentes especies que componen el complejo *Phaseolus*. Basado en similitud genética a partir de marcadores RAPDs. A = *P. polyanthus*; B = *P. coccineus*; C = híbridos naturales; D = *P. vulgaris*; E = *P. lunatus* silvestre; A.1 = silvestre; A.2 = cultivado; B.1 = silvestre; B.2 = cultivado; B.3 = silvestre; D.1 = cultivado mesoamericano; D.2 = cultivado andino; D.3 = silvestre.

*P. coccineus* y *P. vulgaris*, ya que en las regiones de su distribución natural puede llevarse a cabo introgresión con las dos especies en mención.

Una forma de poder inferir el origen materno de una especie es estudiar la diversidad genética presente en el ADN citoplásmico (ADN del cloroplasto y de la mitocondria), la cual como es sabido, en plantas con flores, tiene un tipo de herencia materna. Azurdia [1994] aisló ADN de cloroplasto de diferentes especies de *Phaseolus*, mediante el uso de *primer* universales y de PCR, los cuales fueron tratados con diferentes enzimas de restricción (figura 5). Los resultados obtenidos indican que basados en la diversidad genética presente en ADN de cloroplasto, *P. polyanthus* es más similar a *P. vulgaris*, antes que a *P. coccineus* (figura 6). Resultados similares fueron obtenidos por Llaca *et al.* [1995] utilizando



**Figura 5.** Fragmentos de restricción en ADN de cloroplasto en *Phaseolus* utilizando la enzima de restricción *MboI*. a = *P. vulgaris* silvestre; b = *P. vulgaris* cultivado de origen mesoamericano; c = *P. vulgaris* cultivado de origen andino; d = *P. polyanthus* cultivado; e y f = *P. polyanthus* silvestre; g = *P. polyanthus* tipo maleza; h = híbrido *P. coccineus* x *polyanthus*; i = *P. coccineus* silvestre; j = *P. coccineus* tipo maleza; k = *P. coccineus* cultivado; l = *P. lunatus* silvestre; m = marcador molecular (123).

RFLPs en ADN de cloroplasto. Estos resultados concuerdan con los obtenidos cuando se han realizado cruzamientos entre *P. coccineus* y *P. vulgaris*, tal como fue explicado anteriormente. Entonces, puede recobrar vigencia la idea que *P. polyanthus* pudo haber sido el resultado del cruzamiento de *P. coccineus* como portador de los gametos masculinos y *P. vulgaris* como el portador de gametos femeninos. Otros autores piensan que no necesariamente el actual *P. vulgaris* fue el que dio origen al *P. polyan-*

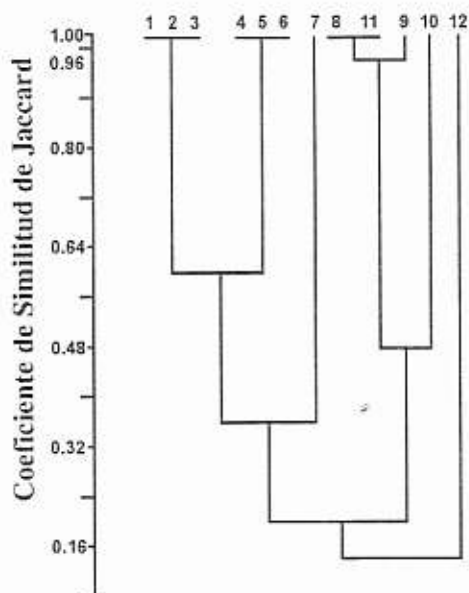


Figura 6. Fenograma mostrando las relaciones entre las especies del complejo *Phaseolus*, basado en la longitud de los fragmentos de restricción en el ADN del cloroplasto. 1 = *P. vulgaris* silvestre DGD 1619; 2 = *P. vulgaris* cultivado mesoamericano; 3 = *P. vulgaris* cultivado andino; 4 = *P. polyanthus* cultivado G35780; 5 y 6 = *P. polyanthus* silvestre, poblaciones 4 y 10 respectivamente; 7 = *P. coccineus* tipo maleza, población 5; 8 = *P. coccineus* X *polyanthus* G35779; 9 = *P. coccineus* silvestre G35850; 10 = *P. coccineus* tipo maleza, población 5; 11 = *P. coccineus* cultivado G35768; 12 = *P. lunatus* silvestre, población 12.

thus, sino que pudo haber sido una especie muy emparentada al actual *P. vulgaris*.

Los resultados mostrados indican claramente que el complejo *P. vulgaris* (integrado por *P. cocci-neus*, *P. vulgaris* y *P. polyanthus*), es un grupo homogéneo que puede ser separado de otras especies de *Phaseolus*. Adicionalmente, la relación entre materiales silvestres y cultivados así como su relación taxonómica con otras especies fue estimada. Schmit y Debouck [1991] indican que la forma silvestre de *P. polyanthus* presente en las montañas del altiplano central de Guatemala puede ser el ancestro de la forma cultivada, sin embargo, manifiestan sus inquietudes en cuanto a la relación entre las formas silvestres y cultivadas. El estudio discutido en el presente escrito confirma la relación cercana entre los dos grupos biológicos de *P. polyanthus* y refuerza la teoría de Schmit y Debouck [1991] en cuanto al origen de *P. polyanthus* cultivado. Además, estos resultados soportan la idea de un origen híbrido de *P. polyanthus*. Finalmente, este estudio confirma que Guatemala es parte de uno de los centros de origen y diversidad del género *Phaseolus*.

*El estudio discutido en el presente escrito confirma la relación cercana entre los dos grupos biológicos de P. polyanthus y refuerza la teoría de Schmit y Debouck [1991] en cuanto al origen de P. polyanthus cultivado.*

## BIBLIOGRAFÍA

- AZURDIA, C. 1994. Genetic diversity in the *Phaseolus vulgaris* complex in Guatemala. PhD thesis, Davis, California, USA. 138 p.
- AZURDIA, C. 1996. ¿Es Guatemala el centro de origen y domesticación del frijol piloy o nun (*Phaseolus polyanthus*)? En: Azurdia, C. (ed.). Lecturas en recursos fitogenéticos. Instituto de Investigaciones Agronómicas, Facultad de Agronomía, Universidad de San Carlos de Guatemala. 79-81.

- DEBOUCK, D. 1986. *Phaseolus* germplasm collection in western Guatemala. International Board for Plant Genetic Resources, Rome Italy. Mimeographed. 30 p.
- DEBOUCK, D. 1988. *Phaseolus* germplasm collection in central and eastern Guatemala. International Union for Conservation of Nature and Natural Resources, Gland, Switzerland. Mimeographed. 36 p.
- DEBOUCK, D.; Schmit, V.; Libreros, D. and Ramirez, H. 1991. Biochemical evidence for a fifth cultigen within the genus *Phaseolus*. Ann. Rpt. Bean Improv. Coop. 34: 106-107.
- DEBOUCK, D.; AZURDIA, C.; MARTINEZ, E. 1996. Recolección de germoplasma de especies de *Phaseolus* silvestre en el centro y occidente de Guatemala. En: Azurdia, C. (ed.). Lecturas en Recursos Fitogenéticos. Instituto de Investigaciones Agronómicas, Facultad de Agronomía, Universidad de San Carlos de Guatemala. 86-94.
- DELGADO, A. 1988. Variation, taxonomy, domestication, and germplasm potentialities in *Phaseolus coccineus*. In: "Genetic Resources of *Phaseolus* beans", Gepts P. (ed.) Kluwer Academic Publisher, Dordrecht, Holland, pp 441-463.
- LLACA, V.; DELGADO, A.; GEPTS, P. 1994. Chloroplast DNA as an evolutionary marker in the *Phaseolus vulgaris* complex. Theor. Appl. Genet. (in press).
- SCHMIT, V. AND DEBOUCK, D. 1991. Observation on the origin of *Phaseolus polyanthus* Greenman. Econ. Bot. 45(3): 345-364.

## Los Autores

### **Helmer Ayala**

Ing. Agr. Profesor-Investigador, Instituto de Investigaciones Agronómicas, Facultad de Agronomía, Universidad de San Carlos de Guatemala.

### **Salvador Ayala**

Estudiante. Auxiliar de investigación, Proyecto de diversidad genética en Sapotáceas, Instituto de Investigaciones Agronómicas, Facultad de Agronomía, Universidad de San Carlos de Guatemala.

### **Cesar Azurdia**

Doctor en Genética. Profesor-Investigador, Instituto de Investigaciones Agronómicas, Facultad de Agronomía, Universidad de San Carlos de Guatemala.

### **Fred Bliss**

Doctor en Genética. Profesor-Investigador, Departamento de Pomología, Universidad de California, Davis.

### **Inés Chacón**

Licenciada en Biología. Unidad de Recursos Genéticos, Centro Internacional de Agricultura Tropical (CIAT), Cali, Colombia.

### **Néstor Colindres**

Estudiante. Auxiliar de investigación, Proyecto de diversidad genética en Sapotáceas, Instituto de Investigaciones Agronómicas, Facultad de Agronomía, Universidad de San Carlos de Guatemala.

### **Daniel Debouck**

Doctor en Botánica. Jefe de la Unidad de Recursos Genéticos, Centro Internacional de Agricultura Tropical (CIAT), Cali, Colombia.

### **Francisco Figueroa**

Estudiante. Auxiliar de investigación, Proyecto de diversidad genética en Sapotáceas, Instituto de Investigaciones Agronómicas, Facultad de Agronomía, Universidad de San Carlos de Guatemala.

**Viviana González**

Licenciada en Biología. Laboratorio de Biotecnología, Centro Internacional de Agricultura Tropical (CIAT), Cali, Colombia.

**Mikkel Grum**

Doctor en Genética. Instituto Internacional de Recursos Fitogenéticos (IPGRI), Nairobi, Kenia.

**José Miguel Leiva**

Ing. Agr. MsC Profesor-Investigador, Instituto de Investigaciones Agronómicas, Facultad de Agronomía, Universidad de San Carlos de Guatemala.

**Luis Mejía**

Doctor en Genética. Profesor-Investigador, Instituto de Investigaciones Agronómicas, Facultad de Agronomía, Universidad de San Carlos de Guatemala.

**Waldemar Nufio**

Ing. Agr. Profesor Área de Ciencias, Facultad de Agronomía, Universidad de San Carlos de Guatemala.

**Joe Tohme**

Doctor en Genética. Jefe del laboratorio de Biotecnología, Centro Internacional de Agricultura Tropical (CIAT), Cali, Colombia.

**David Williams**

Doctor en Botánica Económica. Científico encargado de estudios en Diversidad Genética, Instituto Internacional de Recursos Fitogenéticos (IPGRI), Cali, Colombia.

**Karen Williams**

MsC. en Agronomía. USDA-ARN National Germplasm Resources Laboratory Beltsville, Maryland.

## ¿POR QUÉ EL NOMBRE TIKALIA?

El nombre de esta revista dedicada a la ciencia y la tecnología agrícolas se debe a que Tikal fue un centro clásico de la antigua cultura maya, establecida otrora sobre una base constituida por la producción agrícola.

Las evidencias obtenidas por diversos mayistas muestran que en los asentamientos iniciales de aquel pueblo, las tierras bajas de lo que ahora es Petén, se desarrollaron sistemas de producción agrícola basados en el maíz (*Zea mays* L.), frijol (*Phaseolus vulgaris* L.), piloy (*Phaseolus coccineus*), y otras especies cultivadas y forestales.

Se ha estimado que en el periodo clásico Tikal llegó a tener una población de 50 mil a 70 mil habitantes, dentro de un radio de seis kilómetros al derredor de la ciudad, o sea una área aproximada de 120 kms<sup>2</sup>. Una densidad poblacional de tal magnitud requería sustentarse en sistemas de producción agrícola sumamente intensivos, los cuales incluyeron una infraestructura especializada, constituida por terrazas, riego y drenajes. Como consecuencia de lo anterior, se dice que la agricultura y el manejo de los Recursos Naturales Renovables de aquella zona alcanzaron un alto grado de desarrollo.

Por haber sido Tikal un sitio histórico-geográfico privilegiado durante el florecimiento maya, y por estar actualmente la Facultad de Agronomía orientada al estudio y manejo de los Sistemas de Producción Agrícola y de los Recursos Naturales Renovables — actividades primigeniamente conocidas por los mayas— es que esta revista, dedicada a difundir la ciencia y la tecnología, ha sido denominada con el nombre de *TIKALIA*.

APORTES CIENTÍFICO-TECNOLÓGICOS  
EN SISTEMAS DE PRODUCCIÓN AGRÍCOLA  
Y RECURSOS NATURALES RENOVABLES



## CONTENIDO

Conservación de la biodiversidad:  
su relación dentro del contexto de los  
huertos familiares en Mesoamérica

Diversidad genética de mani  
(*Arachis hypogaeae*) en Guatemala:  
distribución y erosión

Las cucurbitas de Guatemala

Tasa de cruzamiento y estructura  
genética de una población de zapote  
(*Pouteria sapota*)

Diversidad genética de *Phaseolus*  
*vulgaris* silvestre de Guatemala  
usando marcadores bioquímicos  
(faseolinas) y marcadores  
moleculares (AFLPs)

Evolución del frijol piloy o nun  
(*Phaseolus polyanthus*), una  
especie originaria de Guatemala

Facultad de Agronomía  
Universidad de  
San Carlos de Guatemala

