

# Los ibes (*Phaseolus lunatus* L)

Jaime Martínez Castillo / Patricia Colunga García-Marín / Daniel Zizumbo Villarreal

**P***haseolus lunatus* es, después de *P. vulgaris* (frijol común), la especie alimenticia más importante de este género en el mundo. De origen neotropical, se distribuye desde el sur de Estados Unidos hasta el norte de Argentina. Existen dos subespecies: *P. lunatus silvester* (formas silvestres y arvenses) y *P. lunatus lunatus* (formas domesticadas) (Baudet, 1977). Su acervo genético primario se divide en dos grupos: Andino y Mesoamericano, cada uno con formas silvestres y domesticadas (Debouck y otros, 1987). En México, *P. lunatus* es cultivada en las tierras bajas de las vertientes de ambas costas, principalmente por los grupos étnicos nativos. La mayor diversidad de formas cultivadas se encuentra en la Península de Yucatán, la cual también alberga poblaciones silvestres (Ballesteros, 1999). Esta región se ubica dentro de la posible área de domesticación del acervo genético mesoamericano de la especie (Gutiérrez y otros, 1995).

**Varietades tradicionales.** El estudio sobre la diversidad intraespecífica y la variación morfo-fenológica en *P. lunatus* de la Península de Yucatán (Martínez-Castillo y otros, 2004) mostró que de 21 variedades locales, tres dominan el 71.24% del área total cultivada y 12 son variedades raras cultivadas en sólo el 6.29%. Un estudio sobre la erosión genética y la conservación in situ de estas variedades, analizando 90 loci de secuencias inter-microsatelitales, mostró que la diversidad genética total del acervo domesticado es alta ( $H = 0.20$  -Índice de diversidad de Nei-) (Martínez-Castillo y otros, 2008). Sin embargo, las tres variedades más abundantes poseen los valores de diversidad genética menores ( $H = 0.12$ ), comparados con seis variedades comunes ( $H = 0.22$ ) y 12 variedades raras ( $H = 0.17$ ). Esto parece estar asociado a criterios de selección impuestos por el mercado externo.

**Poblaciones silvestres.** El estudio de la diversidad, la estructura y el flujo genético de 11 poblaciones silvestres en la Península de Yucatán, analizando ocho loci de microsatélites (SSR), indicó valores de diversidad genética altos ( $H = 0.35-0.51$ ). El Índice de Nei de diferenciación poblacional y un análisis de Varianza Molecular indicaron una estructura genética fuerte. Un análisis bayesiano de agrupamiento y una prueba de Mantel sugieren el aislamiento geográfico como el principal factor

de diferenciación poblacional. Se observó poco flujo génico de largo plazo ( $Nm = 0.66$ ) y tasas bajas de migración reciente entre las poblaciones estudiadas, aunque hubo casos en los que el transporte accidental de semillas podría estar favoreciendo el flujo génico a larga distancia. Los resultados sugieren una correlación positiva entre la intensificación agrícola y el incremento en diversidad: las poblaciones silvestres son favorecidas por la perturbación agrícola en situaciones con barbechos de por lo menos tres años.

## Complejo de poblaciones silvestres-arvenses-domesticadas.

Se analizó la magnitud y la dirección del flujo genético en el complejo de poblaciones silvestres-arvenses-domesticadas de *P. lunatus* de la Península de Yucatán, usando nueve loci de SSR. El método de la asignación bayesiana de genotipos mostró que el flujo genético reciente fue bajo, tanto a nivel intra-regional como inter-regional. Lo mismo se encontró con el método frecuencial para el flujo genético de largo plazo ( $Nm$  intra-regional de 0.31 a 0.51; y  $Nm$  inter-regional = 0.44). Un análisis admixture mostró que el flujo genético es tres veces mayor de las poblaciones domesticadas hacia las silvestres. Esta asimetría puede ser explicada por las prácticas agrícolas regionales, incluyendo los criterios de selección. Los alelos domesticados se encontraron en las poblaciones silvestres de diferentes regiones agrícolas, mostrando el efecto del intercambio de semillas domesticadas entre los campesinos de diferentes regiones.

## Implicaciones para la conservación

Los resultados indican: a) una diversidad alta en las poblaciones silvestres y domesticadas de *P. lunatus* en la región; b) el flujo genético de las poblaciones domesticadas a las silvestres es tres veces mayor que a la inversa, lo que puede llevar a una asimilación genética de las poblaciones silvestres por las domesticadas; c) si se llegan a introducir variedades transgénicas en esta área, existe una alta probabilidad de escape de transgenes a las variedades domesticadas y a las poblaciones silvestres; d) existe un riesgo alto de erosión genética en las variedades locales. Ante este panorama, urge establecer programas para la conservación in situ de las poblaciones silvestres y las variedades locales de *P. lunatus* en esta región.



Varietades silvestres y arvenses de ibes. (Foto: J. Martínez)