

## DIVERSIDAD GENÉTICA DE UN SISTEMA TRADICIONAL DE POLICULTIVO EN MÉXICO: VARIACIÓN ISOENZIMÁTICA

José Luis Chávez Servia <sup>1</sup>  
Porfirio Ramírez Vallejo <sup>2</sup>  
Fernando Castillo González <sup>2</sup>  
Jaime Canul Ku <sup>2</sup>  
Victor Inerian Ku <sup>2</sup>

### RESUMEN

En este artículo se explora una forma de estimar la cantidad y distribución de la diversidad genética en los sistemas tradicionales de cultivo a través del registro de las asociaciones inter específicas de las variedades locales y de la cuantificación de la diversidad entre y dentro de los cultivos. Para esto, fueron visitados el 10% de los hogares de la comunidad de Yaxcaba, Yucatán y México, para conocer qué tipo de asociación de cultivos realizan más frecuentemente y en particular que variedades locales son las asociadas. Al mismo tiempo se colectaron 65 muestras representativas de la diversidad de variedades locales de maíz, frijol y calabaza para su análisis isoenzimático.

A partir de los datos isoenzimáticos se estimó la diversidad genética entre y dentro de los cultivos mediante los estadísticos de F. En los campos de los agricultores mayas de Yaxcaba se observaron comúnmente en cultivo un promedio de cuatro variedades locales, en un rango de dos a once, y hasta siete especies en la misma parcela de cultivo (por ejemplo *Zea mays*, *Cucurbita pepo*, *C. mochata*, *C. argyrosperma*, *Phaseolus vulgaris*, *P. lunatus* y *Vigna anguiculata*).

---

<sup>1</sup> Instituto Internacional de recursos Fitogenéticos (IPGRI) c/o CIAT, Cali, Colombia.

E-mail: j.l.chavez@cgiar.org

<sup>2</sup> Programa de Genética - Colegio de Postgraduados, Montecillo, Texcoco, México.

E-mail: ramirez@colpos.mx, fcastill@colpos.mx, canul@colpos.mx y inerian@colpos.mx

Dos tipos de asociaciones de cultivos fueron registradas: las dobles maíz - calabaza ó maíz - frijol y las triples maíz - calabaza - frijol. La diversidad isoenzimática de las poblaciones en cada una de las especies permitió estimar la variación genética total en un mismo espacio y tiempo, bajo competencia e interacción. Con base en las muestras, teóricamente la mayor diversidad isoenzimática se estimó en las asociaciones maíz - calabaza - frijol, le siguen maíz - calabaza y maíz - frijol con 64, 51 y 38 loci respectivamente.

La heterocigosidad, el porcentaje de loci polimórficos y la diversidad entre poblaciones ( $F_{st}$ ) fueron ligeramente mayores en maíz y calabaza que en frijol, pero con los más bajos valores en la diversidad dentro de las poblaciones. La estructura genética de las poblaciones de maíz y calabaza presentaron un patrón evolutivo de especies alógamas, alta diversidad entre poblaciones, y las de frijol que incluye (*Phaseolus* spp. y *Vigna unguiculata*), presentaron un patrón de autógamias con alta homocigosidad y diversidad dentro de poblaciones.

**Palabras claves:** cultivos asociados, diversidad genética de los cultivos, dinámica evolutiva, isoenzimas, conservación de variedades locales.

## SUMMARY

This paper explores one way to estimate the extent and the distribution of genetic diversity in the traditional cropping systems throughout the record of the types of inter-specific associations of landraces and the estimation of the genetic variation among and within crops. 10% of households from the Yaxcaba, Yucatan Mexico community was surveyed for knowing what type of association of crops and specifically on those landraces that they are associated with, more frequently. A total of 65 samples of maize, squash and bean landraces were collected and isozymatically analyzed in order to estimate the genetic diversity among and within crops through  $F_{st}$  statistics. In the fields of Mayan farmers of Yaxcaba was observed commonly that the preserve from two to eleven local varieties, and until seven species (i.e. *Zea mays*, *Cucurbita pepo*, *C. mochata*, *C. argyrosperma*, *Phaseolus vulgaris*, *P. lunatus* y *Vigna unguiculata*), in the same plot. Two types of crop associations were recorded; double as maize - squash or maize - bean and triple as maize - squash - bean. Isozymatic diversity of the maize, squash, and bean populations allowed

estimate temporal and spatial genetic variation under interspecific competition and interaction. On the base of samples isozymatically analyzed, the association maize - squash - bean presenting 64, 51 and 38 loci, respectively. Heterozygosity, percentage of polymorphic loci and diversity among populations ( $F_{st}$ ) in maize and squash were slightly higher than in bean, but diversity within populations ( $F_{is}$ ) was significantly lower. Structure genetic of maize and squash populations presented an evolutionary pattern of outcrossing species, high diversity among populations, and in bean (*Phaseolus vulgaris* and *Vigna unguiculata*) a self fertilization species, presented higher homozygosity and diversity within populations.

**Key words:** associated crops, breeding systems, crop genetic diversity, dynamic evolutionary of crops, isozymes, landraces conservations.

## INTRODUCCION

En Latino América los sistemas tradicionales de cultivo han desempeñado una función social muy importante, como satisfacer la demanda de alimentos de las familias rurales. Son en estos sistemas donde los agricultores custodian la mayor parte de la diversidad genética cultivada en América (Oldfield y Alcorn, 1987). Aquí, la combinación del conocimiento tradicional acerca de los usos y manejo de la diversidad de los cultivos y la variabilidad de agroecosistemas, determinan la dinámica evolutiva de las especies y sientan las bases para la conservación de la diversidad genética en las fincas (Brush, 1991; Pimentel *et al.*, 1992). Así, gran parte de la población mundial depende, indirectamente para su alimentación, de los recursos genéticos conservados en estos agroecosistemas tradicionales y por pocos agricultores, ya que han sido y son la fuente de genes para la obtención de las variedades mejoradas. En Latino América, la contribución de los sistemas tradicionales a la producción total de cada país varía desde 20 hasta 100% por especie (Altieri, 1999).

En México, el sistema "milpa" es un método prehispánico de cultivo de maíz, frijol (*Phaseolus* spp. ó *Vigna unguiculata*) y calabaza (*Cucurbita* spp.) en diferentes arreglos topológicos de espacio y tiempo mediante el uso de variedades locales.

En la península de Yucatán, la cultura Maya encontró el ambiente para desarrollar sus mayores expresiones en las artes, arquitectura, astronomía, aritmética y

escritura jeroglífica y demostró su conocimiento del manejo de la selva baja a través del sistema milpa en la forma de agricultura itinerante de roza - tumba - quema ("swidden or slash - and - burn") para obtener alimentos (Fedick y Morrison, 2004). Los actuales agricultores Mayas manejan una serie de variedades locales de maíz, frijol y calabaza (Canuk *et al.*, 2002). Sin embargo, no se conoce con precisión que diversidad genética (en términos de alelos, genes o genotipos) manejan los agricultores en sus parcelas de cultivo.

La conservación de los recursos fitogenéticos en fincas es una estrategia basada en la continuidad de los procesos evolutivos de las especies, dependientes de los agricultores orientados a satisfacer sus múltiples necesidades (Brush, 1991; Jarvis *et al.*, 2000). Brush y Meng (1998), señalan que la decisión de seguir cultivando una variedad local está determinada por los atributos que posee y por el valor (social o privado) que representa para los agricultores.

La valoración económica de los recursos fitogenéticos en Mesoamérica es incipiente y la modelación tiene ciertas limitaciones para hacer tangible los valores socio - culturales (Bellon, 2001; Smale *et al.*, 2002). Regularmente, al estudiar estos sistemas agrícolas en las comunidades, se desagregan por cultivos individuales o especies (Zimmerer y Douches, 1991; Louette y Smale, 2000; Aguirre *et al.*, 2000); no obstante, el agricultor maneja una alta variación inter específica, inter genotípica en el espacio y tiempo. De ahí que son pocos los trabajos orientados a discernir que diversidad inter e intra específica maneja un agricultor en sus parcelas de cultivos.

El mayor aprovechamiento de la agrobiodiversidad depende del conocimiento y documentación de los atributos físicos, morfológicos, bioquímico - genéticos, fisiológicos y de adaptación de las variedades locales. Este trabajo tuvo como objetivo documentar las asociaciones inter específicas de las variedades locales y estimar la diversidad isoenzimática total de las poblaciones cultivadas de maíz, frijol y calabaza en una comunidad de agricultores tradicionales de la región centro oriente de Yucatán, México para obtener un estimador de la diversidad genética preservada para las fincas.

## METODOLOGÍA

**Material genético.** Las muestras de las poblaciones analizadas isoenzimáticamente fueron obtenidas durante 1999 y 2002 en las exploraciones, colectas y recolectas realizadas dentro del 10% de los hogares del municipio

de Yaxcaba, Yucatán y México. La composición de las muestras dentro de cada cultivo fue el siguiente:

**Maíz.** Con la clasificación propuesta por los agricultores se agruparon 12 muestras en cuatro grupos de variedades locales: 'Nal t' eel' (ciclo precoz), 'Xmejen nal' (ciclo intermedio), 'T' sít bakal' (tardío) y 'Xnuuk nal' (tardío). Las diferencias dentro de cada grupo dependen de los días de exposición de estigmas o emisión de polen, altura de la planta y otras características de panoja o espiga, mazorca y grano como fueron descritas por Camacho y Chávez (2004).

**Frijol.** Los agricultores de la región de estudio llaman o distinguen como frijol a materiales de *Phaseolus vulgaris*, *P. lunatus* y *Vigna unguiculata*. En este trabajo se incluyó un total de 17 muestras de las tres especies. La clasificación de los grupos aquí descritos se basó en la designación que hacen los agricultores de sus variedades mediante un nombre en lengua Maya o combinación de Maya y Español.

**Calabaza.** Es un cultivo sub explotado. No existen variedades mejoradas para esta región; por lo que, todo el material utilizado proviene de la selección que hacen los agricultores. Básicamente se siguió la nomenclatura local de nombre y fue equivalente al de especies. Así, 36 muestras de las especies fueron agrupadas en 'Xnuuk knuum' ó *Cucurbita moschata*, 'Xtop' ó *C. angyrosperma* y 'Tzol' ó *C. pepo* como las describe Canul (2004).

La estructura gramatical de los nombres de las variedades locales en lengua Maya se basó en el diccionario Maya - Español de Bastarrachea *et al.*, (1992).

**Área de estudio y sistemas de cultivo.** El trabajo se concentró en el municipio de Yaxcaba, Yucatán, región donde el 84,7% de los pobladores mayores de 5 años son hablantes de lengua Maya de un total de 13,243 (INEGI, 2004). El sistema de cultivo local es conocido como "milpa" (espacio de policultivo) bajo una agricultura migratoria y semi - migratoria a través de la explotación racional del bosque perennifolio y subperennifolio, agricultura tradicional de roza - tumba - quema es otra forma nominal para definir a este sistema agrícola.

No existen escurrimientos superficiales durante el período de lluvias que formen ríos y la única fuente de humedad para los cultivos son las precipitaciones

de mayo a octubre con un promedio de 1118,3 mm anuales, pero regularmente se presenta una sequía en medio del período de lluvias, de 15 días a un mes. El clima es tropical o cálido subhúmedo, con una temperatura media anual de 25,9°C (Patrón *et al.*, 2000). Los suelos son superficiales rocosos con altas filtraciones subterráneas pero nunca llegan a formar un río.

En esta región predomina el uso de múltiples variedades y cultivos como parte del sistema "milpa"; las asociaciones dobles maíz - calabaza, maíz - frijol o triples como maíz - frijol - calabaza son comunes en donde los agricultores combinan diferentes variedades de diferentes ciclos a la cosecha (Canul *et al.*, 2002; Interian, 2004). Se colectó información mediante observaciones directas de los sistemas de cultivo y sus asociaciones en la "milpa". En este trabajo se enlistan los tipos de asociaciones de cultivos y variedades locales más frecuentes.

**Análisis isoenzimático.** La electroforesis isoenzimática y patrón de bandeo. El análisis isoenzimático (amortiguadores de extracción, preparación de hueles de almidón, electroforesis, tinción y revelado) se realizó con base en los protocolos de Stuber *et al.*, (1998) con algunas adecuaciones para la calabaza y frijol. Los extractos analizados fueron coeloptilos de maíz; raíz y cotiledones en calabaza y plántulas de frijol. Se utilizaron 16 sistemas isoenzimáticos y en promedio 25 plantas por población o muestra analizada. (Tabla 1).

Tabla 1. Sistemas isoenzimáticos utilizados, número de poblaciones por cultivo y promedio de individuos por población.

| CULTIVO  | SISTEMAS ISOENZIMÁTICOS <sup>a</sup>                           | NUMERO DE POBLACIONES <sup>b</sup> |
|----------|--|------------------------------------|
| Maíz     | ACP, ADH, CAT, EST, GDH, GOT, IDH, MDH, ME, PGM, PHI           | 12                                 |
| Frijol   | ACP, CAT, DIA, EST, GOT, IDH, MDH, ME, PGD, PGM, PHI, SAD      | 17                                 |
| Calabaza | ACO, ACP, CAT, EST, GOT, IDH, ME, MDH, PGD, PGM, PHI, RUB, SAD | 36                                 |

<sup>a</sup> ACP, fosfatasa ácida; ACO, aconitasa; ADH, alcohol deshidrogenasa; CAT, catalasa; DIA, diaforasa; EST, esterasa; GDH, glutato deshidrogenasa; GOT, glutato oxalacetato trasaminasa; IDH, isocitrato; MDH, malato deshidrogenasa; ME, enzima málica; PGD, 6-fosfogluconato deshidrogenasa; PGM, fosfogluco mutasa; PHI, fosfohexosa isomerasa; RUB, ribulosa bifosfato carboxilasa; SAD, ácido shikimo deshidrogenasa.

<sup>b</sup> Por cada población se utilizaron 25 individuos o plantas.

**Reconocimiento de genotipos.** Los genotipos de maíz (loci y alelos) fueron determinados con base en el patrón de bandeo y distancias de migración de las bandas sugerida por Stuber *et al.*, (1988) ya que se utilizaron los mismos testigos usados por estos autores. En tanto que para frijol se siguió un patrón homólogo con base en lo sugerido por Pastenes, (2001) y Avendaño *et al.*, (2004), y para la calabaza se basó en los patrones descritos por Decker (1985), Decker y Wilson (1987), Wilson (1989) y Decker *et al.*, (1993).

**Análisis estadístico.** Con base en las observaciones directas fueron descritos los tipos de asociaciones de cultivos o sistemas de cultivo (asociaciones de dos y tres cultivos) en función de las variedades locales que formaron parte de la asociación. Posteriormente, con los datos isoenzimáticos fueron descritos los cultivos en función de la estructura genética de las poblaciones (porcentaje de polimorfismo, heterocigosidad observada, alelos por locus, índice de Shannon y los estadísticos de F), y finalmente la diversidad presente dentro de cada cultivo.

La estimación de las estadísticas de F ( $F_{st}$ ,  $F_{is}$  y  $F_{it}$ ) se calcularon con base en las sugerencias de Weir y Cockerham, (1984) y Weir y Hill, (2002) mediante el paquete estadístico POPGENE versión 1.31 (Yeh *et al.*, 1999). Para estimar la diversidad dentro de cada cultivo mediante grupo de poblaciones o variedades locales, además de las estadísticas de F, se estimó el número de loci, número de alelos por locus, porcentaje de loci polimórficos y la heterocigosidad observada.

## RESULTADOS Y DISCUSIÓN

**Diversidad espacial interespecífica y genotípica en el agroecosistema milpa.** El manejo que hacen los pequeños agricultores de los sistemas de producción, requiere del conocimiento de las características agroecológicas del sistema y de las características de los recursos genéticos.

El sistema milpa (policultivo) de Yucatán exige el conocimiento de la estacionalidad de lluvias, de las características de los suelos y del manejo de las variedades locales. Las asociaciones son el producto del manejo de las variedades locales en respuesta a la dinámica del agroecosistema. Entre las asociaciones que se observaron en la región de Yaxcaba, México fueron: el maíz como eje principal en asociación simple (con frijol o calabaza) o doble (maíz - frijol - calabaza).

Otro elemento importante para el manejo de variedades locales, es el conocimiento de los ciclos reproductivos, lo que hace posible la adecuación al agroecosistema; por ejemplo, las asociaciones de los maíces de ciclo intermedio denominados como 'Xmejen nal' ó 'Nal Xoy' o bien un tardío 'Xnuuk nal' con la combinación de frijol intermedio o tardío como 'Xcooli buul', 'ib', 'Tzama' ó 'Xpelon', este último aunque no es un frijol en el sentido estricto, sino un *Vigna unguiculata* pero forma parte del portafolio de opciones (Tabla 2).

Es decir, el agricultor necesita producir alimento para su familia y entre sus estrategias está la de manejar racionalmente las asociaciones para asegurar la producción, o como ellos lo mencionan "por lo menos llegar a cosechar un poco de algunos de los cultivos si el clima no es bueno".

**Tabla 2. Tipos de asociaciones de especies y variedades locales en los sistemas de cultivo del municipio de Yaxcaba, México. Adaptado de Canul et al., (2002) e Interian, (2004).**

| ASOCIACIÓN               | VARIETADES LOCALES DE MAÍZ <sup>a</sup>              | VARIETADES LOCALES DE CALABAZA <sup>a</sup>   | VARIETADES LOCALES <sup>a</sup>   |
|--------------------------|--|---|---|
| Maíz - calabaza          | Grupos tardíos:<br>Knuuk nal ó T'siit bakal          | Xtop ( <i>Cucurbita argyrosperma</i> )<br>Xnuuk k'uum ( <i>C. moschata</i> )                |   |
|                          | Grupo intermedio:<br>Xtup nal<br>Xmejen nal          | Xtop ( <i>Cucurbita argyrosperma</i> )<br>Xnuuk k'uum ( <i>C. moschata</i> )                |   |
| Maíz - frijol            | Grupos tardíos:<br>Knuuk nal ó T'siit bakal          |   | Xcooli buul ( <i>P. vulgaris</i> )<br>Ibes ( <i>P. lunatus</i> )<br>Xpelon ( <i>Vigna unguiculata</i> )   |
|                          | Intermedio:<br>Xtup nal<br>Xmejen nal                |   | Xcooli buul ( <i>P. vulgaris</i> )<br>Trama ( <i>P. vulgaris</i> )<br>Ibes ( <i>P. lunatus</i> )<br>Xpelon ( <i>Vigna unguiculata</i> )<br>Xmejen ( <i>V. unguiculata</i> ) |
| Maíz - calabaza - frijol | Grupo tardío:<br>Knuuk nal, T'siit bakal ó Nal - Xoy | Xtop ( <i>Cucurbita argyrosperma</i> )<br>Xnuuk k'uum ó Xmejen k'uum ( <i>C. moschata</i> ) | Xcooli buul ( <i>P. vulgaris</i> )<br>Ibes ( <i>P. lunatus</i> )<br>Xpelon ( <i>Vigna unguiculata</i> )   |

<sup>a</sup> Los nombres en lenguas Mayas de las variedades locales de maíz regularmente son compuestos por modificadores o lexemas que tienen que ver con el color del grano: "k'aan", Amarillo; "chac", rojo; y "sac", blanco, entre otros. Por ejemplo, "Xmejen nal k'aan" ó "Xdmejen sac".

El manejo de las asociaciones de tres cultivos (maíz - frijol - calabaza) requiere de mayores esfuerzos físicos, conocimiento de las variedades locales y la disponibilidad de semillas. En la región de Yaxcaba, Yucatán, regularmente se aplica herbicidas pero, siempre en pequeñas superficies, se siembran las combinaciones de tres o más variedades, de diferentes cultivos, juntas.

Una combinación es maíz "Xnuuk nal", la calabaza "Xtop" (*Cucurbita argyrosperma*), y el frijol "Xcooli buul" (*Phaseolus vulgaris*). Sin embargo, las combinaciones pueden ser tan variadas como por ejemplo en una parcela se siembran tres variedades de maíz, dos o tres variedades de calabaza de especies distintas y tres variedades de frijol de tres especies distintas y los arreglos topológicos en espacio son variados de dos o tres especies.

En esta condición se puede resumir el cultivo de siete especies: *Zea mays*, *C. moschata*, *C. argyrosperma*, *C. pepo*, *P. vulgaris*, *P. lunatus* y *Vigna unguiculata*, y hasta once variedades diferentes (Tabla 2).

Todo esto hace indicar una alta capacidad de amortiguamiento del sistema para la producción de alimento y para la restitución de la fertilidad del suelo. En términos de la conservación de los recursos genéticos ésta alta concentración de diversidad genética son desde el punto de vista conservacionista, los esquemas más deseables.

En la Tabla 3 se presenta un resumen de la diversidad genética de los cultivos del agroecosistema "milpa". La información indica un predominio de las variedades locales en relación con las variedades mejoradas provenientes de los campos experimentales, y particularmente en maíz esas variedades introducidas han sido modificadas o acriolladas, productos de la no renovación de la semilla de los agricultores y porque son sembradas cerca de sus variedades locales induciendo el intercambio de polen o recombinación.

En maíz, la mayoría de agricultores reconocen a cuatro grupos poblacionales y aún dentro de estos grupos también identifican, con nombres propios, a poblaciones distintivas por sus características de mazorca, planta y variaciones en precocidad como lo señalan Camacho y Chávez, (2004) y Burgos et al., (2004). Para el caso del frijol, los agricultores fueron muy específicos y prácticos en separar perfectamente a sus variedades locales quizás porque son especies de autofecundación.

Las variedades locales y especies de calabaza, fueron separadas fácilmente por nivel de precocidad. El promedio de variedades locales por agricultor, en una muestra de 68 viviendas visitadas, fue de 4 y un máximo de 11.

De las poblaciones analizadas por cultivo se observó que el promedio de alelos observados y efectivos por locus y en la heterocigosis observada e índice de Shannon fue menor en frijol que en maíz y calabaza. Esto indica, en cierta forma, que este mayor homocigosis en frijol y se verifica con el menor porcentaje de loci polimórficos y el valor más alto en  $F_{st}$ , alta diversidad dentro de muestras analizadas.

Contrariamente la calabaza y el maíz presentaron un mayor valor de  $F_{st}$  o diversidad entre poblaciones o muestras. Según Hamrick (1989), y Hamrick y Godt (1997), ambas observaciones son correctas porque corresponden a formas e fertilización floral diferentes: la calabaza y el maíz son consideradas especies alógamas y el frijol (*Vigna unguiculata* ó *Phaseolus* spp) autógena. Es decir, predomina la mayor diversidad entre poblaciones alógamas que entre autógenas, pero la diversidad dentro de las poblaciones es mayor en autógenas que en alógamas (Tabla 3).

A pesar de las diferencias en el número de muestras analizadas por especie o cultivo, las estadísticas de  $F$  reflejan el patrón de heterocigosis u homocigosis o la forma de fertilización floral de las variedades locales.

**Tabla 3. Resumen de la diversidad genética en el municipio de Yaxcaba, México.**

| Perfil del agroecosistema de estudio y estimadores de la diversidad                                | Cultivo  |  |  |               |               |
|--|--|--|--|---------------|---------------|
|  | Maíz   | Frijol   | Calabaza                                     | Prom./cultivo | Rango/cultivo |
| <b>Descriptor del área de estudio</b>  |  |  |  |               |               |
| Área total cultivada por cultivo (ha) <sup>d</sup>   | 1100   | 24.3   | 20   | ---           | 20 - 1200     |
| Número de variedades mejoradas modernas  | 1  | 0  | 0  | 0.3           | 0 - 1         |
| Número de variedades mejoradas antiguas  | 5  | 1  | 0  | 3.0           | 1 - 5         |
| Nombre de las unidades básicas más reconocidas (morfortipo o grupos varietales) del material local | Grupos Poblacionales<br>1. Nal t'eel<br>2. Xmejen nal<br>3. Xnuuk nal<br>4. T'siit bakal | 1. Tzana<br>2. Xcoli buul<br>3. Sac ib<br>4. Chac ib<br>5. Xpinto ib<br>6. Xpelon<br>7. Xmejen pelon | 1. Xtop<br>2. Xmejen K'uum<br>3. Xnuuk K'uum |               |               |
| Promedio del número de variedades Locales por hogar o familia                                      | 2  | 1  | 1  | 3.3           | 1 - 11        |
| Estimadores de la diversidad isoenzimática <sup>b</sup>  |  |  |  |               |               |
| Número de poblaciones analizadas ó muestras de variedades locales                                  | 12   | 17   | 36   | ---           | ---           |
| Número de loci   | 15   | 23   | 26   | 21.3          | 15 - 26       |
| Porcentaje de loci polimórficos  | 100  | 69.6   | 96.1   | 88.6          | 69.6 - 100    |
| Promedio de alelos observados por locus  | 3.50 ± 1.6   | 1.91 ± 0.7   | 3.50 ± 1.6                                   | 8.91          | 1 - 6         |
| Promedio de alelos efectivos por locus   | 1.72 ± 0.8   | 1.22 ± 0.25  | 1.72 ± 0.8                                   | 1.55          | 1.0 - 4.8     |
| Divergencia de variación total ( $H_{total}$ ) - heterocigosis observada                           | 0.19 ± 0.2   | 0.01 ± 0.02  | 0.23 ± 0.26                                  | 0.14          | 0.01 - 0.49   |
| Índice de Shannon  | 0.63 ± 0.4   | 0.27 ± 0.24  | 0.63 ± 0.39                                  | 0.51          | 0.03 - 1.02   |
| Diversidad genética dentro de poblaciones ( $F_{is}$ )   | 0.03   | 0.89   | 0.27   | 0.40          | 0.03 - 0.89   |
| Diversidad genética entre poblaciones ( $F_{st}$ )   | 0.31   | 0.30   | 0.31   | 0.30          | 0.30 - 0.31   |
| Diversidad genética total ( $F_{it}$ )   | 0.32   | 0.93   | 0.32   | 0.52          | 0.32 - 0.93   |

<sup>a</sup> Fuentes: Estadísticas de siembras registradas en el año 2002 con el Comisariado Ejidal (representante de los agricultores) del municipio de Yaxcaba, México.

<sup>b</sup> Las estimaciones de diversidad fueron calculadas mediante el paquete estadístico PopGene

En el sistema de asociación de cultivos dobles o triples son evidentes los altos niveles de diversidad presentes en la agricultura tradicional en comparación con la diversidad encontrada en los monocultivos comerciales. Isoenzimáticamente fueron identificados hasta 64 loci en las asociaciones triples (maíz - calabaza - frijol) y no menos de 38 loci en las asociaciones doble (maíz - frijol ó maíz - calabaza).

La diversidad genética esperada ( $H_{obs}$ ) promedio de los tres cultivos fue de 0.14, ligeramente inferior a la reportada por Hamrick y Godt (1997), en relación a 113 poblaciones de especies cultivadas ( $H_{esp} = 0.189$ ), Tabla 3. esto indica que la estructura genética de las poblaciones cultivadas están fuertemente influenciadas por el tipo de reproducción o fertilización floral además de las presiones de la selección artificial. Es decir, continúa su proceso evolutivo bajo cultivo.

**Diversidad intra específica en el agroecosistema milpa.** Los cuatro grupos poblacionales de diversidad de maíz, definidos por los agricultores, mostraron tendencias genotípicas diferenciales en heterocigosidad, polimorfismo y diversidad entre ( $F_{st}$ ) y dentro ( $F_{is}$ ) los grupos denominados como 'T' siit bakal', 'Xmejen nal' y 'Nal t'eel' presentaron, respectivamente en orden creciente, los menores valores en la diversidad entre las muestras analizadas ( $F_{st}$ ) contrastando con el grupo 'Xnuuk nal', el que presentó mayor el valor ( $F_{st} = 0.272$ ).

Esto indica que la mayor diversidad entre las muestras corresponde a este último grupo y específicamente en la región de estudio regularmente es el de mayor frecuencia (Camacho y Chávez, 2004; Burgos *et al.*, 2004).

Contrariamente la mayor diversidad dentro de las muestras ( $F_{st}$ ) se estimó en 'Nal t'eel' y 'T siit bakal' que en 'Xnuuk nal', lo que expresa mayor homogeneidad en las muestras analizadas y se corrobora con sus menores valores en la proporción de heterocigosidad observada (Tabla 4).

La inferencia de homogeneidad dentro de los grupos 'Nal t'eel' y 'T siit bakal' en comparación con 'Xnuuk nal' hace pensar que tienden a diferenciarse genéticamente y asumirse como independientes, lo que coincide con los trabajos de Sánchez *et al.*, (2000) quienes al analizar Isoenzimáticamente a dos muestras de maíz en Yucatán, con perfil similar al de aquí presentado las catalogan como razas diferentes denominadas como Nal-tel y Dzit Bacul respectivamente.

Tabla 4. Variabilidad genética por grupo poblacional de maíz en Yaxcaba, México.

| Grupo poblacional | Núm. poblaciones | Heterocigosis observada | Promedio de alelos por locus | % loci polimórficos | F estadísticas |          |          |
|-------------------|------------------|-------------------------|------------------------------|---------------------|----------------|----------|----------|
|                   |                  |                         |                              |                     | $F_{st}$       | $F_{is}$ | $F_{it}$ |
| Nal t'eel         | 2                | 0.147                   | 2.3                          | 80.0                | 0.233          | 0.219    | 0.237    |
| Xmejen nal        | 3                | 0.218                   | 2.8                          | 100.0               | 0.145          | 0.075    | 0.210    |
| T siit bakal      | 2                | 0.171                   | 2.6                          | 93.3                | 0.065          | 0.298    | 0.343    |
| Xnuuk nal         | 5                | 0.213                   | 2.9                          | 93.3                | 0.272          | 0.137    | 0.372    |

Las variedades locales de frijol analizadas presentaron valores de menos de 10% en polimorfismo y también bajos niveles de heterocigosidad (0.02) en comparación con la diversidad dentro de los grupos poblacionales de maíz (Tabla 4 y 5). La razón es fiable, son especies comúnmente de polinización autógama y con reducidos márgenes de polinización cruzada.

Este hecho se hace más evidente al observar que la diversidad entre muestras ( $F_{st}$ ) dentro de cada variedad local fue mayor que la diversidad entre ( $F_{is}$ ). La variedad local 'Xcoli buul' fue la que presentó la mayor diversidad entre las muestras ( $F_{st} = 0.27$ ). Las muestras analizadas de *Vigna unguiculata* ó 'Xpelon' presentaron la mayor variabilidad ( $F_{it}$ ) solo que la proporción corresponde a la diversidad dentro ( $F_{is}$ ).

Todo esto indica que es posible encontrar mayor diversidad entre las variedades locales que dentro de ellas y, por tanto, les confiere una identidad genética diferente. En otras palabras puede asumirse que las variedades locales bien identificadas pueden constituirse como identidades genética independientes (Tabla 5).

Tabla 5. Diversidad genética por variedad local y especies de frijol (*Phaseolus vulgaris*, *P. lunatus* y *Vigna unguiculata*)

| Variedad local y especie            | Número poblaciones | Heterocigosis observada | Promedio de alelos por locus | % loci polimórficos | F estadísticas |          |          |
|-------------------------------------|--------------------|-------------------------|------------------------------|---------------------|----------------|----------|----------|
|                                     |                    |                         |                              |                     | $F_{st}$       | $F_{is}$ | $F_{it}$ |
| Xcoli buul ( <i>P. vulgaris</i> )   | 6                  | 0.006                   | 1.52                         | 47.8                | 0.271          | 0.945    | 0.956    |
| Teama ( <i>P. vulgaris</i> )        | 4                  | 0.018                   | 1.43                         | 43.5                | 0.178          | 0.825    | 0.856    |
| Chilón ( <i>P. lunatus</i> )        | 3                  | 0.017                   | 1.48                         | 43.5                | 0.138          | 0.855    | 0.875    |
| Xpelon ( <i>Vigna unguiculata</i> ) | 3                  | 0.003                   | 1.39                         | 39.1                | 0.107          | 0.972    | 0.975    |

En calabaza la diversidad intra específica es muy similar a la diversidad inter poblacional del maíz. El porcentaje de loci polimórficos fue mayor al 95%, excepto para 'Tzol' (*Cucurbita pepo*) que fue del 63.4%; no obstante que en esta última solo se analizó una población.

La heterocigosis observada (H) fue mayor a 0.21, un indicador de la variabilidad inter poblacional. *C. argyrosperma* y *C. moschata* presentaron mayor diversidad entre ( $F_{st}$ ) que dentro de ( $F_{is}$ ) de las poblaciones analizadas, lo que concuerda en parte, con su sistema de polinización cruzada que hace pensar en mayor intercambio de genes y por tanto mayor diversidad entre (Tabla 6).

El valor negativo en la diversidad dentro ( $F_{is} = -0.204$ ) de las poblaciones de *C. argyrosperma* indica un alto número de loci heterocigóticos.

Tabla 6. Diversidad genética por especie de calabaza (*Cucurbita moschata*, *C. argyrosperma* y *C. pepo*)

| Variedad local y especie           | Núm. poblaciones | Heterocigosis observada | Promedio de alelos por locus | % locipolimórficos | F estadísticas |          |          |
|------------------------------------|------------------|-------------------------|------------------------------|--------------------|----------------|----------|----------|
|                                    |                  |                         |                              |                    | $F_{st}$       | $F_{is}$ | $F_{it}$ |
| Xtop ( <i>C. argyrosperma</i> )    | 11               | 0.215                   | 2.96                         | 96.1               | 0.326          | -0.204   | 0.311    |
| Xnuuk knuum ( <i>C. moschata</i> ) | 24               | 0.239                   | 3.38                         | 96.1               | 0.257          | 0.045    | 0.290    |
| Tzol ( <i>C. pepo</i> )            | 1                | 0.236                   | 1.88                         | 63.4               | 0.0            | 0.082    | 0.082    |

La diversidad dentro de los cultivos estudiados presentó una visión general de la dinámica de las variedades locales y al mismo tiempo una estimación de la riqueza genética preservada en las parcelas de cultivo de los pequeños agricultores.

En el agroecosistema milpa de Yaxcaba, México, comparativamente, las poblaciones analizadas de calabaza y maíz evidenciaron, mediante sus valores de  $F$ , mayor dinamismo o intercambio genético que las de frijol (Tabla 4, 5 y 6); observación que concuerda con la descripción de Hamrick y Godt (1997) para las especies de polinización cruzada y autógamias respectivamente.

## CONCLUSIONES

En la región de Yaxcaba, Yucatán, México, el sistema tradicional de policultivo, en su distribución espacial y temporal de asociaciones de especies, evidencia una alta diversidad genética. Las asociaciones triples maíz - calabaza - frijol, son la de mayor representatividad de la diversidad inter genotípica e inter específica, le siguen en orden descendente, maíz - calabaza y maíz - frijol, respectivamente.

El monocultivo no fue observado en la región estudiada y regularmente los agricultores siembran en la misma parcela de cultivo de dos a once variedades locales con un promedio de cuatro. En total fueron identificadas en cultivo de dos a siete especies asociadas (*Zea mays*, *Cucurbita pepo*, *C. moschata*, *C. argyrosperma*, *Phaseolus vulgaris*, *P. lunatus* y *Vigna unguiculata*).

Existen en las regiones variedades mejoradas introducidas pero predominan las variedades locales, 84% o más. En las poblaciones isoenzimáticas analizadas, existió una mayor variación genética entre las poblaciones de maíz y calabaza que entre las de frijol, pero este último presentó mayor variación dentro.

Las poblaciones de frijol (*Phaseolus vulgaris*, *P. lunatus* y *Vigna unguiculata*) se comportaron típicamente como autógamias (altos valores de  $F_{is}$ ) y las calabazas y de maíz como alógamas (mayor valor en  $F_{st}$ ).

## BIBLIOGRAFÍA

- AGUIRRE, G; J.A; M.R. BELLON AND M. SMALE. A regional analysis of maize biological diversity in Southeastern Guanajuato, Mexico. *Economic Botany* 54: 60-72. 2000
- ALTIERI, M. Applying agroecology to enhance the productivity of peasant farming system in Latin America. *Environm. Develop. Sust.* 1: 197-217. 1999
- AVENDAÑO-ARZATE, C. H., P. RAMIREZ - VALLEJO, F. CASTILLO-GONZALEZ, J.L. CHAVEZ - SERVIA y G. RINCON - ENRIQUEZ. Diversidad isoenzimática en poblaciones nativas de frijol negro. *Revista Fitotecnia Mexicana* 27: 31 - 40. 2004
- BASTARRACHEA M., J.R. E. YAH-PECH y F. BRICEÑO - CHEL. Diccionario Básico Español - Maya Español. Maldonado Editores, Biblioteca Básica del Mayab. Merida, Yucatán Mexico. 1992. 134 p.
- BELLON, M.R. Demand and supply of crop infraspecific diversity on farms: towards a policy framework for on - farm conservation. *CIMMYT Economic Working Paper* 01 - 01. Mexico D.F.: CIMMYT. 2001. 12P.
- BRUSH, S.B. A farmer - based approach to conserving crop germplasm. *Economic Botany* 45: 153 - 165. 1991
- BRUSH, S.B. AND E. MENG. Farmers' valuation and conservation of crop genetic resources. *Genet. Res. Crop Evol.* 45: 139-150. 1998
- CAMACHO VILLA, T.C. y J.L. CHAVÉZ SERVIA. Diversidad morfológica del maíz criollo de la región centro de Yucatán, México. In: Manejo de la diversidad de los cultivos en los agroecosistemas tradicionales (Chavéz- Servia, J.L., J. Tuxill y D.I. Jarvis, eds). Instituto Internacional de Recursos Filogenéticos, Cali, Colombia. Pp: 47- 57. 2004.
- CANUL K., J. Diversidad morfológica e iziensimatica en poblaciones nativas de calabaza (*Cucurbita spp.*) en Yucatán, Mexico. Tesis M.C. Colegio de Postgraduados, Montecillo, Texcoco, Mexico. 2004. 98 p.

- CANUL K., J., L.A. BURGOS M. y J.L. CHAVÉZ S. Características de las asociaciones de cultivos en milpa de Yucatán. In: Memoria de xix Congreso Nacional de Fitogenética: Notas científicas. 1 al 5 de septiembre de 2002. Saltillo, Coahuila, Mexico. Sociedad Mexicana de Fitogenética, Texcoco, Mexico Pp: 293. 2002
- DECKER, D.S. Numerical analysis of allozyme variation in *Cucurbita pepo*. *Econ. Bto.* 39: 300-309. 1985
- DECKER, D.S., T.W. WALTERS, C.W. COWAN AND B.D. SMITH. Isozymic characterization of wild populations of *Cucurbita pepo*. *J. Ethnobiology* 13: 55-72. 1993.
- FEDICK, S.L. AND B. MORRISON. Ancient use and manipulation of landscape in the Yalahua region of the northern Maya lowlands. *Agric. Hum. Values* 21: 207-219. 2004.
- HAMRICK, J.L. Isoenzymes and the analysis of genetics structure in plant populations. *Isoenzymes in Plant Biology* (D.E. Soltis and P.S. Soltis, eds). Dioscorides Press, Potland, OR. USA. Pp: 87-105. 1989.
- HAMRICK, J.L. AND J.W. GODT. Allozyme diversity in cultivated crops. *Crop Science* 37: 26-30. 1997.
- INSTITUTO NACIONAL DE GEOGRAFIA E INFORMATICA (INEGI). Anuario Estadístico del Estado de Yucatán. Instiuto Nacional de Geografía e Informática y Gobierno del Estado de Yucatán. Mexico, D.F. 2004. 725 p.
- INTRIAN KU, V. Asociación de la diversidad genética de los cultivos de la milpa con los sistemas agrícolas y factores socioeconómicos en el centro - oriente de Yucatán. Tesis M.C. Colegio de Postgraduados, Montecillo, Texcoco, Mexico. 2005. 88 p.
- JARVIS, D.I., L. MYER, H. KLEMICK, L. GUARINO, M. SMALE, A.H.D. BROWN, M. SADIKI, B. STHAPIT AND T. HODGKIN. A Training Guide for *In Situ* Conservation On-farm. Version 1. Internacional Plant Genetic Resources Institute, Rome, Italy. 2000. 161 p.

LOUETTE, D. AND SMALE. Farmers' seed selection practices and traditional maize varieties in Cuzalapa, Mexico. *Euphytica* 113: 25 - 41.2000

OLDFIELD, M.L. AND J.B. ALCORN. Conservation of traditional agroecosystems. *BioScience* 37: 199-208. 1987.

PASTENES - UGALDE, G. Diversidad genotípica e isoenzimática de cultivares nativos de frijol común tipo Flor de Mayo. Tesis M.C. Colegio de Postgraduados, Motecillo, Texcoco, Mexico. 2001.183 p.

PATRÓN L., P., P.F. RIVAS G. y J.O. PÉREZ M. Enciclopedia de los municipios de Mexico: Estado de Yucatán. Instituto Nacional para el Federalismo y el Desarrollo Municipal y Gobierno del estado de Yucatán, Mérida, Mexico. 2002.

PIMENTEL, D., U. STACHOW, D.A. TAKACS, H.W. BRUDBAKER, A.R. DUMAS, J.J. MEANEY, J.A.S. O'NEIL, D.E. ONSI AND D.B. CORZILIUS. Conserving biological diversity in agricultural/forestry systems. *BioScience* 42: 354-362.1992.

SANCHEZ G., J.J., M.M. GOODMAN AND C.W. STUBER. Isozymatic and morphological diversity in the races of maize of Mexico. *Economic Botany* 54: 43-59.2000.

SMALE. M.I. MAR AND D.I. JARVIS (eds). The Economics of Conserving Agricultural Biodiversity on Farm: Research methods developed from IPGRI's Global Project «Strengthening the Scientific Basis of the In Situ Conservation of Agricultural Biodiversity». International Plant Genetic Resources Institute, Rome, Italy. 2002. 73 p.

STUBER, C.W. AND M.M. GOODMAN. Techniques and scoring procedures for starch gel electrophoresis of enzymes from maize (*Zea mays* L.) North Carolina Agricultural Research Service, North Carolina State University, Raleigh, NC: 1988.87 p.

WEIR, B.S. AND C.C. COCKERHAM. Estimation F-statistics for the analysis of population structure. *Evolution* 38: 1358-1370. 1984.

WEIR, B.S. AND W.G. HILL. Estimating F-statistics. *Annu. Rev. Genet* 36:721-750.2002.

WILSON, H.D. Discordant patterns of allozyme and morphological variation in Mexican Cucurbita Syst. Bot. 14:612-623.1989.

YEH, F., T. BOYLE, Y. RONGCAI, Z. YE AND J.M. XIYAN. Population Genetic Analysis POPGENE Version 1.32. university of Alberta and Centre for International forestry Research. 1999.

ZIMMERER, K.S. AND D.S. DOUCHES. Geographical approaches to crop conservation: The partitioning of genetic diversity in Andean potatoes. *Economic Botany* 45: 176-189. 1991.