

DISTRIBUCIÓN GEOGRÁFICA DE LOS PARIENTES SILVESTRES DEL ACERVO GENÉTICO MESOAMERICANO DEL FRIJOL LIMA (*PHASEOLUS LUNATUS* L.) EN MÉXICO

GEOGRAPHICAL DISTRIBUTION OF WILD RELATIVES OF MESOAMERICAN GENE POOL OF LIMA BEAN (*PHASEOLUS LUNATUS* L.) IN MEXICO

Rubén H. Andueza-Noh^{1,2}, Luciana Camacho-Pérez¹,
Jaime Martínez-Castillo¹, y Filogonio May-Pat¹

¹Centro de Investigación Científica de Yucatán, calle 43 núm.130 col. Chuburná de Hidalgo CP 91200.

²División de Estudios de Posgrado e Investigación, Instituto Tecnológico de Conkal, Yucatán, Km. 16.3 Antigua Carretera Mérida-Motul CP 97345, Conkal, Yucatán-Cátedras-Conacyt. Correo electrónico: r_andueza81@hotmail.com

RESUMEN

El acervo genético mesoamericano del frijol lima silvestre (*Phaseolus lunatus* L., Fabaceae) representa una fuente importante de genes para el mejoramiento genético de la especie. Presenta una amplia distribución geográfica que abarca del norte de México al norte de Argentina. En México los reportes muestran que este acervo se distribuye de Sinaloa hasta la región de Chiapas, por la costa del Pacífico y del sur de Tamaulipas hasta la Península de Yucatán por la Costa del Golfo de México, así como también en la región del Istmo de Tehuantepec. Sin embargo, a pesar del conocimiento que se tiene sobre la distribución de este acervo, en México aún existen regiones con vacíos de colecta para *P. lunatus*. El objetivo del presente trabajo consistió en realizar colectas de poblaciones silvestres del frijol lima en México, para conocer su distribución actual y establecer estrategias de manejo y conservación. Para ello, se realizaron colectas dentro del área de distribución natural del acervo genético

mesoamericano del frijol lima en México, se diseñó un mapa de distribución geográfica con los datos de pasaporte y se analizó el estado de conservación de las poblaciones. Los resultados demostraron que las poblaciones silvestres del frijol lima, presentan una amplia distribución geográfica localizándose principalmente en zonas de selva tropical caducifolia y subcaducifolia con altitudes de cero a 2 292 metros. Se observó un bajo estado de conservación en la mayoría de las poblaciones silvestres colectadas, en consecuencia, se propuso el desarrollo de estrategias de conservación *in situ* y *ex situ* para las poblaciones silvestres con mayor grado de erosión.

Palabras clave: mejoramiento genético, perturbación, estrategia de conservación, población silvestre.

ABSTRACT

The Mesoamerican gene pool of wild lima bean (*Phaseolus lunatus* L., Fabaceae) is

an important source of genes for genetic improvement of the species. Is widely distributed from northern Mexico to northern Argentina. Reports in Mexico indicate that this gene pool is distributed from Sinaloa to Chiapas on the Pacific Coast and southern Tamaulipas to the Yucatan Peninsula on the Coast of Gulf of Mexico, as well as, in the Isthmus of Tehuantepec. However, despite the knowledge we have about the distribution of this gene pool, in Mexico there are still collecting gaps and unexplored regions. The objective of this study was to collect wild populations of lima bean in Mexico to know its current distribution and establish management and conservation strategies. To do this, we collected within the natural distribution range of the Mesoamerican gene pool of lima bean in Mexico, with the passport data was designed a geographical distribution map and assessed the conservation status of populations. Results indicated that wild populations of lima bean have a wide geographical distribution localized mainly in tropical deciduous forest and semideciduous and elevations from zero to 2 292 meters. In most wild population collected a low conservation status was observed, in consequence was proposed the development of strategies for *in situ* and *ex situ* conservation for wild populations with higher degree of erosion.

Key words: genetic improvement, erosion, conservation strategies, wild population.

INTRODUCCIÓN

En los últimos años se ha dado un renovado interés en la conservación de los recursos fitogenéticos de las poblaciones silvestres que dieron origen a las plantas cultivadas (Degreef *et al.*, 2002). Debido a que cons-

tituyen una enorme reserva de variabilidad genética, son fuente de nuevas variantes que pueden ser utilizadas en fitomejoramiento y son considerados un recurso vital para garantizar la seguridad alimentaria, mejorar la producción agrícola y sostener la productividad, en el contexto del crecimiento vertiginoso de la población mundial y del cambio climático acelerado (Muller *et al.*, 2003; Hunter y Heywood, 2011). Los parientes silvestres de las plantas cultivadas se encuentran en un amplio rango de hábitats en todo el mundo, los cuales se están perdiendo y degradando de forma acelerada, aspecto que pone a las especies silvestres en riesgo (Hunter y Heywood, 2011). Éste es el caso del frijol lima silvestre (*Phaseolus lunatus* L.), especie plurianual, con hábito de crecimiento trepador y mecanismo de reproducción mixto, esto es, principalmente autógeno, pero se han reportado porcentajes de alogamia hasta de 48 % (Baudoin, 1991; Fofana *et al.*, 1999; Baudoin *et al.*, 2004). Esta especie se originó en América tropical hace aproximadamente un millón de años (Serrano-Serrano *et al.*, 2010; Delgado-Salinas *et al.*, 2006) y fue domesticada tanto en Mesoamérica como en los Andes entre los 8000 y 10000 años (Baudoin, 1991; Kaplan y Lynch, 1999); su origen, evolución y distribución han sido ampliamente estudiados (Gutiérrez-Salgado *et al.*, 1995; Maquet *et al.*, 1999; Caicedo *et al.*, 1999; Fofana *et al.*, 1999). Lo que ha permitido reconocer la existencia de dos acervos genéticos principales: el mesoamericano y el andino, ambos con poblaciones silvestres y domesticadas. Sin embargo, estudios más recientes han demostrado que la organización genética de *P. lunatus* es más compleja, especialmente en el acervo genético mesoamericano en el cual se ha sugerido la existencia de dos grupos genética y geográficamente bien definidos:

mesoamericano I (MI) y mesoamericano II (MII) (Serrano-Serrano *et al.*, 2010; Motta-Aldana *et al.*, 2010; Serrano-Serrano *et al.*, 2012; Andueza-Noh *et al.*, 2013; Martínez-Castillo *et al.*, 2014).

Actualmente los datos de colecciones de herbario y de colectas de germoplasma, muestran que el área de distribución de las poblaciones silvestres del acervo mesoamericano se localizan en el norte de México, Guatemala, Belice, El Salvador, Honduras, Nicaragua, Costa Rica y Panamá, encontrándose en algunas regiones de sur América y el Caribe, en elevaciones que pueden alcanzar los 2500 m.s.n.m. (Gutiérrez-Salgado *et al.*, 1995; Maquet y Baudoin, 1997; Baudoin *et al.*, 2004; Debouck, 2008). A pesar de la importancia que representan las poblaciones silvestres del acervo genético mesoamericano del frijol lima como una fuente primaria de genes para el mejoramiento genético, muy pocos estudios han sido desarrollados para conocer la distribución natural y realizar colectas de germoplasma silvestre (Debouck, 1988; Maquet y Baudoin, 1997; Vargas *et al.*, 2003; Zoro Bi *et al.*, 2003; Barrantes *et al.*, 2008). Para el caso de México, región considerada como centro de domesticación secundario del frijol Lima (Motta-Aldana *et al.*, 2010; Serrano-Serrano *et al.*, 2012; Andueza-Noh *et al.*, 2013), no existen estudios completos sobre la distribución natural de las poblaciones silvestres del acervo genético mesoamericano del frijol lima; por tal motivo, los objetivos del presente trabajo fueron: *a)* conocer la distribución actual de las poblaciones silvestres del acervo genético mesoamericano del frijol lima con base en datos de pasaporte de colectas de germoplasma *b)* analizar el estado de conservación de las poblaciones silvestres del frijol lima y *c)* realizar colectas

de poblaciones silvestres dentro de su área de distribución en México, para su manejo, conservación y su posible inclusión en programas de mejoramiento genético.

MATERIAL Y MÉTODOS

Se analizaron 299 datos de pasaporte pertenecientes a 104 poblaciones silvestres del acervo genético mesoamericano del frijol lima, distribuidas en las costas del Golfo de México (Yucatán, Quintana Roo, Campeche, Tabasco, Veracruz y Tamaulipas), las costas del Océano Pacífico (Sinaloa, Jalisco, Colima, Michoacán y Guerrero) y en el Istmo de Tehuantepec, Oaxaca, México, colectadas en campo durante los meses de enero a abril del 2009 y 2010, periodo correspondiente a la fecha de madurez fisiológica de la especie. Para el estudio cada población fue definida como un conjunto de individuos de tamaño independiente que viven en el mismo hábitat e interactúan entre sí y se encuentran aislados de por lo menos 5000 m de otras plantas de la misma especie. En cada población fueron colectadas vainas secas de todas las plantas que la conformaban con un tamaño de muestra de 10 a 50 plantas por población dependiendo del número de individuos que la conformaban.

La selección de los sitios de colecta se realizó con base en los registros de herbario, monografías botánicas, floras regionales y datos de colecciones existentes sobre la distribución geográfica de *P. lunatus* (Maquet y Baudoin, 1997). Con los datos de pasaporte obtenidos durante la colecta del material biológico, se elaboró un mapa de distribución geográfica de todas las poblaciones silvestres del frijol lima, con el programa DIVA-GIS versión 7.1 (Hijmans *et al.*, 2004). El patrón de distribución fue

explicado con base en las provincias biogeográficas descritas por Morrone (2002). Con los datos completos de colecta de las 104 poblaciones estudiadas, se caracterizó el estado de conservación. Debido al amplio rango geográfico explorado, sólo se estimó la abundancia relativa de individuos por población como indicador del estado de conservación de las poblaciones, con base en la escala modificada de Braun-Blanquet (1979), con tres niveles: bajo (1-10 plantas por población), medio (11-30 plantas por población) y alto (31-50 plantas por población). Estos niveles fueron establecidos tomando en cuenta el número mínimo y máximo de individuos observados en cada población. Para conocer de manera cuantitativa los patrones de distribución latitudinal y altitudinal y deducir el rango probable de adaptación del frijol lima silvestre en México se elaboró un gráfico de dispersión de las poblaciones con los datos de latitud y altitud.

RESULTADOS

Distribución geográfica del frijol lima silvestre en México

La distribución de *P. lunatus* en México es amplia, localizándose en un total de 16 estados de la república mexicana (fig. 1) localizados en ocho provincias biogeográficas clasificadas de acuerdo con Morrone (2002): 1) La provincia de Tamaulipas en la región que abarca los estados de Tamaulipas y el extremo norte de Veracruz, 2) provincia del eje volcánico transmexicano en la región que abarca los estados de Jalisco, Michoacán, Oaxaca y Veracruz, 3) provincia de la depresión del Balsas en los estados de Guerrero, Jalisco, Michoacán, Morelos y Oaxaca, 4) provincia Sierra Madre del Sur en la porción

que abarca desde el sur de Michoacán, hasta la región de Guerrero y Oaxaca, 5) provincia Costa Pacífica Mexicana distribuyéndose desde Sinaloa, Nayarit, Colima Jalisco, Michoacán, Guerrero, Oaxaca y Chiapas, 6) provincia Golfo de México región que comprende los estados de Veracruz, Tabasco y Campeche, 7) provincia Península de Yucatán en los estados de Yucatán y Quintana Roo y 8) provincia de Chiapas en las cercanías de la Sierra Madre de Chiapas.

Estado de conservación de las poblaciones silvestres del frijol lima en México

Del total de poblaciones silvestres colectadas en campo, 37 mostraron un estado de conservación bajo (1-10 plantas por población), 27 estuvieron en un nivel medio (11-30 plantas por población) y 33 presentaron un nivel alto (31-50 plantas por población). El mayor número de poblaciones que estuvieron en un nivel alto se localizaron en Sinaloa (6), Jalisco (9) y Oaxaca (8). Por otro lado, se observó un bajo estado de conservación en las poblaciones colectadas en Veracruz (10) y Oaxaca (9) (cuadro 1). El mayor número de poblaciones fue colectado en Veracruz (20), Jalisco (17), Oaxaca (17) y Sinaloa (12). Cuatro fueron los principales hábitats en los cuales se distribuyen las poblaciones silvestres, asociados a tres climas específicos. Los hábitats conformados por vegetación de selva tropical caducifolia y selva tropical subcaducifolia en conjunto con el clima cálido subhúmedo con lluvias en verano fueron los representativos de la distribución del frijol lima silvestre (cuadro 1). Cabe señalar que las poblaciones clasificadas en un estado de conservación bajo fueron encontradas en condición ruderal, principalmente en áreas perturbadas por el hombre, mientras que poblaciones con



Fig. 1. Distribución geográfica de las poblaciones silvestres del acervo genético mesoamericano del frijol lima en México. 1. Provincia de Tamaulipas, 2. Eje volcánico transmexicano, 3. Depresión del Balsas, 4. Sierra Madre del Sur, 5. Costa Pacífica Mexicana, 6. Golfo de México, 7. Península de Yucatán, 8. Chiapas. Círculos negros poblaciones del grupo MI; Triángulos grises poblaciones del grupo MII.

estado de conservación medio y alto fueron colectadas bajo condición espontánea en áreas donde la vegetación natural aún se mantiene en condición selvática.

Patrones de variación latitudinal y altitudinal de las poblaciones silvestres del frijol lima

Las poblaciones silvestres del frijol lima presentan un patrón de variación a lo largo de un gradiente latitudinal estrecho, las cuales se encuentran principalmente, entre los paralelos 17° y 21° de latitud norte, sin embargo, su rango de variación osciló entre los 15° y 25°. A diferencia de lo observa-

do con el patrón latitudinal, la variación altitudinal de los sitios con presencia de poblaciones de *P. lunatus* fue muy amplia el cual se ubicó desde el nivel del mar a 2292 m.s.n.m. A pesar de la amplia variación encontrada, se pudo observar que la mayoría de las poblaciones se distribuyen entre 0 y 500 m.s.n.m. (fig. 2).

DISCUSIÓN

A pesar de la importancia que representa México como centro de domesticación y diversidad del acervo genético mesoamericano del frijol lima, éste es el primer estudio enfocado en conocer la distribución

Cuadro 1. Poblaciones de frijol lima silvestre (*Phaseolus lunatus*) colectadas durante los años 2009-2010 en México. ST = selva tropical; STSP = selva tropical semipermanente; STSC = selva tropical subcaducifolia; STC = selva tropical caducifolia; Am = cálido húmedo con lluvias en verano; Aw = cálido subhúmedo con lluvias en verano; Cw = templado húmedo con lluvias en verano.

Estado	País	Número de poblaciones	Estado de conservación: bajo	Estado de conservación: medio	Estado de conservación: alto	Vegetación asociada	Clima
Veracruz	México	20	10	8	2	ST y STSP	Am, Cw, Aw
Jalisco	México	17	5	3	9	STC y STSC	Aw, Cw
Oaxaca	México	17	9	0	8	DTF	Aw
Sinaloa	México	12	4	2	6	STC y STSC	Aw
Guerrero	México	5	3	1	1	STC	Aw
Michoacán	México	5	3	2	0	STC y STSC	Aw
Nayarit	México	5	1	1	3	STC	Aw
Colima	México	3	0	0	3	STC	Aw
Tabasco	México	2	0	1	1	STSP	Am
Chiapas	México	7	1	3	3	STSP	Am, Aw
Tamaulipas	México	2	1	1	0	STC	Aw
Campeche	México	3	0	2	1	STC	Aw
Quintana Roo	México	3	0	2	1	STC	Aw
Yucatán	México	3	0	1	2	STC	Aw
Total		104	37	27	40	STC	Aw

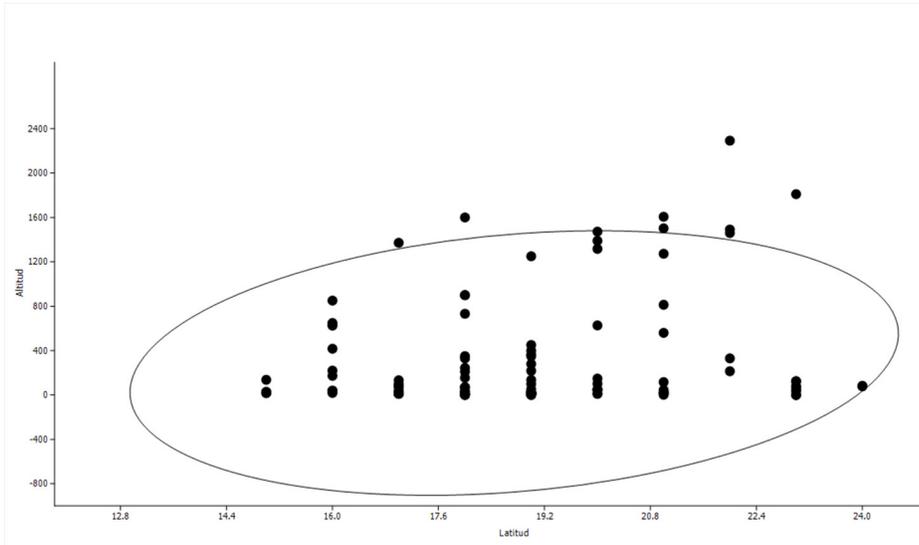


Fig. 2. Patrones de variación latitudinal y altitudinal de las poblaciones silvestres del frijol lima en México.

de poblaciones silvestres de esta especie en nuestro país. Trabajos similares se han realizado en el Valle Central de Costa Rica, donde se considera la importancia que los parientes silvestres del acervo genético mesoamericano del frijol lima representan al formar parte del acervo genético primario de su contraparte cultivada y cuyos genes pueden ser fácilmente incorporados a variedades mejoradas. Desde hace una década se han desarrollado estudios con el objetivo de coleccionar, conocer la distribución de las poblaciones silvestres y establecer estrategias de conservación de la diversidad genética de *P. lunatus* silvestre mantenida en la región de Costa Rica (Degreef *et al.*, 2002; Vargas *et al.*, 2003; Zoro Bi *et al.*, 2003). Con ello se logró la representación de la diversidad genética de las poblaciones silvestres de la especie mediante la obtención de acce-

siones que fueron resguardadas en bancos de germoplasma. Las accesiones fueron caracterizadas con base en marcadores morfológicos y moleculares, para conocer su utilidad en el mejoramiento genético de la especie. Además los resultados obtenidos de los estudios realizados en la región de Costa Rica se utilizaron en el establecimiento de áreas protegidas y generación de planes de manejo y conservación *in situ* (Degreef *et al.*, 2002; Vargas *et al.*, 2003; Zoro Bi *et al.*, 2003).

Patrones de distribución geográfica y variación latitudinal y altitudinal de las poblaciones silvestres del frijol lima

Los resultados de este trabajo muestran que las poblaciones silvestres del frijol lima en México presentan amplia distribución

geográfica, debido a su capacidad de adaptación a diferentes condiciones climáticas como reportan López-Soto *et al.* (2005) y Debouck (2008). Las poblaciones silvestres fueron localizadas principalmente en zonas tropicales caducifolias y subcaducifolias con clima cálido subhúmedo con lluvias en verano (Aw). En cuanto a la altura se encontró un amplio rango que va desde el nivel del mar a 2292 m.s.n.m., y un estrecho rango latitudinal, asociadas principalmente con vegetación secundaria o en claros de vegetación creadas por las actividades antropocéntricas, coexistiendo con cultivos permanentes (espontánea), a orillas de caminos (ruderal) y en algunos casos en milpas (espontánea). Estos resultados dan soporte a lo reportado por Maquet y Baudoin *et al.* (1997) y Ballesteros (1999), quienes demostraron que el frijol lima se distribuye desde el nivel del mar hasta los 2 500 m.s.n.m., asociado con vegetación de selva tropical caducifolia, selva tropical subcaducifolia y selva tropical perennifolia. En cuanto al rango altitudinal obtenido en este estudio para las poblaciones silvestres del frijol lima fue superior al reportado para las poblaciones silvestres de Costa Rica (Ouédraogo y Baudoin, 2002; Zoro Bi *et al.*, 2003; Vargas *et al.*, 2003), estos resultados sugieren la existencia de mayor variabilidad genética y mayor rango de adaptación en las poblaciones silvestres de México, como ha sido observado en la Península de Yucatán con marcadores moleculares (Martínez-Castillo *et al.*, 2006; 2007).

Las poblaciones del frijol lima silvestre se distribuyeron en ocho provincias biogeográficas; sin embargo, se observó mayor presencia en dos: 1) la provincia biogeográfica Costa Pacífica Mexicana y 2) la provincia biogeográfica Golfo de México (fig. 1). Esto

puede atribuirse a las condiciones ecológicas presentes en cada una de las provincias que favorecen el establecimiento y desarrollo del frijol lima. Por un lado, en la provincia Costa Pacífica Mexicana predomina el clima cálido subhúmedo con lluvias en verano, la vegetación típica son selvas caducifolias y su límite de altitud promedio se ubica entre los 400 m. Por otro lado, en la provincia Golfo de México, la selva tropical subcaducifolia, las selvas altas y medianas perennifolias dominan el paisaje debido al alto nivel de humedad que puede alcanzar entre los 1 000 y 2 000 mm de precipitación. Los climas predominantes son cálido subhúmedo con lluvias en verano, cálido húmedo con lluvias en verano y templado húmedo con lluvias en verano (Espinoza *et al.*, 2008). Condiciones ideales que han permitido el establecimiento y adaptación del frijol lima silvestre en México. Ambas provincias están delimitadas por sistemas montañosos como el eje neovolcánico y la Sierra Madre del Sur (Espinoza *et al.*, 2008) lo que demarca la formación de dos grupos principales en las poblaciones silvestres del frijol lima. Resultados que dan soporte a la hipótesis sobre la existencia de dos grupos diferenciados genética y geográficamente en el acervo mesoamericano del frijol lima silvestre, llamados MI y MII (Serrano-Serrano *et al.*, 2010; Martínez-Castillo *et al.*, 2014). El grupo MI distribuido principalmente a través de la planicie de la costa del Océano Pacífico, con un pequeño grupo de poblaciones localizadas al occidente del eje Neovolcánico, la depresión del Balsas, la Sierra Madre del Sur y la región de Chiapas; y el grupo MII ubicado principalmente a lo largo de la costa del Golfo de México, aunque también lo encontramos en la Península de Yucatán y el sureste del Istmo de Tehuantepec; cabe mencionar que esta última región puede ser

considerada como zona de traslape entre los dos grupos (Motta-Aldana *et al.*, 2010; Serrano-Serrano *et al.*, 2012; Martínez-Castillo *et al.*, 2014). Es importante mencionar que el centro-occidente de México, región donde encontramos el mayor número de poblaciones silvestres, ha sido señalado como probable centro de domesticación del acervo genético mesoamericano del frijol lima (Serrano-Serrano *et al.*, 2012; Andueza-Noh *et al.*, 2013). Además, dentro del territorio mexicano, la Península de Yucatán, es considerada como centro secundario de diversidad para el frijol lima, región donde coexisten poblaciones silvestres y domesticadas (Ballesteros, 1999; Martínez-Castillo *et al.*, 2007; Dzul-Tejero *et al.*, 2014).

Estado de conservación

La mayoría de las poblaciones silvestres fueron colectadas en hábitats perturbados por el humano, sin embargo, es importante reconocer que el frijol lima silvestre es una especie que sobrevive en hábitats afectados por eventos naturales (huracanes, fuego) y por actividades humanas (agricultura, caminos) que permiten el establecimiento de sus poblaciones, por esta razón es muy común encontrar las poblaciones silvestres del frijol lima a orillas de caminos, en las inmediaciones de los campos agrícolas y en sitios arqueológicos (Baudoin, 1991; Kaplan y Lynch, 1999).

Por otro lado, si consideramos que la estrategia de vida del frijol lima silvestre puede poner en riesgo la existencia de muchas de sus poblaciones, es claro que esta especie ha logrado enfrentar con éxito los cambios provocados por el humano a su hábitat natural. Debido a la dinámica poblacional (llamada metapoblación) que presentan las

poblaciones del frijol lima, una población silvestre puede llegar a extinguirse como consecuencia de las actividades humanas, pero su composición genética se mantiene presente en otras poblaciones vecinas o a través del banco de semillas del suelo (Zoro Bi *et al.*, 2003). Los resultados de este trabajo indican de manera general que el frijol lima silvestre presenta un bajo estado de conservación en la mayoría de las áreas exploradas. Por consiguiente, y debido al alto grado de perturbación observado, en muchas de las áreas, donde se distribuye actualmente el acervo genético mesoamericano del frijol lima surge la necesidad de planear estrategias de conservación para poblaciones silvestres específicas en México, sobre todo aquellas que se encuentran alrededor del área crítica de domesticación propuesta para esta especie (Serrano-Serrano *et al.*, 2012; Andueza-Noh *et al.*, 2013), a través de programas de conservación *ex situ* en bancos de germoplasma, e *in situ* mediante la reintroducción de individuos en áreas amenazadas, lo que permitiría el mantenimiento de un nivel sustancial de la variabilidad genética de este acervo.

Finalmente es importante mencionar que como parte de las actividades propuestas para la conservación, las poblaciones silvestres colectadas en este estudio han sido depositadas en el banco de germoplasma del Centro de Investigación Científica de Yucatán, México (CICY) y una réplica fue enviada al banco de germoplasma del Sistema Nacional de Recursos Fitogenéticos para la Alimentación y la Agricultura (SINAREFI) como parte de un programa de conservación *ex situ*, con el propósito de asegurar su conservación y aprovechamiento sustentable. Además, un grupo de estas poblaciones han sido pieza clave para entender mejor el es-

tado de la diversidad genética, los procesos de evolución y domesticación del acervo genético mesoamericano del frijol lima (Serrano-Serrano *et al.*, 2012; Andueza-Noh *et al.*, 2013; Martínez-Castillo *et al.*, 2014).

CONCLUSIÓN

El frijol lima silvestre en México se encuentra distribuido principalmente en altitudes de 0 a 500 m.s.n.m. Se corroboró la presencia de esta especie en las planicies costeras del Golfo de México y el pacífico mexicano. Con base en los sitios de colecta, las poblaciones de *P. lunatus* formaron dos grupos silvestres divergentes MI y MII, apoyando resultados anteriores obtenidos con marcadores moleculares. Se observó un bajo nivel de conservación en la mayoría de las poblaciones estudiadas como consecuencia de la perturbación de su hábitat natural por el hombre. Se logró la representación de la distribución geográfica más completa de la especie en estado silvestre para México a través de la colecta de poblaciones que fueron resguardadas en bancos de germoplasma con lo que se inició un programa de conservación *ex situ*. Las poblaciones colectadas derivadas de este trabajo han sido caracterizadas con marcadores moleculares para conocer su diversidad genética y obtener resultados más contundentes sobre su estado de conservación. Se pretende que la información generada en este estudio y por nuestro grupo de trabajo sea de utilidad para el establecimiento de áreas protegidas y generación de planes de manejo y conservación *in situ*. Así como en el mejoramiento genético de la especie.

AGRADECIMIENTOS

El primer autor agradece al Consejo Nacional de Ciencia y Tecnología México (CONACyT), por el apoyo otorgado a través del proyecto de Ciencia Básica (número 82642), National Geographic Society (número de proyecto 8622-09) y al Sistema Nacional de Recursos Fitogenéticos para la Alimentación y la Agricultura (SINAREFI) por el apoyo económico otorgado para el desarrollo de este trabajo. El primer autor agradece ampliamente a los doctores Jorge Acosta Gallegos y Rogelio Lépiz por proporcionar material vegetal para este estudio.

LITERATURA CITADA

- Andueza-Noh, R.H.; M.L. Serrano-Serrano, M.I. Chacón, I. Sánchez del-Pino, L. Camacho-Pérez, J. Coello-Coello, J.O. Mijangos-Cortés, D.G. Debouck, y J. Martínez-Castillo, 2013. "Multiple domestications of the Mesoamerican gene pool of lima bean (*Phaseolus lunatus* L.): evidence from chloroplast DNA sequences". *Genet Resour Crop Evol.*, **60**(3): 1069-1086.
- Ballesteros, P.G., 1999. "Contribuciones al conocimiento del frijol lima (*Phaseolus lunatus* L.) en América tropical". Tesis de doctorado, Colegio de Postgraduados, Montecillo, Texcoco, Estado de México.
- Barrantes, D.; G. Macaya, L. Guarino, J.P. Baudoin, y O. Rocha, 2008. "The impact of local extinction on genetic structure of wild populations of Lima beans (*Phaseolus lunatus* L.) in the

- Central Valley of Costa Rica: Consequences for the conservation of plant genetic resources". *Rev. Biol. Trop.*, **56**: 1023-1041.
- Baudoin, J.P., 1991. *La Culture et l'Amélioration de la Légumineuse Alimentaire Phaseolus lunatus L. en Zonas Tropicales*. Centre Technique de Coopération Agricole et Rurale, Ede, Pays-Bas / Faculté des Sciences Agronomiques, Gembloux, Belgique.
- Baudoin, J.P.; O. Rocha, J. Degreef, A. Maquet, y L. Guarino, 2004. *Ecogeography, Demography, Diversity and Conservation of Phaseolus lunatus L. in the Central Valley of Costa Rica*. Systematic and Ecogeographic Studies on Crop Genepools. Internacional Plant Genetic Resources Institute, Rome, Italy. 48 pp.
- Braun-Blanquet, J., 1979. *Fitosociología: Bases para el estudio de las Comunidades Vegetales*. H. Blume. Madrid.
- Caicedo, A.L.; E. Gaitán, M.C. Duque, O. Toro-Chica, D.G. Debouck, y J. Thome, 1999. "AFLP fingerprinting of *Phaseolus lunatus* L. and related wild species from South America". *Crop Sci.*, **39**: 1497-1507.
- Debouck, D.G., 1988. *Phaseolus germplasm collection in Central and Eastern Guatemala*, *The World Conservation Union (IUCN)*. Gland, Switzerland, Mimeographed, 36 pp.
- Debouck, D.G., 2008. *Notes sur les différents taxons de Phaseolus à partir des Herbiers-Section Paniculati*, 233 pp.
- Disponible en: <http://www.ciat.cgiar.org/urg>. Último acceso: 22 de mayo 2013.
- Degreef, J.; O.J Rocha, T. Vanderborght y J.P. Baudoin, 2002. "Soil seed bank and seed dormancy in wild populations of (Fabaceae): Considerations for in situ and ex situ conservation". *Am. J. Bot.*, **89**: 1644-1650.
- Delgado-Salinas, A.; R. Bibler, y M. Lavin, 2006. "Phylogeny of the genus *Phaseolus* (Leguminosae): a recent diversification in an ancient landscape". *Syst. Bot.*, **31**: 779-791.
- Espinosa, D.; S. Ocegueda, C. Aguilar, O. Flores, y J. Llorente-Bousquets, 2008. "El conocimiento biogeográfico de las especies y su regionalización natural". Sarukhán, J., *et al.* (eds.) *Capital Natural de México*, vol. 1: conocimiento de la biodiversidad actual. CONABIO, México, pp. 33-65.
- Fofana, B.; J.P. Baudoin, X. Vekemans, D.G. Debouck, y P. du Jardin, 1999. "Molecular evidence for an Andean origin and a secondary gene pool for the lima bean (*Phaseolus lunatus* L.) using chloroplast DNA". *Theor. Appl. Genet.*, **98**: 202-212.
- Gutiérrez-Salgado, A.; P. Gepts, y D.G. Debouck, 1995. "Evidence for two gene pools of the Lima beans, *Phaseolus lunatus* L., in the Americas". *Genet Resour Crop Evol.*, **42**: 15-28.
- Hijmans, R.J.; L. Guarino, C. Bussink, P. Mathur, M. Cruz, I. Barrantes, y E. Rojas, 2004. *DIVA-GIS, version 7.1*.

- A geographic information system for the analysis of biodiversity data*. Disponible en: <http://www.diva-gis.org>. Último acceso 21 junio 2013.
- Hunter, D., y V. Heywood, 2011. *Parientes silvestres de los cultivos: manual para la conservación in situ*. Bioersivity International, Roma, Italia. 530 pp.
- Kaplan, L., y T.F. Lynch, 1999. "Phaseolus (Fabaceae) in archaeology: AMS radiocarbon dates and their significance for pre-colombian agriculture". *Econ. Bot.*, **53**: 261-272.
- López-Soto, J.L.; C.J.A. Ruiz, G.J.J. Sánchez, y I.R. Lépiz, 2005. "Climatic adaptation of 25 wild bean species (*Phaseolus* spp.) in Mexico". *Rev. Fitotec. Mex.*, **28**: 221-230.
- Maquet, A., y J.P. Baudoin, 1997. "Aperçu de la distribution néotropical de *Phaseolus lunatus* (A survey of the neotropical distribution of *Phaseolus lunatus*)". *Belgian J. Bot.*, **130**: 93-116.
- Maquet, A.; X. Vekemans y J.P. Baudoin, 1999. "Phylogenetic study on wild allies of lima bean, *Phaseolus lunatus* (Fabaceae) and implications on its origin". *Plant Syst. Evol.*, **218**: 43-54.
- Martínez-Castillo, J.; D. Zizumbo-Villarreal, P. Gepts, P. Delgado-Valerio, y P. Colunga-García Marín, 2006. "Structure and genetic diversity of wild populations of lima bean (*Phaseolus lunatus* L.) from the Yucatan Peninsula, Mexico". *Crop Sci.*, **46**: 1071-1080.
- Martínez-Castillo, J.; D. Zizumbo-Villarreal, P. Gepts, y P. Colunga-García Marín, 2007. "Gene flow and genetic structure in the wild-weedy-domesticated complex of *Phaseolus lunatus* L. in its mesoamerican center of domestication and diversity". *Crop Sci.* **47**: 58-66.
- Martínez-Castillo, J.; L. Camacho-Pérez, S. Villanueva-Viramontes, R.H. Andueza-Noh, y M.I. Chacón-Sánchez, 2014. "Genetic structure within the Mesoamerican gene pool of wild *Phaseolus lunatus* (fabaceae) from Mexico as revealed by microsatellite markers: implications for conservation and the domestication of the species". *Am. J. Bot.*, **101**(5): 851-864.
- Morrone, J.J., 2002. "Presentación sintética de un nuevo esquema biogeográfico de América Latina y el Caribe". Costa C.; Vanin S.A., Lobo J.M., y Melic A. Eds. *Hacia un proyecto CYTED para el inventario y estimación de la diversidad entomológica en Iberoamérica: PRIBES, España*, pp. 267-275, Zaragoza, España.
- Motta-Aldana, J.; M.L. Serrano-Serrano, H.J. Torres, C.G. Villamizar, D.G. Debouck, y M.I. Chacón, 2010. "Multiple origins of lima bean landraces in the Americas: evidence from chloroplast and nuclear DNA polymorphisms". *Crop sci.*, **50**: 1773-1787.
- Muller, M.H.; J.M. Prosperi, S. Santoni, y J. Ronfort, 2003. "Inferences from mitochondrial DNA patterns on the domes-

- tication history of alfalfa (*Medicago sativa*)". *Mol. Ecol.*, **12**: 2187-2199.
- Ouédraogo, M., y J.P. Baudoin, 2002. "Comparative analysis of genetic structure and diversity in wild lima bean populations from the Central Valley of Costa Rica, using microsatellite and isozyme markers". *Annu. Rep. Bean Improv. Coop.*, **45**: 240-241.
- Serrano-Serrano, M.L.; J. Hernandez-Torres, G. Castillo-Villamizar, D.G. Debouck, y M.I. Chacón, 2010. "Gene pools in wild Lima bean (*Phaseolus lunatus* L.) from the Americas: Evidences for an Andean origin and past migrations". *Mol. Phylogenet. Evol.*, **54**: 76-87.
- Serrano-Serrano, M.L.; R.H. Andueza-Noh, J. Martínez-Castillo, D.G. Debouck, y M.I. Chacón, 2012. "Evolution and domestication of lima bean (*Phaseolus lunatus* L.) in Mexico: Evidence from ribosomal DNA". *Crop Sci.*, **52**: 1698-1712.
- Vargas, M.E.; E. Castro, G. Macaya, y O.J. Rocha, 2003. "Variación del tamaño de frutos y semillas en 38 poblaciones silvestres de *Phaseolus lunatus* (Fabaceae) del Valle Central de Costa Rica". *Rev. Biol. Trop.*, **51**: 707-724.
- Zoro-Bi, I.; A. Maquet, y J.P. Baudoin, 2003. "Population genetic structure of wild *Phaseolus lunatus* (Fabaceae), with special reference to population sizes". *Am. J. Bot.*, **90**: 897-904.