

Caracterización de variabilidad genética en acervos primarios de caraota (*Phaseolus vulgaris* L.), útiles para programas de premejoramiento genético

Ada Medina^{1*}, Catalina Ramis¹, Delis Pérez², Perling Lagarde¹ e Yreny de Farías¹

¹Centro de Investigaciones en Biotecnología Agrícola, Facultad de Agronomía, Universidad Central de Venezuela. Apartado postal 4579. Maracay 2101. Aragua. Venezuela

²Instituto Nacional de Investigaciones Agrícolas - Centro Nacional de Investigaciones Agropecuarias. Maracay 2101. Aragua. Venezuela

RESUMEN

Los cultivares de caraota (*Phaseolus vulgaris* L.) en Venezuela presentan poca diversidad genética. Con el fin de establecer criterios para ampliar su base genética, se caracterizó la variabilidad presente en accesiones silvestres y semidomesticadas, conservadas en el Banco de germoplasma del INIA-Ceniap sobre la base de 21 descriptores morfológicos. Asimismo, se evaluó el tipo de faseolina en esas accesiones, junto con variedades locales, cultivares comerciales y líneas avanzadas, para un total de 91 accesiones de *P. vulgaris*. Se efectuaron análisis de conglomerados con distancia Euclídeana y componentes principales. El análisis de conglomerados evidenció la presencia de dos grupos a una distancia de 0,25. El primero integrado por la mayoría de cultivares semi-domesticados, y el segundo, por todas las formas silvestres más cuatro semidomesticadas. Los primeros tres componentes principales explicaron el 75,7% de la variación total, demostrando que las estructuras reproductivas fueron más importantes y discriminatorias que las vegetativas. Hubo predominio de faseolina S (93,3%) y semillas pequeñas (90%) para todos los grupos de accesiones. Para ampliar la base genética en programas de premejoramiento genético de la caraota se recomienda el uso de los cultivares semi domesticados, debido a su mayor variabilidad morfológica, ausencia de características no deseadas y presencia de alelos de los dos acervos genéticos.

Palabras clave: base genética, cultivares, faseolina, tamaño de semillas.

Characterization of genetic variability in primary gene pools of black bean (*Phaseolus vulgaris* L.), useful for genetic prebreeding programs

ABSTRACT

Black bean cultivars (*Phaseolus vulgaris* L.) in Venezuela have a narrow genetic diversity. To establish criteria to broaden the bean crop genetic base, the variability present in wild and semidomesticated accessions preserved in the Germplasm Bank of INIA-Ceniap, were characterized on the basis of 21 morphological descriptors. The type of phaseolin of these accessions, along with landraces, commercial cultivars and advanced lines, were also evaluated, for a total of 91 accessions of *P. vulgaris*. Cluster analysis using Euclidean distance and principal components were performed. In cluster analysis, two major groups were formed, at a distance of 0.25. The first group included most of the semi-domesticated, and the second, all the wild forms and four semi-domesticated accessions. The first three principal components accounted for 75.7% of the total variation, showing that the reproductive structures were more important and discriminatory than the vegetative ones. Phaseolin S (93.3%) and small seeds (90%) predominated in all of the accessions groups. To broaden the genetic base in pre-breeding programs of bean cultivars, the use of semi-domesticated cultivars are highly recommended, due to its higher morphological variability, absence of unwanted characters and the presence of alleles in both gene pools.

Key words: cultivars, genetic base, phaseolin, seed size.

*Autor de correspondencia: Ada Medina

E-mail: amaumed@yahoo.com

INTRODUCCIÓN

La caraota común (*Phaseolus vulgaris* L. Fabaceae) es la leguminosa alimenticia más importante del mundo para el consumo humano, y según Tohme *et al.* (1996) tiene dos centros de origen, el mesoamericano y el andino, distinguibles en morfología y en aspectos fisiológicos y moleculares (incluyendo faseolinas isoenzimas y polimorfismos de ADN). La faseolina, representa más del 49% de la concentración de proteína de la semilla (Ma y Bliss, 1978) y es un marcador altamente polimórfico. El aislamiento geográfico y el tipo de reproducción autógena de la especie ha limitado el movimiento de genes de una población a otra, lo que ha provocado las diferencias genéticas entre ellas (Singh *et al.*, 1991a).

Es conocido que la base genética de los cultivares comerciales de caraota utilizados en Venezuela es bastante limitada (Gutiérrez *et al.*, 2006). Se considera de primordial importancia el rescate de materiales nativos con el fin de preservar la diversidad y hacer uso de estos acervos genéticos en la ampliación de la base genética de los cultivares comerciales. En este sentido, el Centro Nacional de Investigaciones Agropecuarias del Instituto Nacional de Investigaciones Agrícolas (INIA – Ceniap), ubicado en el estado Aragua, cuenta con la colección de *Phaseolus vulgaris* más importante del país, con unas mil accesiones, producto de expediciones de colecta (Gutiérrez, 2008).

La diversidad genética es una condición para alcanzar alta productividad y estabilidad del rendimiento y, por otra parte, ha sido a lo largo del tiempo, la materia prima utilizada por los fitomejoradores para desarrollar variedades mejoradas (Gepts y Papa, 2003). Dada la diversidad genética presente en los parientes silvestres, estos son una fuente potencial de alelos novel que podrían ser aprovechados para el mejoramiento del rendimiento y otros caracteres cuantitativos en caraotas domesticadas (Acosta *et al.*, 2007). El estudio de los materiales silvestres es una contribución importante al conocimiento de la diversidad genética (Gutiérrez *et al.*, 2006) y la caracterización de esa variabilidad puede contribuir a aumentar la eficiencia en la conservación y la utilización del germoplasma, dado que puede aportar información útil sobre el valor potencial de estas accesiones en programas de premejoramiento.

El objetivo de este trabajo fue establecer criterios para ampliar la base genética de la caraota, basado en características morfológicas y bioquímicas (tipo de faseolina) de acervos primarios del cultivo que incluyen accesiones silvestres, semidomesticadas, variedades locales, líneas avanzadas y cultivares comerciales de Venezuela.

MATERIALES Y MÉTODOS

Caracterización morfológica

La caracterización morfológica se desarrolló en la Casa de Cultivo, en las adyacencias del Banco de Germoplasma del INIA – Ceniap (Aragua) en Venezuela. Se evaluaron cinco accesiones silvestres y 20 semidomesticadas, producto de colectas nacionales, conservadas en forma de semillas pertenecientes a ese Banco (Cuadro 1). El estudio se basó en los descriptores para *Phaseolus vulgaris* desarrollados por el IPGRI (2001) durante los estados fenológicos de plántula, floración, madurez fisiológica y cosecha. Se realizó una descripción general de 11 características cualitativas: hábito de crecimiento, color del tallo, color de las alas, color del estandarte, color de la vaina en estado inmaduro, perfil de la vaina, ápice de la vaina, posición del diente apical, color primario de la semilla, intensidad del brillo de la semilla, forma de la semilla tomando como criterio el coeficiente J referente a longitud de semilla (LS)/ancho de semilla (AS). También, una evaluación de 10 características cuantitativas: longitud de la hoja, ancho de la hoja, longitud de la vaina, ancho de la vaina, número de semillas por vaina, LS, AS, forma de la semilla, días a floración y días a la cosecha. Para el procesamiento de los datos se usó un análisis de componentes principales primarios (CP1), secundarios (CP2) y terciarios (CP3) y análisis de conglomerados (Cluster), usando el programa estadístico Paleontological Statistics (PAST), versión 2.01 (Hammer *et al.*, 2001).

Análisis de faseolina

El análisis de faseolina se realizó en el Laboratorio de Genética Molecular del Centro de Investigaciones de Biotecnología Agrícola (CIBA) de la Facultad de Agronomía (FAGRO), Universidad Central de Venezuela (UCV). Se incluyeron las accesiones silvestres y semidomesticadas, ya señaladas; además, 25 variedades locales, 6 variedades comerciales de Venezuela y 33 líneas avanzadas (12 líneas desarrolladas en los programas de mejoramiento genético de la UCV y el INIA en Venezuela y 21 líneas avanzadas, adquiridas del Centro de Agronomía Tropical (CIAT), Colombia, pertenecientes al Banco de Germoplasma INIA – Ceniap y al Banco de Germoplasma del Instituto de Genética (IGen), FAGRO, UCV.

Se obtuvieron extractos de proteínas a partir de cotiledones (en ausencia del embrión y tegumento), los cuales fueron triturados en un mortero hasta obtener una harina fina. Se siguió la metodología de Laemmli (1970) que consiste en utilizar 0,1 g de harina en buffer

Cuadro 1. Identificación y procedencia geográfica de las accesiones silvestres y semidomesticadas de caraota conservadas en el Banco INIA-Ceniap.

Accesión	Identificación	Código de colecta	Nombre vulgar	Localidad	Estado
Silvestres	I-2628	NY-02-07-009	frijol del niño	Aldea Las Aguadas, municipio Uribante	Táchira
	I-2693	DP-07-07-001	vitoñoito	Finca Duricito, Estafiche, Santo Domingo	Mérida
	I-2694	DP-07-07-003	vitoño	Frente al Refugio, El fraile	Mérida
	I-2754	JMP-01-08-032	vitoño	Vía La ovejera, Lomas de Chejendé	Trujillo
	I-2755	JMP-01-08-035	vitoño	Las Mesas de Chejendé	Trujillo
Semi-domesticados	I-2032	MGM-03-99-011	bayita	Santa Rosa del Sur La Villa	Carabobo
	I-2172	AM-04-01-005	rayada	Santa Rosa del Sur	Carabobo
	I-2174	AM-04-01-07	bayita	Santa Rosa del Sur	Carabobo
	I-2184	AB-01-01-003	tartaguita	Ciénaga de los Talabera, Sierra Falcón	Falcón
	I-2459	MEM-05-05-001	perdicita		Lara
	I-2493	DON-12-06-008	rayada	Monte Carmelo	Lara
	I-2606	PB-01-06-006	tartaguita	Paramito, Pregonero, Mcipio Uribante	Táchira
	I-2609	DON-14-06-001	rayada, perdicita	Monte Carmelo	Lara
	I-2682	DON 22-07-015	rayada	Sanare	Lara
	I-2740	JMP-01-08-002	pintada	Timotes	Mérida
	I-2684	DON-22-07-019	perdicita	Trujillo	Trujillo
	I-2146	DP-03-01-019	guaimarita	El Roble	Miranda
	I-2195	AB-01-01-014	pira negra criolla	Zaragoza, sector Viruco	Falcón
	I-2198	AB-01-01-017	pira negra criolla	Zaragoza, Sierra Falcón	Falcón
	I-2201	AB-01-01-020	negro		Falcón
	I-2206	AB-02-01-010	negro	El Sapo	Apure
	I-2251	MGM-08-02-044	tocoquita, negra	Municipio S ^{ta} María de Cariaco	Sucre
	I-2856	DON-03-10-005	negra	Monte Carmelo	Lara
	I-2494	DON-12-06-010	sesentera, negra	Sector El Palenque, Municipio Iribarren	Lara
	I-2034	JA-01-00-009	negra de matices	Las Tortugas, Piritu	Portuguesa

de extracción (0,1 M Tris HCl pH 8,0), manteniendo una relación 1:5 p/v. Para la corrida electroforética, las proteínas se colocaron en buffer de desnaturalización DB2x, en proporción 1:1 (40 mM Tris HCl pH 6,8; 20% glicerol; 2% sodio dodecil sulfato (SDS); 0,6% β -mercaptoetanol), junto con 0,1% colorante azul de bromofenol.

Los geles de poliacrilamida se prepararon a concentraciones discontinuas 5 y 15%. Para la corrida electroforética, los geles fueron sometidos a un amperaje constante de 10 mA/gel hasta obtener un frente de corrida continuo y luego de 20 mA/gel en buffer (25 mM Tris HCl; 192 mM Glicina y 0,1% SDS a pH 8,3). Las bandas se observaron mediante la tinción con azul de Coomassie y fueron comparadas con patrones de

faseolina. Como testigos referenciales, se utilizaron dos variedades colombianas, una del acervo mesoamericano (ICA Pijao) y otra del acervo andino (G-18446). También se incluyeron los patrones con faseolinas tipo B, CH, Sb, Sd y M y un patrón de *P. lunatus*. Junto con el patrón de faseolina, se registró el tamaño de semilla, considerándose el peso de 100 semillas: pequeño hasta 25 g, mediano de 25 a 40 g y grande, mayor de 40 g (Singh *et al.* 1991).

RESULTADOS Y DISCUSIÓN

Caracterización morfológica

Durante los periodos de floración y cosecha, el 100% de las accesiones silvestres presentaron hábito

de crecimiento indeterminado, tallo de color verde con pigmentación, perfil y ápice de la vaina arqueado, posición del diente de la vaina marginal, y semillas moteadas y brillantes. Asimismo, flores de coloración rosada a violeta, predominio de vainas inmaduras de color verde (75%) y color de semillas marrones oscuras (80%) y grises (20%). Por otra parte, los cultivares semi-domesticados mostraron mayor diversidad en sus rasgos morfológicos, con flores de diferentes tonalidades, encontrándose accesiones con flores de color violeta, rosado y blanco. En relación al hábito de crecimiento hubo accesiones con hábito determinado (5%) e indeterminado: arbustivo (42%), postrado (40%) y trepador (48%). En cuanto al color, presentaron el grano negro (45%), tonalidades marrones (50%) y rojizas (5%), en su mayoría con intensidad de brillo opaco (90%). Las vainas, a su vez, mostraron diversidad de colores y formas. Estos resultados evidencian mayor diversidad de características morfológicas cualitativas en las variedades semidomesticadas que parece reflejar los niveles de diversidad seleccionados por el hombre durante el proceso inicial de domesticación y es un aspecto importante a considerar en programas de premejoramiento del cultivo.

El análisis de los caracteres cuantitativos evaluados generó un dendrograma construido a partir de las distancias euclidianas con dos niveles de truncadura, separados a una distancia (d) de 0,25 (Figura 1), muy alejados genéticamente entre sí. El primer nivel de truncadura, identificado con la letra A (a un valor de 0,23), agrupa a la mayoría de las variedades semidomesticadas. El grupo B ($d=0,12$) permite la formación de dos subgrupos. El subgrupo B1 agrupa las cuatro variedades semidomesticadas restantes, a saber: I-2493, I-2684, I-2195 e I-2201, mientras que el subgrupo B2 ($d=0,7$) sólo contiene las formas silvestres. Estos resultados denotan una alta diversidad entre grupos de accesiones y baja diversidad dentro de cada grupo. Sin embargo, la formación de un subgrupo con ambos tipos, refleja la cercanía genética entre las cuatro accesiones semidomesticadas mencionadas, con las accesiones silvestres.

En la Figura 2 se muestra un análisis multivariado de componentes principales, en cuya gráfica de dispersión se pueden identificar y destacar los grupos de accesiones obtenidos previamente en el análisis de conglomerados. Esto permite identificar los caracteres cuantitativos que más influyeron en el agrupamiento y las características que distinguen a cada grupo. Los primeros tres componentes principales explicaron el 75,73% de la variación total, al cual el CP1 contribuyó en un 41,68%, el CP2 en un 18,87 % y el CP3 con 15,18%. Estudios similares realizados en el CIAT (1979) con mil accesiones de *Phaseolus vulgaris* L.,

en las condiciones de Palmira, Colombia, también demostraron que sólo tres componentes principales fueron necesarios para expresar el 83% de la variabilidad total. Asimismo, el análisis por componentes principales de 14 variables cuantitativas realizadas en 22 colectas de caraota arbustiva, procedentes del banco de germoplasma de Corpoica en Mosquera, Colombia, mostró cómo los tres primeros componentes explicaron el 88,49% de la variación (Cerón *et al.*, 2001). Esto nos indica que en los tres primeros componentes existen descriptores que discriminan bien la población de accesiones silvestres y semidomesticadas de este estudio.

En el Cuadro 2 se observan los vectores característicos de los tres primeros componentes con los coeficientes de cada variable, los que a su vez, representan mayor importancia dentro de cada vector. La distribución de los coeficientes del primer vector propio indica que la longitud y ancho de la vaina (con coeficientes de 0,8469 y 0,9074, respectivamente) fueron las variables que más contribuyeron de forma positiva a dicho componente. Por otra parte, los días a la cosecha fue la variable que más contribuyó en sentido contrario (con un valor de -0,8726). Esto demuestra que el CP1 permitió distinguir las accesiones por caracteres asociados al momento de la cosecha. De acuerdo con los coeficientes del segundo vector propio las variables que más contribuyeron de forma positiva a dicho componente fueron el ancho de la hoja y número de semillas y en sentido contrario, el ancho de la semilla (0,7014; 0,5281 y -0,6457, respectivamente). Con el CP2 fue posible distinguir las accesiones de caraota que forman los granos más pequeños. Por otra parte, en el CP3 se destacó la relación LS/AS, como indicativo de la forma de la semilla (J), con un coeficiente de 0,8783. Por tanto, con las accesiones de caraota utilizadas en este estudio, las variables cuantitativas relacionadas con estructuras reproductivas son más importantes y discriminatorias que las estructuras vegetativas.

Resultados similares fueron obtenidos por Cerón *et al.* (2001) con caraota arbustiva, donde los caracteres días a floración, días a cosecha, peso de 100 semillas, número de semillas por vaina, ancho y longitud de la vaina, altura de cobertura, número de nudos y longitud de epicótilo e hipocótilo fueron los que más aportaron a la variación total. De estos caracteres, los dos primeros componentes (con un 79,5%) correspondieron a características asociadas con el rendimiento, mientras que el tercer componente, correspondiente al estado de plántula, solo representó el 8,94% de dicha variación. Igualmente, en el CIAT (1979) se encontró que la mayoría de los componentes principales que aportaron en gran parte a la variación total estaban estrechamente relacionados con el rendimiento y sus componentes.

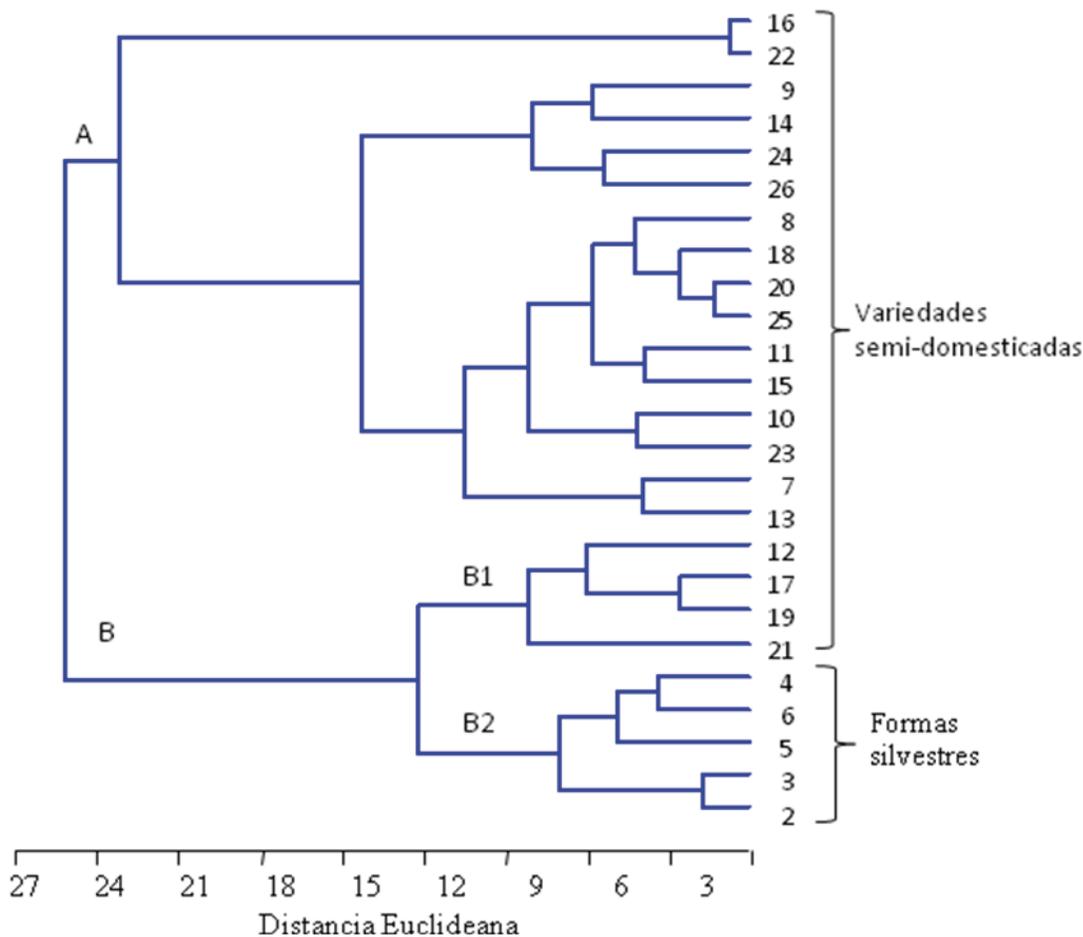


Figura 1. Dendrograma del análisis de agrupamiento UPGMA, basadas en distancia Euclídeana, para caracteres morfológicos de accesiones de caraotas (*Phaseolus vulgaris* L.)

De acuerdo con estos resultados, con base en las características morfológicas cuantitativas, se observó poca variabilidad en las formas silvestres. Esto pudiera deberse a que el número de muestras utilizado fue pequeño, ya que solo cinco accesiones silvestres están presentes en la colección del INIA-Ceniap, lo que denota la necesidad de incrementar y preservar germoplasma silvestre de caraota. Por otra parte, la mayor variabilidad encontrada en los caracteres morfológicos de las formas semidomesticadas parece reflejar los niveles de diversidad seleccionados por el hombre durante el proceso inicial de domesticación (Chacón, 2009). Asimismo, la variabilidad en este grupo de accesiones podría servir de materia prima para ofrecer a los fitomejoradores una amplia variabilidad genética en programas de premejoramiento del cultivo (Gepts y Papa, 2003).

Tipo de faseolina

Los patrones referenciales de faseolina utilizados en este estudio se muestran en la Figura 3. Se encontra-

ron solo dos patrones de faseolina en las accesiones evaluadas, predominando la faseolina tipo S en un 93,26% y faseolina T en 6,94%. Resultados similares fueron obtenidos por Pérez (2008), quien caracterizó variedades locales de caraota cultivadas en las principales zonas de producción de Venezuela. De las 96 accesiones evaluadas, predominó el tipo de faseolina S (69,78%). Esto también concuerda con lo mencionado por Beebe *et al.* (2000) y Singh *et al.* (1991b), quienes afirmaron que la amplia variabilidad genética del cultivo parece ser más acentuada en el acervo mesoamericano. Pérez (2008) comentó que la presencia de los tipos de faseolinas S y T, indiscutiblemente relacionan a Venezuela como centro secundario de dispersión y domesticación de la caraota común. También señaló que la faseolina tipo S representa la abundancia de accesiones relacionadas con el centro de origen Mesoamericano y la faseolina T con el centro de origen Andino.

El Cuadro 3 compara los grupos de accesiones, de acuerdo con los tipos de faseolina identificados y el

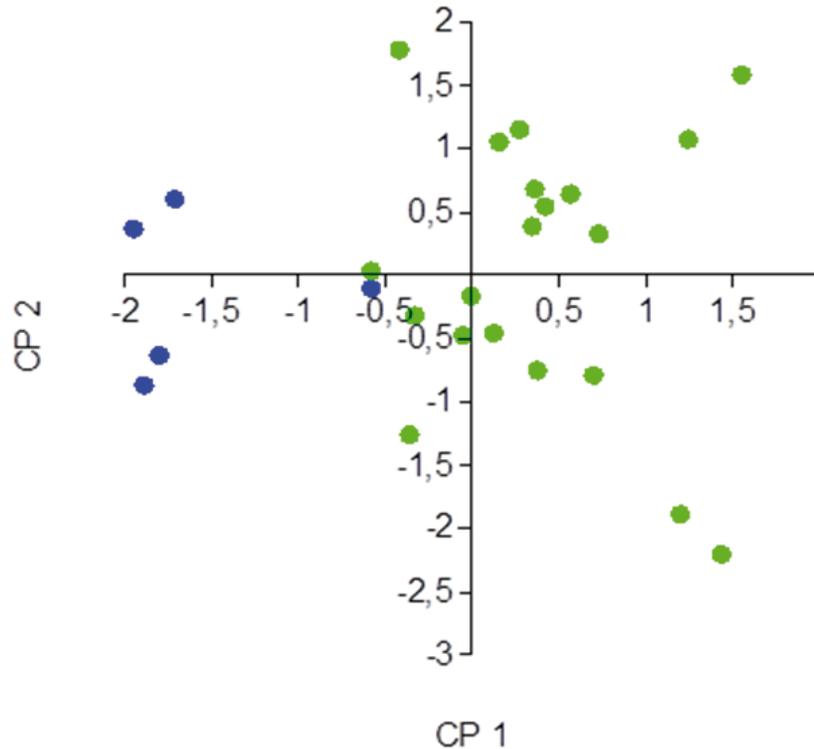


Figura 2. Dispersión de las accesiones de caraota (*Phaseolus vulgaris* L.) en los dos primeros componentes principales primarios (CP1) y secundarios (CP2) las accesiones silvestres, se representan con círculos vacíos, las variedades semi-domesticadas con círculos rellenos.

tamaño de semilla. Fue notable que las accesiones silvestres, todas colectadas en la región andina, presentaron semillas pequeñas y faseolina S, relacionada con el origen Mesoamericano, y no faseolina T, como se esperaba para esa zona. En estudios realizados con caraotas del Caribe, se observaron accesiones que compartían la mayoría de características fenotípicas y genotípicas de un acervo, pero la faseolina típica del otro, encontrándose

que todas las semillas pequeñas tuvieron faseolina S, a pesar de características morfológicas propias del acervo Andino (Blair *et al.*, 2007; Durán *et al.*, 2005). Esto parece evidenciar una introgresión entre los acervos Mesoamericanos y Andinos. Según los autores se demuestra la existencia de flujo de genes entre estos acervos genéticos principales de *P. vulgaris*, aunque de forma limitada. Estas inferencias también han sido apli-

Cuadro 2. Vectores propios de los primeros tres componentes principales en la caracterización de accesiones de caraota.

Características	Componentes Principales		
	1	2	3
Días a floración	-0,5492	0,3025	-0,371
Longitud de hoja	0,6619	0,3872	-0,3627
Ancho de hoja	0,4037	0,7014	-0,3341
Longitud de semilla (LS)	0,6442	-0,4435	0,4075
Ancho de semilla (AS)	0,6125	-0,6457	-0,3665
J (LS/AS)	-0,06024	0,2971	0,8783
Días a cosecha	-0,8726	-0,05783	-0,0431
Longitud de vaina	0,8469	0,3307	0,1466
Ancho de vaina	0,9074	-0,2448	-0,06241
Número de semilla	0,4117	0,5281	0,1967

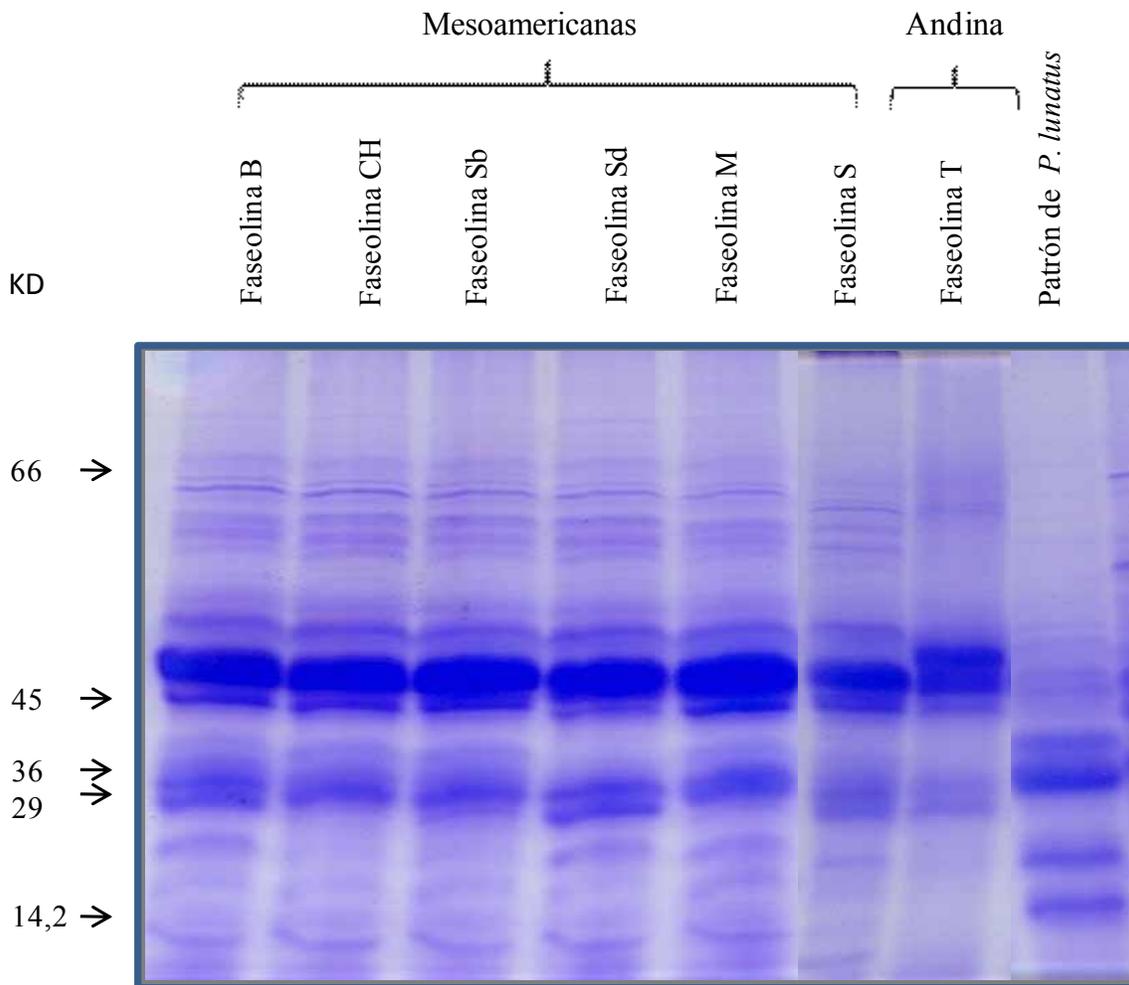


Figura 3. Gel de SDS-PAGE con patrones de faseolina referenciales

Cuadro 3. Diversidad de faseolinas y tamaño de semillas por grupo de accesión

Especie	Accesión	Tipo de faseolina	Tamaño de la semilla
<i>P. vulgaris</i>	Silvestres	100% S	100% pequeña
	Semidomesticadas	80% S	80% pequeña
		20% T	10% mediana 10% grande
	Variedades locales	96% S	88% pequeña
		4% T	12% mediana
	Líneas avanzadas en Venezuela	100% S	100% pequeña
	Líneas avanzadas en CIAT	95% S	91% pequeña
5% T		9% mediana	
Comerciales	100% S	100% pequeña	
<i>P. lunatus</i>	Tapiramo	100% patrón de <i>P. lunatus</i>	50% mediana 50% grande

cadadas en poblaciones silvestres de Costa Rica, donde la caracterización molecular de todas las accesiones indicó su pertenencia al acervo genético mesoamericano. Sin embargo, varios marcadores indicaron una variabilidad aumentada en las formas silvestres que permitieron inferir la presencia de un fenómeno de flujo genético e introgresión desde materiales cultivados (González *et al.*, 2004). Según los autores, las formas silvestres se habían cruzado una vez con los materiales cultivados, pero debido a autofecundaciones sucesivas, habían retornado al fenotipo silvestre.

En relación a la zona del Caribe, Gepts (1988) sugirió que era un puente geográfico natural entre los dos centros de origen reconocidos que representan las razas de *P. vulgaris*. Por lo tanto, sería lógico, no sólo encontrar tipos de ambos centros, sino también seguir algún tipo de gradiente en toda la región. Asimismo, en Colombia, por encontrarse también a media distancia de los dos centros de domesticación principales, se observó un gradiente geográfico en la frecuencia de varios tipos de faseolina; en la región noreste predominan los tipos mesoamericanos, mientras que en la suroeste, se encuentran con mayor abundancia los tipos andinos (CIAT, 1989). Es notable que en la región noreste de Colombia, cercana geográficamente a la zona andina venezolana (donde se colectaron los materiales silvestres de este estudio), también predomina la faseolina S.

Las variedades semidomesticadas fueron el único grupo que presentó diversidad para todos los tamaños de semillas. Predominó el tamaño pequeño de semilla y la faseolina S, ambos con un valor de 80%. Esto se puede explicar por la cercanía y mayor adaptación de las caraotas Mesoamericanas a las tierras bajas y cálidas de la región (Voyses, 2000); aspectos que predominan en la mayoría de los estados donde se cultiva caraota en Venezuela. Por otra parte, aunque en menor proporción (20%), la faseolina T se presentó en cuatro accesiones de este grupo (I-2606, I-2740, I-2256 e I-2856). Con excepción de I-2256 (colectada en Sucre y de semilla pequeña), estas accesiones tenían tamaño de semilla de mediana a grande, asociándolas con el acervo Andino. Estos materiales fueron colectados en Pregonero (Táchira), Timotes (Mérida) y Monte Carmelo (Lara), respectivamente. Es de hacer notar que en estas regiones de colecta predomina el clima fresco de montaña, con zonas de cultivo de mayor altitud, y de acuerdo con Voyses (2000), es donde se adapta mejor el acervo Andino. En general, las variantes en el patrón de faseolina han sido reportadas tanto en los Andes, como en Mesoamérica (Debouck *et al.*, 1993). Esto podría deberse al cruce entre formas silvestres y cultivadas (CIAT, 1989; Papa y Gepts, 2003); asimismo, a los procesos de domesticación, migración, dispersión e

intercambio entre los productores. Tomando en cuenta que la base genética de los cultivares comerciales de caraota en Venezuela es bastante limitada (Gutiérrez *et al.*, 2006) y que la mejora genética de los cultivos puede acelerarse cuando hay disponibilidad de una población de amplia diversidad, deberían considerarse las accesiones semidomesticadas con faseolina T, como fuente potencial de alelos novel. Su incorporación en el diseño de poblaciones básicas serviría para aumentar la diversidad genética, que podría ser aprovechada en programas de premejoramiento de la caraota.

Al examinar el tipo de faseolina de las variedades locales (grupo de accesiones cultivadas por los agricultores en las distintas zonas del país), es notable el predominio de la faseolina S y la semilla pequeña (con una representación del 96 y 88%, respectivamente). Una sola accesión de este grupo presentó faseolina T (I-2239). En un trabajo sobre 85 variedades locales de caraota en Venezuela, predominó el tipo de faseolina S en un 72% (Pérez, 2008). Según el autor, el predominio de la faseolina S se podía explicar por la mayor adaptación, ya mencionada, de las caraotas Mesoamericanas a las tierras bajas y cálidas del país, por tanto, determinante para la domesticación y dispersión por los agricultores. Por otra parte, el predominio de semilla pequeña, pudiera atribuirse a los patrones de consumo de la familia venezolana, donde la preferencia mayoritaria es por las caraotas de grano negro, opacas y pequeñas características morfológicas que también son propias del acervo Mesoamericano (Voyses, 2000). La presencia de faseolina T, en una de las accesiones de las variedades locales, es de gran importancia para ser incorporado en programas de premejora con fines de ampliar la base genética del cultivo.

En las líneas avanzadas introducidas del CIAT, solo la identificada como G-5427 presentó faseolina T. En relación a las líneas avanzadas desarrolladas recientemente en Venezuela (tanto por la UCV como por el INIA), todas presentaron faseolina S y tamaño de semilla pequeña. Esto refleja la estrechez de la base genética, tanto de líneas introducidas, como las líneas que se están desarrollando en nuestro país. Por tanto, las variedades comerciales que potencialmente se desarrollen a partir de estas, también reflejaran esa baja variabilidad. Adicionalmente, las seis variedades comerciales incluidas en este estudio, también presentaron el mismo tipo faseolina y tamaño de semilla. En este caso, la poca variabilidad genética presente se debe a que, en su mayoría, se derivan de introducciones del CIAT (Voyses, 2000). Los patrones de faseolinas encontrados para las accesiones I-31 e I-101 corresponden a la especie *P. lunatus*, con semilla mediana y grande, respectivamente.

En general, se pudo observar un predominio de semillas pequeñas para todos los grupos de accesiones de *P. vulgaris*, presentándose diversidad en tamaño de semilla, sólo en las variedades semidomesticadas. Al comparar los grupos de accesiones, de acuerdo con los tipos de faseolina identificados y el tamaño de semilla, se puede destacar que para *P. vulgaris* el tamaño de semilla pequeña estuvo asociado con el acervo Mesoamericano. Asimismo, todas las semillas grandes, presentes en las variedades semidomesticadas, estuvieron asociadas con el acervo Andino. Esto coincide con Singh *et al.* (1991a), quienes mencionaron que los alelos de faseolina están correlacionados con el tamaño de la semilla, caracterizando el acervo Mesoamericano con semillas pequeñas a medianas, mientras que en los Andinos se encuentran semillas medianas a grandes. De aquí se desprende que el tamaño de semilla es un carácter morfológico eficiente para separar los grupos de accesiones de acuerdo a los centros de domesticación de la caraota en Venezuela.

Esencialmente, estos resultados reflejan la necesidad de utilizar nuevas fuentes de variabilidad para ampliar la base genética de la caraota en el país. Se ha reportado que los parientes silvestres han sido durante mucho tiempo conocidos como fuente de resistencia a enfermedades, adaptación al estrés y fuentes de variabilidad (Cardona *et al.*, 1990; Lynch *et al.*, 1992; Bayuelo *et al.*, 2002). En general, por pertenecer al acervo genético primario, las progenies derivadas del cruce entre caraotas domesticadas y silvestres no presentarían problemas relacionados con la viabilidad y la fertilidad, lo que teóricamente debería permitir la transferencia de caracteres ventajosos de las formas silvestres a las domesticadas (Acosta *et al.*, 2007; Singh, 2001). Sin embargo, de acuerdo con los resultados obtenidos en este estudio, la utilización de las variedades semidomesticadas sería una fuente de alelos útiles para ampliar la base genética de la caraota en programas de premejoramiento, debido principalmente a que presentan alelos de los dos acervos genéticos del cultivo. La recombinación entre caracteres Andinos y Mesoamericanos podrían proporcionar una fuente única de combinaciones de genes (Voyses, 2000), por lo que se recomienda su incorporación en programas de premejora.

De igual forma, las variedades semidomesticadas han pasado por un proceso inicial de selección por parte de los agricultores, por lo que se les han eliminado características no deseables como latencia y brillo en la semilla, que estarían presentes en las silvestres. Además, ya que Venezuela no es centro de origen de la caraota, en las semidomesticadas es posible encontrar mayor y diferente variabilidad que las formas silvestres. Por tanto, la introducción de genes ubicados en las variedades semidomesticadas mediante cruzamientos

dirigidos, definitivamente sería de gran valor para ampliar la base genética de la caraota en programas de premejoramiento genético.

CONCLUSIONES

La evaluación de los caracteres morfo-agronómicos cualitativos y cuantitativos en los cultivares semidomesticados de caraota evidenció mayor diversidad que las formas silvestres, indicando que las estructuras reproductivas son más importantes y discriminatorias que las estructuras vegetativas.

El predominio de faseolina S posiblemente se deba a la mayor adaptación de las caraotas Mesoamericanas a las tierras bajas y cálidas de la mayoría de las regiones donde se cultiva en Venezuela. También refleja la limitada base genética, no sólo en las variedades locales y líneas introducidas, sino también en las líneas que se están desarrollando en nuestro país y las variedades comerciales, lo que manifiesta la necesidad de nuevas fuentes de variabilidad para ampliar la base genética del cultivo.

El tamaño de semilla pequeña estuvo asociado con el acervo Mesoamericano y todas las semillas grandes estuvieron asociadas con el acervo Andino, demostrando que el tamaño de semilla es un carácter morfológico eficiente para separar los grupos de accesiones de acuerdo a los centros de domesticación de la caraota en Venezuela.

Se recomienda el uso de variedades semidomesticadas mediante cruzamientos dirigidos para ampliar la base genética de la caraota en programas de premejoramiento genético del cultivo, debido a la ausencia de características no deseadas presentes en las formas silvestres, su mayor variabilidad morfológica y la presencia de alelos de los dos acervos genéticos (Andinos y Mesoamericanos).

REFERENCIAS BIBLIOGRÁFICAS

- Acosta, J.; J. Kelly; P. Gepts. 2007. Prebreeding in common bean and use of genetic diversity from wild germplasm. *Crop Sci.* 47: 44–59
- Beebe, S.; P. Skroch; J. Tohme; M. Duque; F. Pedraza; J. Nienhuis. 2000. Structure of genetic diversity among common bean landraces of Mesoamerican origin based on correspondence analysis of RAPD. *Crop Sci.* 40: 264–273.
- Bayuelo, J.; D. Debouck; J. Lynch. 2002. Salinity tolerance in *Phaseolus* species during early vegetative growth. *Crop Sci.* 42: 2184–2192.

- Blair, M.; J. Días; M. Duque; R. Hidalgo. 2007. Evidencia molecular de diferenciación genética e introgresión entre razas del frijol común del acervo andino. *Acta Agronómica (Palmira)*. 56: 165-170
- Cardona, C.; J. Kornegay; C. Posso; F. Morales; H. Ramirez. 1990. Comparative value of four arcelin variants in the development of dry bean lines resistant to the Mexican bean weevil. *Entomol. Exp. Appl.* 56: 197-206.
- Cerón, M.; G. Ligarreto; J. Moreno; O. Martínez. 2001. Selección de variables cuantitativas y clasificación de 22 accesiones de frijol arbustivo (*Phaseolus vulgaris* L.). *Revista Corpoica*. 3:31-38
- Chacón, M. 2009. Darwin y la domesticación de plantas en las Américas: el caso del maíz y el frijol. *Acta Bio. Col.* 14: 351-364.
- CIAT. 1979. Annual Report. CIAT, Cali, Colombia.
- CIAT. 1989. Progreso en la investigación y producción del frijol común (*Phaseolus vulgaris* L.). CIAT, Cali, Colombia. 462 p.
- Debouck D.; O. Toro; O. Paredes; W. Jonson; P. Gepts. 1993. Genetic diversity and ecological distribution of *Phaseolus vulgaris* (Fabaceae) in Northwestern South America. *Econ. Bot.* 47:408-423.
- Durán, L.; M. Blair, M. Giraldo; R. Macchiavelli; E. Prophete; J. Nin; J. Beaver. 2005. Morphological and molecular characterization of common bean landraces and cultivars from the caribbean. *Crop Sci.* 45:1320-1328.
- Gepts, P. 1988. Phaseolin as an evolutionary marker. In: Gepts, P. (Ed.). Genetic resources of Phaseolus beans. Kluwer. Dordrecht, the Netherlands. pp.215-240.
- Gepts P.; R. Papa. 2003. Possible effects of (trans) gene flow from crops on the genetic diversity from landraces and wild relatives. *Environ. Biosafety Res.* 2:89-103.
- González, R.; R. Villalobos; E. Gaitán-Solís; D. Debouck. 2004. Wild common bean in the central valley of Costa Rica: Ecological distribution and molecular characterization. *Agron. Mesoam.* 15: 145-153.
- Gutiérrez, M. 2008. 2do Informe Nacional sobre el Estado de los Recursos Fitogenéticos para la Agricultura y la Alimentación, Venezuela. MPPAT-INIA, FAO. 171 p.
- Gutiérrez M.; S. Pérez; A. Marques; V. Segovia; C. Marín. 2006. Prospección y recolección de materiales nativos del género *Phaseolus* en la zona nororiental y andina de Venezuela. *Plant Genetic Resources Newsletter* 140:32-41.
- Hammer, O; D. Harper; P. Ryan. 2001. PAST: Paleontological statistics software package for education and data analysis. *Palaeontol. Electron.*4:1-9.
- IPGRI. 2001. Descriptores para *Phaseolus vulgaris*. International Board of Plant Genetic Resources Institute, Roma, Italia. 45 p.
- Laemmli, U. 1970. Cleavage of structural proteins during the assembly of the head of Bacteriophage T4. *Nature* 227: 680-685.
- Lynch, J.; A. González; J. Tohme; J. García. 1992. Variation in characters related to leaf photosynthesis in wild bean populations. *Crop Sci.* 32: 633-640.
- Ma, Y.; F. Bliss. 1978. Seed Proteins of Common Bean. *Crop Sci.*18: 431-437
- Papa R.; P. Gepts. 2003. Asymmetry of gene flow and differential geographical structure of molecular diversity in wild and domesticated common bean (*Phaseolus vulgaris* L.) from Mesoamerica. *Theor. Appl. Genet.* 106: 239-250.
- Pérez, M. 2008. Caracterización del acervo genético de caraota común (*Phaseolus vulgaris* L.) a través de marcadores bioquímicos y moleculares. Trabajo de Maestría. Postgrado en Agronomía. Universidad Central de Venezuela. Maracay, Venezuela. 79p.
- Singh, S. 2001. Review and interpretation. Broadening the genetic base of common bean cultivars: A review. *Crop Sci.* 41: 1659-1675.
- Singh, S.; P. Gepts; D. Debouck. 1991a. Races of common bean. *Econ. Bot.* 45:379-396
- Singh, S.; J. Gutiérrez; A. Molina; C. Urrea; P. Gepts. 1991b. Genetic diversity in cultivated common bean: II. Marker based analysis of morphological and agronomic traits. *Crop Sci.* 31:23-29.
- Tohme, J.; D. González; S. Beebe; M. Duque. 1996. AFLP analysis of gene pools of a wild bean core collection. *Crop Sci.* 36: 1375-1384
- Voysest, O. 2000. Mejoramiento genético del frijol (*Phaseolus vulgaris* L.): Legado de variedades de América Latina 1930-1999. Centro Internacional de Agricultura Tropical. Cali, Colombia. 195 p.