# Presencia de complejos "Silvestre-Maleza-Cultivo" de *Phaseolus vulgaris* L. en Costa Rica y Bolivia utilizando marcadores moleculares de ADN nuclear y cloroplástico

**González-Torres, R.I., Toro, O., Carvajal, M. & D.G. Debouck**

Genetic Resources Unit, Centro Internacional de Agricultura Tropical, AA 6713, Cali, Colombia. r.gonzalez@cgiar.org

## Introducción

Aunque considerado usualmente como planta autógama, el fríjol común puede cruzarse naturalmente con otras variedades del mismo y/o con su pariente silvestre, permitiendo la formación de complejos "Silvestre-Maleza-Cultivo". Estos complejos han sido observados fenotípicamente en Oaxaca (México), El Progreso (Guatemala), San José (Costa Rica), Boyacá (Colombia), Azuay (Ecuador), Apurimac (Perú) y Tarija (Bolivia), como se observa en la Figura 1. Mediante el uso de herramientas moleculares en individuos posibles resultantes de eventos de flujo de genes se determinó lo ocurrencia de este fenómeno en condiciones naturales (González-Torres et al. 2003, 2004). En este trabajo aportamos evidencia adicional de este evento natural en poblaciones de Bolivia y Costa Rica.

## Materiales y Metódos

Estudiando poblaciones naturales de dos municipios (Quircot en Costa Rica, y Tomatitas en Bolivia) se seleccionaron 554 supuestos híbridos que poseen un fenotipo de tegumentos de semilla y un peso de 100 semillas en gramos entre formas silvestres y cultivadas.

La evaluación incluyó la caracterización detallada de poblaciones de formas silvestres y cultivadas provenientes de las zonas de estudio. En estos se determinó la participación del genoma nuclear mediante faseolina y microsatélites. Adicionalmente, la determinación de la dirección del flujo de genes fue evidenciada utilizando RFLPs-PCR, secuenciación y SNPs en intrones de ADN de cloroplasto.

## Resultados y Discusión

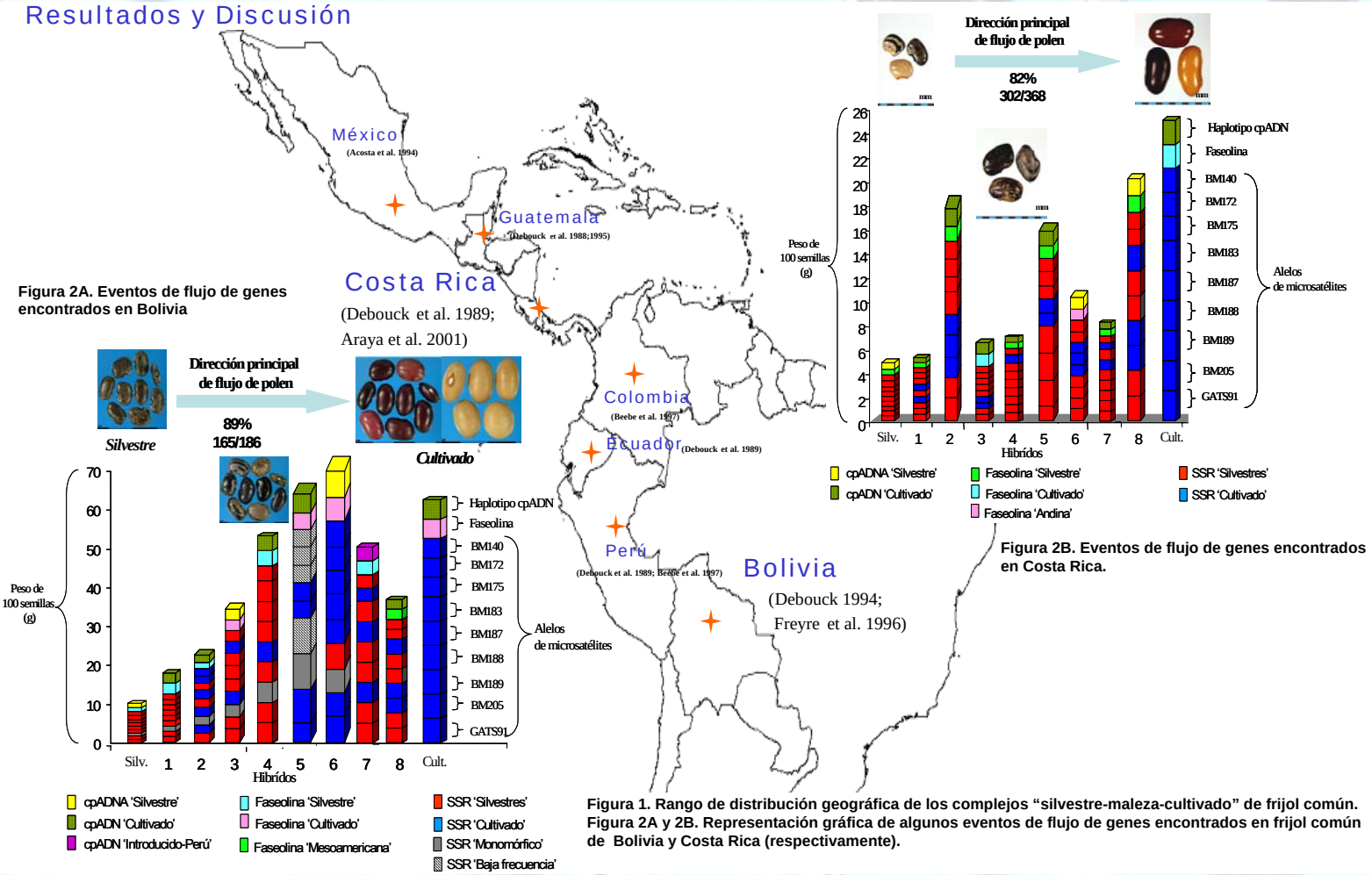


**Figura 2A. Eventos de flujo de genes encontrados en Bolivia**

**Figura 2B. Eventos de flujo de genes encontrados en Costa Rica.**

**Figura 1. Rango de distribución geográfica de los complejos "silvestre-maleza-cultivado" de frijol común. Figura 2A y 2B. Representación gráfica de algunos eventos de flujo de genes encontrados en frijol común de Bolivia y Costa Rica (respectivamente).**

Los resultados obtenidos para Costa Rica y Bolivia permitieron evidenciar esquemas complejos de cruzamientos entre formas biológicas dentro del mismo acervo genético como los individuos 2 y 3 (Figura 2A y 2B) estos individuos son el resultado de repetidos eventos de flujo de genes entre polen de formas silvestres hacia formas cultivadas principalmente, aunque el individuo 3 (Figura 2A) es el resultado del flujo de polen de formas cultivadas hacia materiales silvestres.

También se observó flujo de genes entre acervo andino y mesoamericano (con anomalías genéticas como fenómeno *cripple*, partenocarpia y patrones de faseolina pertenecientes al acervo genético diferente al del origen del material) como se observa en el individuo 6 (Figura 2B) y 8 (Figura 2A).

Adicionalmente, en los casos evaluados de Bolivia se determinó flujo de genes entre formas cultivadas como es el caso del individuo 5 (Figura 2A) que presentó algunos SSR en muy baja frecuencia enla población de 'cultivados'.

También se encontró cruce entre materiales locales y material (hibrido con formas silvestres) introducido desde Perú con una frecuencia de 14 en 186 materiales (individuo 7, Figura 2A). En la figura 2B, en el individuo 4, se observa que los *loci* de SSR evaludos son 'silvestres', sin embargo posee haplotipo de cloroplasto 'cultivado'. El caso contrario puede analizarse en el individuo 8 que tiene un tamaño de semilla alto, tres SSR tipo 'cultivado' y las caracteristicas evaluadas restantes son 'silvestres', incluyendo su haplotipo de cloroplasto; esto sugiere que estos individuos puede encontrarse en proceso de captura de cloroplasto.

La dirección del flujo de genes, principalmente, encontrada en los dos paises evaluados fue desde polén de formas silvestres hacia formas cultivadas. La dirección contraria también fue determinada con baja frecuencia; sin embargo es significativa.

Estos resultados tienen implicación en programas de conservación *in situ*, en campo de agricultores, y en la introducción y manejo de cultivos transgénicos.

## Agradecimientos

Esta investigación fue realizada gracias al apoyo de la BMZ de Alemania. Los autores agradecen especialmente a la CONAGEBIO de Costa Rica, al Centro Fitogenético Pairumani de Bolivia, a Antonio Hernández y al Dr. Joe Tohme del CIAT.

## Referencias

Acosta Gallegos, J. A., P. Gepts & D. G. Debouck. 1994. BIC 37: 137-138.
Araya Villalobos, R., W. G. González Ugalde, F. Camacho Chacón, P. Sanchez Trejos & D. G. Debouck. 2001. Genet. Resources & Crop Evol. 48: 221-232.
Beebe, S., O. Toro Ch., A. V. González, M. I. Chácon & D. G. Debouck. 1997. Genet. Resources and Crop Evolution. 44(1): 73-91.
Debouck, D. G., M. Gamarra Flores, V. Ortiz Arriola & J. Tohme. 1989. BIC 32: 64-65.
Debouck, D.G. & J.J. Soto. 1988. Tikalia. 6 (1): 17-34.
Debouck, D.G. 1994. Grain Legumes (Paris) 5: 20.
Toro, O. & D.G. Debouck. 1995. BIC. 38: 95-96.
Freyre, R., R. Ríos, L. Guzmán, D. G. Debouck & P. Gepts. 1996. Econ. Bot. 50(2): 195-215.
González-Torres RI, E Gaitán, MC Duque, O Toro, C Ocampo,J Tohme & DG Debouck. 2003. BIC.46:1-2.
González-Torres,RI,E Gaitán, R Araya, O Toro, J Tohme & DG Debouck. 2004. BIC 47:167-168.

SIRGEALC
SIMPOSIO DE RECURSOS GENETICOS PARA AMERICA LATINA Y EL CARIBE
23 al 25 de Noviembre 2005 - Radisson Victoria Plaza Hotel
Montevideo - Uruguay