

## 15. Mejoramiento y diversidad genética en haba



DOI: <https://doi.org/10.52501/cc.299.15>

DELFINA DE JESÚS PÉREZ LÓPEZ\*§

ANDRÉS GONZÁLEZ HUERTA\*\*

JOSÉ FRANCISCO RAMÍREZ DÁVILA\*\*\*

MARTÍN RUBÍ ARRIAGA\*\*\*\*

Laura Stephanie Flores Carrera\*\*\*\*\*

Maria Teresa Oliveros González\*\*\*\*\*

### Resumen

En *Vicia faba* L. es importante generar variabilidad genética a través de la hibridación, mutagénesis y marcadores moleculares para seleccionar los mejores genotipos mediante, la estimación de parámetros genéticos como es la respuesta a la selección, la aptitud combinatoria general, aptitud combinatoria específica, la heredabilidad y la heterosis que permiten establecer el tipo de acción génica que está presente en el carácter evaluado. En la región de centro del Valle de México donde se cultiva esta especie, el productor ha seleccionado su propia semilla de generación en generación y es la que sigue usando en la actualidad. En este documento se describe las técnicas de mejoramiento genético más usadas y el grado de diversidad

---

§ Autor para correspondencia: [djperezl@uaemex.mx](mailto:djperezl@uaemex.mx)

\* Doctora en Ciencias Agropecuarias y Recursos Naturales. Profesora de tiempo completo de la Universidad Autónoma del Estado de México. ORCID: <https://orcid.org/0000-0003-1621-5690>

\*\* Doctor en Ciencias Agropecuarias y Recursos Naturales por la Universidad Autónoma del Estado de México. ORCID: <https://orcid.org/0000-0001-6055-7597>

\*\*\* Doctor en Fisiología y Biología Animal por la Universidad Autónoma del Estado de México. ORCID: <https://orcid.org/0000-0002-8625-4655>

\*\*\*\* Doctor en Ciencias Agropecuarias y Recursos Naturales por la Universidad Autónoma del Estado de México. ORCID: <https://orcid.org/0000-0001-7547-5017>

\*\*\*\*\* Doctora en Ciencias Agropecuarias y Recursos Naturales por la Universidad Autónoma del Estado de México. ORCID: <https://orcid.org/0000-0002-8518-9636>

\*\*\*\*\* Maestra en Ciencias en Biotecnología Agrícola por la Universidad Autónoma Chapingo, Texcoco. ORCID: <https://orcid.org/0009-0006-7991-3292>

genética disponible en los bancos de germoplasma para ser usado en fitomejoramiento.

**Palabras clave:** *Vicia faba L.*, *diversidad genética*, *banco de germoplasma*, *hibridación*.

## Introducción

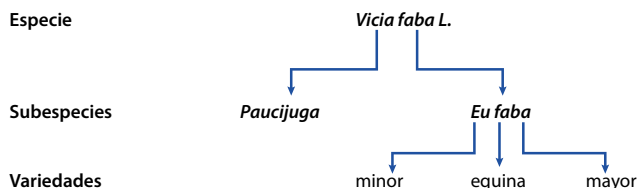
*Vicia faba L.* ( $2n = 14$ ) constituye una fuente importante de proteína (24-37%) en la dieta de población de escasos recursos (Warsame et al., 2020; Pérez et al., 2014; Vioque et al., 2012). Sin embargo existe poca información sobre las diversas colectas existentes en la región centro de México, por lo que es fundamental contar con un germoplasma disponible y tener caracterizado las colectas existentes para realizar mejoramiento genético. A nivel mundial existen bancos importantes que conservan el germoplasma existente, muchos de ellos cuentan con información de las características morfológicas y agronómicas para identificar fuentes de variación genética pero estas colectas no están adaptado para México. El mejoramiento genético en haba depende de la naturaleza y magnitud de la variabilidad genética disponible (Arab et al., 2018; Tadele et al., 2021) y de las interacciones involucradas en la herencia de caracteres, como la hibridación, la aptitud combinatoria general y la aptitud combinatoria específica, la heredabilidad (Abo-Hegazy, 2022; Amjad y Alghamdi, 2023) y de la respuesta a la selección (Tadele et al., 2022), por lo que el uso de especies silvestres en el proceso de hibridación, en la técnica demutagénesis inducida, así como la caracterización molecular y mapeo genético permite incorporar variabilidad genética disponible en estas especies.

## Variabilidad genética

Existe amplia variabilidad genética en la especie por lo que se subdividen en dos subespecies muchos investigadores refieren a cuatro variedades botánicas: *V. faba paucijuga*, *V. faba mayor*, *V. faba equina* y *V. faba minor*.

Estas distinciones en especies, subespecies, y variedades botánicas están basadas en diferencias en peso, forma y tamaño de la semilla (Bond et al., 1985, figura 15.1).

Figura 15.1. Subespecies y variedades botánicas de haba según Cubero (1974)



Fuente: Elaborado a partir de Cubero (1974).

De acuerdo a la clasificación realizada por Cubero (1974), en México se tienen identificados dos grupos botánicos de haba la *mayor* y *minor*. Estos dos grupos están diferenciados por sus colores los cuales son: amarillo, zimirra o blanca, roja o morada y moteada o parraleña y por el tamaño de la semilla (Díaz et al., 2006; Pérez et al., 2014).

A pesar de la publicación de numerosos estudios genéticos y citogenéticos se conoce poco sobre el origen y la domesticación de haba. Cubero (1974) considera cuatro centros de origen: (a) Europa, (b) Norte de África y España, (c) a lo largo del Nilo y Etiopía, y (d) de Mesopotamia a la India. Sin embargo, Ladizinsky (1975) considera el centro de Asia y de acuerdo con Maxted (1995) considera el suroeste de Europa y suroeste de Asia.

Zohary (1972) considera que el antepasado común de *Vicia faba* L. fue *Vicia galilea*, esto permitió predecir el lugar de origen; las evidencias encontradas indican que las primeras descripciones de haba fueron encontradas en China (100 a. C.) y Japón (700 años d. C.). Por otro lado el grupo *Paucijuga*, actualmente presente desde Afganistán a la India, es la forma primitiva considerada como más cercana al extinguido progenitor silvestre (Zohary y Hopf, 2000). Sin embargo, no se ha cruzado la especie silvestre con la especie cultivada, por lo que no se conoce su ancestro común. Debido principalmente a que especies como *V. narbonensis*, *V. galilea*, *V. johannis* tienen diferente número de cromosomas (Raina y Rees, 1983).

## Hibridación

La hibridación es un método de mejoramiento genético que utiliza la polinización cruzada entre padres genéticamente diferentes. La hibridación es una forma de generar variabilidad genética. Bond realizó en 1966 los primeros cruzamientos en haba de invierno y logró una heterosis de 23% con respecto al mejor progenitor. Por otro lado Ebmeyer y Stelling (1994) incrementaron la heterosis hasta 70% para rendimiento de grano en cruzas de líneas endogámicas provenientes de diferentes cultivares, Sin embargo la Aptitud Combinatoria General (ACG) fue mayor que la Aptitud Combinatoria Específica (ACE) en las diferentes cruzas de haba. En otros estudios la ACG y la ACE no hubo diferencias entre las combinaciones híbridas, es decir, mostraron el mismo comportamiento (Ghareeb y Fares, 2016). Esto indica que se está a favor de la formación de variedades sintéticas (Maalouf et al., 1999). Sin embargo, después de considerar el alto grado de autofertilización que ocurre en el cultivo, los híbridos son los más apropiado para mejorar el rendimiento y su estabilidad por el efecto heterótico en el número de ramas por planta, número de vainas por planta y peso de 100 semillas (Duc, 1997; Bond et al., 1994).

## Heredabilidad

La heredabilidad es uno de los componentes fundamentales de la variación en la descripción mendeliana de una variable cuantitativa, se usa para definir el grado de parecido entre individuos o familias basado en una característica en particular y además para analizar las causas genéticas y ambientales de ese parecido (Jacquard, 1983), o para predecir el avance genético que se espera alcanzar al seleccionar progenitores en una o más poblaciones (Reyes, 1985). La heredabilidad en sentido amplio ( $H^2$ ) también conocida como el grado de determinación genética, es la proporción de la varianza genética total ( $\delta_g^2$ ) con relación a la varianza fenotípica ( $\delta_F^2$ )  $H = (\delta_g^2 / \delta_F^2) \times 100$  (Falconer, 1986) y la heredabilidad en sentido estrecho ( $h^2$ ) se define como la proporción de la varianza genética aditiva ( $\delta_A^2$ ) sobre la varianza fenotípica

( $\delta_F^2$ ), (Lush, 1948; Holland et al., 2003). La heredabilidad de muchos caracteres cuando están controlados por líneas distintas pueden mostrar el valor más alto que otros cultivos, pero el rendimiento depende del componente ambiental (A) y de la interacción genotipo por ambiente (IGA).

La selección es el primer paso e incluye la selección de genotipos deseables. Para que la selección sea efectiva debe existir variación genética en la población, el carácter deseado debe ser altamente heredable y tener un valor económico de interés (Zamudio y Guerra, 2002). La presión de selección a lo largo de su periodo de cultivo la especie ha tenido un largo proceso de selección natural y selección hecha por el hombre y por lo tanto se han liberado cultivares adaptados a ambientes específicos. La presión de la selección (P) es limitada por la necesidad de controlar la polinización en las generaciones de selección y por las fuentes disponibles. (Bond, 1987; Bond y Poulsen, 1983).

Annicchiarico y Iannucci (2008) concluyeron que en ausencia de interacción genotipo por ambiente significativa las características de precocidad, duración de la floración, número de tallos fértiles por planta y altura de la primera vaina pueden ser usados para la identificación de material adaptado en las primeras etapas de selección, independientemente de los ambientes de prueba.

Las variedades nativas o criollas en haba son una mezcla de poblaciones que tienen un gran número de genes hereditarios diferentes debido a su diversidad genotípica y que están adaptadas al cambio de la condición ambiental en su hábitat (Kuckuck et al., 1991). Esta variación genética disponible no ha sido explotada totalmente, ya que existe un rango considerable de variación existe entre y dentro de poblaciones (Lawes et al., 1983). En mejoramiento genético las variedades criollas son una fuente excelente de genes para mejorar el rendimiento de grano (Suso et al., 1993). El grado y patrón de variación genética determina el nivel de mejoramiento que es posible alcanzar y como puede ser logrado.

Poco es conocido acerca de los componentes genéticos que influyen en la expresión fenotípica en habas de invierno, aunque la tolerancia al frío es controlada por grandes efectos aditivos bajo condiciones controladas (Duc y Petitjean, 1995; Sallam et al., 2015).

Como *Vicia faba* L. es parcialmente alogama y de polinización libre, puede comportarse como completamente endogámica o completamente de polinización cruzada con niveles significativos 4 a 60% (Susó et al., 2001; Susó et al., 2010; Hu et al., 2011), por lo tanto la heterosis estimada puede enmascarar el verdadero valor del genotipo. Link et al. (2010) describieron ambos efectos maternos y de sobredominancia están presentes en la generación F<sub>1</sub> para habas tolerantes al frío. La diversidad alélica, el tamaño de la población, la organización *multi-locus*, la tasa de cruzamiento, la intensidad de selección, la heterocigocidad de individuos dentro de la población en un tiempo podría esperarse para cualquier efecto de respuesta positiva de selección en habas de invierno (Allard, 1996; Falconer y Mackay, 1996). Mientras mayor sea la varianza genética y el control ejercido por los genes, mayor será la disponibilidad de obtener un mejoramiento de estos.

## Fuentes de variación genética

Se consideran como fuentes de variación genética a los bancos de germoplasmas, las mutaciones inducidas y la biología molecular. Los bancos de germoplasma resguardan la fuente de variabilidad genética requerida para los mejoradores de plantas para el desarrollo de cultivares que permitan al agricultor superar las limitaciones naturales a fin de obtener mayores beneficios en su actividad, así como evitar la pérdida de la erosión genética de la especie (Beeching et al., 1994; Martin, 2002) esto se llama conservación *ex situ*.

Los estudios de la diversidad genética dentro de estos bancos de genes son una de las herramientas que ayudan a tener un control más efectivo sobre la erosión genética (Yadav et al., 2017). Además de la conservación los bancos tienen funciones como documentar, caracterizar y evaluar la variabilidad genética que permiten la incorporación de individuos a programas de mejoramiento genético, ya sea por sus características promisorias o por su susceptibilidad a condiciones bióticas o abióticas, facilitando la incorporación de genes y el establecimiento de la mejor estrategia reproductiva así como la multiplicación y distribución del germoplasma (Graur y Wen-Hsiung, 2000). El número y tamaño de las colecciones en *Vicia faba*

L. en los bancos de germoplasma, se ha incrementado sustancialmente durante los últimos 10 años.

La más grande colección está en el Centro Internacional de Investigación para la Agricultura en Zona Áridas (ICARDA) en Alepo, Siria (Robertson, 1985), en donde reportan 15 386, de las cuales 7 316 son de especies cultivadas, 2 940 son silvestres, 181 son de tipo silvestre, y 4 949 son desconocidas (Upadhyaya et al., 2011); 840 líneas están registradas y publicadas en un catálogo (Robertson El-Sherbeeney, 1988). Estas colectas están organizadas por país y origen geográfico, pero existen otras colecciones en Bari, Italia, Braunschweig y Gatersleben, en Alemania; este último banco tiene colectas de acuerdo al país de origen al tamaño de semilla (Witcome, 1984). El germoplasma de Egipto combina la precocidad y el mayor rendimiento con el tamaño medio de la semilla. Las colectas de Iraq y Siria combinan el tamaño grande de la semilla y las vainas largas con el mayor rendimiento de semilla. Los países con el tamaño más grande de semilla y las vainas más largas corresponden a España, Iraq, Siria y Turquía (Van de Wouw et al., 2001). Actualmente, China cuenta con colecciones de reciente creación. En general, colecciones de bancos de germoplasma muy pequeños y que algunos mejoradores han acumulado sus propias reservas de diversidad genética. La conservación de la semilla en los bancos de germoplasma se realiza a través de la manipulación de la temperatura y humedad que pueden mantener por largos años la viabilidad de la semilla. Duc et al. (2010) reportó un total de colectas que existen en el mundo, y menciona que a nivel mundial existen 38 360 accesiones, en donde Europa tiene 18 076 colectas que representa 50% del material existente.

La conservación *ex situ* se realiza en varios centros de investigación los más importantes son Australian Temperate Field Crop Collection (ATFC), en Horsham, Australia, con 1 410 colectas; el Instituto del Germoplasma, Bari Italy, con 1 876; el Western Regional Plant Introduction Station (WRPIS) del Sistema Nacional de Germoplasma de Plantas de los Estados Unidos con 575 colectas; el International Centre for Agricultural Research in the Dry Areas (ICARDA), en Siria, con 9 000 colectas; el Instituto Nacional de Investigaciones Agrarias (INIA), en Madrid, España, con 1 665 colectas; el Institut Pflanzengenetik und Kulturpflanzenforschung (IPK), en Gatersleben, Alemania, con 1 920 colectas; el Instituto Nacional de Investigación

Agrícola (INRA), en Dijon Francia, con 1 900; el Vavilov Reseach Institute of Plant Industry (VIR), en St. Petersburg, Russia, con 1871 colectas; el Plant Breeding and Acclimatization Institute (PBAI) en, Radzikow, y el Institute of Plant Genetics (IPG), en Poznan, Polonia, con 2 114 colectas; el Chinese Academy of Agricultural Sciences (CAAS), en Beijig China, con 5 200; el Department of Primary Industries (DPI), en Victoria, Australia, con 2 445 colectas, y el National Bureau of Plant Genetic Resources (NBPGR), en India, que cuanta actualmente con 1 316 colectas y un banco de recursos fitogenéticos de plantas a nivel nacional, que está considerado un repositorio de los recursos de la PGR (Van de Wouw et al., 2001; Duc et al., 2010; Yaday et al., 2017).

## Mutagénesis artificial

Mantener el germoplasma de *Vicia faba* L. causa problemas debido a la heterogeneidad de muchas colecciones por la polinización cruzada que existe en la especie. Un rango limitado de variación para algunas características y la reducida introducción de nueva variación se ha utilizado la mutagénesis artificial. Bond y Poulsen (1983) trabajaron sobre esta técnica a partir de 1997 en características de contenido de proteína, habito de la planta y precocidad a la madurez. Algunos de estos mutantes pueden contribuir a mejorar el rendimiento (Ismail et al., 1976; Filippet y De Pace 1986). Un interés especial son los mutantes de hábito indeterminado (Sjodin 1971 y Nagi, 1978). En México, la Facultad de Ciencias Agrícolas de la Universidad Autónoma del estado de México inició en 1985 un trabajo sobre irradiación con cobalto 60 con el fin de obtener la dosis letal media y seleccionar posibles mutante en cuanto a precocidad, porte bajo, productividad y resistencia a enfermedades en haba. Se concluyó que la dosis letal media de esta especie se encuentra en el rango de 1 a 4 krad y se obtuvieron seis líneas avanzadas con potencial de rendimiento (Pérez, 1999; Pérez y González, 2003).

Los avances obtenidos en las últimas décadas en el desarrollo de la genética molecular y evolutiva, así como en la tecnología informática, ha creado una nueva plataforma en las ciencias biológicas, la biotecnología, que

combinada con la informática, abre un camino para lograr ganancias en la productividad asociada al uso de los recursos genéticos (Roca, 2002). La aplicación de la biotecnología en *Vicia faba* L. fue referida por Van Rheenen et al. (1987).

## Importancia de la diversidad genética

El estudio de la diversidad genética se basa en el grado de la similitud entre individuos lo que permite la formación de grupos homogéneos que comparten un patrón o una estructura de diversidad particular. Se puede definir como el grado en el cual el material hereditario diferencia internamente a una colección de plantas. El material hereditario puede diferenciarse en el nivel de las secuencias del ADN (alelos) y en el nivel de las combinaciones de alelos (genotipos) (Avisé, 2004).

Para medir la diversidad genética, se han empleado dos enfoques básicos el agrupamiento basado en los datos del pedigrí y el basado en marcadores genéticos. La clasificación con datos de pedigrí se basan en el grado de co-ascendencia de dos individuos o la probabilidad de que un alelo de un *locus* en un individuo sea idéntico por descendencia a otro alelo del mismo *locus* pero de otro individuo, se cuantifica generalmente a través del coeficiente de parentesco definido por Kempthorne (1969). Sin embargo este enfoque tiene la limitación que requiere que el pedigrí de material estudiado sea conocido. Para el agrupamiento basado en marcadores genéticos se han empleado diferentes tipos de marcadores los agromorfológicos y los moleculares (Gouingaea et al., 2015).

## Marcadores moleculares

En los últimos años, el empleo de marcadores producto de la utilización de técnicas bioquímicas y moleculares, ha permitido complementar la información obtenida utilizando caracteres agromorfológicos. Dentro de esas técnicas se encuentran los metabolitos secundarios, proteínas, marcadores de ADN y secuencias de ADNA a través del uso de marcadores moleculares

es posible estimar la diversidad genética neutral. Su evaluación es más compleja que los caracteres morfológicos pero la influencia ambiental es menor y permiten hacer comparaciones entre individuos de una misma especie, entre especies, establecer relaciones de paternidad y parentesco, relaciones fitogenéticas y analizar procesos de migración y deriva genética en la población. Los marcadores moleculares pueden ser clasificados según el tipo de molécula utilizada y la técnica en los basados en el análisis de proteínas, análisis isoenzimático, polimorfismo posicional de péptidos y los basados en el análisis del ADN. De estos los más popularizados son los marcadores de ADN y que permiten la recolección de gran cantidad de información genética (Awise, 2004).

Los diferentes tipos de marcadores se distinguen por su capacidad de detectar polimorfismos en loci únicos o múltiples y son de tipo dominante o co-dominante (Awise, 2004; Garoia et al., 2007). Los marcadores moleculares de ADN se dividen en tres categorías básicas; la primera corresponde a técnicas que no necesariamente se basan en la Reacción en Cadena de la Polimerasa (PCR), por ejemplo los marcadores de Polimorfismo de la Longitud de los Fragmentos de Restricción (RFLP), los de Polimorfismo en la Longitud de los Fragmentos Amplificados (AFLP), los de Número Variable de Repeticiones en Tandem ( VNTR); la segunda son técnicas que utilizan iniciadores arbitrarios o semiarbitrarios, por ejemplo, iniciadores PCR múltiples arbitrarios como los de Amplificación Aleatoria de ADN Polimórfico (RAPD); la tercera son técnicas que utilizan la PCR con sitio específico de amplificación, por ejemplo los de Secuencias Simples Repetidas (SSR), los de intersecuencia simple repetida (ISSR) y los de Polimorfismo de un Solo Nucleótido (SNP) (Karp et al., 1997; Govindaraj et al., 2015).

Dentro de los marcadores más conocidos se encuentran los RFLP que es el primer marcador de ADN utilizado para hacer estudios de genética poblacional y es el más usado para caracterizar y evaluar la heredabilidad genética existente en los bancos de germoplasma; los AFLP que es una técnica que detecta múltiples loci polimórficos y es útil para generar huellas genéticas y mapeo, así también se ha usado en la caracterización de germoplasma; los RAPD que son en esencia la misma metodología de la PCR solo que en el análisis RAPD el iniciador se usa para amplificar secuencias al azar de un patrón complejo de ADN (Phillips et al., 1995), los microsatélites o Se-

cuencia Simple Repetidas (SSR) que son utilizados fundamentalmente para estudios de variación genética intra e interespecífica; los de Intersecuencias Simple Repetidas (ISSR) que es una técnica relativamente nueva que genera un gran número de bandas polimórficas, es fácil de montar, altamente repetible y existen primers universales para plantas (Culley y Wolfe, 2001). A diferencia de los marcadores de ADN, la utilización de los marcadores proteicos está limitada por su reducido número que no cubre toda la extensión del genoma, por sus interacciones o modificaciones postranscripcionales y por su diferente expresión en distintos tejidos (Avisé, 2004). En el caso de las secuencias de ADN aunque su utilización se ha incrementado considerablemente por la resolución de la técnica, su uso sigue siendo restringido ya que son muy pocas las especies a las que se les ha descrito en el genoma (Hunter et al., 2004).

La aplicación de los marcadores de ADN a la evaluación de germoplasma ha facilitado la identificación de duplicados en los bancos, la clasificación de los materiales, el cálculo de la distancia genética entre entradas, la identificación de su origen geográfico y la determinación de puntos de máxima variabilidad. Esta información facilita el manejo de las colecciones de germoplasma ya que permite tanto elegir parentales donde buscar nuevos alelos para ampliar la base genética de sus materiales y como una explotación más adecuada de la heterosis (Lee, 1995; Avisé, 2004).

En haba la diversidad genética fue observada entre 7 líneas endogámicas de cultivares élites recientes provenientes de Asia, Europa y Norte de África usando los marcadores AFLP (Zeid et al., 2003), y para investigar la relación entre la similitud genética de 18 líneas de haba de Europa y su comportamiento híbrido y de heterosis (Zeid et al., 2004). Por su parte, Liu y Hou (2010), usando la misma técnica en dos bancos de germoplasma de haba, encontraron que la estructura genética de uno de ellos se dividió en siete grupos, lo que permitió conocer que de las 149 poblaciones 40 de estas representan más de 80% de la información genética del cultivo en la región que evaluaron, material que podría usarse con fines de mejoramiento genético. Gresta et al. (2009) utilizando marcadores AFLP en cinco colectas de haba mostraron 346 bandas de las cuales 60% mostraron polimorfismo. Gong et al. (2010), usaron 11 marcadores SSR con una secuencia inicial etiquetada (EST), para evaluar la diversidad genética

de 29 cultivares de China y Europa; los resultados indicaron que sólo 8.36% mostraron variabilidad genética. La información polimórfica reveló que las habas de china tienen una línea genética base y que además las fuentes adicionales de accesiones genéticas podrían incrementar la variabilidad genética de la especie. Wang et al., 2012, analizaron molecularmente 802 cultivares de diferentes regiones de China (538) Asia (91) Europa (107) y África (70). Los resultados mostraron 209 bandas polimórficas. Las colectas del Norte de China mostraron alta diversidad genética, mientras que las accesiones de Europa fueron genéticamente más cerradas que las de África. Basados en los datos de ISSR los resultados de la agrupación de las accesiones de Asia, Europa y África estuvo asociada a su origen geográfico y su hábitat ecológico.

Abdel-Razzak et al. (2012) utilizando marcadores ISSR encontraron importantes diferencias en 10 cultivares de Egipto; los resultados mostraron 398 bandas polimórficas que permitieron agrupar las colectas de acuerdo con las características genéticas, el origen geográfico y el tipo de suelo. Otro tipo de primers para el análisis de la diversidad genética es el de Polimorfismo de Secuencias Específicas Amplificadas (SSAP), los cuales revelaron alto polimorfismo en nueve poblaciones de haba de Túnez; la diversidad genética fue más alta dentro que entre las poblaciones, indicando un cruzamiento en las poblaciones estudiadas, así mismo los valores de las distancias genéticas mostraron que el 15.6 por ciento del total de la variación se detectó dentro de las poblaciones. El análisis de pares de grupos no ponderados y promedios aritméticos (UPGMA) permitieron agrupar a las poblaciones en tres grupos (Ouji et al., 2012).

Se realizó un trabajo con 39 colectas de haba de la región Toluca Atlacomulco para estudiar la diversidad genética usando Intersecuencias Simples Repetidas (ISSR), los resultados indicaron que las 142 bandas formadas, 134 fueron polimórficas. Las distancias genéticas variaron entre 0.38 y 0.83 y los seis grupos formados en el dendograma con UPGMA indicaron alta variabilidad genética a nivel de ADN entre los genotipos (Salazar et al., 2015).

El análisis de diversidad genética dependerá de tipo de datos usados podrán generarse clasificaciones entre otras, usando información basada en datos de pedigrí (si es conocido), marcadores agromorfológicos utilizando caracteres cualitativos o cuantitativos y marcadores moleculares. En cual-

quier caso, es posible esperar clasificaciones disimiles porque cada tipo de descriptor reflejar aspectos diferentes de la diversidad genética asociados al tipo de medición y a la resolución del marcador. Las divergencias entre los análisis basados en datos agromorfológicos y los basados en datos moleculares se sustentan en que los cambios agromorfológicos no siempre está asociados a variaciones moleculares, ya que responden a reglas y presiones evolutivas diferentes, estas incongruencias han originado polémicas respecto a que tipo de datos pueden proveer de información adecuada para el análisis de la diversidad genética. Por lo tanto, estudios que incorporen descriptores morfológicos y marcadores moleculares proveen una mejor descripción e interpretación de la diversidad genética de los individuos (Wilson et al., 1974; Hillis y Wiens, 2000; Demey et al., 2003).

Independientemente del marcador utilizado, la estructura de la diversidad se puede representar adecuadamente en un modelo jerárquico, y si la información sobre los individuos es suficiente, ser posible representarla usando técnicas de agrupamiento o clasificación (van Hintum, 1995). La literatura muestra que las técnicas más utilizadas para la caracterización agromorfológica, basada en variables cuantitativas, son el análisis de componentes principales y los dendogramas, sobre matrices de distancias euclídeas. Para la caracterización usando marcadores tanto dominantes como co-dominantes, la técnica de clasificación mayormente utilizada es el árbol generado por el algoritmo Unweighted Pair Group Method with Arithmetic Mean (UPGMA), calculado sobre matrices de similitud empleando los coeficientes de Jaccard o Dice.

## **Marcadores agromorfológicos**

La descripción morfológica de órganos vegetativos y reproductivos y caracteres agronómicos (descripción fenotípica) ha sido de gran utilidad para la caracterización y evaluación de recursos genéticos (Yahia et al., 2012; Pérez et al., 2015; Salazar et al., 2015). Adicionalmente se consideran datos sobre susceptibilidad a factores de estrés, patógenos y enfermedades. Estos marcadores agromorfológicos pueden ser definidos como atributos de las plantas fácilmente cuantificables e identificables, los cuales pueden o no ser al-

tamente heredables y estar controlados por uno o dos pares de genes, lo que permite una discriminación rápida de fenotipos (Lowe et al., 1996). No obstante, presentan limitaciones que dificultan su medición y restringen la información genética recuperable, como son los efectos pleiotrópicos, desconocimiento de su base genética, tipo de herencia y su alta susceptibilidad a la influencia del medio ambiente como es el caso de los caracteres de interés agronómico (Pan et al., 2004).

Este último aspecto conocido como la variación adaptativa es cuantificada a través de ensayos regionales donde se evalúa la respuesta de distintos genotipos creciendo en las mismas condiciones, con lo que se minimiza la influencia ambiente; a la vez, el ensayo se repite en diferentes localidades para determinar la variación de un mismo genotipo en distintos ambientes (IGA) (Annicchiarico, 1997; Flores et al., 2016). Estos ensayos se establecen para recoger información sobre parámetros genéticos como la heredabilidad. Pérez et al. (2014) obtuvieron heredabilidades en sentido amplio de 51 a 90% (Alan y Geren, 2007) o los coeficientes de variación genética aditiva, su aplicabilidad es sólo en cultivos de importancia económica por lo cual conseguir información para otras especies no comerciales es poco probable (Primack y Kang, 1989).

## Conclusiones

El mejoramiento genético uso de la variabilidad genética disponible en haba ha sido de gran utilidad para la caracterización y evaluación de material colectado, disponible en bancos de germoplasma y se complementa con el uso de marcadores moleculares, lo que ayuda a tener una idea clara del grado de variabilidad existente en *Vicia faba* L.

## Referencias

- Abdel-Razzak, H. S., Alfrmawy, Ibrahim, H. M., y El-Hanafy, A. (2012). Genetic diversity in faba bean (*Vicia faba* L.) using inter-simple sequence repeat (ISSR) markers and protein analysis. *Life Science Journal*, 9(2).
- Abo-Hegazy, S. R. E. (2022). Genetic variability, heritability and path coefficient analyses of some agronomic traits in faba bean (*Vicia faba* L.). *Asian Journal of Plan Sciences*. 21(3), 469-477.
- Alan, O., y Gere, H. (2007). Evaluation of heritability and correlation for seed yield and yield components in faba bean (*Vicia faba* L.). *Journal of Agronomy*, 6(3), 484-487.
- Allard, R. W. (1996). Genetic Basis of the Evolution of Adaptedness in Plants. *Euphytica*. 92, 1-11. <https://doi.org/10.1007/BF00022822>
- Amjad, D., y Alghamdi, S. S. (2023). Agro-morphological characterization of *Vicia faba* L. Accessions in the Kingdom of Saudi Arabia. *World Academy of Science, Engineering and Technology/International Journal of Agricultural and Biosystems Engineering*, 17(11), 105-114.
- Annicchiario, P. (1997). Joint regression vs AMMI analysis of genotype – environment interactions for cereals in Italy. *Euphytica*, 94, 53-62.
- Annicchiario, P., y Iannucci, A. (2008). Breeding Strategy for Faba bean in Southern Europe based on cultivar responses across climatically contrasting environments. *Crop Science*, 48(3), 983-991.
- Arab, S. A., El-Sayed, A. F., y Mohamed, M. K. A. (2018). Genetic diversity in some faba bean landraces using morphological characters and yield components. *Journal Plant Production*, 9(12), 975-980.
- Avise, J. C. (2004). *Molecular Markers, Natural History and Evolution*(2<sup>a</sup> ed.). Sinauer Associates.
- Beeching, J. R., Marmey, P., Hughes, M. A., y Charrier, A. (1994). *Evaluation of molecular approaches for determining genetic diversity in Cassava germplasm*, In: *Proceeding of the second international Scientific Meeting* (pp. 22-26). The Cassava Biotechnology Network.
- Bond, D. A. (1966). Yield and components of yield in diallel crosses between inbred lines of winter beans. *The Journal of Agricultural Science*, 67, 325-336.
- Bond, D. A. (1987). Recent Developments in Breeding Field Beans (*Vicia faba* L.). *Plant Breeding*, 90(1), 1-26.
- Bond, D. A., y Polusen, M. H. (1983). Pollination. En P. D. Hebblethwaite (Ed.), *The Faba Bean* (pp. 77-101). Butterworth.
- Bond, D. A., Jellis, G. J., Rowland, G. G., Le Guen, J., Robertson, L. D., Khalil, S. A., y Li-Juan, L. (1994). Present status and future strategy in breeding faba beans (*Vicia faba* L.) for resistance to biotic and abiotic stresses. En F. J. Muehlbauer y W. J. Kaiser (Eds.), *Expanding the Production and Use of Cool Season Food Legumes* (pp. 596-616). Current Plant Science and Biotechnology in Agriculture.
- Cubero, J. I. 1974. On the evolution of *Vicia faba* L. *Theor. Appl. Genet.* 45: 47-51

- Culley, M. T., y Wolfe, A. D. (2001). Population Genetic structure of the cleistogamous plant species *Viola pubescens* Aiton (Violaceae), as indicated by allozyme and ISSR molecular markers. *Heredity*, 86, 545-556.
- Demey, J. R., Zambrano, A., Fuenmayor, Y., y Segovia, F. (2003). Relación entre caracterizaciones molecular y morfológica en una colección de Yuca. *Interiencia*, 28(12), 1-7.
- Díaz, B. M., Delgado, A. A., Herrera, C. B. E., y Sandoval, C. E. (2006). Germplasm of faba bean (*Vicia faba* L.) in México. En *International Workshop on Faba bean Breeding and Agronomy* (pp. 188-190). Instituto de Investigación y Formación Agraria y Pesquera.
- Duc, G., y Petitjean, F. (1995). Study on the inheritance of freezing tolerance in *Vicia faba* L. En *AEP Conference. Copenhagen* (pp. 130-131).
- Duc, G. (1997). Faba bean (*Vicia faba* L.). *Field Crops Research*, 53(1-3), 99-109.
- Duc, G., Bao, S., Baum, M., Redden, B., Sadiki, M., Suso, M. J., Vishniakova, M., y Zong, X. (2010). Diversity maintenance and use of *Vicia faba* L. genetic resources. *Field Crops Research*, 115(3), 270-278.
- Ebmeyer, E., y Stelling D. (1994). Genetic structure of three open pollinated varieties in faba beans, *Vicia faba* L. *Plant Breeding*, 112, 17-23.
- Filippetti, A., y De Pace, C. (1986). Improvement of seed yield in *Vicia faba* L. by using experimental mutagenesis. II. Comparison of gamma radiation and ethyl-methane-sulphonate in production of morphological mutants. *Euphytica*, 35, 49-59.
- Falconer, D. S. (1986). *Introducción a la Genética Cuantitativa*. CECSA.
- Falconer, D. S., y Mackay, T. F. C. (1996). *Introduction to quantitative genetics* (4ª ed.). Longman.
- Flores, C. L. S., Pérez, L. D. J., González, H. A., Rubí, A. M., Balbuena, M. A., y Gutiérrez, R. F. (2016). Estabilidad del rendimiento de 36 cultivares de haba colectadas en el estado de México. *Revista Mexicana de Ciencias Agrícolas*, 7(8), 1905-1917.
- Ghareeb, Z. E., y Fares, W. M. (2016). Modified model for assessment of maternal effects in first generation of faba bean. *Annals of Agricultural Science*, 61(1), 77-85.
- Govindaraj, M., Vetriventhan, M., y Srinivansan, M. (2015). Importance Genetic Diversity Assessment in Crop Plants and Its Recent Advances: An Overview of Its Analytical Perspectives. *Genetics. Research International*, (1), 1-14.
- Garoia, F., Guarniero, I., Grifoni, D., Marzola, S., y Tinti, F. (2007). Comparative analysis of AFL (Ps and SSRs) efficiency in resolving population genetic structure of Mediterranean *Solea vulgaris*. *Molecular Ecology*, 16(7), 1377-1387.
- Graur, D., y Wen-Hsiung, R. I. (2000). *Fundamentals of Molecular Evolution*. Sinauer Associates Inc.
- Gresta, F., Avola, G., Albertini, E., Raggi, L., y Abbate, V. (2009). A study of variability in Sicilia faba bean landrace "Larga di Leonforte". *Genetic Resources and Crop Evolution*, 57, 523-531. <https://doi.org/10.1007/s10722-009-9490-7>
- Gong, Y. M., Xu S C., Mao, W. H., Li Z Y., Zhang, G. W., y Ding J. (2011). Genetic diversity analysis of faba bean (*Vicia faba* L.) based on EST-SSR markers. *Agricultural Sciences In China*, 10(6), 838-844.
- Hillis, D. M., y Moritz, C. (1990). Molecular versus morphology in systematics. En J. J.

- Wiens (Ed.), *Phylogenetic analysis of morphological data* (pp. 1-19). Smithsonian Institution Press.
- Hillis, D. M., y Wiens, J. J. (2000). Molecules versus morphology in systematic. En J. J. Wiens (Ed.), *Phylogenetic analysis of morphological data* (pp. 1-19). Smithsonian Institution Press.
- Holland, J. B., Nyquist, W. E., y Cervantes M. C. T. (2003). Estimating and interpreting heritability for plant breeding: An update. *Plant Breeding Reviews*, 22(1), 9-112.
- Hunter, B. F., Hirh, A. E., Wall, D. P., y Eisen, M. B. (2004). Coevolution of gene expression among interacting proteins. *Proceeding National Academy of Science of USA*, 101 (24), 9033-9038.
- Ismail, M. A., Heakel, M. Y., y Fayed, A. (1987). Improvement of yield through induced mutagenesis in broad beans. *Indian Journal Genetic and Plant Breed*, 36, 347-350.
- Jacquard, A. 1983. Heredability: One word, three concepts. *Biometrics*. 39: 465-477.
- Karp, A., Kresovich, S., Bhat, K., Ayad, W., y Hodgkin T. (1997). *Molecular tools in plant genetic resources conservation: a guide to the technologies*. International Plant Genetic Resources Institute.
- Kemphorne, O. (1969). *An introduction to genetic statistics*. The Iowa University Press.
- Kuckuck, H., Kobabe, G., y Wenzel, G. (1991). *Fundamental of Plant Breeding*. Springer-Verlag.
- Ladizinsky, G. (1975a). On the origin of the broan bean, *Vicia faba* L. *Israel Journal Botany*, 24, 80-88.
- Lee, M. (1975). DNA Markers and plant breeding programs. *Avances in Agronomy* 55, 265-341.
- Liu, J., y Hou, W. (2010). Genetic diversity of faba bean germplasm in Qinghai and core germplasm identified based on AFLP analysis. *Legume Genomics and Genetics*, 1(1), 1-6.
- Lawes, D. A., Bond, D. A., y Poulsen, M. H. (1983). Classification origin breeding methods and objectives En P. D. Hebblethwaite (Ed.), *The Faba bean (Vicia faba L.). A basis for improvement* (pp. 23-87). Butterworths.
- Lowe, A. J., Hanotte O., y Guarino, L. (1983). Standardization of molecular genetic technique for the characterization of germplasm collection the case of random amplified polymorphic DNA (RAPD). *Plant Genetic Resources Newsletter*, 107, 50-54.
- Lowe, A.J., Hanotte, O. H., y Guarino, L. (1996). Standardization of molecular genetic techniques for the characterization of germplasm collections: The case of random amplified polymorphic DNA (RAPD). *Plant Genetic Resources Newsletter*, 107, 50-54.
- Lush, J. L. (1948). *The genetics of populations*. Mimeographed notes. Iowa State University.
- Maalof, F. S., Suso, M, J., y Moreno, M. T. (1999). Choice of Methods and indices for identifying the best parentals for synthetitic varieties in faba bean. *Agronomie*, 19(8), 705-712.
- Martin, A. 2002. Los marcadores genéticos en la Mejora Vegetal, En F. Nuez, J. M. Carrillo y R. Lozano (Eds.), *Genómica y Mejora Vegetal* (pp. 37-64). Mundi-Prensa.

- Maxted, N. (1995). *An ecogeographical study of Vicia subgenus Vicia*. International Plant Genetic Resource Institute.
- Nagl, K. (1978). Breeding value of radio-induced mutants of *Vicia faba* var. minor. En *Seed Protein Improvement in Grain Legumes* (pp. 234-252).
- Ouji, A., El bok S., Syed, N. H., Abdellaoui, R., Rouaissi, M., Flavell, A. J., y El Gazzah, M. (2012). Genetic diversity of faba bean (*Vicia faba* L.) populations revealed by sequence specific amplified polymorphism (SSAP) markers. *African Journal of Biotechnology*, 11(9), 2162-2168.
- Pan, Y. B., Burner, D. M., Legendre, B. L., Grisham, M. P., y White, W. H. (2004). An assessment of the genetic diversity within a collection of *Saccharum spontaneum* L with RAPD-PCR. *Genetic Resources and Crop Evolution*, 51(1), 895-903.
- Pérez, L. D. J. (1999). Proyecto Mutagénesis Físicos en Fitomejoramiento. En *El Mensajero Agrícola. Sección Académica. Boletín Informativo*. Facultad de Ciencias Agrícolas-de la UAEM.
- Pérez, L. D. J., y González, H. A. (2003). *Cultivo y Mejoramiento de haba*. UAEM.
- Pérez, L. D. J., González, H. A., Franco, M. O., Rubí, A. M., Ramírez, D. J. F., Castañeda, V. A., y Aquino, M. J. G. (2014). Aplicación de métodos multivariados para identificar cultivares sobresalientes de haba para el estado de México, México. *Revista Mexicana de Ciencias Agrícolas*, 5(2), 264-279
- Pérez, L. D. J., González, H. A., Rubí, A. M., Franco, M. O., Franco, M. J. R. P., y Padilla, L. A. (2015). Análisis de 35 cultivares de haba por su producción de vaina verde y otros componentes del rendimiento. *Revista Mexicana de Ciencias Agrícolas*, 6(7), 1601-1613.
- Phillips W., Rodríguez, H., y Fritz P. (1995). *Marcadores de ADN: Teoría, aplicaciones y protocolos de trabajo con ejemplos de investigaciones en cacao (Theobroma cacao)*. Serie técnica. Informe técnico No. 252 CATIE.
- Powell, W. (1992). Plant genomes, gene markers and linkage maps. En J. P. Moss (Ed.), *Biotechnology and crop improvement in Asia. Patancheru, India* (pp. 297-322). International Crops Research Institute for the Semi-arid Tropics.
- Primack, R. B., y Kang, H. (1989). Measuring Fitness and Natural Selection in Wild. Plant Population. *Annual Review of Ecology and Systematics*, 20, 367-396.
- Rania, S. N., y Rees, H. (1983). DNA variation between and within chromosome complements of *Vicia* species. *Heredity*, 51(1), 335-346.
- Reyes, C. P. (1985). *Fitogenética Básica y Aplicada*. AGT- Editor.
- Robertson, L. D. (1985). Faba bean germplasm collection, maintenance, evolution and use. En M. C. Saxena y S. Varma (Eds.), *Faba Beans, Kabuli, Chickpeas and Lentils in the 1980's* (pp. 35-54). Proc. ICARDA Workshop.
- Robertson, L. D., y El-Sherbeeney, M. (1988). *Faba Bean Germplasm Catalog: Pure Line Collection*. ICARDA.
- Roca, W. (2002). *Biotecnología moderna, plantas transgénicas y agrobiodiversidad: oportunidades y desafíos*. Presentación en la ALAP, Quito (pp. 3-7).
- Salazar, L. M. E., Pérez, L. D. J., González, H. A., Vázquez, G. L. M., y Valadez, M. E. (2015).

- Genetic variability analysis of faba bean accessions using Inter-Simple Sequence Repeat ISSR markers. *Chilean Journal of Agricultural Research*, 75(1), 122-130.
- Sallam, A., Martsch, R., y Moursi, Y. S. (2015). Genetic variation in morpho-physiological traits associated with frost tolerance in faba bean (*Vicia faba* L.). *Euphytica*, 205, 395-408. <https://doi.org/10.1007/s10681-015-1395-2>
- Sjodin, J. (1971). Induced morphological variation in *Vicia faba* L. *Hereditas*, 67, 155-180.
- Suso, M. J.; Moreno, M.T., y Cubero, J. I. (1993). New isozyme markers in *Vicia faba*: inheritance and linkage. *Plant Breeding*, 40, 105-111.
- Suso, M. J., Pierre, J., y Moreno, M. T. (2001). Variation in outcrossing levels in faba bean cultivars: Role of ecological factors. *Journal of Agricultural Science*, 136, 399-405.
- Suso, M. J., y Maalouf, F. (2010). Direct and correlated responses to upward and downward selection for outcrossing in *Vicia faba*. *Field Crops Research*, 116, 116-126.
- Tadele, M., Mohamed, W., y Jarso M. (2021). Variation in genetic variability and heritability of agronomic traits in Faba bean (*Vicia faba* L.) genotypes under soil acidity stress evaluated with and without lime in Ethiopia. *African Journal of Agricultural Research*, 17(2), 355-364.
- Tadele, M., Mohamed, W., y Jarso M. (2022). Genetic Diversity of Elite Faba Bean (*Vicia faba* L.) Genotypes Based on Agronomic Traits and Soil Acidity Stress Indices. *American Journal of Bioscience and Bioengineering*, 10(1), 1-9.
- Tanksley, S. (1983). Molecular markers in plant breeding. *Plant molecular Biology Reporter*, 1, 3-8.
- Upadhyaya, H. D., Dwivedi, S.L., Ambrose, M., Ellis, N., Berger, J. Smykal, P., Debouck, D., Duc, G., Dumet, D., Flavell, A., Sharma, S. K., Mallikarjunna, N., Gowda, C. L. L. (2011). Legume genetic resources: Management, Diversity assessment and utilization in crop improvement. *Euphytica*, 180, 27- 47.
- Van- Hintum, T. J. (1995). *Hierarchical approaches to the analysis of genetic diversity in crop plants*. Core collections of plant genetic resources.
- Van Rheenen, H. A., Bond, D. A., Erskine, W., y Sharma, B. (1987). Future Breeding Strategies. En *Proc. International Conference. Grain Legume Res.*, Spokane, USA.
- Van de Wouw, M., Enneking, D., Robertson, L. D., y Maxted, N. (2001). Vetches (*Vicia faba* L.). En N. Maxted y S. J. Bennett (Eds.), *Plant Genetic Resources of Legumes in the Mediterranean* (pp.132-157). Kluwer.
- Vioque, J., Alaiz, M., y Girón, C. J. (2012). Nutritional and functional properties of *Vicia faba* protein isolates and related fractions. *Food Chemistry*, 132(1), 67-72.
- Wang, H. F., Zong, X. X., Guang, J. P., Yang T., Sun X L., Ma. Y., y Redden R. (2012). Genetic diversity and relationship of global faba bean (*Vicia faba* L.) germplasm revealed by ISSR markers. *Theoretical and Applied Genetics*, 124, 789-797.
- Warsame, A. O., Michael, N., O'Sullivan, D. M., y Tosi, P. (2020). Identification and Quantification of Major Faba Bean Seed Proteins. *Journal of Agricultural and Food Chemistry*, 68(32), 8535-8544.
- Witcome, J. R. (1984). Genetic resources of faba beans. En J. R. Witcome y W. Erskine

- (Eds.). *Genetic Resources and their exploitation Chickpeas, Faba Beans and Lentils* (pp. 145-162).
- Yaday, S. K., Verna, N., Singh, A. K., Singh, N., Rana, S. C., Ranga, S. S., y Kumart, K. (2017). Diversity and development in faba bean. *Legume Research*, 40 (4), 618-624.
- Yahia, Y., Guetat, A., Elfalleh, W., Ferchichi, A., Yahia, H., y Loumerem, M. (2012). Analysis of agromorphological diversity of southern Tunisia faba bean (*Vicia faba*L.) germplasm. *African Journal of Biotechnology*, 11 (56), 11913-11924.
- Zamudio, F., y Guerra, F. (2002). *Especies forestales de rápido crecimiento con énfasis en el género Populus*. Universidad de Talca. Facultad de Ciencias Forestal.
- Zeid, M., Schon, C. C., y Link, W. (2003). Genetic diversity in recent elite faba bean lines using AFLP markers. *Theoretical and Applied Genetics*, 107(7), 1304-13014.
- Zeid, M., Schon, C. C., y Link, W. (2004). Hybrid performance and AFLP-based genetic similarity in faba bean. *Euphytica*, 139, 207-216.
- Zohary, D. (1972). The wild progenitor and the place or origin of the cultivated lentil: *Lens culinaris*. *Economic Botany*, 26, 326-332.
- Zohary, D., y Hopf, M. (2000). *Domestication of plants in Old World*.