



UNIVERSIDAD JUÁREZ AUTÓNOMA DE TABASCO

DIVISIÓN ACADÉMICA DE CIENCIAS AGROPECUARIAS

COORDINACIÓN DE INVESTIGACIÓN Y POSGRADO



**ANÁLISIS DE LA VARIABILIDAD GENÉTICA Y MORFOLÓGICA
DE COLECTAS DE FRIJOL *Vigna* spp.**

**TESIS PARA OBTENER EL GRADO DE:
MAESTRO EN CIENCIAS AGROALIMENTARIAS**

PRESENTA:

Biol. Pablo Medina Fernández

DIRECTOR

Dr. César Márquez Quiroz

CODIRECTOR

Dr. José Javier Huijara Vasconcelos

VILLAHERMOSA, TABASCO, MAYO DE 2022



**UNIVERSIDAD JUÁREZ
AUTÓNOMA DE TABASCO**
"ESTUDIO EN LA DUDA. ACCIÓN EN LA FE"



**DIVISIÓN ACADÉMICA
DE CIENCIAS
AGROPECUARIAS**



JEFATURA DE POSGRADO

Villahermosa, Tabasco a 12 de mayo de 2022
Of. No. 105/JP/2022
Asunto: Autorización de impresión de Tesis

**C. PABLO MEDINA FERNÁNDEZ
EGRESADO DE LA MAESTRÍA EN CIENCIAS AGROALIMENTARIAS
P R E S E N T E**

Por medio de la presente y de acuerdo con su solicitud de autorización de impresión de su trabajo bajo la modalidad de tesis, le informo que sobre la base del reglamento de estudios de Posgrado vigente 2022 de esta Universidad, y atendiendo a las indicaciones de su Comité Sinodal, esta Dirección a mi cargo, le autoriza la impresión de su tesis titulada: "ANÁLISIS DE LA VARIABILIDAD GENÉTICA Y MORFOLÓGICA DE COLECTAS DE FRIJOL *Vigna spp.*".

Sin otro particular, aprovecho la ocasión para enviarle un afectuoso saludo.

ATENTAMENTE

MVZ. JORGE ALFREDO THOMAS TELLEZ
DIRECTOR



**DIVISIÓN ACADÉMICA DE
CIENCIAS AGROPECUARIAS**

c.c.p. M. C. Irma Gallegos Morales – Coordinadora de Investigación y Posgrado-DACA
Dra. Magally Guadalupe Sánchez Domínguez – Jefe de Posgrado - DACA
Dr. César Márquez Quiroz – Director de Tesis
Archivo
MGSD'eml

Km. 25, Carretera Villahermosa-Teapa
Ra. La Huasteca, 2ª sección, 86298, Centro, Tabasco, México
Teléfono 993 358 1500 EXT 6607
Correo electrónico: posgrado.daca@ujat.mx

www.ujat.mx

CARTA AUTORIZACIÓN

El que suscribe, autoriza por medio del presente escrito a la Universidad Juárez Autónoma de Tabasco para que utilice tanto física como digitalmente la tesis de grado denominada "**Análisis de la variabilidad genética y morfológica de colectas de frijol *Vigna spp.***", de la cual soy autor y titular de los derechos de autor. La finalidad del uso por parte de la Universidad Juárez Autónoma de Tabasco de la tesis antes mencionada, será única y exclusivamente para difusión, educación y sin fines de lucro; autorización que se hace de manera enunciativa mas no limitada para subirla a la red abierta de bibliotecas digitales (RABID) y a cualquier otra red académica con las que la universidad tenga relación institucional.

Por lo antes mencionado, libero a la Universidad Juárez Autónoma de Tabasco de cualquier reclamación legal que pudiera ejercer respecto al uso y manipulación de la tesis mencionada y para los fines estipulados en este documento.

Se firma la presente autorización en la ciudad de Villahermosa, Tabasco, a los 29 días del mes de mayo del año 2022.

Autoriza



Pablo Medina Fernández

Nombre y firma

DEDICATORIAS

A mis padres.

por haberme educado y forjado como la persona que soy actualmente que sin su educación no hubiese logrado mis metas.

Me formaron con reglas y con algunas libertades y siempre me motivaron para luchar por mis anhelos.

Gracias madre y padre.

A mis maestros.

Por el tiempo y el esfuerzo que dedicaron, por compartir sus conocimientos ya que sin su instrucción no habría llegado a este nivel, gracias por impartir su cátedra que me permitieron desarrollar habilidades para enfrentar los diferentes retos que se presentan en la vida profesional, gracias.

AGRADECIMIENTOS

A Dios.

Por darme sabiduría, vida y salud a lo largo de la maestría en ciencias agroalimentarias, por permitirme llegar hasta el final y no dejarme desistir ante los diferentes retos que se me presentaron, por darme la fortaleza para superarlos y salir adelante, gracias, Dios.

A Milca Mayo por acompañarme en este desafío académico, por su paciencia y su comprensión, así como por compartir su conocimiento en todo este trayecto.

ÍNDICE

ÍNDICE DE CUADROS	VII
ÍNDICE DE FIGURAS	VIII
RESUMEN.....	IX
ABSTRACT.....	X
I. INTRODUCCIÓN.....	1
1.1 Diversidad de <i>Vigna</i> spp. y especies de mayor importancia económica y nutricional .	2
1.2 <i>Vigna unguiculata</i> (L.) Walper	3
1.3 Generalidades del frijol arroz (<i>Vigna umbellata</i> (Thunb.) Ohwi & Ohashi)	9
1.4 Variabilidad genética	12
1.5 Marcadores morfológicos	13
1.6 Marcadores morfológicos en <i>Vigna</i> spp.....	13
II. PLANTEAMIENTO DEL PROBLEMA	16
III. JUSTIFICACIÓN.....	17
IV. OBJETIVOS E HIPÓTESIS.....	18
4.1 Objetivo general	18
4.2 Objetivos específicos	18
4.3 Hipótesis	18
V. MATERIALES Y MÉTODOS.....	19
5.1 Descripción del área de estudio	19
5.2 Colecta de semilla	19
5.3 Establecimiento del cultivo	21
5.4 Fertilización.....	22
5.5 Caracterización morfológica	22
5.6 Análisis de datos	25
VI. RESULTADOS Y DISCUSIÓN.....	26

6.1 Análisis de varianza (ANOVA)	26
6.2 Análisis de Componentes Principales (ACP)	29
6.3 Análisis de conglomerados.....	34
6.4 Heredabilidad en sentido amplio y variabilidad genética	36
VII. CONCLUSIONES	40
IX. LITERATURA CIENTÍFICA CITADA	41
X. ANEXOS	55

Universidad Juárez Autónoma de Tabasco.
México.

Índice de cuadros

Cuadro 1. Contenido de minerales de los granos de frijol cocido <i>V. umbellata</i> (Thunb.).....	12
Cuadro 2. Autovalores y porcentaje de inercia explicada por cada componente.	15
Cuadro 3. Listado de 30 Colectas de <i>Vigna</i> spp. Analizadas en esta investigación.	20
Cuadro 4. Descriptores usados en la caracterización morfológica de 30 colectas de <i>Vigna</i> spp. provenientes de los estados de Tabasco, Chiapas, Yucatán, Veracruz y Campeche. México.	23
Cuadro 5. Variables morfológicas de 30 colectas de <i>Vigna</i> spp. Medias con letras iguales dentro de cada columna no son significativamente diferentes según la prueba de Tukey ($P > 0.05$).	27
Cuadro 6. Prueba de Kaiser-Meyer-Olkin.	29
Cuadro 7. Componentes que se han extraído, valores propios mayores o iguales a 1.0. Juntos representan el 61.84 % (en negrita) de la variabilidad en los datos originales.....	30
Cuadro 8. Valores y vectores del componente principal (CP) con variables de planta, flor y fruto indicando el mayor valor descriptivo de 30 colectas frijol (<i>Vigna</i> spp.) provenientes de los estados de Tabasco, Chiapas, Campeche, Veracruz y Yucatán.....	32
Cuadro 9. Cuadrados medios del error y parámetros genéticos de <i>Vigna unguiculata</i> L. Walp.....	39

Índice de figuras

Figura 1. Valor del porcentaje de producción y superficie cultivada de <i>Vigna</i> en México.	9
Figura 2. Distribución de <i>Vigna umbellata</i> (Thunb.) Ohwi & Ohashi (frijol arroz)	11
Figura 4. Gráfico de sedimentación de los componentes principales.....	30
Figura 5. Gráfico bidimensional para el componente uno y dos.....	33
Figura 6. Dendrograma del análisis de agrupamientos de las 30 colectas de <i>Vigna</i> spp.	36

RESUMEN

El análisis de datos morfológicos es de gran utilidad para establecer diferencias o similitudes entre individuos a partir de matrices de datos cualitativos y/o cuantitativos. El objetivo de este estudio fue estimar la variabilidad morfológica de 30 colectas de frijol *Vigna* spp., provenientes de cinco Estados de la República mexicana. Se analizaron los datos de 13 variables morfológicas de planta, flor, vaina y granos para estimar la variabilidad morfológica. El análisis de los datos se realizó bajo un análisis de componentes principales (ACP) y un análisis de conglomerados (AC), que diferenciaron a las 30 colectas en tres grupos. El primer grupo se formó a partir de variables correspondientes de vaina y flor, el segundo grupo se formó a partir de variables de planta, vaina, grano y flor, el tercer grupo se explicó por variables de vaina, planta y grano. Las tres colectas que conformaron el primer grupo pertenecen a la especie *Vigna umbellata* (Thunb.) Ohwi & Ohashi, los dos grupos restantes fueron integrados por colectas de *Vigna unguiculata* (L.) Walp. Este trabajo permitió identificar las colectas con mayor diversidad morfológica, lo que representa un acervo genético de alto valor.

Palabras clave: Cultivo tradicional, morfotipo, variabilidad morfológica.

ABSTRACT

Morphological analysis is very useful to establish differences or similarities between individuals from qualitative and/or quantitative data matrices. The objective of this study was to estimate the morphological variability of 30 collections of *Vigna* spp. beans from five States of the Mexican Republic. To estimate the morphological variability, the data of 13 morphological variables of plant, flower, pod, and grains were analyzed. The data analysis was performed using a principal component analysis (PCA) and a cluster analysis (CA), which differentiated the 30 collections into three groups. The first group was formed from variables corresponding to pod and flower, the second group was formed from variables of plant, pod, seed, and flower, the third group was explained by variables of pod, plant, and seed. The three collections that made up the first group belong to the species *Vigna umbellata* (Thunb.) Ohwi & Ohashi, the remaining two groups were made up of collections of *Vigna unguiculata* (L.) Walp. This work made it possible to identify the collections with the greatest morphological diversity, which represents a high value gene pool.

Keywords: Traditional cultivation, morphological variability, morphotype.

I. INTRODUCCIÓN

Los granos y germinados de las especies del género *Vigna* son productos alimenticios de gran importancia gastronómica en los países africanos y asiáticos, se consideran recursos genéticos importantes en regiones tropicales y semiáridas (Chen *et al.*, 2017). En este sentido, *Vigna* spp., es un grupo de leguminosas de buena calidad nutricional debido a su alto contenido de minerales, fitoquímicos, vitaminas y proteínas (Márquez-Quiroz *et al.*, 2015).

Otra característica importante del cultivo es la capacidad que tiene para fijar nitrógeno atmosférico debido a la simbiosis de bacterias nodulares en la raíz (Carvalho *et al.*, 2017). Debido a su versatilidad, adaptabilidad, y productividad el Servicio Nacional Aeronáutico y Espacial de los Estados Unidos (NASA) designó a la especie *Vigna unguiculata* como uno de los pocos cultivos dignos de estudio en estaciones espaciales (Ehlers y Hall, 1997), en el programa Controlled Ecological Life Support Systems (Macelroy, 1992).

El género *Vigna* tiene como centro de origen el continente africano y los centros de diversidad genética se ubican en África e India (Aramendiz y Espitia, 2017). En el Sureste de México, el frijol *Vigna* spp., se cultiva en los estados de Campeche, Quintana Roo, Tabasco y Yucatán con una superficie de siembra de 300 ha y un rendimiento promedio de 3.2 t ha⁻¹ (SIAP, 2019a), donde se consumen diferentes partes vegetativas de la planta: hojas, granos secos y vainas inmaduras (Guillén-Molina *et al.*, 2016).

Dada la calidad nutricional, la resistencia a plagas y a sequías; el análisis de la variación genética y morfológica de este cultivo es de gran importancia para el mejoramiento genético en la producción agrícola (Cardona-Ayala *et al.*, 2013). Estas cualidades generales permiten a los productores de frijol sembrar el cultivo

en diferentes meses del año y en diferentes zonas geográficas sin alterar las características de rendimiento (Marconi *et al.*, 1997).

No obstante, en México la superficie sembrada del cultivo de *Vigna* spp., representa una superficie sembrada de 302.38 ha, 99.98 % inferior con respecto a la superficie sembrada de *Phaseolus vulgaris* con 1,676,230.41 ha (SIAP, 2019b). El cambio climático, la disponibilidad de agua, los factores entomopatógenos, entre otros, representan una amenaza para el sector agrario, así como para las poblaciones silvestres, es por eso que tener a la disposición cultivos alternos que hagan frente a esos factores es de vital importancia para la seguridad alimentaria (Xiong *et al.*, 2016; Márquez *et al.*, 2002).

En este sentido, es importante analizar y comprender la variabilidad genética de *Vigna* spp., para considerar aquellas colectas que sean más aptas para hacer frente a las amenazas ya mencionadas y de este modo permitir seleccionar rasgos de interés para el mejoramiento genético.

1.1 Diversidad de *Vigna* spp. y especies de mayor importancia económica y nutricional

El frijol *Vigna* es una leguminosa que pertenece a la familia *Fabaceae*, se cultiva en el trópico y subtrópico, regiones semiáridas y en condiciones climáticas extremas (Timko *et al.*, 2008). Este género está dividido en seis subgéneros que son *Vigna*, *Ceratotropis*, *Plectotropis*, *Sigmoidotropis*, *Lasiosporon* y *Haidonia* (Thulin *et al.*, 2004). Existen 39 especies en el subgénero *Vigna* que se distribuyen a lo largo de Asia, África, Sur y Centro América (Maxted *et al.*, 2004), dentro de las cuales *V. unguiculata* y *V. subterranea* son las especies de mayor importancia agrícola (Singh *et al.*, 1997). En total el género alberga más de 100 especies; el centro de origen es África y Asia, y se tiene registro de restos de

Vigna asiática que datan del 3,500 al 3,000 A.C., en las zonas arqueológicas de Navdatoli, e India central (Jain y Mehra, 1980).

Otra especie de importancia nutricional corresponde a *Vigna umbellata* (Thunb.) Ohwi & H. Ohashi también conocida como frijol arroz, es la leguminosa de mayor comercialización en el continente asiático, principalmente en China y Vietnam (Katoch, 2013). La gran mayoría de los integrantes del género *Vigna* se consideran cultivos infrautilizados, sin embargo, son considerados alimentos del futuro en gran medida por la capacidad de prosperar con un mínimo de insumos agrícolas que contribuye a la conservación de la biodiversidad y a la seguridad alimentaria (Chivenge *et al.*, 2015).

1.2 *Vigna unguiculata* (L.) Walper

Vigna unguiculata, también conocida como caupí o frijol chino, es una de las especies representativas del género *Vigna* y tiene como centro de origen el continente Africano, los centros de diversidad genética se ubican en África e India (Aramendiz y Espitia, 2017). Su domesticación se llevó a cabo en la región de Sahel en África occidental (Smýkal *et al.*, 2015). Este cultivo se utiliza como fuente de proteína, calorías, fibra y minerales en las poblaciones rurales.

Esta especie muestra una adaptación a las diferentes condiciones ambientales, permitiendo una óptima plasticidad para establecerse en Latinoamérica y en zonas fuera de su centro de origen (Cabeza *et al.*, 2018). En este sentido, se cultiva ampliamente en países como Colombia, México y Bolivia; también se reporta una producción alta en Estados Unidos, Rusia y Australia, cabe señalar que el mayor productor es Estados Unidos de América con una producción de 11,750 t anuales (FAOSTAT, 2019a).

1.2.1 Reproducción

Las flores del frijol *Vigna* nacen en los pedúnculos, estos surgen en las axilas del tallo principal, la elongación del pedúnculo se da rápidamente, alcanzando de manera general entre 5 y 10 cm de longitud en antesis, estos brotes florales completan su desarrollo alrededor de dos semanas (Ehlers y Hall, 1997), normalmente, cada racimo floral produce de 2 a 4 flores secuencialmente durante varios días.

Después de que se hayan formado de dos a cuatro vainas, el desarrollo adicional de otras yemas florales en el ápice del pedúnculo se detiene hasta que las vainas del primer conjunto maduran. La longitud de los pedúnculos típicamente se duplica después de la antesis (Patel y Hall, 1990). El frijol *Vigna* posee flores que se consideran de tamaño grande, aproximadamente de unos 2 cm de largo y ancho, el estigma está rodeado por anteras que se encierran en una quilla recta, *Vigna unguiculata*, es una especie altamente autopolinizable y la polinización de una flor en particular ocurre en la madrugada del día en que la flor se abre (Blum, 2018).

Las flores permanecen abiertas durante varias horas y los estigmas se vuelven receptivos unas 12 horas antes de la dehiscencia de las anteras, esta situación se vuelve aprovechable para hacer híbridos de manera artificial (Blum, 2018). La polinización cruzada es baja, alrededor del 5 %, y generalmente se lleva a cabo en viveros, campos de cultivo y para la producción de granos, esto generalmente se debe a la presencia de diferentes polinizadores como abejas (*Apis mellifera* (L.)), avispas (*Polistes canadensis* (L.)) y lepidópteros (*Parides neophilus* (Geyer.)); estos insectos se consideran como visitantes florales en todo el ciclo de floración de *Vigna unguiculata* (Melo *et al.*, 2018), ambos tipos de polinización contribuyen a la variabilidad genética.

1.2.2 Genoma

Vigna unguiculata (L.) Walp es un cultivo diploide ($2n=2x=22$), con un tamaño de genoma nuclear estimado en 640.6 Mbp y con un peso estimado de 1.310 ± 0.026 pg de ADN, contiene aproximadamente 34,384 genes de los cuales tienen una longitud promedio de 3,881 pb y aproximadamente una cantidad promedio de 6.29 exones por gen, y revela un aproximado de 32.99 % de guanina: citosina (GC) (Arumuganathan y Earle, 1991).

El frijol *Vigna* posee un sistema de elementos transponibles que es responsable para una gama de mutaciones que modifican la morfología de las hojas, tallos y flores, se estima que aproximadamente el 49.5 % del genoma corresponde a elementos repetitivos de los cuales 39.2 % son elementos transponibles (TE), 4 % de repeticiones de secuencias simples (SSR) y 5.7 % de secuencias de baja complejidad no identificadas (Lonardi *et al.*, 2019). Además el frijol *Vigna* contiene dos secuencias repetitivas (pVuKB1 y pVuKB2), ambas son secuencias centroméricas que se encuentran en todos los cromosomas, hibridan en todas las regiones centroméricas y por lo tanto se consideran secuencias únicas para la especie (Galasso *et al.*, 1995; Ishii *et al.*, 2020). También posee un locus de rasgo cuantitativo (QTL) descubierto recientemente, se relaciona con el aumento de tamaño en diferentes órganos de la planta, tales como, la longitud de la vaina, tamaño de la grano, longitud y ancho de la hoja, dicha secuencia se encuentra en el cromosoma Vu8 y tiene una longitud de 2.21 Mb conteniendo 313 genes; estos genes contribuyen a la plasticidad y resistencia del frijol *Vigna* a diferentes factores tanto bióticos como abióticos (Lo *et al.*, 2018).

1.2.3 Resistencia a plagas y a factores ambientales

La resistencia a las diferentes plagas es un factor de importancia en todo el mundo, puesto que las pérdidas económicas suelen ser cuantiosas para los productores de cualquier tipo de cultivo; para el caso del frijol *Vigna* hoy en día existen diferentes líneas que poseen resistencia a plagas y enfermedades (Huynh *et al.*, 2019). Se ha determinado que la variedad local en Burkina Faso de *Vigna unguiculata* puede ser resistente a *Striga gesnerioides*, una planta que parasita este y otros cultivos. Los principales síntomas son la clorosis de la vaina, el crecimiento reducido y finalmente la clorosis y marchitamiento del follaje (Ouédraogo *et al.*, 2002). También se ha comprobado que presenta resistencia a *Macrophomina phaseolina*, un hongo fitopatógeno que causa la pudrición del tallo y de la raíz debido al crecimiento de hifas en la red fibrovascular de las raíces y los entrenudos basales, impidiendo de esta manera el transporte de agua y nutrientes a las partes superiores de la planta ocasionando la muerte prematura de las plantas (Muchero *et al.*, 2011).

Por otro lado, el calentamiento global representa una fuerte amenaza para los diferentes cultivos, ya que este fenómeno genera cambios extremos como altas temperaturas y bajas precipitaciones ocasionando sequías (Nicholls *et al.*, 2019); en este sentido, la prioridad es encontrar colectas de *Vigna* que tengan como rasgo característico la resistencia a altas temperaturas y a plagas, al mismo tiempo tengan un alto rendimiento. Una de las variedades con estas características es el ojo negro de California además de ser tolerante al marchitamiento de *Fusarium oxysporum*; también con una buena calidad de grano tanto física como química (Lucas *et al.*, 2013; Pottorff *et al.*, 2014).

1.2.4 Propiedades nutricionales

El frijol *Vigna* contiene un alto valor nutricional, el contenido de proteína esta alrededor del 22 %, los carbohidratos al 66.3 %, grasa 1.3 %, fibra con 1.64 % (Vega, 2018), mientras que el contenido de hierro es de 7.7 mg 100 g⁻¹ de peso seco (Pereira *et al.*, 2016). Tiene una alta capacidad antioxidante debido a su alto contenido de zinc y hierro, por lo que es capaz de inhibir los efectos adversos del estrés oxidativo ocasionados por los diferentes radicales libres (Guillén-Molina *et al.*, 2016).

1.2.5 Ecología

La temperatura óptima para el desarrollo del cultivo oscila entre 10 °C y 27 °C. La semilla del frijol *Vigna* debe sembrarse en suelos de textura ligera y bien drenados, la necesidad hídrica para el cultivo se sitúa en los parámetros óptimos entre 250 y 300 mm, una disminución en estos parámetros ha demostrado un lento crecimiento y una disminución en el contenido de clorofila (Párraga *et al.*, 2020; Cardona *et al.*, 2020a). Mientras que el pH óptimo para el cultivo de frijol *Vigna* fluctúa entre 6.5 y 7.5, dentro de estos límites la mayoría de los elementos nutritivos del suelo presenta su máxima disponibilidad, no obstante, se comportan bien en suelos que tienen un pH entre 4.5 y 5.5 (Guillén-Molina *et al.*, 2016).

Por otra parte, el fotoperiodo óptimo para el desarrollo de la planta fluctúa entre las 10 a las 14 horas, y se refleja en el número de días a floración, altura de la planta y el peso del grano (Lazo, 2019). La humedad relativa mínima promedio es de alrededor del 45 %, esto con una velocidad del viento de suave a moderado de 2 m s⁻¹ (Párraga *et al.*, 2020a). Al igual que otras leguminosas, el frijol *Vigna* tienen como característica la fijación de nitrógeno atmosférico a nivel de suelo, esto gracias a la proliferación de bacterias del género *Rhizobium*

y *Bradyrhizobium* (Simbine *et al.*, 2021) que se establecen en las raíces formando nódulos en la planta. Al respecto, se estima que la fijación de nitrógeno proporcionada por estos microorganismos es del 60 % del requerimiento total de la planta y llega a tener un aporte de hasta 200 kg de N ha⁻¹ al año, por lo que se considera un factor útil en la rotación de cultivos para la recuperación de nitrógeno en el suelo (Nyemba *et al.*, 2010).

1.2.6 Cultivo a nivel mundial

La producción anual global de *V. unguiculata* para 2019 se incrementó en 1.33 % respecto a la producción anual global reportada para 2018, pasando de 8.78 millones de toneladas a 8.90 millones de toneladas, con aproximadamente 14.5 millones de hectáreas sembradas (FAOSTAT, 2019a; Xiong *et al.*, 2016). Según datos de la FAOSTAT, para el año 2019 el total de superficie cultivada a nivel mundial distribuida en 40 países fue de 14,447,336 ha. Con un rendimiento promedio de 0.60 t ha⁻¹ y una producción total de 8,903,329 t. Así mismo el país con mayor producción a nivel mundial corresponde a Nigeria con una producción total de 2,606.912 t y Hungría corresponde al menor productor a nivel mundial con una producción total de 5 t (FAOSTAT, 2019a).

Tanto en Asia como en África, los granos son consumidos solos o en combinación con cereales. También es fuente de alimentación para animales como rumiantes debido a su alta digestibilidad en temporada de sequía en muchos países asiáticos y de todo el mundo (Iqbala *et al.*, 2018).

1.2.7 Cultivo en México

En México se cultiva principalmente en los estados de Campeche, Quintana Roo, y Yucatán (Figura 1), con una producción total de 964.67 t, siendo

Yucatán la Entidad Federativa que reporta la mayor producción a nivel nacional con 882.47 kg (SIAP, 2019a). Pero, se sabe que este cultivo también se produce en otros estados de la República Mexicana como Tabasco, Chiapas, Oaxaca, Veracruz y Guerrero, siendo una importante fuente de nutrición en las poblaciones rurales (Lopez *et al.*, 2018; Barrios *et al.*, 2016; Estrada-Domínguez *et al.*, 2018; Lagunes-Espinoza *et al.*, 2008), en los estados de Tamaulipas, Sinaloa y Sonora se consume principalmente en ejote y también se usa como forraje (Ramírez *et al.*, 2017).

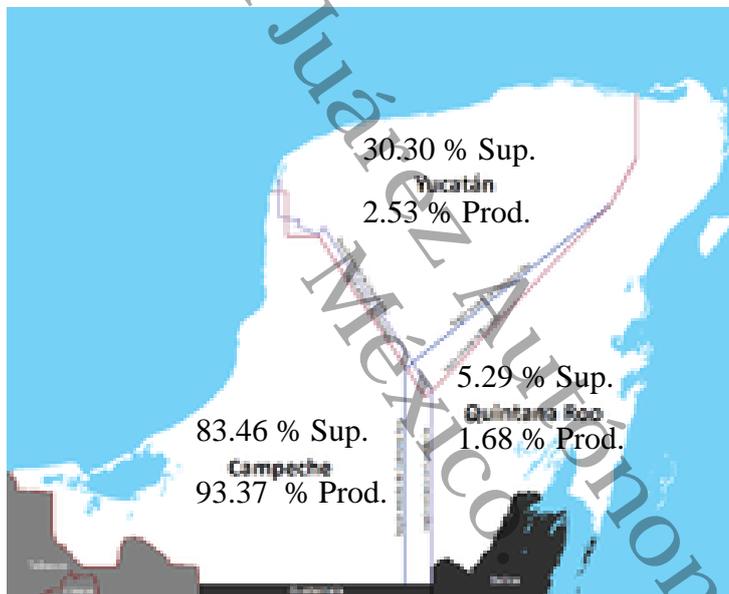


Figura 1. Valor del porcentaje de producción y superficie cultivada de *Vigna* en los estados de Campeche, Quintana Roo y Yucatán (SIAP, 2019a).

1.3 Generalidades del frijol arroz (*Vigna umbellata* (Thunb.) Ohwi & Ohashi)

1.3.1 *Vigna umbellata* (Thunb.) Ohwi & Ohashi

El subgénero *Ceratotropis* tiene 21 especies de leguminosas, dentro de las cuales seis de ellas son las más cultivadas (Isemura *et al.*, 2010). En este sentido, *V. umbellata* es una de las cuatro especies de importancia económica

en los países asiáticos. Se cultiva ampliamente en Corea, Japón, India y China, así como en las regiones tropicales de todos los continentes (Rajerison, 2006). El frijol arroz se ha considerado como cultivo de seguridad alimentaria para los pequeños productores del sudeste de Asia debido a la resistencia que posee a condiciones bióticas y abióticas adversas, como la sequía, acidificación del suelo, plagas y patógenos (Pattanayak *et al.*, 2019).

Se sabe que el área de siembra y la producción de este cultivo están en declive puesto que se ha optado por la introducción de cultivos de alto rendimiento como el maíz (*Zea mays*), la soya (*Glicine max*), garbanzo (*Ciser arietinum*) y el frijol común (*Phaseolus vulgaris*) entre otras especies (Dahipahle *et al.*, 2017).

1.3.2 Centro de origen

Su centro de origen y domesticación de la especie es Asia, de las regiones de India y China, se cree que se domesticó en la región de Myanmar-Tailandia (Delgado-Salinas *et al.*, 2011; langrai *et al.*, 2017). El frijol arroz se cultiva principalmente en Nepal, Bután, Corea, India, Myanmar, China, Tailandia, Laos, Vietnam, Japón e Indonesia. Sin embargo, presenta un patrón de distribución amplio a nivel mundial lo que indica un elevado polimorfismo adaptativo a las diferentes variaciones climáticas que van desde subtropicales húmedas a climas templados y templados fríos (Figura 2).



Figura 2. Distribución de *Vigna umbellata* (Thunb.) Ohwi & Ohashi (frijol arroz) (Katoch, 2013).

1.3.3 Propiedades nutricionales

El frijol arroz (*Vigna umbellata* (Thunb.) Ohwi & Ohashi) se caracteriza por ser altamente nutritivo, contiene de 17.5 a 22.89 % de proteína, 2.2 % de grasa, 59.72 % de carbohidratos, 3.59 % de ceniza y 11.61 % de fibra, en cuanto a su contenido mineral en los granos cocidas se registran valores de 63.87 mg 100 g⁻¹ de calcio, 1.366 mg 100 g⁻¹ de hierro y 56.36 mg 100 g⁻¹ de sodio (García-Alanís *et al.*, 2019) (Cuadro1); también es un grano rico en componentes del complejo B como tiamina, ribloflavina y niacina (Sritongtae *et al.*, 2017). El contenido de rafinosa, estaquiosa y verbascosa oscila de 0.32 a 0.91 %, 0.95 a 1.98 % y de 1.4 a 2.58 %, respectivamente (Malhotra *et al.*, 1988).

Cuadro 1. Contenido de minerales de los granos de frijol cocido *V. umbellata* (Thunb.) (García-Alanís *et al.*, 2019).

Mineral	Grano de frijol cocido
Calcio	63.8767 mg/100 g \pm 0.37*
Hierro	1.3667 mg/100 g \pm 0.05
Sodio	56.3667 mg/100 g \pm 6.00

*Media \pm Desviación estándar.

1.4 Variabilidad genética

La variabilidad genética se refiere a la variación en el material genético existente dentro y entre poblaciones de una especie. En una población o especie, entre más alelos contengan los genomas será existente una mayor variabilidad genética, cuando en una población el número de alelos en el genoma disminuyen se dice que hay poca variabilidad genética (Frankham, 2005). La variabilidad genética es la que proporciona eficacia biológica a la especie puesto que le permite la capacidad de adaptación a las diferentes condiciones ambientales. Por lo tanto, es un recurso biológico que conserva y mantiene a las especies a largo plazo (Martins *et al.*, 2018).

Las principales fuentes para la variabilidad genética son, recombinación, mutación, flujo genético y el tamaño de la población, es necesario que todos estos procesos estén presentes de manera adecuada, puesto que la ausencia de cada uno de ellos o su disminución generará una reducción inminente de la

variabilidad genética (Scholz *et al.*, 2016). Por lo que una población pequeña y aislada tiende más a la endogamia y reducirá su diversidad genética de manera inevitable, ya que la variabilidad está siendo obstruida por dos factores, tamaño de la población inapropiado y el flujo genético bloqueado por el aislamiento (Gilligan, 2001).

1.5 Marcadores morfológicos

Los marcadores morfológicos se pueden definir como las características fenotípicas en un organismo y que son de fácil identificación visual; aportan información que permiten diferenciar a los fenotipos pertenecientes a una colecta, accesión o colección (Chesnokov *et al.*, 2021). Estos se consideran de gran utilidad para la caracterización morfológica y contribuyen a las primeras versiones de los mapas genéticos (Da Costa *et al.*, 2020). Algunos marcadores morfológicos de interés son el color de la flor, tamaño de las ramas, altura de la planta, peso de 100 granos, longitud de la hoja, color del grano, densidad de grano, y los días a floración.

1.6 Marcadores morfológicos en *Vigna* spp.

Para la caracterización morfológica de *V. unguiculata* se han utilizado diversos marcadores morfológicos obtenidos a partir de los descriptores morfológicos con reconocimiento internacional. Dichos descriptores contienen un listado detallado de las diferentes variables morfológicas de esta especie así como el procedimiento para hacer la toma y registro de los datos como número de vainas por planta (NVP), número de granos por vaina (NSV), peso de grano (PS), días de floración (DF), longitud de las vainas (LV), granos por vaina (SV), peso de cien granos en gramos (PCIENS), longitud del grano (LS) (Aramendiz y

Espitia, 2017; Cardona-Ayala *et al.*, 2013). También, estos marcadores morfológicos se han utilizado en otras especies de *Vigna* (*V. umbellata*, *V. vexillata*, *V. pilosa*, *V. radiata*, *V. hainiana*, *V. aconitifolia*, *V. mungo*, entre otras), para medir y caracterizar la diversidad morfológica de las diferentes especies de *Vigna* con la finalidad de proponer o sugerir las que poseen características más valiosas para los programas de mejora (Bisht *et al.*, 2005).

1.7 Análisis de componentes principales

El análisis multivariado, como el análisis de componentes principales (ACP), es de gran utilidad para analizar una gran cantidad de variables de manera simultánea, dicho método se originó en 1901 por diversos trabajos realizados por Pearson, pero fue Hotelling (1933) quien fortaleció su uso para representar un modelo lineal con un conjunto de variables mediante un número mínimo de variables denominadas componentes principales. Este método explica las fuentes de variabilidad y reduce la dimensionalidad de los datos, puesto que transforma la información multidimensional en unas pocas variables que explican la gran mayoría de las fluctuaciones de las variables que originalmente se utilizaron (Mesa-Ramos *et al.*, 2018).

Cada componente contiene información de todas las variables en diferentes proporciones, el primer componente es el que contiene la mayor cantidad de información respecto a los siguientes componentes que se generen los cuales van capturando la información restante que sucesivamente van dejando (Husson *et al.*, 2017). Abdi y Williams (2010) da un ejemplo de los autovalores y porcentaje de inercia que se explica en cada componente (Cuadro 2).

Cuadro 2. Autovalores y porcentaje de inercia explicada por cada componente (Abdi y Williams, 2010).

Componente	Autovalores	Acumulado autovalores	Porcentaje de inercia	Porcentaje acumulado
1	392	392	83.29	83.29
2	52	444	11.71	100.00

1.7.1 Representación gráfica e interpretación de los componentes principales

Los resultados obtenidos por al ACP se grafican sobre ejes cartesianos que representan a los componentes y pueden delimitar un espacio bi o tridimensional según sea el número de componentes que se utilicen respectivamente (Jolliffe y Cadima, 2016). Las unidades experimentales se ubican dentro de la delimitación de los ejes que representan a los componentes, esto dependerá del valor de sus coordenadas (Apodaca y Crisci, 2020).

II. PLANTEAMIENTO DEL PROBLEMA

La mayoría de los monocultivos sufren drásticamente una reducción de la variabilidad genética (Infante *et al.*, 1991), así mismo el conocimiento de la variabilidad genética es un recurso valioso para mantener la supervivencia de las especies, dado que el centro de origen del género *Vigna* es Asia y África, la variabilidad genética de esta planta en México podría ser baja por lo que sería necesario hacer uso del germoplasma. Las plantas de frijol *Vigna* se cultivan en los estados Campeche, Quintana Roo, Tabasco y Yucatán (SIAP, 2019a), donde se ha observado diferentes morfotipos, sin embargo, se desconoce si son genotipos diferentes o solo son originados por condiciones ambientales, ya que no hay un plan de manejo respecto a la variabilidad, aunado a pocos estudios enfocados en evaluar los recursos genéticos de la especie (Delgado-Salinas, 2011).

Cabe destacar que el frijol del género *Vigna* a pesar de tener alto valor nutricional y rendimiento es poco cultivado y comercializado por los productores, sin embargo, podría ser una alternativa de cultivo en situaciones de sequía (Díaz y Ortégón, 2000), salinidad, acidez y alcalinidad del suelo, así como a plagas y enfermedades, en contraparte con el frijol común (*Phaseolus vulgaris* L.), que es altamente susceptible a las condiciones climáticas extremas (Guillén-Molina *et al.*, 2016).

III. JUSTIFICACIÓN

A demás de la importancia alimenticia, el frijol del género *Vigna* posee una alta capacidad adaptativa a las condiciones semiáridas (Aramendiz y Espitia, 2017), la investigación genética de *Vigna unguiculata* (L.) Walp se ha quedado rezagada con respecto a otras especies como el frijol común (*Phaseolus vulgaris* L.) y la soya (*Glicine max* L.) (Chen *et al.*, 2017). La variabilidad genética y morfológica de *Vigna* spp. se desconoce para las entidades de Tabasco, Chiapas, Veracruz, Yucatán y Campeche, por lo que es necesario tener un referente del estado actual de estos factores de la especie, por su alto valor nutricional representa una alternativa complementaria de alimentación, tanto para humanos como para animales ya que estos pueden consumir la planta en forma de forraje (Rerkasem *et al.*, 1988).

Los estudios para la caracterización de la variabilidad genética y morfológica dentro y entre las poblaciones tienen como principal importancia tener fundamentada la base para el mejoramiento genético (Barraza-Morales, 2006), así mismo se podría proponer la colecta con mayor variabilidad genética como la más apta para el uso de germoplasma, puesto que se requiere variación genética para el mejoramiento de los cultivos (Kolade *et al.*, 2016).

IV. OBJETIVOS E HIPÓTESIS

4.1 Objetivo general

Analizar la variabilidad genética y morfológica de colectas de frijol *Vigna* spp. provenientes de los estados de Veracruz, Chiapas, Tabasco, Campeche y Yucatán, México.

4.2 Objetivos específicos

- Identificar las variables morfológicas que explican la variabilidad fenotípica de las colectas de *Vigna* spp.
- Cuantificar por medio de caracteres morfológicos la variabilidad genética de colectas de *Vigna* spp.
- Identificar los caracteres morfológicos que poseen mayor grado de heredabilidad en las colectas de *Vigna* spp.

4.3 Hipótesis

Las colectas de *Vigna* spp., presentarán heredabilidad genética y variabilidad morfológica, estos valores serán amplios y presentarán diferentes unidades de variabilidad genética.

V. MATERIALES Y MÉTODOS

5.1 Descripción del área de estudio

La investigación se realizó en la División Académica de Ciencias Agropecuarias de la Universidad Juárez Autónoma de Tabasco, ubicada en el municipio de Centro, Tabasco, México; a los 17° 46' 56" de Longitud Norte y los 92° 57' 28" de Latitud Oeste, a una altitud de 21 msnm. El sistema protegido es de tipo Megavent de 200 m², con cubierta lateral de malla antiáfidos y malla Grown Cover para impedir el crecimiento de malezas.

5.2 Colecta de semilla

Las semillas se colectaron en los estados de Tabasco, Chiapas, Campeche, Yucatán y Veracruz. En el estado de Chiapas las colectas se realizaron en los municipios de Cintalapa, Ixtacomitán, Pichucalco, Raudales, y Tila. En tanto que en el estado de Tabasco se colectó en los municipios de Centro, Comalcalco, Cunduacán, Jalapa, Huimanguillo y Tacotalpa. Las colectas del estado de Campeche pertenecen al municipio de Palizada y la del estado de Yucatán al municipio de Peto. Mientras que del estado de Veracruz fueron cuatro colectas provenientes del municipio de Huatusco, para tener en total 30 colectas que pertenecen al género *Vigna* que se enlistan en el Cuadro 3.

Cuadro 3. Listado de 30 Colectas de *Vigna* spp. Analizadas en esta investigación.

Morfotipo	Municipio	Entidad	Identificador
	Peto	Yucatán	YCpet-18
Arroz	Tila	Chiapas	CHtil-22
	Tacotalpa	Tabasco	TBtac-23
Café	Tila	Chiapas	CHtil-28
	Tila	Chiapas	CHtil-29
Café rallado	Pichucalco	Chiapas	CHpic-33
Cebra	Huatusco	Veracruz	VRhut-36
	Huimanguillo	Tabasco	TBhui-13
Claro ojo café	Pichucalco	Chiapas	CHpic-14
	Centro	Tabasco	TBixt-15
	Jalapa	Tabasco	TBjal-16
	Huimanguillo	Tabasco	TBhui-12
Claro ojo negro	Palizada	Campeche	CMpal-09
	Cunduacán	Tabasco	TBcun-10
	Nacajuca	Tabasco	TBnac-11
	Huatusco	Veracruz	VRhut-34
Naranja	Cintalapa	Chiapas	CHcin-25
	Huimanguillo	Tabasco	TBhui-26
	Tacotalpa	Tabasco	TBtac-27
Negro	Ixtacomitán	Chiapas	CHixt-03
	Centro	Tabasco	TBixt-04
	Peto	Yucatán	YCpet-06

	Comalcalco	Tabasco	TBcom-05
	Huatusco	Veracruz	VRhut-20
	Palizada	Campeche	CMpal-07
	Huatusco	Veracruz	VRhut-35
Rojo	Ixtacomitán	Chiapas	CHixt-17
	Huimanguillo	Tabasco	TBhui-24
	Pichucalco	Chiapas	CHpic-32
Vaquita	Palizada	Campeche	CMpal-31

^a YCpet= Peto Yucatán, TBhui=Huimanguillo Tabasco, CHixt= Ixtacomitán Chiapas, CMpal=Palizada Campeche, CHpih= Pichucalco Chiapas, VRhut= Huatusco Veracruz, TBcom= Comalcalco Tabasco, TBtac= Tacotalpa Tabasco, TBixt= Tabasco Ixtacomitán (Centro), CHcin= Cintalapa Chiapas, TBnac= Nacajuca Tabasco, TBcun= Cunduacán Tabasco, TBjal= Jalapa Tabasco, CHtil= Tila Chiapas.

5.3 Establecimiento del cultivo

Para tener uniformidad en la germinación, las semillas se sumergieron en agua potable por 20 minutos, para luego sembrarlas en bolsas de polietileno negro de 30 cm de ancho por 35 cm de alto, llenas con sustrato inerte tepetzil (Márquez-Quiroz *et al.*, 2015). La distancia entre plantas fue de 60 por 60 cm, para tener una densidad de siembra de 27,777 plantas por hectárea. El cultivo se realizó de noviembre del 2019 a marzo del 2020; durante el ciclo de cultivo se tuvo una humedad de relativa de entre 80 y 94 %, y temperatura promedio de 31.5 °C.

5.4 Fertilización

Durante el ciclo del cultivo se fertilizó con la solución nutritiva de Hoagland y Arnon (1950), que contiene 14 mM NO_3^- , 1 mM de H_2PO_4^- , 4 mM de SO_4^{2-} , 6 mM de K^+ , 8 mM de Ca^{2+} y 4 mM de Mg^{2+} . Para suministrar los microelementos se utilizó el producto TradeCorp AZ[®] que contiene hierro-EDTA 7.5 % p/p, manganeso-EDTA 3.4 % p/p, zinc-EDTA 0.7 % p/p, boro 0.68 % p/p, cobre-EDTA 0.28 % p/p y molibdeno 0.26 % p/p.

El pH se ajustó a 6 con ácido sulfúrico, la solución nutritiva se aplicó de forma manual, aportando 250 mL los primeros 20 días después de la germinación, para posteriormente aplicar 500 mL por planta/día.

5.5 Caracterización morfológica

La caracterización morfológica de las colectas se llevó a cabo mediante la cuantificación de 13 descriptores para frijol *Vigna* (caupí) del IBPGR (1983), los cuales fueron: número de ramas principales, número de nudos en el tallo principal, tiempo de floración, número de racimos por planta, número de vainas por racimo, número de vainas por planta, largo de granos, color de la flor, textura de los granos, longitud de la vaina, hábito de crecimiento, curvatura de la vaina, susceptibilidad a plagas y color de la vaina, la forma de medición de cada una de las variables se muestra en el Cuadro 4.

Cuadro 4. Descriptores usados en la caracterización morfológica de 30 colectas de *Vigna* spp. provenientes de los estados de Tabasco, Chiapas, Yucatán, Veracruz y Campeche. México.

Variable	Abreviatura	Medición
Número de nudos en el tallo principal	NNTP	Unidad
Días a floración	DF	Unidad
Número de ramas por planta	NRP	Unidad
Número de vainas por racimo	NVR	Unidad
Número de vainas por planta	NVP	Unidad
Color de la flor	CF	1= Blanco, 2= Violeta, 3=Malva Rosa, 4=Otro
Textura de grano	TS	1= Suave, 3= Suave áspero, 5=Rugoso, 7=Áspero arrugado, 9 Arrugado (Pliegues gruesos).
Hábito de crecimiento	HC	1=Erecto agudo, 2=Erecto, 3= Semierecto, 4=Postrado.
Color de la vaina	COLV	1=Café claro, 2= Café oscuro, 3= Marrón, 4=Negro o púrpura.
Curvatura de la vaina	CV	0=Recta, 3= Ligeramente curvada, 5=Curvada 7=Enroscada.

Longitud de la vaina	LV	Centímetros
Susceptibilidad a plagas	SUSPLAG	3=baja, 5=Media, 7=Alta
Longitud del grano	LS	Milímetros

Fuente: IBPGR (1983).

5.6 Análisis de datos

Con los datos obtenidos de los caracteres morfológicos se calcularon los estadísticos simples de media, moda, mediana y desviación estándar, también se realizó un análisis de componentes principales (ACP) (Hotelling, 1933), para determinar cuál de las variables fenotípicas son las que más contribuyen a la variabilidad morfológica. También se realizó un análisis de conglomerados (AC), conocido como análisis de clúster, mediante el método de Ward o método de mínima varianza, que define la distancia entre dos grupos como la suma de la suma de los cuadrados. Aunado a lo anterior se determinó la varianza fenotípica (σ^2P), genética (σ^2G), varianza ambiental (σ^2E), heredabilidad en sentido amplio (H^2), coeficiente de variación genética (CVG) y el coeficiente de variación fenotípica (CVP), por lo que se realizó un análisis de varianza (ANOVA) para cada una de las variables. Además de un análisis de comparación de medias a través de la prueba de Tukey a un $\alpha=0.05$; todos los análisis fueron realizados con el paquete estadístico SAS® versión 9.4 para Windows.

La estimación de la varianza genética (σ^2G) y la varianza ambiental (σ^2E) se determinó por el método de la esperanza de los cuadrados medios de los componentes de varianza (Barriga *et al.*, 1983), que son los cuadrados medios del error (CMD) y los cuadrados medios de las observaciones (CME), en donde la varianza ambiental es equivalente al cuadrado medio del error (CMD) y la varianza genética se calculó a partir de la siguiente fórmula: $\sigma^2G = CME - \sigma^2E / R$, en donde R= al número repeticiones. Para el cálculo de la heredabilidad en sentido amplio (H^2) se llevó a cabo por medio de la relación de la desviación estándar genética (σG) y la desviación estándar fenotípica (σP), el CVG y CVP se calcularon por el cociente entre su respectiva desviación estándar y la media de cada variable multiplicada por 100 (Badiali *et al.*, 1995).

VI. RESULTADOS Y DISCUSIÓN

6.1 Análisis de varianza (ANOVA)

El análisis de varianza (ANOVA) se realizó solo para las variables cuantitativas, por lo que se excluyeron las variables cualitativas. El ANOVA mostró diferencias altamente significativas para cada una de las variables analizadas (Cuadro 5). En este sentido, el ANOVA para la variable longitud de vaina (LV) reveló diferencias significativas entre las diferentes colectas ($F=26.60$, $P < 0.001$), siendo la colecta VRhut-35 la que presentó el valor más elevado y TBtac-23 el menor valor, estos valores son contrastantes con lo reportado en otros estudios donde se reportan valores que oscilan de 9.2 a 20.1 cm (Pasquet, 1998; Guillén-Molina *et al.*, 2016; Lo *et al.*, 2019). Por lo que es importante resaltar que la variable LV es de importancia agronómica ya que las vainas de mayor longitud poseen mayor número de granos y peso, lo que se correlaciona con el rendimiento (Ayón *et al.*, 2017). Por lo que las colectas de mayor tamaño de vaina se podrían utilizar como progenitores que aporten mayor tamaño de vaina en un programa de mejoramiento genético.

Por otra parte, se encontró diferencia significativa entre las colectas ($F=3.31$, $P=0.001$) para la variable número de ramas por planta (RPP), presentando el mayor valor la colecta CHpic-14, y el menor valor la colecta CHixt-03. Esta variable también es de importancia agronómica cuando el número de plantas establecidas en el campo es bajo (Pablo *et al.* 2018), por lo que sobresale la colecta Chpic-14 con el mayor número de RPP. Para la variable número de nudos por planta (NNP) también se encontraron diferencias significativas ($F=15.09$, $P= 0.0001$), presentando la colecta TBcun-10 el mayor valor, mientras que CHixt-03 tuvo el menor valor, con valor medio de 14.6 nudos por planta, lo cual es 53.6 % superior al valor de 9.5 nudos reportado por Singh *et al.*, (2017).

Para el número de vainas por planta (VP) se tuvieron efectos significativos ($F=7.31$, $P=0.0001$), presentando la colecta TBixt-15 el mayor valor con promedio de nueve vainas por planta, mientras que la colecta CHixt-17 presentó la menor cantidad de vainas por planta (2.60), con media general de 5.46 vainas por planta. Para la variable longitud de grano (LS) se tuvieron diferencias significativas ($F=10.95$, $P=0.000$), presentando los granos con mayor longitud la colecta TBhui-24 con 9.60 mm y los de menor longitud la colecta CHpic-32 con 5.5 mm, valores que se encuentran dentro del rango de 4.6 a 11.8 mm reportados en la literatura (Pasquet, 1998; Kabas *et al.*, 2007). Mientras que el promedio entre las diferentes colectas fue de 7.54 mm, siendo este valor superior a lo reportado por Morales-Morales *et al.* (2019), por lo que las colectas de mayor tamaño son de interés, debido a que esta variable se encuentra relacionada con el rendimiento (Vizcarra y Huallpartupa, 2014).

Cuadro 5. Variables morfológicas de 30 colectas de *Vigna* spp. Medias con letras iguales dentro de cada columna no son significativamente diferentes según la prueba de Tukey ($P > 0.05$).

Colecta	LV (cm)	RPP	NPP	VPP	LS (mm)
CHixt-3	17.88 ^{defg}	6.71 ^c	5.88 ^g	6.8 ^{abcd}	5.75 ^{hi}
TBixt-4	17.88 ^{defgh}	9.20 ^{bc}	22.0 ^{ab}	5.6 ^{bcdef}	8.0 ^{cde}
TBcom-5	17.67 ^{efghi}	10.89 ^{bc}	18.40 ^{bcd}	6.5 ^{abcd}	7.95 ^{cde}
YCpet-6	17.67 ^{efghi}	8.70 ^{bc}	18.67 ^{bcd}	5.2 ^{bcdef}	7.90 ^{cde}
CMpal-7	16.30 ^{fghijk}	12.0 ^{abc}	9.86 ^{efg}	5.1 ^{bcdef}	7.30 ^{defg}
CMpal-9	15.57 ^{ghijk}	7.17 ^c	13.67 ^{cdefg}	6.1 ^{abcde}	9.26 ^{ab}
TBcun-10	20.02 ^{bcde}	7.70 ^{bc}	28.17 ^a	8.0 ^{ab}	7.35 ^{def}
TBnac-11	15.83 ^{ghijk}	10.86 ^{bc}	15.83 ^{bcde}	5.0 ^{bcdef}	7.85 ^{cde}
TBhui-12	14.65 ^{hijkl}	12.50 ^{abc}	13.50 ^{cdefg}	5.3 ^{bcdef}	7.60 ^{de}
TBhui-13	20.95 ^{bcd}	13.67 ^{abc}	11.17 ^{defg}	6.4 ^{abcde}	7.85 ^{cde}
CHpic-14	13.5 ^{kl}	19.0 ^a	15.20 ^{bcdef}	4.9 ^{cdef}	6.11 ^{ghi}

TBixt-15	19.25 ^{cdef}	9.0 ^{bc}	26.80 ^a	9.0 ^a	7.30 ^{defg}
TBjal-16	22.66 ^b	10.30 ^{bc}	27.80 ^a	7.4 ^{abc}	8.30 ^{bcd}
CHixt-17	15.86 ^{ghijk}	11.30 ^{bc}	18.67 ^{bcd}	2.6 ^f	6.0 ^{hi}
YGpet-18	7.99 ^m	7.40 ^{bc}	11.50 ^{fgh}	6.5 ^{abcde}	6.3 ^{ghij}
VRhut-20	12.37 ^l	12.0 ^{abc}	10.0 ^{efg}	6.4 ^{abcde}	7.33 ^{def}
CHtil-22	8.15 ^m	8.20 ^{bc}	11.20 ^{defgh}	5.7 ^{bcdef}	6.25 ^{ghij}
TBtac-23	7.96 ^m	8.40 ^{bc}	13.40 ^{defgh}	5.4 ^{bcdef}	6.45 ^{ghij}
TBhui-24	21.25 ^{bc}	10.70 ^{bc}	15.0 ^{bcdef}	3.8 ^{def}	9.60 ^a
CHcin-25	17.70 ^{efghi}	11.88 ^c	16.40 ^{bcde}	4.63 ^{cdef}	9.40 ^{ab}
TBhui-26	16.69 ^{ghij}	7.60 ^{bc}	10.0 ^{efg}	5.5 ^{bcdef}	6.90 ^{efgh}
TBtac-27	19.10 ^{cdef}	12.40 ^{abc}	10.20 ^{efg}	4.67 ^{cdef}	7.70 ^{de}
CHtil-28	15.42 ^{ghijkl}	12.25 ^{abc}	11.25 ^{defg}	5.0 ^{b^{cdef}}	6.95 ^{efgh}
CHtil-29	15.75 ^{ghijk}	11.60 ^{bc}	12.0 ^{defg}	5.2 ^{bcdef}	7.45 ^{def}
CMpal-31	16.94 ^{efghi}	13.0 ^{abc}	11.0 ^{defg}	6.2 ^{abcde}	6.95 ^{efgh}
CHpic-32	21.50 ^{bc}	8.0 ^{bc}	6.38 ^g	4.57 ^{cdef}	5.55 ⁱ
CHpic-33	14.62 ^{ijkl}	11.67 ^{bc}	7.67 ^{fg}	4.0 ^{def}	8.35 ^{bcd}
VRhut-34	18.54 ^{cdefg}	8.33 ^{bc}	14.60 ^{bcdef}	3.44 ^{ef}	7.55 ^{de}
VRhut-35	34.59 ^a	10.17 ^{bc}	11.80 ^{defg}	2.67 ^f	9.05 ^{abc}
VRhut-36	13.75 ^{ijkl}	14.67 ^{ab}	20.20 ^{abcd}	6.22 ^{abcde}	6.30 ^{fghi}

LV = Longitud de vaina; RPP= Ramas por planta; NPP= Número de nudos por planta; VP= Vainas por planta; LS = Longitud de grano, los valores en negrita representan el valor promedio mínimo y máximo.

6.2 Análisis de Componentes Principales (ACP)

El análisis de componentes principales (ACP), con 13 variables en las 30 colectas estudiadas, explicó el 52.48 % de la variación total explicada por los tres primeros componentes. Sin embargo, se sabe que al eliminar las variables que aportan poco o nada a la explicación, se mejora en forma general el ACP (Pla,1986; Castañón-Nájera *et al.*, 2008). Por lo tanto, se realizó un segundo ACP solo con las variables que mayormente aportaron variabilidad generando así dos componentes principales que explicaron el 61.84 % de la variabilidad total. Las variables que aportaron más a la variabilidad en el primer componente principal (CP1) fueron LV, NNTP, DF, NVP, CF, TS y CV. Por otra parte, las variables que aportaron más a la variabilidad en el segundo componente principal (CP2) fueron DF, NVP Y LV; con valor general para la prueba de Kaiser-Meyer-Olkin (KMO) de 0.6796 (Cuadro 6).

Cuadro 6. Prueba de Keiser-Meyer-Olkin.

Prueba de factorización							
Variable	NNTP	DF	NVP	LV	CF	TS	CV
KMO	0.803076	0.75085	0.481336	0.556748	0.684959	0.693164	0.83037

LV: Longitud de la vaina, NNTP: Nudos en el tallo principal, DF: Días a floración, NVP: Número de vainas por planta, CF: color de la flor, TS: Textura de grano y CV: curvatura de la vaina.

Lo anterior indica que la varianza común es suficiente para realizar el ACP, ya que el mínimo requerido es de 0.6 de acuerdo con (Apodaca y Crisci, 2020). Por lo que los primeros dos componentes explicaron el 61.84 % de la variabilidad morfológica total (Cuadro 7), además que de acuerdo con Keiser

(1960) estos dos primeros componentes principales presentaron valores significativos con autovalores superiores a uno como se observa en la Figura 3.

Cuadro 7. Componentes que se han extraído, valores propios mayores o iguales a 1.0. Juntos representan el 61.84 % (en negrita) de la variabilidad en los datos originales.

Componentes principales							
Componente	1	2	3	4	5	6	7
Autovalor	2.89936	1.42964	0.874406	0.59961	0.559581	0.366985	0.270414
% var.							
explicada	41.419	20.423	12.492	8.566	7.994	5.243	3.863
% var.							
acumulada	41.419	61.843	74.334	82.9	90.894	96.137	100

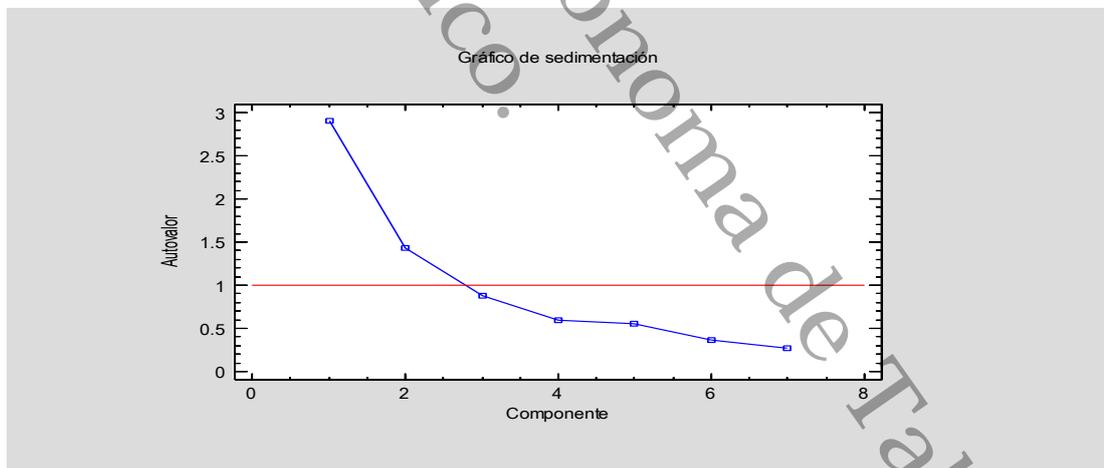


Figura 3. Gráfico de sedimentación de los componentes principales.

En la Figura 3 se presenta el gráfico de sedimentación de los autovalores de cada uno de los siete componentes principales, en el cual se observa que los autovalores son proporcionales al porcentaje de variabilidad en los datos

atribuibles a los componentes. Mismo que muestra una línea horizontal en el autovalor de 1.0, utilizado para decidir la extracción de dos primeros componentes.

El CP1 explicó el 41.4 % de la variación. Las variables que más aportaron a la variabilidad tomando en cuenta el criterio de Keiser (1960) fueron NNTP, DF, CF y CV (Cuadro 8). Mientras que el CP2 explicó el 20.42 % de la variabilidad acumulando el 61.84% y se relacionó principalmente con las variables NVP, LV y DF. Por lo que en conjunto estos dos componentes explicaron el 61.84 % de la variación total. Los días a floración (DF) es un rasgo considerado de los más importantes, ya que juega un papel significativo en la adaptación de múltiples áreas agroecológicas. Al respecto se observa que la variable DF representó el 18.36 % de la variación del componente uno. Al respecto, en la literatura se reportan entre 45.1 a 72.7 días para plantas establecidas en la fecha de siembra Primavera – Verano, y de 67 a 146 días para plantas establecidas en Otoño – Invierno (Pasquet, 1998).

Por otro lado, la variable color de la flor contribuyó con el 19.84 % de la variabilidad en el primer componente, lo que indica que las colectas que representan a dicho componente tienen como característica en común el color de la flor (Apodaca y Crisci, 2020). La variable curvatura de la vaina aportó el 16.89 % de la variación del componente uno, en tanto que la variable nudos por planta aportó el 16.74 % de la variación y el 28.17 % de la variabilidad restante fue aportado por las variables que no tuvieron una variabilidad alta (longitud de la vaina, vainas por planta y textura del grano) según el criterio de Keiser (1960), este componente se conforma principalmente de variables de flor, vaina y tallo.

Cuadro 8. Valores y vectores del componente principal (CP) con variables de planta, flor y fruto indicando el mayor valor descriptivo de 30 colectas frijol (*Vigna* spp.) provenientes de los estados de Tabasco, Chiapas, Campeche, Veracruz y Yucatán.

Variable	Autovectores	
	Componente 1	Componente 2
Número de nudos en el tallo	0.409568 †	0.23698
Días a floración	0.428453 †	0.342127 †
Número de vainas por planta	0.27546	0.627277 †
Longitud de la vaina	0.2945	0.601039 †
Color de la flor	0.445277 †	0.06437
Textura de grano	0.34483	0.26002
Curvatura de vaina	0.410973 †	0.01767

†Significativo según Keiser (1960).

La distribución de las colectas de *Vigna*, mediante los dos primeros componentes principales (CP1 Y CP2) se presenta en la Figura 5, donde se observan tres grupos. El primero estuvo formado por colectas que tienen características morfológicas que corresponden a la especie *Vigna umbellata* (Thunb.) Ohwi & Ohashi (Serrano-Estrada y Murguía-Romero, 2020). Las colectas que conformaron este grupo fueron TBtac-23, Chtil22 y YCpet18, sobresaliendo en el grupo las variables de color de la flor y días a floración.

Mientras que el segundo grupo presenta rasgos morfológicos que corresponden a la especie *Vigna unguiculata* (L.) Walp (Calderín *et al.*, 2000; Artilles y Matos 2004), formado por las colectas TBjal-16, TBcom-05, TBixt-04,

CHixt-03, TBhui-12, YCpet-06, VRhut-20, CMpal-07, CMpal-09, TBnac-11, TBhui-13, CHpic-14, VRhut-34, VRhut-36, CHixt-17, TBhui-24, CHcin-25, TBhui-26, TBtac-27, CHtil-28, CHtil-29, CMpal-31, CHpih-32, CHpih-33, TBixt-15 y TBcun-10. Las colectas de este grupo se caracterizaron por presentar altos valores en el número de nudos en el tallo principal, así como una combinación en las texturas de granos tanto lisas como rugosas y una vaina mayormente curvada.

Por otra parte, el tercer grupo se conformó con la colecta VRhut-35, presenta rasgos morfológicos que corresponden a la especie *Vigna unguiculata* (L.) Walp (Calderín *et al.*, 2000). Además de presentar la mayor longitud de la vaina.

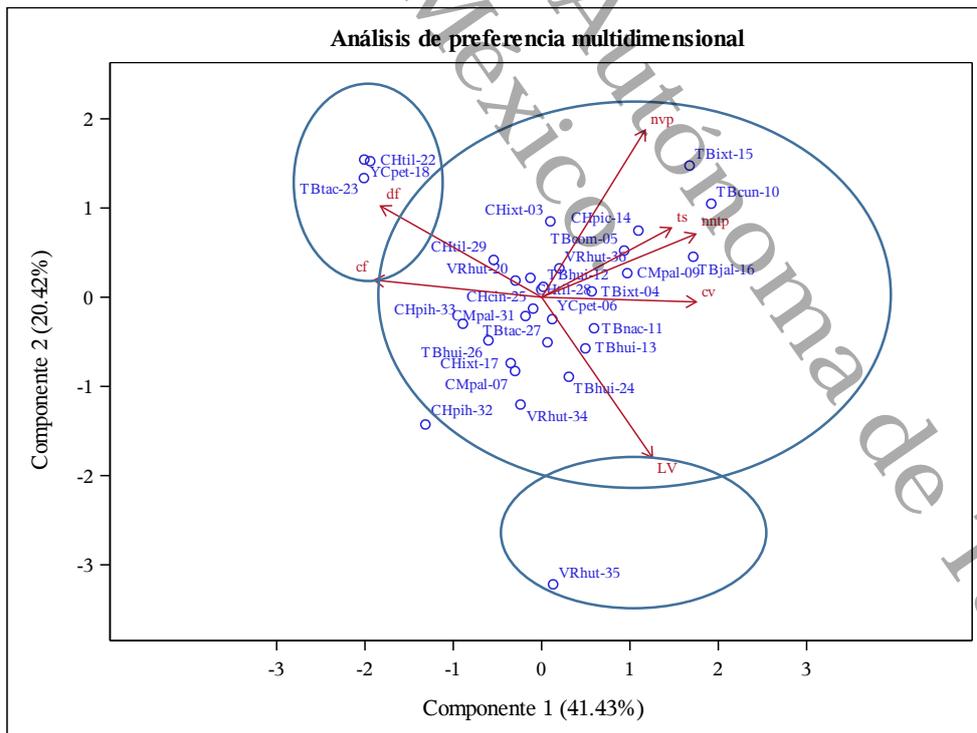


Figura 4. Gráfico bidimensional para el componente uno y dos. Distribución gráfica en donde se muestran las 30 colectas (en azul) de *Vigna* spp., así mismo

en rojo se representan las variables que componen a dichos grupos que están en los círculos.

6.3 Análisis de conglomerados

El análisis de conglomerados por medio del método de Ward y la distancia euclidiana agrupó a las 30 colectas en dos grupos morfológicamente distintos (Figura 5, conforme al R^2 semiparcial superior al 16 % y la pseudo F y t^2 significativas (SAS, 2009). El grupo 1 estuvo integrado por el 10 % de las colectas las cuales por sus características morfológicas se infiere que pertenecen a la especie *V. umbellata* (Thunb.) Ohwi & Ohashi, en el cual tenemos a TBtac-23= Tacotalpa Tabasco, Chtil= Tila Chiapas y finalmente YCpet= Peto Yucatán, ya que tiene una floración promedio de 84 días, vainas de longitud promedio de 8.03 cm, respectivamente. Al respecto, debido al bajo rendimiento y al elevado número de días a floración que presentó dicho grupo, no se podría recomendar como alternativa de producción a corto plazo.

El grupo 2 se formó por 27 colectas que por sus características morfológicas se infiere que pertenecen a la especie *V. unguiculata*, de acuerdo a los descriptores del IBPGR (1983). En este grupo se observan dos subgrupos a 0.16 unidades del R^2 semiparcial (Figura 5). El subgrupo II A contiene el 46.6 % de las colectas, de las cuales el 14.28 % corresponden al estado de Campeche, el 21.42 % al estado Chiapas, el 28.57 % a Tabasco, el 28.57 % al estado de Veracruz y el 7.14 % al estado de Yucatán. Las colectas dentro de este subgrupo presentan un promedio de 11.46 ramas por planta. Mientras que las colectas que se encuentran en el subgrupo son VRhut-35, TBhui-12, CMpal-31, VRhut-20, CMpal-07, CHpih-33, VRhut-36, YCpet-06, VRhut-34, TBhui-26, TBnac-11, CHixt-17, CHpih-32, TBhui-13, y CHPic-14. Sobresaliendo la colecta

CHpic-14 con 19 ramas por planta, lo que podría ser útil en bajas densidades de siembra (Pablo *et al.* 2018). También se caracteriza por presentar el menor tiempo de floración con 53 días en promedio, sin embargo, posee una longitud de vaina promedio de 13.5 cm, valor que se encuentra dentro de lo reportado por (Cardona-Ayala *et al.*, 2013).

Mientras que el subgrupo II B se formó de 13 colectas que equivalen al 43.33 % de las cuales el 53.84 % son pertenecientes al estado de Tabasco, el 38.46 % del estado de Chiapas y el 7.69 % del estado de Campeche, dichas colectas son CHpic14, TBjal-16, TBixt-15, TBcun-10, CHtil-29, CHcin-25, TBhui-24, CMPal-09, CHtil-28, TBtac-27, TBcom-5, TBixt-4 y CHixt-03. Este grupo se caracterizó por tener altos valores en el número de nudos en el tallo principal, mayor número de vainas por planta, longitud de vaina promedio y una textura de grano mayormente rugosa. Debido a estas características se podrían considerar estas colectas como altamente productivas (Ayón *et al.*, 2017) con respecto al resto de las colectas.

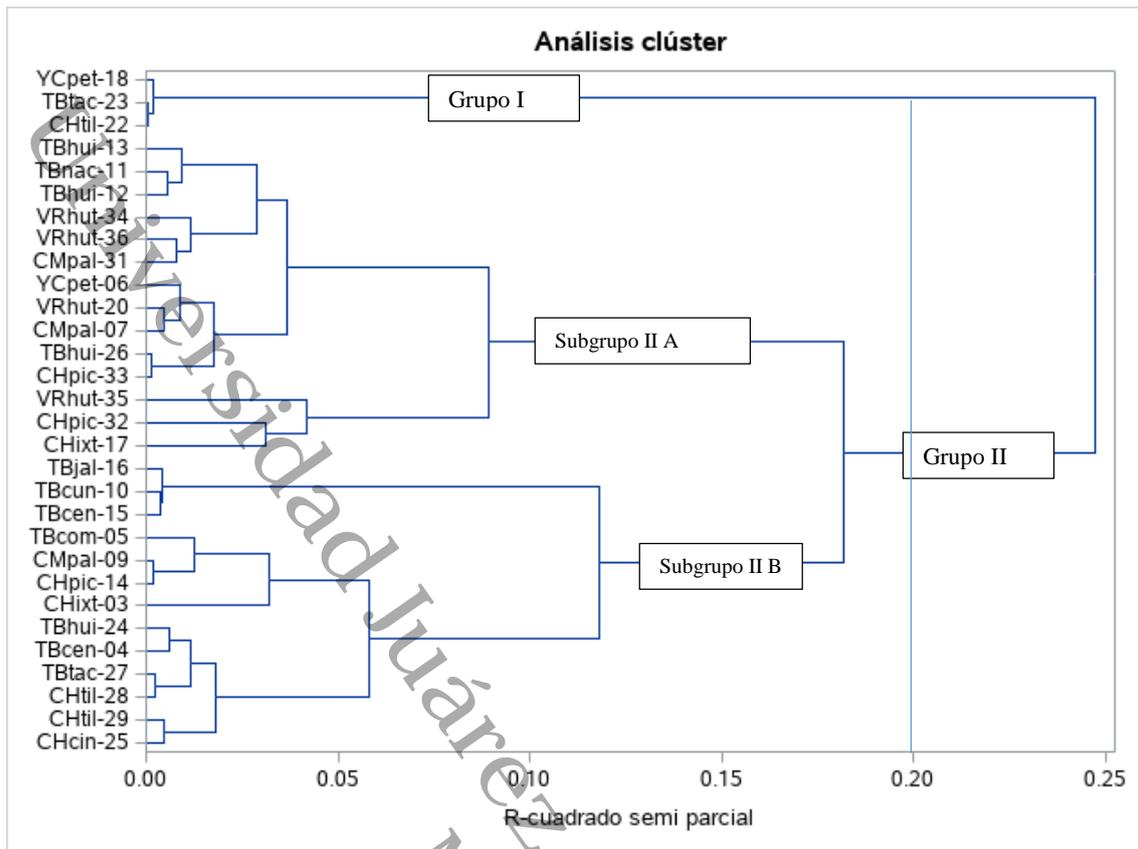


Figura 5. Dendrograma del análisis de agrupamientos con una distancia de corte de 0.20 conforme al R^2 semiparcial, generado por medio del método de Ward a partir de la distancia euclidiana, en donde se representan dos grupos conformados por las 30 colectas de *Vigna* spp.

6.4 Heredabilidad en sentido amplio y variabilidad genética

Las variables cuantitativas longitud de la vaina (LV), ramas por planta (RP), nudos por planta (NPP), longitud de grano (LS) y vainas por planta (VP) se utilizaron para determinar la varianza fenotípica (σ^2P), genética (σ^2G), varianza ambiental (σ^2E), heredabilidad en sentido amplio (H^2), coeficiente de variación genética (CVG) y el coeficiente de variación fenotípica (CVF) para determinar cuál es la varianza que prevalece en mayor proporción en las colectas evaluadas. Solo para las colectas de la especie *Vigna unguiculata* (L.) Walp se realizaron los cálculos de genética cuantitativa, debido a que las colectas de

Vigna umbellata (Thunb.) Ohwi & Ohashi presentaron valores superiores en los cuadrados medios del error respecto a los cuadrados medios del tratamiento, dando como resultado varianzas genéticas negativas, de acuerdo con Márquez (1988) se convierten en ceros.

Para el caso del CVF y CVG (Cuadro 9 se observa que la variabilidad genética presentó el mayor valor en la variable número de nudos por planta (NNP), y el menor valor la longitud de la vaina (LV) y vainas por planta (VP). Para la heredabilidad en sentido amplio de acuerdo con Stanfield (1971) ésta se considera alta cuando los valores son superiores a 0.5, heredabilidad media cuando están entre 0.20 a 0.50 y de heredabilidad baja cuando estos son inferiores a 0.20. Se encontró que la variable longitud de la vaina (LV) presentó el mayor valor, dicha variable está constituida por dos loci de rasgo cuantitativo (QTL), uno ubicado en el cromosoma Vu03 de una longitud de 84 Kb y el otro en Vu08 de 6,92 Kb, dichos QTL se denominaron como *CPodI3* y *CPodI8*, en *CPodI3* se encontraron nueve genes relacionados con la diferenciación celular en particular el gen *Vigun03g343500*, se sabe específicamente que en *Arabidopsis* regula dicho proceso; particularmente en *CPodI8* existen genes que codifican para factores involucrados en el metabolismo de carbohidratos como celulosas sintasas, UDP-glicosiltransferasas y pectinas liasas (Lo *et al.*, 2018).

La H^2 para el número de ramas por planta (NRP) indica que los factores ambientales influyen en casi la mitad de la expresión de este rasgo y que no puede transmitirse de forma fuerte de generación en generación, por lo que no se considera un factor para mejoramiento genético estable (Pérez *et al.*, 2020). Lo mismo ocurre con la variable número de vainas por planta (NVPP) que tuvo una H^2 del 48.8 %, valor que revela heredabilidad media, lo que indica que los componentes genéticos no controlan todas las respuestas de la expresión de

estos caracteres (Springer y Stupar, 2007). Las variables con heredabilidad alta o con valores superiores a 0.5 como lo fueron la longitud de vaina (LV), número de nudos por planta (NNP) y longitud de la semilla (LS) se consideran variables que tienen el potencial para ser heredadas en las siguientes generaciones ya que el factor ambiental no influye en más del 50 % en su expresión fenotípica, esto nos indica que estos caracteres tienen las mejores condiciones de ganancia genética inmediata (Pistorales *et al*; 2008).

México.

Universidad Juárez Autónoma de Tabasco.

Cuadro 9. Cuadrados medios del error y parámetros genéticos de *Vigna unguiculata* L. Walp.

CV%: Coeficiente de variación, CME: Cuadrados medios del error, VE: Varianza ambiental, Vg: Varianza genética, h²: Heredabilidad, CVG: Coeficiente de variación genética, CVE: Coeficiente de variación ambiental, Vf: Varianza fenotípica, CVF: Coeficiente de variación fenotípica, b: Índice de variabilidad.

	CV%	CME	VE	Vg	H ²	CVG	CVE	Vf	CVF	b
Longitud de vaina	11.43	172.04	3.44	17.45	83.54	5.00	10.00	20.89	47.32	0.50
Número de ramas por planta	23.63	31.35	9.55	3.25	25.41	16.50	28.42	12.80	32.91	0.58
Número de nudos por planta	16.33	163.35	16.52	29.37	64.01	36.37	27.27	192.72	93.17	1.33
Longitud del grano	14.02	10.13	0.57	1.06	65.07	13.54	9.92	1.63	16.78	1.37
Número de vainas por planta	24.24	20.20	2.64	2.51	48.68	28.75	29.52	5.15	0.41	0.97

VII. Conclusiones

El análisis de componentes principales y el de clúster permitió conocer la variabilidad existente en las 30 colectas. Las variables morfológicas evaluadas permitieron separar a las colectas en dos especies, 27 en la especie en *Vigna unguiculata* (L.) Walp y tres en *Vigna umbellata* (Thunb.) Ohwi & Ohashi. Las colectas TBjal-16, TBcun-10 y TBixt-15 del frijol *V. unguiculata* presentaron variabilidad en variables de planta, grano, y vaina, mientras que las colectas YCpet-18, TBtac-23 y CHtil-22, correspondientes al frijol *V. umbellata*, se caracterizaron por presentar alta variabilidad en los rasgos pertenecientes de flor. Los valores elevados de heredabilidad para la longitud de vaina, número de nudos por planta y longitud de grano muestran la posibilidad de mejorar dichos caracteres, pero la variable número de ramas por planta fue fuertemente influenciado por el factor ambiental por lo que podría ser mejorado por métodos intensivos de mejoramiento genético. La longitud de la vaina tuvo una heredabilidad intermedia y elevado coeficiente de variación lo que externa la posibilidad de seleccionar genotipos mejorados en generaciones tempranas.

IX. Literatura científica citada

- Abdi, H., & Williams, L. J. (2010) Principal component analysis. *WIREs Computational Statistics*. 2(4), 33-459. DOI: 10.1002/wics.101
- Aramendiz Tatis, H., & Espitia Camacho, M. (2017). Comportamiento agronómico de líneas promisorias de frijol caupí *Vigna unguiculata* L. Walp en el Valle del Sinú.
- Artiles, G. R., & Matos, A. B. (2004). Revisión taxonómica de los géneros *Phaseolus* y *Vigna* (Leguminosae-Papilionoideae) en Cuba. In *Anales del Jardín Botánico de Madrid*, 61(2), 135-154).
- Arumuganathan, K., & Earle, E. (1991). Nuclear DNA content of some important plant species. *Plant molecular biology reporter*, 9(3), 208-218.
- Ayón, F., Veliz, D., & Gabriel, J. (2017). El caupí (*Vigna unguiculata* L. Walp) y su respuesta a la aplicación de ácidos húmicos (AH s) en el Cantón Jipijapa en Ecuador. *Journal of the Selva Andina Biosphere*, 5(1), 4-14.
- Badiali, O., Lovey, R., & Rolando, R. (1995). Heredabilidad y coeficientes de variación fenotípica y genética de caracteres agronómicos en triticale (Triticosecale Wittmack). *Agriscientia*, 12, 19-23.
- López Báez, W., Reynoso Santos, R., López Martínez, J., Camas Gómez, R., & Tasistro, A. (2018). Diagnóstico de la compactación en suelos cultivados con maíz en la Región Fraylesca, Chiapas. *Revista mexicana de ciencias agrícolas*, 9(1), 65-79.
- Barrios, P. A., Estrada, J. A. S. E., Montes, E. S., Barrios, M. A., González, M. T. R., & Montaña, Y. A. R. (2016). Producción y calidad nutrimental de vaina del frijol chino, *Vigna unguiculata* (L.) Walp, en función de arreglo

- topológico y tipo de fertilización. *Revista de la Facultad de Ciencias Agrarias*, 48(2), 31-42.
- Bisht, I. S., Bhat, K. V., Lakhanpaul, S., Latha, M., Jayan, P. K., Biswas, B. K., & Singh, A. K. (2005). Diversity and genetic resources of wild *Vigna* species in India. *Genetic Resources and Crop Evolution*, 52(1), 53-68. <https://doi.org/10.1007/s10722-005-0286-0>
- Blum, A. (2018). *Plant breeding for stress environments*. CRC press.
- Cardona-Ayala, C., Araméndiz-Tatis, H., & Jarma-Orozco, A. (2013). Genetic variability in cowpea beans lines (*Vigna unguiculata* L. Walp). *Revista Agronomía*. 21(2), 7-18.
- Cardona-Ayala, C., Cardona-Villadiego, C., Penate-Pacheco, C., Aramendiz-Tatis, H., & Espitia-Camacho, M. M. (2020). Growth, biomass distribution, gas exchange and chlorophyll fluorescence in cowpea ('*Vigna unguiculata*' (L.) Walp.) under drought conditions. *Australian Journal of Crop Science*. 14(2), 371-381.
- Carvalho, M., Muñoz-Amatriaín, M., Castro, I., Lino-Neto, T., Matos, M., Egea-Cortines, M., Rosa, E., Close, T., & Carnide, V. (2017). Genetic diversity and structure of Iberian Peninsula cowpeas compared to world-wide cowpea accessions using high density SNP markers. *BMC genomics*, 18(1), 891.
- Castañón-Nájera, G., Latournerie-Moreno, L., Mendoza-Elos, M., Vargas-López, A., & Cárdenas-Morales, H. (2008). Colección y caracterización de chile (*Capsicum* spp.) en Tabasco, México. *Phyton*, 77, 189-202.
- Cabeza, R. C., Escobar, I. H., Zayas, I. U., Robaina, F. R., Gil, M. E. D., Dubergel, E. F., ... & Gózales, J. C. G. (2018). El cultivo de algunas legumbres para la producción local de alimentos y la mitigación del cambio climático

- PARTE I. El cultivo del frijol carita o caupí (*Vigna unguiculata*). *Anuario Ciencia en la UNAH*, 16(1).
- Calderín, M. E. G., Santos, I. E. M., García, E. B., Zamora, O. H., & Téllez, O. A. (2000). Clave analítica para la diferenciación de las variedades de *Vigna radiata* (L.) R. Wilczek y *V. unguiculata* Walp. cultivadas en Camagüey. *Revista del Jardín Botánico Nacional*, 21(2), 301-303.
- Chen, H., Wang, L., Liu, X., Hu, L., Wang, S., & Cheng, X. (2017). De novo transcriptomic analysis of cowpea (*Vigna unguiculata* L. Walp.) for genic SSR marker development. *BMC genetics*, 18(1), 65.
- Chesnokov, Y. V., Kosolapov, V. M., & Savchenko, I. V. (2021). Morphological genetic markers in plants. *Russian Journal of Genetics*, 56, 1406-1415.
- Chivenge, P., Mabhaudhi, T., Modi, A. T., & Mafongoya, P. (2015). The potential role of neglected and underutilised crop species as future crops under water scarce conditions in Sub-Saharan Africa. *International journal of environmental research and public health*, 12(6), 5685-5711.
- Dahipahle, A. V., Kumar, S., Sharma, N., Singh, H., Kashyap, S., & Meena, H. (2017). Rice bean—a multipurpose, underutilized, potential nutritive fodder legume—a review. *Journal of Pure & Applied Microbiology*, 11, 433-439.
- da Costa Jaeggi, M. E. P., Rocha, R. S., Pereira, I. M., da Cruz, D. P., Batista, J. N., da Silva, R. d. K., Guarnier, a., do Carmo Parajara, M., da Silva, S. F., Souza, A., Oliveira, e., Rodrigues, R., & Rangel, e. (2020). Multivariate analysis in the evaluation of substrate quality and containers in the production of Arabica coffee seedlings. *African Journal of Agricultural Research*, 15(3), 457-463.

- Hotelling, H. (1933). Analysis of a complex of statistical variables into principal components. *Journal of educational psychology*, 24(6), 417.
- Delgado-Salinas, A., Thulin, M., Pasquet, R., Weeden, N., & Lavin, M. (2011). *Vigna* (Leguminosae) sensu lato: the names and identities of the American segregate genera. *Am J Bot*, 98(10), 1694-1715. <https://doi.org/10.3732/ajb.1100069>
- Díaz, A., & Ortegón, A. S. (2000). Producción comparativa de chícharo de vaca (*Vigna unguiculata*) y frijol (*Phaseolus vulgaris*) en riego y en sequía. *Agronomía Mesoamericana*, 11 (1), 25-30.
- Díaz, M. F., Padilla, C., González, A., & Curbelo, F. (2001). Caracterización agronómica e indicadores nutricionales de granos en variedades de *Vigna unguiculata* de maduración agrupada. *Revista Cubana de Ciencia Agrícola*, 35(3), 289-298.
- Ehlers, J., & Hall, A. (1997). Cowpea (*Vigna unguiculata* L. Walp.). *Field crops research*, 53(1-3), 187-204.
- Estrada-Domínguez, V., Márquez-Quiroz, C., Cruz-Lázaro, E. d. I., Osorio-Osorio, R., & Sánchez-Chávez, E. (2018). Biofortificación de frijol caupí (*Vigna unguiculata* L. Walp) con zinc: efecto en el rendimiento y contenido ineral. *Revista Mexicana de Ciencias Agrícolas*, 9(SPE20), 4149-4160.
- FAOSTAT. (2019a). *Cowpeas dry production*. Food and Agriculture Organization of the United Nations. <https://www.fao.org/faostat/es/#data/QI>, Fecha de consulta: 12/04/2021
- FAOSTAT. (2019b). *Organización de las Naciones Unidas para la Alimentación y la Agricultura. El estado mundial de la agricultura y la alimentación*. <http://www.fao.org/faostat/es/?#data/QC>, Fecha de consulta: 12/04/2021

Frankham, R. (2005). Genetics and extinction. *Biological conservation*, 126(2), 131-140.

Galasso, I., Schmidt, T., Pignone, D., & Heslop-Harrison, J. S. (1995). The molecular cytogenetics of *Vigna unguiculata* (L.) Walp: the physical organization and characterization of 18s-5.8s-25s rRNA genes, 5s rRNA genes, telomere-like sequences, and a family of centromeric repetitive DNA sequences. *Theor Appl Genet*, 91(6-7), 928-935.
<https://doi.org/10.1007/BF00223902>

García-Alanís, K., Baéz-González, J., Gallardo-Rivera, C., García-Solano, N., Walle-Castro, A., Martínez-García, M., & Hernández-Cortés, N. (2019). Caracterización Fisicoquímica y efecto de la cocción en propiedades nutricionales del frijol *Vigna umbellata* Thumb. *Investigación y Desarrollo en Ciencia y Tecnología de Alimentos*, 4, 81-86.

Guillén-Molina, M., Márquez-Quiroz, C., de la Cruz-Lázaro, E., Velázquez-Martínez, J. R., Parra, J. M. S., Carrillo, M. G., & Vidal, J. A. O. (2016). Biofortificación de frijol caupí (*Vigna unguiculata* L. Walp) con hierro y zinc. *Revista Mexicana de Ciencias Agrícolas*(17), 3427-3438.

Gilligan, DM (2001). *Genética de la conservación y supervivencia a largo plazo: modelos de prueba con Drosophila* (tesis doctoral, Universidad Macquarie).

Hoagland, D. R., & Arnon, D. I. (1950). The water-culture method for growing plants without soil. *Circular. California agricultural experiment station*, 347(2nd edit).

Husson, F., Lê, S., & Pagès, J. (2017). *Exploratory multivariate analysis by example using R*. CRC press.

Huynh, B. L., Ehlers, J. D., Close, T. J., & Roberts, P. A. (2019). Registration of a Cowpea [*Vigna unguiculata* (L.) Walp.] Multiparent Advanced Generation Intercross (MAGIC) Population. *Journal of Plant Registrations*, 13(2), 281-286.

langrai, B., Pattanayak, A., Khongwir, D. E. A., Pale, G., Gatphoh, E. M., Das, A., & Chrungoo, N. K. (2017). Development and characterization of a new set of genomic microsatellite markers in rice bean (*Vigna umbellata* (Thunb.) Ohwi and Ohashi) and their utilization in genetic diversity analysis of collections from North East India. *PLoS One*, 12(7), e0179801. <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0179801>

IBPGR (International Board for Plant Genetic Resources), [International Plant Genetic Resource Institute (IPGRI)] 1983. Cowpea Descriptors. Rome, Italy, pp. 14-22

Infante, L., Ipinza Carmona, R., Prado, D., & Antonio, J. (1991). Bases para la mejora genética de las especies del género Eucalyptus en Chile.

Iqbala, M. A., Siddiquia, M. H., Afzalb, S., Ahmadc, Z., Maqsoodb, Q., y Khanb, R. D. (2018). Forage productivity of cowpea [*Vigna unguiculata* (L.) Walp] cultivars improves by optimization of spatial arrangements. *Revista Mexicana de Ciencias Pecuarias*, 9 (2), 203-219.

Isemura, T., Kaga, A., Tomooka, N., Shimizu, T., y Vaughan, D. A. (2010). The genetics of domestication of rice bean, *Vigna umbellata*. *Annals of Botany*, 106 (6), 927-944.

Ishii, T., Juranić, M., Maheshwari, S., de Oliveira Bustamante, F., Vogt, M. M., Salinas-Gamboa, R., Dreissig, S., Gursansky, N., How, T., y Fuchs, J. (2020). Unequal contribution of two paralogous centromeric histones to function the cowpea centromere. *bioRxiv*.

- Jain, H. K., & Mehra, K. L. (1980). Evolution, adaptation, relationships, and uses of the species of *Vigna* cultivated in India. *Evolution, adaptation, relationships, and uses of the species of Vigna cultivated in India.*, 459-468.
- Jolliffe, T., & J. Cadima. (2016). Principal component analysis: a review and recent development. *Phil. Trans. R. Soc. A.* 374, 20150202.
- Kabas, O., Yilmaz, E., Ozmerzi, A., & Akinci, I. (2007). Some physical and nutritional properties of cowpea seed (*Vigna sinensis* L.). *Journal of food engineering*, 79(4), 1405-1409.
- Katoch, R. (2013). Potencial nutricional del frijol de arroz (*Vigna umbellata*): una leguminosa infrautilizada. *Revista de ciencia de los alimentos*, 78 (1), C8-C16.
- Kaiser, H. F. (1960). The application of electronic computers to factor analysis. *Educational and psychological measurement*, 20(1), 141-151.
- Kolade, O. A., Olowolafe, M. O., & Fawole, I. (2016). Characterization of mutant cowpea [*Vigna unguiculata* (L) Walp] lines using random amplified polymorphic DNAs (RAPDs) and amplified fragment length polymorphism (AFLP) markers. *African Journal of Biotechnology*, 15(45), 2530-2537.
- Lagunes-Espinoza, L. d. C., Gallardo-López, F., Becerril-Hernández, H., & Bolaños-Aguilar, E. (2008). Diversidad cultivada y sistema de manejo de *Phaseolus vulgaris* y *Vigna unguiculata* en la región de la Chontalpa, Tabasco. *Revista Chapingo. Serie Horticultura*, 14(1), 13-21.
- Lazo Chorres, J. A. (2019). Evaluación del rendimiento de grano y características morfoproductivas de seis genotipos de frijol Capuí (*Vigna unguiculata* (L) Walp). Valle del Medio Piura. 2018.

- Lo, S., Muñoz-Amatriaín, M., Boukar, O., Herniter, I., Cisse, N., Guo, Y.-N., Roberts, P. A., Xu, S., Fatokun, C., & Close, T. J. (2018). Identification of QTL controlling domestication-related traits in cowpea (*Vigna unguiculata* L. Walp). *Sci Rep*, 8(1), 1-9.
- Lonardi, S., Muñoz-Amatriaín, M., Liang, Q., Shu, S., Wanamaker, S. I., Lo, S., Tanskanen, J., Schulman, A. H., Zhu, T., & Luo, M. C. (2019). The genome of cowpea (*Vigna unguiculata* [L.] Walp.). *The Plant Journal*, 98(5), 767-782.
- Lucas, M. R., Huynh, B. L., Vinholes, P. D. S., Cisse, N., Drabo, I., Ehlers, J. D., ... & Close, T. J. (2013). Association studies and legume synteny reveal haplotypes determining seed size in *Vigna unguiculata*. *Frontiers in plant science*, 4, 95.
- Macelroy, R. D. (1992). Controlled Ecological Life-Support Systems.
- Malhotra, S., Malik, D., y Dhindsa, K. S. (1988). Proximate composition and antinutritional factors in rice bean (*Vina umbellata*). *Plant Food Hum Nutr*. 38, 75-81.
- Marconi, E., Ruggeri, S. y Carnovale, E. (1997). Evaluación química de *Vigna* spp. semillas. *Química de los alimentos*, 59 (2), 203-212.
- Márquez, R. O., Muro, L. R., Escobedo, F. J. R., & Ramírez, J. S. P. (2002). Cultivos alternativos para el altiplano semiárido de México. *Agricultura Técnica en México*, 28(2), 125-135.
- Márquez-Quiroz, C., De-la-Cruz-Lázaro, E., Osorio-Osorio, R., & Sánchez-Chávez, E. (2015). Biofortification of cowpea beans with iron: iron's influence on mineral content and yield. *Journal of Soil Science and Plant Nutrition*, 15(4), 839-847.

- Martins, K., Gugger, P. F., Llanderal-Mendoza, J., González-Rodríguez, A., Fitz-Gibbon, S. T., Zhao, J. L., Rodríguez-Correa, H., Oyama, K., & Sork, V. L. (2018). Landscape genomics provides evidence of climate-associated genetic variation in Mexican populations of *Quercus rugosa*. *Evolutionary Applications*, 11(10), 1842-1858.
- Maxted, N., Mabuza Dlamini, P., Moss, H., Padulosi, S., Jarvis, A., & Guarino, L. (2004). An Ecogeographic Study: African Vigna. *An ecogeographic study: African Vigna*.
- Melo Filho, JS de, Véras, MLM, Melo, UA de, Alves, L. de S., y Costa, FX (2018). Identificación de visitantes florales en el cultivo de frijol cowan en Pombal-PB. *Tercera revista incluida*, 8 (1), 85–93. <https://doi.org/10.5216/teri.v6i1.40154>
- Mesa-Ramos, L., Gozá-León, O., Uranga-Machado, M., Toledo-Rivero, A., & Gálvez-Torriente, Y. (2018). Aplicación del Análisis de Componentes Principales en el proceso de fermentación de un anticuerpo monoclonal. *VacciMonitor*, 27(1), 8-15.
- Marquez, F. (1988) Genotecnia vegetal. AGT.
- Morales-Morales, A. E., Andueza-Noh, R. H., Márquez-Quiroz, C., Benavides-Mendoza, A., Tun-Suarez, J. M., González-Moreno, A., & Alvarado-López, C. J. (2019). Caracterización morfológica de semillas de frijol caupí (*Vigna unguiculata* L. Walp) de la Península de Yucatán. *Ecosistemas y recursos agropecuarios*, 6(18), 463-475.
- Muchero, W. y col. "[*Vigna unguiculata* (L) Walp.] Los marcadores Genic SNP y la sintencia de leguminosas revelan genes candidatos que subyacen a

- QTL para la resistencia y madurez de *Macrophomina phaseolina* en caupí". *BMC Genomics* 12 (2011): 8.
- Nicholls, C. I., & Altieri, M. A. (2019). Bases agroecológicas para la adaptación de la agricultura al cambio climático. *Cuadernos de Investigación UNED*, 11(1), 55-61.
- Nyemba, RG & Dakora FD (2010) Evaluación de la fijación de N₂ por leguminosas de granos alimenticios en campos de agricultores en tres zonas agroecológicas de Zambia, usando ¹⁵N en abundancia natural *Biol. Fertilizar. Soils* 46 , 461–470.
- Ouédraogo, J. T., Tignegre, J. B., Timko, M. P., & Belzile, F. J. (2002). AFLP markers linked to resistance against *Striga gesnerioides* race 1 in cowpea (*Vigna unguiculata*). *Genome*, 45(5), 787-793.
- Pablo, H. A. J., Pablo, Z. M. S., & Chila, R. R. M. Evaluación del comportamiento agronomico de diez cultivares de frijol caupí "*Vigna unguiculata* (L.) Walp" En el cantón Pedernales en el año 2018.
- Palacio, F. X., Apodaca, M. J., & Crisci, J. V. (2020). Análisis multivariado para datos biológicos: teoría y su aplicación utilizando el lenguaje R.
- Párraga, J. E. C., Peñate, M. U., García, Á. R. S., Parraga, J. P. M., Ferrín, R. X. B., & Peñate, A. V. (2020). Necesidades hídricas del frijol caupí (*Vigna unguiculata* (L.) Walp.). calculadas con el coeficiente de cultivo utilizando lisímetro de drenaje. *Ciencia y Agricultura*, 17(3), 111-121,
- Pasquet, R. S. (1998). Morphological study of cultivated cowpea *Vigna unguiculata* (L.) Walp. Importance of ovule number and definition of cv gr melanophthalmus. *Agronomie*, 18, 61-70.

- Pattanayak, A., Roy, S., Sood, S., langrai, B., Banerjee, A., Gupta, S., & Joshi, D. C. (2019). Rice bean: a lesser known pulse with well-recognized potential. *Planta*, 250(3), 873-890.
- Patel, P. N., & Hall, A. E. (1990). Genotypic variation and classification of cowpea for reproductive responses to high temperature under long photoperiods. *Crop Science*, 30(3), 614-621.
- Pereira, E. J., Carvalho, L. M., Dellamora-Ortiz, G. M., Cardoso, F. S., & Carvalho, J. L. (2016). Effect of different home-cooking methods on the bioaccessibility of zinc and iron in conventionally bred cowpea (*Vigna unguiculata* L. Walp) consumed in Brazil. *Food & nutrition research*, 60(1), 29082.
- Pérez, G. R., Ramírez, J. E. T., Zacarias, M. d. C. O., Ortiz, F. C., Perches, M. A. A., & Vázquez, A. J. G. (2020). Parámetros genéticos y aptitud combinatoria de líneas de maíz para grano. *Revista Mexicana de Ciencias Agrícolas*, 11(8), 1867-1878.
- Pistorale, S. M., Abbott, L. A., & Andrés, A. (2008). Diversidad genética y heredabilidad en sentido amplio en agropiro alargado, *Thinopyrum ponticum*. *Ciencia e investigación agraria*, 35(3), 259-264.
- Pla, L. E. (1986). *Análisis multivariado: método de componentes principales* (No. 519.535 P696). OEA, Washington, DC (EUA). Secretaría General. Programa Regional de Desarrollo Científico y Tecnológico.
- Pottorff, M. O., Li, G., Ehlers, J. D., Close, T. J., & Roberts, P. A. (2014). Genetic mapping, synteny, and physical location of two loci for *Fusarium oxysporum* f. sp. *tracheiphilum* race 4 resistance in cowpea [*Vigna unguiculata* (L.) Walp]. *Molecular breeding*, 33(4), 779-791.

- Ramírez Cariño, R. N., Romero Nápoles, J., Vera Graziano, J., Equihua Martínez, A., Bautista Martínez, N., Hernández Morales, J., & Aragón García, A. (2017). Demografía de brúquidos (Coleoptera: Bruchidae) asociados con *Vigna unguiculata* (L.) Walp (Fabaceae). *Acta zoológica mexicana*, 33(1), 9-17.
- Rajerison, R. (2006). *Vigna umbellata* (Thunb.) Ohwi y H. Ohashi. *PROTA*, 1.
- Rerkasem, K., Peoples, M., Herridge, D., & Bergersen, F. (1988). Measurement of N₂ fixation in maize (*Zea mays* L.)—ricebean (*Vigna umbellata* [Thunb.] Ohwi and Ohashi) intercrops. *Plant and soil*, 108(1), 125-135.
- Scholz, B., Guillou, L., Marano, A. V., Neuhauser, S., Sullivan, B. K., Karsten, U., Küpper, F. C., & Gleason, F. H. (2016). Zoosporic parasites infecting marine diatoms—a black box that needs to be opened. *Fungal ecology*, 19, 59-76.
- SIAP. (2019a). *Servicio de Información Agroalimentaria y Pesquera. Anuario Estadístico de la Producción Agrícola. Cierre de la producción agrícola por estado de frijol pelón. [Fecha de consulta: 12 de abril de 2021] Disponible en: <http://www.siap.gob.mx/cierre-de-la-produccion-agricola-por-estado/>.*
- SIAP. (2019b). *Servicio de información Agrícola y Pecuaria. Avance de siembras y cosechas resumen nacional por estado. <https://nube.siap.gob.mx/cierreagricola/>*
- Singh, B. B., Mohan Raj, D. R., Dashiell, K. E., & Jackai, L. E. N. (1997). *Advances in cowpea research*. IITA - JIRCAST. Ibadan. Nigeria.
- Singh, V., Singh, A., Singh, M., Raghuvanshi, T., & Singh, U. (2017). Morphological and yield traits of cowpea (*Vigna unguiculata* L. Walp.) under integrated nutrient management. *International Journal of Current Microbiology and Applied Sciences*, 6(10), 3402-3407.

- Simbine, MG, Mohammed, M., Jaiswal, SK y Dakora, FD (2021). Diversidad funcional y genética de aislados de rizobios nativos que nodulan caupí (*Vigna unguiculata* L. Walp.) En suelos de Mozambique. *Informes científicos*, 11 (1), 1-15.
- Smýkal P, Coyne CJ, Ambrose MJ, Maxted N, Schaefer H, Blair MW, Berger J, Greene SL, Nelson MN, Besharat N, Vymyslický T, Toker C, Saxena RK, Roorkiwal M, Pandey MK, Hu J, Li YH, Wang LX, Guo Y, Qiu LJ, Redden RJ, Varshney RK. (2015) Legume Crops Phylogeny and Genetic Diversity for Science and Breeding. *Critical Reviews in Plant Sciences*, 34 (1-3): 43-104.
- Springer, N. M., & Stupar, R. M. (2007). Allelic variation and heterosis in maize: how do two halves make more than a whole? *Genome research*, 17(3), 264-275.
- Sritongtae, B., Sangsukiam, T., Morgan, M. R., & Duangmal, K. (2017). Effect of acid pretreatment and the germination period on the composition and antioxidant activity of rice bean (*Vigna umbellata*). *Food Chem*, 227, 280-288.
- Stanfield, W. (1971). *Genética. (Teoría y 440 problemas resueltos)* (No. 968-451-517-0. FT 03-A5.).
- Thulin, M., Lavin, M., Pasquet, R., & Delgado-Salinas, A. (2004). Phylogeny and biogeography of Wajira (Leguminosae): A monophyletic segregate of *Vigna* centered in the Horn of Africa region. *Systematic Botany*, 29(4), 903-920.
- Tian, J., Isemura, T., Kaga, A., Vaughan, D., & Tomooka, N. (2013). Genetic diversity of the rice bean (*Vigna umbellata*) genepool as assessed by SSR markers. *Genome*, 56(12), 717-727.

- Timko, M. P., Rushton, P. J., Laudeman, T. W., Bokowiec, M. T., Chipumuro, E., Cheung, F., Town, C. D., & Chen, X. (2008). Sequencing and analysis of the gene-rich space of cowpea. *BMC genomics*, 9(1), 103.
- VEGA, M. E. R. (2018). Valor nutricional del frijol yorimón (*Vigna unguiculata* L. Walp) para camarón blanco del Pacífico (*Litopenaeus vannamei*).
- Vizcarra, T. A., & Huallpartupa, D. J. R. (2014). Caracterización física de semillas de maíz (*Zea mays*) sembrado en Andahuaylas Perú. *Ciencia & Desarrollo*(18), 56-62.
- Xiong, H., Shi, A., Mou, B., Qin, J., Motes, D., Lu, W., Ma, J., Weng, Y., Yang, W., & Wu, D. (2016). Genetic Diversity and Population Structure of Cowpea (*Vigna unguiculata* L. Walp). *PLOS ONE*, 11(8), e0160941. <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0160941>

X. ANEXOS

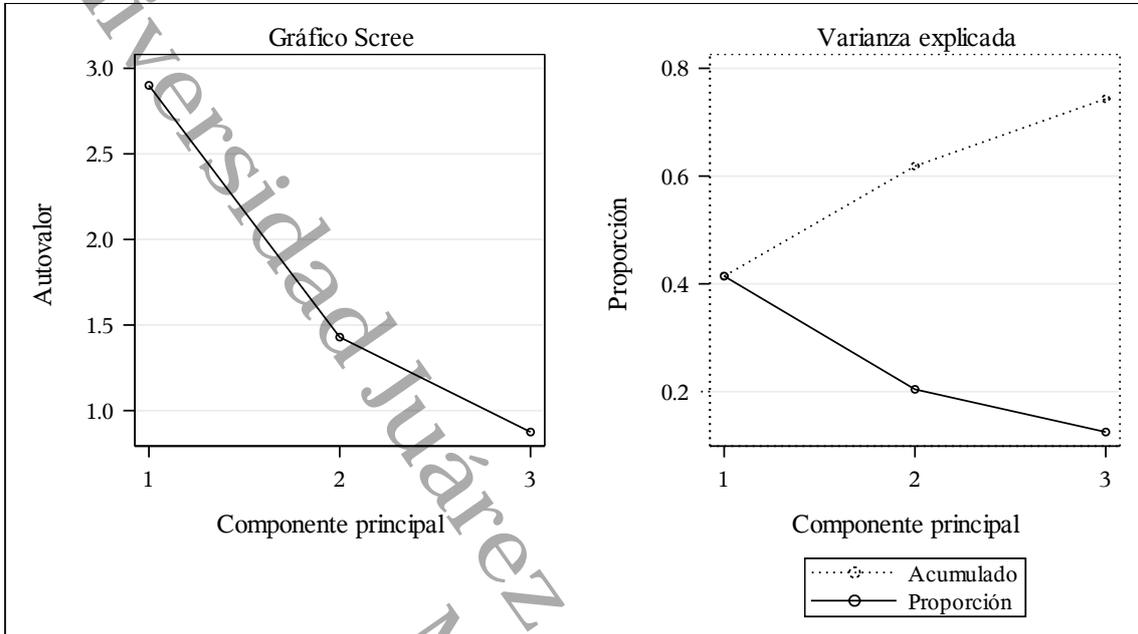
Universidad Juárez Autónoma de Tabasco.
México.

Anexo 1. Estadísticos simples de las variables morfológicas.

Variable	Coef. de variación	Varianza	Desv. est.	Error Std	Mediana	Media	Moda	Asimetría
GERM	45.45472	853.319	29.21162	5.333289	66.67	64.26533	100	-0.23179
NNTP	39.31518	32.82754	5.729532	1.046065	12.95	14.57333	10	1.034237
DF	15.68926	94.72299	9.732574	1.776917	58	62.03333	55	1.461576
NRP	24.29365	6.693986	2.587274	0.472369	10.78	10.65	8.75	1.060046
NVR	20.6754	0.143678	0.379049	0.069205	2	1.833333	2	-1.88442
NVP	27.44628	2.284532	1.511467	0.275955	5.5	5.507	4.6	-0.07193
CF	38.30934	0.424138	0.651259	0.118903	2	1.7	2	0.38521
TS	54.00074	1.016092	1.008014	0.184037	1	1.866667	1	0.283443
HC	27.90043	0.46092	0.678911	0.123952	2	2.433333	2	1.320248
COLV	40.19258	0.805747	0.897634	0.163885	2	2.233333	2	1.954507
CV	84.02091	3.734483	1.932481	0.352821	3	2.3	3	-0.05775
LV	29.52134	25.08696	5.008689	0.914457	16.815	16.96633	17.88	1.060457
P100S	25.10814	9.491138	3.080769	0.562469	12.5	12.27	12.5	-0.39944
SUSPLAG	25.89398	0.868966	0.932183	0.170193	3	3.6	3	0.9195
LS	14.24561	1.172578	1.082856	0.197702	7.585	7.601333	7.5	0.260678

Anexo 2. Gráfico de sedimentación y de proporción de varianza explicada del

ACP.



Anexo 3. Pruebas de normalidad a partir de diferentes estadísticos para el Componente Principal 1.

Test para normalidad				
Test	Estadístico		P valor	
Shapiro-Wilk	W	0.954637	Pr < W	0.2246
Kolmogorov-Smirnov	D	0.129809	Pr > D	>0.1500
Cramer-von Mises	W-Sq	0.078771	Pr > W-Sq	0.2142
Anderson-Darling	A-Sq	0.505719	Pr > A-Sq	0.1955

Anexo 4. Pruebas de normalidad a partir de diferentes estadísticos para el Componente Principal 2.

Test para normalidad				
Test	Estadístico		P valor	
Shapiro-Wilk	W	0.937608	Pr < W	0.0784
Kolmogorov-Smirnov	D	0.086253	Pr > D	>0.1500
Cramer-von Mises	W-Sq	0.038973	Pr > W-Sq	>0.2500
Anderson-Darling	A-Sq	0.359901	Pr > A-Sq	>0.2500

Universidad Juárez Autónoma de Tabasco.
México.