

UNIVERSIDAD DEL VALLE DE GUATEMALA  
Facultad de Ciencias y Humanidades



Priorización de variedades de frijol común (*Phaseolus vulgaris*) a través del análisis Weitzman, como sistema de modelaje para la conservación *in situ* de la Agrobiodiversidad en Guatemala

Trabajo de graduación en modalidad de Tesis presentado por  
Mariafernanda Alarcón Méndez  
para optar al grado académico de Licenciada en Biología

Guatemala  
2016



Priorización de variedades de frijol común (*Phaseolus vulgaris*) a través del análisis Weitzman, como sistema de modelaje para la conservación *in situ* de la Agrobiodiversidad en Guatemala


UNIVERSIDAD DEL VALLE DE GUATEMALA  
Facultad de Ciencias y Humanidades

Priorización de variedades de frijol común (*Phaseolus vulgaris*) a través del análisis Weitzman, como sistema de modelaje para la conservación *in situ* de la Agrobiodiversidad en Guatemala

Trabajo de graduación en modalidad de Tesis presentado por  
Mariafernanda Alarcón Méndez  
para optar al grado académico de Licenciada en Biología

Guatemala  
2016

Vo. Bo.:

(f)   
Ph.D. Silvana Maselli

Tribunal Examinador:

(f)   
Ph.D. Silvana Maselli

(f)   
M.Sc. María Gabriela Palomo

(f)   
M.Sc. Gabriela Alfaro

Fecha de aprobación: Guatemala 06 de enero de 2017.

## **AGRADECIMIENTOS**

Primeramente a Dios por permitirme disfrutar de la vida y de las cosas que me apasionan. A mis padres, Fernando y Jackeline, por inculcarme desde pequeña un sentido de responsabilidad y esfuerzo. A mi hermana Karlamaria y a mi abuela Aracelly, por motivarme y por ser un gran ejemplo en mi vida. Al resto de mi familia, por apoyarme y siempre estar presente en cada etapa de mi vida.

A la Universidad del Valle de Guatemala (UVG) por brindarme los recursos para mi formación profesional. Especialmente a la PhD Silvana Maselli por asesorarme, por haber depositado su confianza en mí y por darme la oportunidad de crecer como profesional. A mis maestros, por compartir sus conocimientos conmigo y contribuir a mi desarrollo profesional. A mis compañeros de estudio, por todas las experiencias compartidas y por ser parte de mi desarrollo personal y profesional.

A Bioersivity International, especialmente al PhD Evert Thomas, por su esfuerzo y guía durante la realización de mi tesis, y al PhD Adam Drucker, por permitirme ser parte de su equipo de trabajo. Un agradecimiento especial al PhD Edwin Castellanos, Director del Centro de Estudios Ambientales y de Biodiversidad (CEAB-UVG), al Ingeniero Luis Furlán y a la Licda. Alejandra Reynoso del Centro de Estudios en Informática Aplicada de la UVG (CEIA-UVG), por facilitar las instalaciones y el equipo necesario para llevar a cabo el análisis Weitzman.

# ÍNDICE

AGRADECIMIENTOS .....	i
LISTA DE CUADROS.....	iv
LISTA DE FIGURAS.....	v
RESUMEN .....	vi
ABSTRACT.....	vii
I. INTRODUCCIÓN.....	1
A. Antecedentes .....	2
B. Justificación.....	18
C. Objetivos.....	21
II. MÉTODOS.....	22
A. Procedimiento.....	22
III. RESULTADOS.....	32
A. Aplicación del análisis Weitzman .....	32
B. Distribución óptima de los fondos para conservación.....	38
IV. DISCUSIÓN .....	40
A. Aplicación del análisis Weitzman .....	40
B. Distribución óptima de los fondos para conservación y aplicación del esquema ReSCA como método de conservación.....	43
V. CONCLUSIONES .....	45
VI. RECOMENDACIONES.....	46

VII. LITERATURA CITADA.....47

VIII. ANEXOS .....57

## LISTA DE CUADROS

CUADRO 1. Clasificación de las variedades de frijol común ( <i>Phaseolus vulgaris</i> ) de Guatemala en Unidades Taxonómicas Operativas (UTOs), según la base de datos de frijol común de Guatemala tomada del Banco de Germoplasma de CIAT. ....	23
CUADRO 2. Variables y valores utilizados para calcular el riesgo de erosión genética por migración juvenil para las variedades de frijol común ( <i>Phaseolus vulgaris</i> ) de Guatemala. ....	27
CUADRO 3. Resultados del análisis Weitzman para los caracteres morfológicos de la base de datos de frijoles de Ipala, Chiquimula, Guatemala. ....	33
CUADRO 4. Resultados del análisis Weitzman para los caracteres moleculares de la base de datos de frijoles de Ipala, Chiquimula, Guatemala. ....	34
CUADRO 5. Porcentaje de contribución de las distintas UTOs en la diversidad morfológica y molecular del frijol de la base de datos de frijoles de Ipala, Chiquimula, Guatemala. ....	35
CUADRO 6. Resultados del análisis Weitzman para la base de datos de frijol común de Guatemala tomada del Banco de Germoplasma de CIAT. ....	37
CUADRO 7. Distribución óptima de fondos disponibles para la conservación del frijol común de Guatemala, a partir de la base de datos de frijol común de Guatemala tomada del Banco de Germoplasma de CIAT. ....	39
CUADRO 8. Modelo de distribución de fondos para la conservación de las variedades de frijol común de Guatemala tomada del Banco de Germoplasma de CIAT. ....	57

## **LISTA DE FIGURAS**

FIGURA 1. Porcentaje de contribución de cada UTO a la diversidad total del grupo y su respectivo potencial de conservación. ....	38
--	----

## RESUMEN

Guatemala posee una alta diversidad de variedades nativas de frijol, las cuales tienen caracteres de importancia para la adaptación y mejoramiento de semillas. Sin embargo, la diversidad de estos recursos ha disminuido en los últimos años, por lo que es necesaria una herramienta que permita identificar los recursos que deben priorizarse para su conservación. En este trabajo se utilizó el análisis Weitzman para identificar las variedades de frijol común (*Phaseolus vulgaris*) de Guatemala que deben priorizarse, como parte de un sistema de modelaje para la conservación *in situ* de la agrobiodiversidad del país. Se analizó la información morfológica y molecular de 26 accesiones de una base de datos de las variedades de frijol de Ipala, Chiquimula, Guatemala, y 2787 accesiones de una base de datos de frijol de Guatemala tomada del Banco de Germoplasma del Centro Internacional de Agricultura Tropical (CIAT). Para los frijoles de Ipala, Chiquimula, se encontró que estos poseen una mayor diversidad morfológica que genética. Para la base de datos tomada de CIAT, se encontró que las variedades de color negro son las mejor conservadas debido a que son las preferidas por la población guatemalteca. Por su parte, las variedades moradas son las que aportan una mayor contribución a la diversidad genética total del frijol común. Empleando en el análisis la migración juvenil como riesgo de erosión genética para las variedades de frijol, el modelo de distribución óptima de fondos para conservación obtenido con el análisis Weitzman sugirió destinar el 87% de los fondos para la conservación de las variedades color púrpura postradas-indeterminadas ubicadas en el departamento de El Progreso, y el 13% restante a las variedades color púrpura arbustivas-determinadas ubicadas en los departamentos de Chimaltenango y Santa Rosa. Los resultados de este estudio serán la base para desarrollar un esquema de “Recompensas por Servicios de Conservación de la Agrobiodiversidad” (ReSCA) en Guatemala, con el fin de conservar las variedades de frijol identificadas como prioritarias, a través de la realización de este trabajo de graduación.

## ABSTRACT

Guatemala has different local bean varieties with important traits for adaptation and seed improvement. However, the diversity of the bean varieties has diminished in the last years, making necessary a tool that helps to select the priority varieties for conservation. The aim of this work was to use the Weitzman approach to prioritize common bean (*Phaseolus vulgaris*) varieties, as part of a modeling system for the *in situ* conservation of the agrobiodiversity of Guatemala. I analyzed morphological and molecular information of 26 accessions of a database with the varieties of the beans of Ipala, Chiquimula, Guatemala, and 2787 accessions of the database of the beans from Guatemala extracted from the International Center for Tropical Agriculture (CIAT) database. For the beans of Ipala, Chiquimula, I found that their morphological diversity is higher than the genetic diversity. For the database from CIAT, I found that the black bean is the best conserved as it is the preferred among Guatemalan population. On the other side, purple beans have a higher conservation potential as they contribute in great way to the overall bean genetic diversity. Using youth migration as the extinction risk for the varieties of beans, the model of optimum allocation of conservation funds obtained with Weitzman analysis suggested allocating 87% of the total conservation funds on the purple prostrate-indeterminate cluster located in El Progreso department and the 13% left to the purple bush-determinate cluster located in the departments of Chimaltenango and Santa Rosa. These results are going to be used to develop a mechanism of “Payments for agrobiodiversity conservation services” (PACS) in Guatemala, conserving with this mechanism the common bean varieties prioritized in this work.

# I. INTRODUCCIÓN

Guatemala es considerado como un país megadiverso debido a la gran riqueza y abundancia de flora y fauna que posee. Esta alta riqueza biológica se atribuye principalmente a su topografía, posición geográfica y variedad de microclimas (Azurdia 2006). Guatemala posee también una alta diversidad agrícola, o agrobiodiversidad, con especies que son de gran importancia económica para la alimentación y la agricultura a nivel mundial. Entre las principales especies agrícolas de Guatemala se encuentran el maíz (*Zea mays*) y el frijol (*Phaseolus*), cultivos que constituyen la base alimentaria de la mayor parte de la población guatemalteca (MAGA y FAO 2008).

Debido a que Guatemala forma parte del centro de origen y diversidad de *Phaseolus*, en el país se encuentran las especies cultivadas y sus poblaciones silvestres, las cuales representan un valioso recurso en el mejoramiento genético de los materiales cultivados. Algunos agricultores del país continúan utilizando semillas nativas de frijol o variedades que ellos han adaptado según la región, a sus suelos y condiciones climáticas (Villanueva 2010). Sin embargo, en los últimos años ha aumentado la investigación dedicada al mejoramiento de semillas. Estas variedades mejoradas han sustituido a las variedades locales, ocasionando que las poblaciones de los parientes silvestres y variedades nativas disminuyan (Espinosa-Pérez *et al.* 2015).

En la actualidad, Guatemala no posee un proyecto de estudio, aprovechamiento y conservación de las especies silvestres y nativas del género *Phaseolus* ni de otras especies de interés agrícola (MAGA Y FAO 2008). En el Segundo Informe Nacional sobre la Conservación y Utilización Sostenible para la Agricultura y la Alimentación (MAGA Y FAO 2008) se definieron las necesidades que presenta el país y las recomendaciones para mejorar y garantizar la conservación de los recursos fitogenéticos. Entre estas necesidades se menciona el definir las especies prioritarias para conservar, y se hace énfasis en que las

distintas iniciativas nacionales de conservación de recursos fitogenéticos se están llevando a cabo de manera dispersa y sin la priorización ni coordinación correspondiente. Además, no se menciona ningún método para elegir estas especies prioritarias ni la manera de conservación de las mismas. Por lo tanto, el informe indica que existe la falta de un Programa Nacional que determine el proceso a seguir para priorizar especies o variedades para su conservación, y las acciones que se van a tomar para mejorar la conservación de las mismas (MAGA Y FAO 2008).

En este trabajo de graduación se presenta el uso del análisis Weitzman, como una herramienta alternativa para priorizar variedades de frijol común (*Phaseolus vulgaris*), dentro de un sistema de modelaje para la conservación *in situ* de la agrobiodiversidad de Guatemala.

## **A. Antecedentes**

**1. Recursos fitogenéticos.** El término “Recursos Fitogenéticos” fue definido por la Organización de las Naciones Unidas para la Agricultura y la Alimentación (FAO 2009) como cualquier material de origen vegetal que contiene unidades funcionales de la herencia, y que tiene un valor real o potencial para la alimentación y la agricultura. Dentro de esta definición también se incluyen las especies vegetales que tienen un valor real o potencial, por sus propiedades medicinales, por su importancia para la industria forestal o por ser empleadas como ornamentales y artesanales, especias, hortalizas o como maderables (Maselli 2013).

Dentro de la definición anterior, los recursos fitogenéticos para la alimentación y la agricultura, o RFAA, incluyen la diversidad genética de granos, legumbres, vegetales y

frutas que son utilizadas para cultivo y alimentación (FAO 2011). También se incluyen los parientes silvestres, los cuales son los ancestros de los cultivos modernos y de las variedades y especies relacionadas con dicho cultivo (IPGRI 2005).

**a. Valor e importancia de los recursos fitogenéticos.** La domesticación de las plantas inició hace unos 10,000 años, cuando el ser humano empezó a intervenir en la evolución natural de las plantas que cultivaba. Estas especies cultivadas sufrieron cambios debido a las prácticas agrícolas, resultando en variedades con características morfológicas y fisiológicas específicas. Así mismo, estos cultivos se fueron distribuyendo a sitios con distintas condiciones ambientales, gracias a la ayuda del hombre. Esto ocasionó que las plantas cultivadas también evolucionaran de manera diferente según las características de la zona, y en algunos casos, que se produjera intercambio de genes o formación de híbridos con las especies silvestres de las nuevas localidades (Martín, 2000).

Como resultado de la selección natural y de la acción del hombre sobre las especies vegetales, en la actualidad existe un gran acervo genético de las especies cultivadas, el cual se refiere a una población de organismos relacionados que pueden reproducirse entre ellos y que están emparentados filogenéticamente (Monge, *et al.*, 2005). Todo este acervo genético se originó a partir de los parientes silvestres, los cuales son los ancestros de un cultivo moderno, y de las variedades y especies relacionados con ellos (IPGRI, 2005). A pesar de su importancia, los parientes silvestres y las variedades nativas se han ido perdiendo como resultado del desarrollo de variedades mejoradas, comerciales y mejor adaptadas a las técnicas modernas de cultivo (Martín, 2000).

La diversidad de especies vegetales domesticadas y sus parientes silvestres es muy importante, ya que ésta contiene genes que proveen una gran cantidad de beneficios. Uno de estos beneficios es que muchos de estos genes permiten la adaptación y/o tolerancia de

los cultivos actuales a condiciones ambientales variables, tales como la sequía. Además, pueden contener genes que ayuden a mejorar la producción y la calidad de los cultivos, así como hacerlos más resistentes a plagas y enfermedades (IPGRI 2005). Por lo tanto, los recursos fitogenéticos son la base para el mantenimiento y mejoramiento de la producción agrícola (Karp *et al.* 1997).

Debido a la diversidad genética de los Recursos Fitogenéticos, existen variedades con altos niveles de grasa y proteína. Esto hace posible el desarrollo de variedades mejoradas que aseguren la producción y disponibilidad de suficiente alimento para el futuro. Además, la variedad de Recursos fitogenéticos para la Alimentación y la Agricultura, RFAA, puede ser un elemento estratégico en tratados de intercambio entre países. De esta manera, la diversidad de los RFAA conforma la base biológica para la seguridad alimentaria y el desarrollo económico del mundo (FAO 2011).

**2. Recursos fitogenéticos de Guatemala.** Guatemala es un país con una alta biodiversidad nativa, dentro de la cual se incluyen especies importantes para la alimentación y la agricultura a nivel mundial (agrobiodiversidad). El país forma parte de la región Mesoamericana, la cual es centro de origen y diversidad de los géneros: *Capsicum*, *Cucurbita*, *Lycopersicon*, *Manihot*, *Persea*, *Phaseolus*, *Solanum* y *Zea*. Los cultivos nativos de Guatemala se pueden dividir según su uso en: cereales y granos, estimulantes y colorantes, especies y condimentos, fibrosas, frutales, hortalizas, raíces y tubérculos, forrajeras y ornamentales (Ayala 1999). También existen plantas nativas que son utilizadas con fines medicinales, las cuales son muy importantes en el área rural de Guatemala por razones económicas y culturales.

La economía de Guatemala se basa principalmente en la agricultura, pues aproximadamente el 52.5% de la población se dedica a esta actividad (MAGA Y FAO 2008). De ese porcentaje, la mitad se dedica a la agricultura de exportación, siendo los

cultivos principales de este tipo de agricultura la caña de azúcar, el banano y el café. La mitad restante se dedica a la agricultura de subsistencia, la cual es predominada por la población rural. Los cultivos principales de este tipo de agricultura son el maíz, frijol, trigo, arroz, cucúrbitas y papas (IARNA 2006). Por su parte, los cultivos más importantes relacionados con la seguridad alimentaria son el maíz, el frijol y el arroz (MAGA Y FAO 2008).

**a. *Phaseolus* de Guatemala.** El frijol pertenece al género *Phaseolus*, el cual se originó en la región Mesoamericana, en donde se puede encontrar el 92% de las especies. Debido a esto, esta región se considera como centro de origen y de dispersión del género (Martín 2000). Guatemala posee 12 especies de frijol, entre las cuales se incluyen cinco especies cultivadas: *P. vulgaris*, *P. coccineus*, *P. lunatus*, *P. dumosus* y *P. acutifolius* y otras siete silvestres: *P. leptostachyus*, *P. macrolepis*, *P. microcarpus*, *P. oligospermus*, *P. persistentus*, *P. tuerckheimii*, *P. xanthotrichus*. (MAGA Y FAO 2008).

Tanto las especies silvestres nativas como las especies cultivadas de *Phaseolus* son de gran importancia por ser reservorios de genes con potencial de mejorar el rendimiento de las especies modernas cultivadas. Asimismo, estos parientes silvestres tienen potencial para aportar genes con mayor resistencia a enfermedades y plagas, mejorar la composición nutricional de las especies cultivadas modernas (MAGA Y FAO 2008), y para afrontar el cambio climático.

En relación al estado de conservación de las especies de *Phaseolus*, la mayoría de éstas se encuentran fuera de Áreas Protegidas y la información respecto a la ubicación y tamaño de las poblaciones de este género es limitada (Azurdía 2005, MAGA y FAO 2008). Uno de los pocos estudios respecto a las poblaciones silvestres de *Phaseolus* fue el desarrollado por Azurdía (2005), quien encontró que el área de mayor riqueza genética del género se encuentra en la región del Altiplano Central, especialmente en los

departamentos de Guatemala, Sacatepéquez y Escuintla. En esta área se encuentran presentes ocho especies de *Phaseolus*, contrastando con las áreas cálidas y húmedas del país en donde solo se encuentra una especie. Esto es un reto de conservación, ya que en el altiplano central existen muy pocas áreas de reserva (Azurdía, 2005, USDA 2012).

Las variedades nativas de frijol son importantes por presentar una gran diversidad morfológica, principalmente en los frutos y semillas. Además, presentan mayor tolerancia a plagas y enfermedades, adaptación a distintos tipos de suelo, poseen un mayor porcentaje de cruzamiento natural, poseen mecanismos de amortiguamiento de los efectos condiciones bióticas y abióticas, y en algunos casos tienen un alto valor local por satisfacer requerimientos culturales específicos (López *et al.* 2005, Castillo *et al.* 2006).

A pesar de la importancia ecológica y económica del frijol, la información acerca de la diversidad genética y del valor de este cultivo es escasa y se encuentra dispersa. Además, las investigaciones dirigidas a su aprovechamiento como fuente de genes son limitadas (Espinosa-Pérez *et al.* 2015). Por lo tanto, se hace necesaria la elaboración de planes para su manejo, monitoreo, priorización o conservación (MAGA y FAO 2008). Este trabajo presenta al análisis Weitzman como una alternativa para priorizar las variedades de frijol común (*Phaseolus vulgaris*) de Guatemala, que deben ser conservadas. Este método también puede ser utilizado para la priorización de otras variedades, e incluso de especies y poblaciones. Guatemala, al ser un país megadiverso, requiere de métodos que permitan priorizar la diversidad a conservar, de manera adecuada y costo-efectiva. De esta manera, el método propuesto en este trabajo podría utilizarse como base para desarrollar planes de conservación en Guatemala.

**3. Erosión genética de los recursos fitogenéticos.** La erosión genética se refiere a la pérdida de genes individuales y de combinaciones de genes. En los últimos años, la

FAO ha reportado una gran pérdida de especies y variedades agrícolas. Esta pérdida ha sido atribuida principalmente a la sustitución de las variedades locales por otras de origen industrial que son más comerciales y mejor adaptadas a las técnicas modernas de cultivo. Asimismo, la erosión genética se produce porque, frecuentemente, estas variedades “mejoradas” carecen de varios genes que se encuentran en las variedades locales (FAO 2011).

Desde una perspectiva económica, la erosión genética de las variedades locales se debe a que muchas veces estas variedades no son rentables para los agricultores. Por lo tanto, las variedades locales pueden poseer características y valores no comerciales (como por ejemplo, rasgos adaptativos) que en ese momento no tengan un valor real. Debido a esto, adquieren un valor monetario bajo y no son consideradas como un cultivo prioritario para los agricultores (Samuel 2012).

Otra de las causas principales de erosión genética es el cambio climático, el cual afecta con el surgimiento de nuevas plagas y enfermedades y el deterioro ambiental. En gran parte, la erosión genética también ha sido ocasionada por actividades propias del ser humano, tales como los cambios en los sistemas agrícolas, presiones demográficas, la urbanización y modernización, la destrucción de hábitat, la contaminación y la legislación y políticas inapropiadas (FAO 2011).

En Guatemala, las principales causas de erosión genética son la urbanización, el cambio de uso de suelo y el cambio climático. Las primeras dos son las que afectan en mayor medida al género *Phaseolus*. A pesar de esto, en el Segundo Informe Nacional sobre la Conservación y Utilización Sostenible para la Agricultura y la Alimentación se indica que no existen proyectos relacionados con la evaluación de la magnitud y tasa de la erosión genética actual (MAGA Y FAO 2008).

Todos los factores que contribuyen con la pérdida de RFAA y su germoplasma, resaltan la necesidad de hacer de la conservación un proceso continuo. Para esto, es necesario conocer la diversidad genética de una especie, así como continuar con la caracterización morfológica y agronómica de germoplasma y llevar a cabo un análisis de distribución geográfica de las poblaciones nativas (Bellon y Berthaud 2006).

**4. Diversidad genética y conservación de los recursos genéticos.** La diversidad genética es el componente más básico de la biodiversidad, y se define como la variedad de alelos y genotipos presentes en una población. Esta diversidad se refleja en diferencias morfológicas, fisiológicas y de comportamiento entre individuos y poblaciones (Frankham *et al.* 2002). La conservación de la diversidad genética es necesaria, ya que esta diversidad es la base del potencial evolutivo de las especies para responder a cambios en el ambiente.

El objetivo principal de la conservación de los recursos genéticos es preservar la mayor parte de la diversidad genética existente. Al mismo tiempo, busca preservar caracteres de importancia biológica, ecológica y/o cultural para el ser humano. De esta manera, una buena conservación debe garantizar que la diversidad priorizada sea científica y económicamente viable (Karp *et al.* 1997).

Según lo anterior, para que un programa de conservación sea efectivo se debe tener una base técnica y científica, así como estadística. Para esto, es necesario poseer un conocimiento amplio y profundo de la diversidad genética existente en las especies y/o variedades de interés. Otro aspecto que se debe tomar en cuenta es la probabilidad de extinción de las variedades de interés (Reist-Marti *et al.* 2003). También hay que tener conocimiento acerca de la estructura de la especie o variedad, así como la distribución de esta en la naturaleza (Allard 1988, Hamrick y Godt 1990, Hamrick *et al.* 1992, Hamrick 1993, Hamrick *et al.* 1993, Hamrick y Godt 1997).

En el caso de los recursos fitogenéticos, un programa de conservación efectivo debe incluir métodos de conservación *ex situ* e *in situ*. De este modo, se estaría maximizando la diversidad genética disponible (Karp *et al.* 1997). A continuación se presenta una breve descripción de estos métodos de conservación de los recursos fitogenéticos.

**a. Conservación *ex situ*.** La conservación *ex situ* se basa en la conservación del germoplasma, el cual se define como cualquier material capaz de transmitir los caracteres hereditarios de una generación a otra (Witt 1985). Específicamente para los recursos fitogenéticos, el germoplasma se refiere a las estructuras o tejidos vegetales, y en especial, a las semillas (Bacchetta *et al.* 2008).

La conservación *ex situ* tiene como fin conservar la variabilidad de las especies fuera de su hábitat natural. De esta manera, el germoplasma se mantiene fuera de su ambiente natural original, ya sea como una colección viva o en bancos de genes, semillas, tubérculos o propágulos (bancos de germoplasma) (Hong *et al.* 1998, Franco 2008). Las muestras que se incluyen en los bancos de germoplasma reciben el nombre de “accesiones”. Los bancos de germoplasma han sido utilizados principalmente para conservar variedades de interés agrícola, incluyendo los parientes silvestres de las mismas. Sin embargo, a raíz del Convenio de Diversidad Biológica se empezó a mostrar interés en conservar germoplasma de plantas silvestres con el fin de evitar la pérdida de la diversidad biológica en general (Bacchetta *et al.* 2008).

Este tipo de conservación presenta ciertas desventajas, entre las cuales se encuentran el alto costo de mantenimiento de las instalaciones, peligro de pérdida del material almacenado por ataque de plagas, enfermedades u otros factores (guerras, desastres naturales, incendios), detención del proceso de evolución natural de las especies y principalmente, solo una parte de la variación genética puede ser almacenada. Por otro

lado, la conservación *ex situ* tiene la ventaja de mantener el germoplasma cuando éste ya no existe en su hábitat natural y además está disponible en cualquier momento (Azurdia 2005).

En Guatemala, las instituciones que se dedican a la conservación *ex situ* de la agrobiodiversidad son: Instituto de Ciencia y Tecnología Agrícolas (ICTA), Universidad Rafael Landívar (URL), Universidad del Valle de Guatemala (UVG) y el Centro de Estudios Conservacionistas de la Universidad San Carlos de Guatemala (CECON-USAC). Actualmente se utilizan las siguientes formas de conservación *ex situ*: banco de germoplasma, conservación *in vitro*, colecciones vivas, jardines clonales, jardines botánicos y arboretos (MAGA y FAO 2008).

**b. Conservación *in situ*.** La conservación *in situ* se define como la conservación de especies silvestres o cultivadas dentro de su hábitat natural, a fin de poder mantener poblaciones viables en sus ecosistemas naturales y de no perturbar su dinámica (Hong *et al.* 1998, Franco 2008). Este tipo de conservación preserva todos los componentes de un ecosistema, y además, preserva todas las relaciones entre estos componentes de manera que permite la continuación de los procesos evolutivos de las plantas (Martín 2000).

La conservación *in situ* implica no solo proteger una especie, sino proteger y gestionar el ecosistema en el que esta especie habita. De esta manera, este tipo de conservación incrementa la cantidad de diversidad que puede ser conservada, y además fortalece las relaciones entre los conservacionistas y las comunidades que han utilizado y mantenido los recursos, así como las relaciones entre los científicos y los agricultores (Karp *et al.* 1997). Este tipo de conservación ha sido utilizado principalmente para proteger especies silvestres, debido a que éstas se encuentran en ecosistemas que no han sido perturbados por el ser humano. Existen diversas formas de conservación *in situ* como

lo son los parques naturales, parques nacionales, reservas, áreas protegidas y corredores biológicos (Martín 2000).

En Guatemala actualmente se cuentan con 336 áreas protegidas, las cuales cubren el 31.05% del país y son manejadas por el Consejo Nacional de Áreas Protegidas (CONAP) (SIGAP 2014, CONAP 2017). Además de esto, instituciones como el Instituto de Ciencia y Tecnología Agrícolas (ICTA), la Universidad del Valle de Guatemala (UVG), la Asociación de Organizaciones de los Cuchumatanes (ASOCUCH), el Centro Agronómico Tropical de Investigación y Enseñanza (CATIE) y la Organización de las Naciones Unidas para la Alimentación y la Agricultura (FAO), han trabajado en proyectos de conservación de la agrobiodiversidad en los campos de los agricultores, trabajando principalmente con maíz (MAGA y FAO 2008).

##### **5. Priorización de la diversidad a conservar a través del análisis Weitzman.**

Como se mencionó anteriormente, la erosión genética o pérdida de diversidad ha aumentado en los últimos años. Debido a que los recursos económicos o humanos necesarios para conservar siempre son limitados, no es posible conservar toda la diversidad genética existente (Vane-Wright *et al.* 1991, Crozier 1992). De esta manera, el hacer esfuerzos por conservar una parte de la diversidad total, implicaría una disminución y/o pérdida en el resto de la diversidad (Weitzman 1992).

A partir de lo anterior, Martin L. Weitzman determinó que no existía una función o un método objetivo para darle valor y “clasificar” según el orden de importancia, a la diversidad. Weitzman desarrolló una herramienta que contribuye con las estrategias de conservación de la biodiversidad al poder valorar y clasificar en orden de importancia las especies o individuos de interés (Weitzman 1992). Además, el método de Weitzman permite definir qué porcentaje de todo el presupuesto disponible para conservación, debe asignarse a cada una de las variedades o especies elegidas como prioritarias, para de esta

manera, poder maximizar la diversidad a conservar con un presupuesto limitado (FAO 2010), Samuel *et al.* 2013). El análisis de Weitzman responde al cuestionamiento de decidir qué especies llevar a bordo del Arca de Noé, o en otras palabras, decidir qué especies conservar (Vane-Wright *et al.* 1991, Crozier 1992).

Weitzman planteó que para priorizar especies o variedades para la conservación, es necesario un proceso que permita identificar las variedades que contribuyen de mayor manera a la diversidad genética global. Asimismo, se deben priorizar aquellas variedades que poseen el mayor potencial para ser utilizadas en el futuro y para contribuir con el desarrollo de esta diversidad. La priorización también debe tomar en cuenta el valor cultural y social de las variedades o especies a conservar, debido a que a lo largo de la historia, los factores culturales han sido claves en la domesticación y dispersión de las especies, afectando así el flujo genético y la variabilidad genética de las especies agrícolas (FAO 2010).

**a. Formación de Unidades Taxonómicas Operacionales para El Análisis Weitzman.** El análisis Weitzman fue presentado originalmente en un contexto en el que el nivel taxonómico a analizar era el de las especies. Sin embargo, este análisis es aplicable a cualquier nivel, como por ejemplo: poblaciones, razas, especies, subespecies o incluso sujetos individuales. A estos sujetos de aplicación, se les conoce en un contexto general como “unidades taxonómicas operacionales” o UTOs (Weitzman 1992). En taxonomía numérica, las UTOs son aquellos individuos o poblaciones que son el objeto de estudio y que pueden ser representados en un dendograma (González-Andrés, 2001).

El análisis Weitzman considera que se deben conservar las UTOs “en el orden de sus ganancias en utilidad más diversidad, ponderado por el aumento en su probabilidad de supervivencia, por dólar por costo” (Metrick y Weitzman 1998, Weitzman, 1998). De esta manera, el análisis Weitzman toma en cuenta medidas o índices de diversidad,

estatus de riesgo de erosión genética y costos de conservación, permitiendo identificar un conjunto rentable de especies o variedades a priorizar que maximice la diversidad que se puede conservar (Samuel 2013, Samuel *et al.* 2013).

1) Índice de diversidad. La diversidad genética se define como la variedad de alelos y genotipos presentes en una población. Existen diversas maneras de medir la diversidad genética a nivel molecular. Entre estas se pueden mencionar: la frecuencia alélica, la proporción de loci polimórficos, la heterocigosidad observada y esperada, y la diversidad o riqueza alélica. En el contexto de poblaciones, las medidas de diferenciación a nivel molecular también pueden basarse en distancias genéticas (Nei 1987, Laval *et al.* 2002).

Para las especies vegetales, se han utilizado principalmente medidas de riqueza alélica y distancia genética (El Mousadik y Petit 1996, Petit *et al.* 1998, Widmer y Lexer 2001, Hao *et al.* 2006). La riqueza alélica se refiere al número medio de alelos por población. Un alelo se refiere a las distintas formas alternativas que puede presentar un gen. Por su parte, la distancia genética se basa en que cuando una unidad se separa en dos o más, estas evolucionan de forma más o menos independiente, de manera que cada una tendrá una composición genética diferente mientras más tiempo transcurra. Por lo tanto, la distancia genética busca medir el grado de diferenciación existente entre estas distintas unidades (García 2008).

Como se mencionó anteriormente, el análisis de Weitzman busca establecer prioridades con base en la contribución de cada especie a la biodiversidad total. Para este análisis, la contribución de cada especie a la diversidad total del grupo se mide en la distancia genética incremental que cada especie añade a un conjunto de especies (Mulier 2012). Por lo tanto, el análisis Weitzman establece que la singularidad o carácter distintivo de una especie depende de la distancia genética entre sí misma y su pariente más cercano, de manera que la diversidad es una medida de este carácter distintivo (Weitzman 1993).

2) Índice del estatus de riesgo de erosión genética. El estatus de riesgo se refiere a la probabilidad de que bajo las circunstancias actuales, las UTO desaparezcan dentro de un período de tiempo específico. Dentro de estos riesgos se toman en cuenta aspectos demográficos, ambientales y genéticos del descenso de la población (Gandini *et al.* 2004).

3) Costo de conservación. Algunas especies o variedades poseen un tamaño efectivo de población bajo, por lo que es posible que sea necesario intervenir de manera activa con el fin de reducir el estatus de riesgo. Estas estrategias de conservación implicarían el uso de recursos financieros, a los cuales debería sumarse cualquier costo de oportunidad en el que se incurra por renunciar al uso de una especie o variedad diferente (Pattison *et al.* 2007).

**b. Aplicación del análisis Weitzman para la conservación de la diversidad.** El análisis Weitzman es un análisis novedoso, el cual posee una justificación matemática y una capacidad de proporcionar resultados que permiten tomar decisiones respecto a la conservación de recursos. Estas características han tomado el interés de algunos científicos para utilizarlo como una herramienta para la conservación de la diversidad (Samuel 2012).

La mayoría de estudios que han utilizado el análisis Weitzman con fines de conservación de la diversidad se han basado en los recursos genéticos animales, principalmente en las razas ganaderas (Samuel 2012). Ejemplo de esto es el estudio realizado por Simianer *et al.* 2003, en donde se utilizó el análisis Weitzman para determinar las razas prioritarias a conservar en un grupo de 23 razas de ganado africano. En este estudio, el análisis Weitzman indicó que de esas 23 razas ganaderas, únicamente 3 de ellas deberían ser prioritarias para la conservación. Otro estudio similar fue realizado por Reist-Marti *et al.* (2003), en donde se aplicó el análisis Weitzman para evaluar

estrategias de conservación para 49 razas de ganado africano. Resit-Marti e investigadores encontraron que, la estrategia de conservación óptima era priorizar aquellas razas con una mayor diversidad marginal, y no necesariamente las razas con mayor peligro de erosión genética.

En cuanto al uso que se le ha dado al análisis Weitzman con fines de conservación de recursos fitogenéticos, se pueden mencionar dos estudios. En el primer estudio se utilizó el análisis Weitzman para calcular la diversidad máxima que podría ser conservada para un grupo de variedades de cacao, priorizando 2 de los 10 clusters creados. (Samuel *et al.* 2013). El segundo estudio aplicó el análisis Weitzman a distintas variedades de maíz y de cacao, encontrando que este análisis combinado con un modelo de locación óptima de fondos permite obtener diferentes estrategias de conservación. Asimismo, se determinó que es posible utilizar medidas de adaptabilidad al cambio climático como riesgo de extinción (Samuel 2012).

## **6. Esquema de Recompensas por Servicios de Conservación de la**

**Agrobiodiversidad (ReSCA).** En las últimas décadas, una de las formas más utilizadas para conservar los recursos fitogenéticos ha sido por medio de bancos de germoplasma. A pesar de la existencia de varios bancos con altas capacidades de almacenaje, sigue existiendo una pérdida de recursos genéticos vegetales alrededor del mundo (FAO 2011). Esto se debe a que muchas de las características claves de estos recursos no pueden ser capturadas y almacenadas fuera de su hábitat natural, tales como las relaciones ecológicas que mantienen, el flujo de genes entre poblaciones y especies, y la selección según su resistencia contra predadores o enfermedades (Altieri y Merrick 1987, Brush 1989).

En los últimos años se ha utilizado el “pago por servicios ambientales” o PSA, como una buena alternativa para la conservación de ecosistemas, lo cual a su vez

garantiza la conservación de las especies asociadas a los mismos. Estos pagos consisten en que quienes se beneficien de algún servicio ecosistémico, deben realizar un pago a aquellos que lo proveen y lo mantienen activo (Narloch *et al.* 2011). De esta manera, el pago por servicios ambientales busca integrar activamente a la sociedad en la conservación de los recursos.

A pesar de los buenos resultados que el sistema de pago por servicios ambientales ha proporcionado, éste ha sido utilizado principalmente para conservar bosques y ecosistemas asociados a los mismos (Engel *et al.* 2008, Muradian *et al.* 2010, Wunder *et al.* 2008). En el caso de Guatemala, se ha puesto en práctica el pago por servicios ambientales hídricos en varias localidades, obteniendo buenos resultados. Ejemplo de esto es el mecanismo desarrollado en la microcuenca del Río Las Escobas en el Cerro San Gil, impulsado por la Fundación para el Ecodesarrollo y la Conservación (FUNDAECO) y llevado a cabo por la Municipalidad de Puerto Barrios, Izabal, Guatemala; en el cual, gracias a los fondos proporcionados por los usuarios de agua potable, se ha logrado cubrir los gastos de mantenimiento de la zona de recarga hídrica. Otro ejemplo de PSA en Guatemala es el implementado en la microcuenca del Río Negro en el Municipio de San Pablo (San Marcos, Guatemala), impulsado por la Asociación Fondo para la Gestión Hídrica Participativa (AFOGESHIP) y la Unión Internacional para la Conservación de la Naturaleza (UICN), en donde los fondos provistos por los usuarios de agua permitieron reforestar gran parte de la zona de recarga hídrica (Medina *et al.* 2013).

Como una alternativa y complemento a la conservación *ex situ* en bancos de germoplasma, se ha estudiado y trabajado en la conservación *in situ* de la agrobiodiversidad en los campos de los agricultores (Maxted *et al.* 2002). Una forma de incentivar este tipo de conservación es proporcionando pagos directos que beneficien a un amplio sector de la comunidad (Ferraro 2001, Ferraro y Simpson 2002). Algunos países han realizado pagos a los agricultores para cambiar sus prácticas agrícolas hacia prácticas favorables con el ecosistema y la biodiversidad (Kleijin y Sutherland 2003). De esta

manera surge el “esquema de recompensas por servicios de conservación de la Agrobiodiversidad” o ReSCA.

El esquema ReSCA consiste en incentivar a varias comunidades a cultivar una variedad o especie previamente definida como prioritaria a conservar, a cambio de un pago en especie, y no en efectivo (Narloch *et al.* 2011). Esto quiere decir que las comunidades dentro el esquema ReSCA reciben un pago, distinto a efectivo, de acuerdo a sus necesidades, por ejemplo: Materiales o maquinaria de construcción, materiales educativos, maquinaria para procesamiento de la cosecha, entre otros.

Para llevar a cabo el esquema ReSCA, se organiza un concurso en el cual las distintas comunidades interesadas en participar realizan ofertas sobre cuánto terreno pueden proporcionar para el cultivo de la especie o variedad de interés, y a cambio de qué especie y la cantidad de la misma. Posteriormente se eligen las comunidades con las mejores ofertas para aplicar dicho mecanismo. Una vez elegidas las comunidades, se les proporciona la semilla a sembrar y se les da un monitoreo para cerciorarse que se cumpla con lo establecido. Al final de la cosecha, se realiza el pago en forma de la especie elegida por la comunidad (Narloch *et al.* 2011).

El esquema ReSCA fue aplicado como proyecto piloto en Perú y Bolivia en el 2010 y 2011 para la conservación de variedades amenazadas de quinua, dando buenos resultados. En términos sociales, en ambos países se mejoró la relación entre los miembros de las comunidades locales ya que pudieron trabajar juntos como equipo. Además, se logró transmitir la importancia de conservar y utilizar las variedades locales como producto de subsistencia y no únicamente como producto con fines comerciales. En cuanto a los logros de conservación, este esquema permitió identificar las parcelas de conservación existentes e incluso, algunos de los participantes decidieron continuar

cultivando las variedades amenazadas después de finalizado el proyecto (Narloch *et al.* 2011, Drucker *et al.* 2013).

La organización Bioversity International y la Universidad del Valle de Guatemala, a través del proyecto “Integrando la Agrobiodiversidad a cadenas de valor para afrontar el cambio climático y el riesgo nutricional, en áreas vulnerables del corredor seco de Guatemala”, financiado por la Agencia de las Naciones Unidas “Fondo para el Desarrollo Agrícola (FIDA)”, buscan aplicar el esquema ReSCA en Guatemala, con el fin de incentivar la conservación *in situ* de las variedades locales de maíz y frijol en los campos de los agricultores. Con este trabajo de graduación se identificarán las variedades prioritarias de frijol común a conservar, su localización, su riesgo de erosión genética y la contribución de dichas variedades a la diversidad genética total del frijol común de Guatemala. Esta información permitirá desarrollar en el país el primer esquema de pago de recompensas por conservación de la agrobiodiversidad en el país.

## **B. Justificación**

La diversidad de las especies vegetales domesticadas y sus parientes silvestres es indispensable para el suministro global de alimento. Esta diversidad también contribuye a la capacidad que tienen los sistemas agrícolas actuales para hacer frente a las demandas humanas y el cambio global. A pesar de esto, la diversidad de estos recursos ha disminuido notoriamente en los últimos años, causando gran preocupación y haciendo necesaria la creación de métodos que permitan conservar la mayor parte de la agrobiodiversidad (FAO 2011).

Según lo anterior, es necesario priorizar las especies y/o variedades a las cuales irán destinados los esfuerzos de conservación, ya que es imposible conservar toda la variabilidad fitogenética existente. Esta priorización necesita tener una base técnica, científica y matemática, para asegurar la conservación de la mayor cantidad de recursos fitogenéticos con los recursos financieros limitados disponibles. El método de Weitzman es un método novedoso que se apoya en datos científicos y que toma en cuenta los fondos disponibles para conservación, lo cual lo hace un método completo para priorizar especies. Este trabajo de graduación forma parte de los primeros esfuerzos en utilizar el método Weitzman con fines de conservación *in situ*. Este método ha sido utilizado principalmente en estudios anteriores para priorizar recursos genéticos animales (Samuel 2012), por lo que este trabajo contribuirá a evaluar su aplicabilidad y factibilidad al priorizar recursos fitogenéticos.

En el caso de Guatemala, a pesar de contar con recursos financieros limitados, no existe un método o herramienta definido para establecer las especies o variedades prioritarias a conservar *in situ*. Por lo tanto, este trabajo es pionero en el ámbito y busca evaluar y proponer el método Weitzman como herramienta para apoyar políticas de conservación en el país. Esta herramienta también es útil para racionalizar el uso de fondos destinados a conservación. De esta manera, el método Weitzman permite que el manejo y destino final de los fondos monetarios para la conservación esté apoyado con datos científicos y matemáticos de alta calidad. Esto a su vez, podría ayudar a elaborar presupuestos mucho más realistas, certeros y que garanticen la conservación de la biodiversidad.

Otro aspecto importante es que en Guatemala existen muchas variedades de frijol, tanto cultivadas como silvestres, ya que el país forma parte de la región Mesoamericana que es considerada como centro de origen y dispersión del género *Phaseolus*. Además, éste es uno de los cultivos base para la seguridad alimentaria del país. A pesar de esto, las variedades nativas de frijol han disminuido principalmente por factores antropogénicos.

Por lo tanto, este trabajo brinda información sobre las variedades nativas de frijol prioritarias a conservar, así como la ubicación de las mismas. Asimismo, los resultados de este trabajo permitirán aplicar un Esquema de Recompensas por Servicios de Conservación de la Agrobiodiversidad (ReSCA) en Guatemala como parte del proyecto “Integrando la Agrobiodiversidad a cadenas de valor para afrontar el cambio climático y el riesgo nutricional, en áreas vulnerables del corredor seco de Guatemala”, llevado a cabo por Bioversity International y la Universidad del Valle de Guatemala.

Este trabajo utiliza el análisis Weitzman para determinar las variedades de frijol común con mayor peligro de erosión genética, e identificar cuáles de estas variedades son prioritarias para su conservación en Guatemala. Sin embargo, cabe resaltar que este método puede ser utilizado para la priorización de otras variedades o especies, no solo vegetales sino también animales. Esto podría ser muy útil en Guatemala, ya que Guatemala es un país con alta diversidad y es parte del “Hot spot” mesoamericano de biodiversidad (CONAP 2009). Además, al ser un país tropical, Guatemala se encuentra propensa a sufrir pérdidas agrícolas como consecuencia del cambio climático. Por lo tanto, es necesario determinar qué especies tienen mayor peligro de erosión genética y que por ende, tienen una mayor necesidad de ser conservadas, pues esta diversidad forma parte de una de las regiones más biodiversas del planeta y contiene la base de la seguridad alimentaria presente y futura del país.

Este trabajo de graduación contiene una base de datos integrada para el frijol común (*Phaseolus vulgaris*), la cual incluye información sobre la caracterización morfológica y molecular de distintas variedades de frijol común de Guatemala. Esto es importante ya que la información sobre esta especie ha sido generada por varias instituciones en el país, por lo que se encuentra dispersa. Además, el acceso a esta información es limitado y toma un tiempo considerable. Por lo tanto, la base de datos generada con este trabajo podría ser utilizada para realizar investigaciones futuras, facilitando el acceso a la información respecto al frijol común de Guatemala.

## **C. Objetivos**

### **1. Objetivo general**

Implementar el método Weitzman como herramienta de priorización de variedades de frijol común (*Phaseolus vulgaris*) para su conservación en Guatemala.

### **2. Objetivos específicos**

**a.** Identificar, a través del análisis Weitzman, las variedades nativas de *Phaseolus vulgaris* que deben priorizarse para su conservación en Guatemala, y la región geográfica donde se encuentran (municipios y departamentos).

**b.** Generar la información que permita desarrollar para las variedades de frijol común priorizadas, un mecanismo de recompensas por servicios de conservación de la agrobiodiversidad (ReSCA).

**c.** Contribuir, con los resultados del estudio, en el desarrollo de una propuesta de una estrategia costo-efectiva para la conservación y uso sostenible de los recursos fitogenéticos de Guatemala.

## II. MÉTODOS

### A. Procedimiento

**1. Recopilación de información y elaboración de bases de datos.** Se consultaron distintos documentos con información sobre las características morfológicas (color de la semilla, hábito de crecimiento, color de la flor, entre otros) y moleculares (alelos para distintos microsatélites) de las variedades locales de frijol común (*Phaseolus vulgaris*). El primer documento consultado fue el libro “*Guatemala, Catálogo de frijoles de Ipala: Caracterización molecular y morfo-agronómica*” (IICA, Red SICTA, Cooperación Suiza en América Central, 2011). Este documento posee información acerca de los frijoles del municipio de Ipala, en el departamento de Chiquimula, Guatemala. A partir de este documento se creó una base de datos con información molecular y morfológica para 26 accesiones provenientes de Ipala, Chiquimula, Guatemala. Esta base posee información sobre el nombre común de la variedad, la latitud, longitud, departamento, municipio, localidad en donde se encuentra cada variedad de frijol. Además, se incluye información molecular sobre nueve marcadores moleculares microsatélites (SSR): BM189, BM188, BM152, GATS91, BM183, BM205, BM175, AG1, BM210. Por su parte, las características morfológicas incluidas en la base de datos son: Días a germinación, color de testa, pubescencia, hábito, color de la flor, color del cáliz, color del cuello del estandarte de la flor, color de vaina, forma del ápice de vaina y número de semillas por vaina.

La segunda base de datos empleada, fue elaborada por el Centro Internacional de Agricultura Tropical (CIAT) para el género *Phaseolus*, con la información del Banco de Germoplasma de esta institución. La información para crear la base de datos específica para el frijol común de Guatemala fue proporcionada por el Dr. Evert Tomas (CIAT). La base está conformada por 2813 accesiones del género *Phaseolus*, 2787 de ellas

corresponden a *Phaseolus vulgaris* de las cuales 52 cuentan con información molecular, específicamente de 36 marcadores moleculares microsatélites (SSR): AG01, BM137, BM139, BM140, BM141, BM143, BM149, BM156, BM160, BM172, BM175, BM183, BM187, BM188, BM200, BM201, BM205, BMd01, BMd02, BMd08, BMd15, BMd16, BMd17, BMd18, BMd20, BMd46, BMd47, BMd51, BMd56, GATS54, GATS91, PV-ag003, PV-at001, PV-at003, PV-cct001, PV-ctt001. Además, esta base de datos posee información sobre la localización y nombre común de cada variedad de frijol común.

**2. Unidades Taxonómicas Operativas (UTOs).** Para el análisis Weitzman, una unidad taxonómica operativa se refiere a los sujetos de aplicación del análisis. Estos sujetos de aplicación pueden ser poblaciones, variedades, especies, etc. En este trabajo, para la base de datos de frijoles de Ipala, Chiquimula, Guatemala, se utilizó cada variedad de frijol común como una Unidad Taxonómica Operativa (UTO) distinta sobre el cual se aplicó el método Weitzman.

Para la base de datos de frijol común de Guatemala extraída del Banco de Germoplasma de CIAT, las accesiones fueron clasificadas según el color de la semilla y su hábito de crecimiento. Esta clasificación dio como resultado 12 grupos con color de semilla y hábito de crecimiento distintos, formando de esta manera las UTOs sobre las cuales se aplicó el método Weitzman. En el Cuadro 1 se muestran las 12 UTOs resultantes y el origen de las accesiones que las conforman.

CUADRO 1. Clasificación de las variedades de frijol común (*Phaseolus vulgaris*) de Guatemala en Unidades Taxonómicas Operativas (UTOs), según la base de datos de frijol común de Guatemala tomada del Banco de Germoplasma de CIAT.

<b>No. De UTO</b>	<b>UTO</b>	<b>Departamento</b>	<b>Municipio</b>
1	Variedades Color Amarillo Postradas-Indeterminadas	Huehuetenango	Jacaltenango
2	Variedades Color Blanco de Enredo	Alta Verapaz	Cobán
3	Variedades Color Mixto de Enredo	Huehuetenango	Jacaltenango
4	Variedades Color Mixto Postradas-Indeterminadas	Santa Rosa Chiquimula	Barberena Concepción Las Minas
5	Variedades Color Negro Arbustivas-Indeterminadas	Jutiapa Chiquimula Alta Verapaz Sacatepéquez Santa Rosa Jutiapa	El Progreso Ipala Lanquín Antigua Guatemala Cuilapa Jutiapa
6	Variedades Color Negro de Enredo	Alta Verapaz Quiche Santa Rosa Chimaltenango Quiche Chimaltenango Quezaltenango Chimaltenango Huehuetenango Quiche Quiche Jalapa Chimaltenango	San Cristóbal Verapaz Chichicastenango Cuilapa Chimaltenango Chicaman Chimaltenango Quezaltenango Chimaltenango Malacatancito Uspantan Chichicastenango San Pedro Pinula Chimaltenango Valley

CUADRO 1. Clasificación de las variedades de frijol común (*Phaseolus vulgaris*) de Guatemala en Unidades Taxonómicas Operativas (UTOs), según la base de datos de frijol común de Guatemala tomada del Banco de Germoplasma de CIAT (continuación).

No. De UTO	UTO	Departamento	Municipio
7	Variedades Color Negro Postradas-Indeterminadas	Jalapa	Jalapa
		El Progreso	El Progreso
		Jutiapa	Asunción Mita
		Jutiapa	Agua Blanca
		Chimaltenango	Chimaltenango
		Jutiapa	Jutiapa
8	Variedades Color Púrpura Arbustivas-Determinadas	El Progreso	Chichicaste
		Chimaltenango	Tecpán Guatemala
9	Variedades Color Púrpura de Enredo	Santa Rosa	Casillas
		Quezaltenango	Quezaltenango
10	Variedades Color Púrpura Postradas-Indeterminadas	El Progreso	Morazán
11	Variedades Color Rojo de Enredo	Alta Verapaz	Cobán
		Sacatepéquez	Antigua Guatemala
		Quiche	Chichicastenango
12	Variedades Color Rojo Postradas-Indeterminadas	Jalapa	San Pedro Pinula

Definidas las UTOs de trabajo en ambas bases de datos, se calcularon las distancias genéticas de Nei utilizando el software Rstudio (RStudio 2011). Para esto, se utilizaron 9 microsatélites para la base de datos de frijoles de Ipala y para la base de datos de frijol común de Guatemala tomada de CIAT se utilizaron 36 microsatélites. Posteriormente, se utilizó el análisis Weitzman para llevar a cabo el análisis estadístico para la priorización de variedades de frijol común (*Phaseolus vulgaris*).

### 3. Análisis Weitzman

**a. Determinación de riesgos de erosión genética para las variedades de frijol común.** El 25 de abril del año 2016, en la Universidad del Valle de Guatemala, se realizó un taller con expertos para determinar los principales riesgos que corren las variedades nativas de frijol en Guatemala. En el taller se contó con la participación de expertos nacionales en frijol pertenecientes a instituciones como el Instituto de Ciencia y Tecnología Agrícolas (ICTA) y el Ministerio de Agricultura, Ganadería y Alimentación (MAGA). Como resultado del taller se definieron cuatro categorías prioritarias a tomar en cuenta: Políticas, económicas, socioculturales y climáticas. Finalmente se eligió la “migración juvenil” como el riesgo de erosión genética para las variedades de frijol común de Guatemala a aplicar en el análisis Weitzman.

Se utilizó la migración juvenil en Guatemala como el riesgo de erosión genética de las distintas variedades de frijol debido a que, en un principio, la mayor parte de jóvenes guatemaltecos se dedica a actividades agrícolas (32%) (ENEI 3 - 2016). Sin embargo, este grupo etario también es el más propenso a migrar con el fin de tener un mejor nivel de vida, ocasionando de esta manera la pérdida de las tradiciones agrícolas y por lo tanto la pérdida de las variedades de siembra locales (ODHAG 2013). Por lo tanto, la migración de jóvenes es una medida de la pérdida de los valores culturales y de siembra, e indirectamente permite medir el peligro de extinción que las variedades locales sufren o podrían sufrir en el futuro.

No se pudo trabajar con más riesgos de erosión genética debido a que no existe información suficiente respecto a la localización y las condiciones climáticas en las que se encuentra cada una de las variedades de frijol. Además, la información limitada que existe respecto al tema es de difícil acceso y mucha de ella se encuentra en instituciones que no tienen libre acceso a la información que generan.

**b. Cálculo del riesgo de erosión genética.** Para obtener la información concerniente a la migración juvenil se utilizó la Encuesta Nacional de Juventud en Guatemala -ENJU 2011- (SESC, CONJUVE, INE, 2011). Se eligieron tres variables relacionadas a la migración juvenil, cada una correspondiente a una pregunta realizada en la encuesta. Posteriormente, siguiendo la metodología utilizada por Samuel (2012), se asignó un valor a cada una de las respuestas, siendo 0.1 que no existe riesgo de migración juvenil y 0.99 que existe un alto riesgo de migración juvenil. En el Cuadro 2 se muestran las variables elegidas para calcular el riesgo de “migración juvenil”, las posibles respuestas a estas preguntas, y el valor asignado a las mismas.

A partir del valor asignado a cada respuesta, se integraron las respuestas por departamento y se obtuvo un riesgo de migración juvenil promedio para cada departamento. Este riesgo se utilizó como riesgo de erosión genética para cada variedad de frijol común, según el departamento en el que cada variedad se encuentra.

CUADRO 2. Variables y valores utilizados para calcular el riesgo de erosión genética por migración juvenil para las variedades de frijol común (*Phaseolus vulgaris*) de Guatemala.

Variable	Respuesta	Valor
Dónde vivían hace 5 años	En el mismo lugar	0.1
	En otro municipio del mismo departamento	0.25
	En otro departamento de Guatemala	0.75
	En otro país	0.99
Hay algún miembro del lugar residiendo en otro país	No	0.1
	Si	0.99
	No sabe / No responde	0.5

CUADRO 2. Variables y valores utilizados para calcular el riesgo de erosión genética por migración juvenil para las variedades de frijol común (*Phaseolus vulgaris*) de Guatemala (continuación).

Variable	Respuesta	Valor
Ha pensado en migrar a algún país	0 sí	0.1
	1 sí	0.2
	2 sí	0.4
	3 sí	0.5
	4 sí	0.6
	5 sí	0.8
	6 sí	0.99

**c. Aplicación del análisis Weitzman.** Para la aplicación del análisis Weitzman se utilizó el programa Rstudio (RStudio 2011), implementando los paquetes “adegenet” (Jombart *et al.* 2016) y “gtools” (Warnes *et al.* 2015). Cabe mencionar que, al ser un análisis con funciones recursivas, el tiempo que se requería para completar el análisis en un ordenador común era muy elevado. Por lo tanto, el análisis se realizó en los servidores del Centro de Estudios en Informática Aplicada (CEIA) de la Universidad del Valle de Guatemala, con ayuda del Ing. Luis Furlán, Director del CEIA de la UVG, y la Ing. Alejandra Reynoso, Jefa de Tecnología del Registro de Dominios “.GT”.

Para iniciar el análisis Weitzman, se calculó la diversidad total del grupo en la ausencia de cada uno de los elementos o UTOs. Para esto, se utilizó la siguiente ecuación:

$$D(S) = \max_{i \in S} D(S_{i \in S}) + d(i, S_{i \in S})$$

En donde  $D(S)$  corresponde a la función que indica la diversidad de un set (S) de N grupos,  $S_{i \in S}$  representa a un subgrupo sin el grupo  $i$ , y  $d(i, S_{i \in S})$  representa la distancia entre el grupo  $i$  y el set sin  $i$ .

Posteriormente, se calculó la contribución parcial de cada UTO ( $i$ ) utilizando la siguiente ecuación:

$$/PC_i = |D(S) - (D(S_{i \in S})/D(S)$$

Se continuó calculando probabilidad de extinción o erosión genética del grupo utilizando la ecuación:

$$P(K) = \prod_i (k_i - (-1)^{k_i} z_i)$$

En donde  $z_i$  es la probabilidad de extinción o erosión genética (en este caso erosión genética por migración juvenil), tomando valores de 0 a 1 y donde  $k_i = 1$  indica que la especie o grupo no está extinto y  $k_i = 0$  indica que la especie o grupo está extinto.

Calculada la probabilidad, se obtuvo la diversidad esperada con la ecuación:

$$E(D) = \sum_{\forall K} P(K) D_K$$

En donde  $D_K$  denota la diversidad del set de grupos que no se encuentran extintos. Posteriormente se calculó la diversidad marginal ( $D'$ ) para cada grupo, lo cual se realizó utilizando las siguientes ecuaciones:

$$E(D | k_i = 0) = \frac{\sum_{\forall K; k_i=0} P(K) D_K}{z_i}$$

$$E(D | k_i = 1) = \frac{\sum_{\forall K; k_i=1} P(K) D_K}{1 - z_i}$$

$$D' = E(D | k_i = 0) - E(D | k_i = 1)$$

**4. Modelo de distribución óptima de los fondos para conservación.** El análisis Weitzman permite distribuir los fondos monetarios disponibles para la conservación de variedades o especies, a modo que se maximice la diversidad total conservada. Para esto, existen distintos modelos para vincular los fondos disponibles para conservación, con la reducción en la probabilidad de extinción de los grupos analizados (Simianer *et al.* 2003).

Se calculó la distribución óptima de fondos para conservación de las variedades de frijol común basándose en el riesgo de erosión genética por migración juvenil, utilizando el modelo A presentado por Simianer *et al.* (2003), y recomendado para llevar a cabo el análisis con recursos fitogenéticos. En este modelo,  $\gamma$ ,  $\lambda$  y  $\eta$  son constantes,  $b$  es el presupuesto disponible y  $z$  son las probabilidades de extinción. Para estos parámetros se utilizaron los mismos valores descritos en Simianer *et al.* (2003).

Modelo A: Efecto aditivo en la población,  
proporcional a los fondos invertidos por  
individuo

$$\Delta z_i^A = \frac{4\lambda b z_i^3}{\gamma^2 + 4\lambda b z_i^2}$$

Modelo B: Efecto multiplicativo en la  
población proporcional a los fondos  
invertidos por individuo

$$\Delta z_i^B = \frac{2v b z_i^2}{\gamma + 2v b z_i}$$

Modelo C: Efecto multiplicativo en la  
población proporcional a los fondos  
invertidos en la población

$$\Delta z_i^C = \frac{\eta b z_i}{1 + \eta b}$$

### III. RESULTADOS

En la primera sección se presentan los resultados obtenidos por medio del análisis Weitzman con la base de datos de frijoles de Ipala, Chiquimula, Guatemala. La segunda sección contiene los resultados obtenidos con la base de datos de frijol común de datos de Guatemala elaborada con la información del Banco de Germoplasma de CIAT. En esta última sección también se muestra la distribución de fondos de inversión que permitirá conservar una mayor diversidad del frijol de Guatemala.

#### A. Aplicación del análisis Weitzman

**1. Base de datos de frijoles de Ipala, Chiquimula, Guatemala.** Se ejecutó el análisis Weitzman de manera independiente para los caracteres morfológicos y moleculares, con el fin de comparar los resultados obtenidos. Es importante resaltar que para esta base de datos la priorización se realizó según la contribución de cada UTO a la diversidad total del grupo, a diferencia de la priorización en base al potencial de conservación para la segunda base de datos (Cuadro 6). Esto se debe a que la base de datos de frijoles de Ipala corresponde a UTOs provenientes del departamento de Chiquimula, por lo que no fue posible ponderar cada UTO con un riesgo distinto.

En el caso de la información morfológica, se obtuvo una diversidad total de 10.714 para el grupo de los frijoles de Ipala (Cuadro 3). Cuando cada una de las UTO fue excluida del grupo, la exclusión de las UTOs Vaina Morada, Cordelin, San Jacinto y Chivolo llevó a la mayor pérdida de diversidad (10.143, Cuadro 3). De esta manera, dichas variedades son las que aportan más para mantener la diversidad total del grupo (5.333%, Cuadro 3). Por su parte, las variedades Talete y Surín Seda Negra tienen el menor aporte a la diversidad del grupo de frijoles de Ipala (2%, Cuadro3).

CUADRO 3. Resultados del análisis Weitzman para los caracteres morfológicos de la base de datos de frijoles de Ipala, Chiquimula, Guatemala.

UTO	<i>D</i>	% Contribución UTO
Vaina Morada-Pata de Sope	10.143	<b>5.333</b>
Cordelin	10.143	<b>5.333</b>
San Jacinto	10.143	<b>5.333</b>
Chivolo	10.143	<b>5.333</b>
Liberal grande	10.214	4.667
Chapín	10.214	4.667
Americano	10.214	4.667
Patudo	10.286	4
Copaneco	10.357	3.333
Rosita	10.357	3.333
Rabia del Gato	10.357	3.333
Jamapa	10.357	3.333
Vaina Rosada	10.357	3.333
Vaina Morada	10.357	3.333
Frijol Hombre	10.357	3.333
Turrialba	10.357	3.333
Rienda	10.357	3.333
Vaina Morada-Patón de Sope	10.429	2.667
San Francisco	10.429	2.667
Pecho Amarillo	10.429	2.667
Media Guía	10.429	2.667
Arbolito	10.429	2.667
Vaina Blanca	10.429	2.667
Talete	10.5	2
Surín Seda Negra	10.5	2
<b>Diversidad total</b>	<b>10.714</b>	

Nota: *D* es la diversidad de Weitzman total (en la ausencia de la UTO respectiva). El % de contribución de la UTO es igual a la cantidad de diversidad reducida debido a la exclusión de dicha UTO.

En el caso de la información molecular, se obtuvo una diversidad total de 6.380 (Cuadro 4), la cual es menor a la diversidad obtenida a partir de las características morfológicas. En el Cuadro 4 se puede observar que la contribución de cada UTO a la diversidad total de los frijoles de Ipala es muy variada. Los UTOs con una mayor

contribución a la diversidad molecular del grupo son las variedades de frijol Chapín y Vaina Morada-Pata de Sope, con una contribución mayor al 6%. Por su parte las variedades San Francisco y Frijol Hombre aportan un poco más de 0.5% a la diversidad total del grupo (Cuadro 4).

CUADRO 4. Resultados del análisis Weitzman para los caracteres moleculares de la base de datos de frijoles de Ipala, Chiquimula, Guatemala.

UTO	<i>D</i>	% Contribución UTO
Chapín	5.936	<b>6.961</b>
Vaina Morada-Pata de Sope	5.960	<b>6.597</b>
Vaina Morada	6.004	5.897
Media Guía	6.012	5.779
Talete	6.066	4.921
Jamapa	6.100	4.396
Vaina Blanca	6.185	3.059
Chivolo	6.193	2.931
Vaina Morada-Patón de Sope	6.197	2.882
Vaina Rosada	6.229	2.376
Americano	6.237	2.246
Copaneco	6.240	2.198
San Jacinto	6.265	1.816
Rabia del Gato	6.274	1.671
Rosita	6.277	1.627
Arbolito	6.279	1.587
Turrialba	6.288	1.443
Surín Seda Negra	6.309	1.121
Cordelin	6.311	1.081
Patudo	6.311	1.081
Pecho Amarillo	6.336	0.695
Rienda	6.340	0.627
San Francisco	6.347	0.531
Frijol Hombre	6.348	0.506
<b>Diversidad total</b>	<b>6.380</b>	

Nota: *D* es la diversidad de Weitzman total (en la ausencia de la UTO respectiva). El % de contribución de la UTO es igual a la cantidad de diversidad reducida debido a la exclusión de dicha UTO.

En el Cuadro 5 se puede observar de manera más clara, la contribución que cada UTO aporta a la diversidad total del grupo. Se puede observar que la UTO Vaina Morada-Pata de Sope es el UTO que posee una muy alta contribución tanto en la diversidad morfológica como en la diversidad molecular. La UTO Chapín también posee una alta contribución en la diversidad morfológica y molecular del grupo.

CUADRO 5. Porcentaje de contribución de las distintas UTOs en la diversidad morfológica y molecular del frijol de la base de datos de frijoles de Ipala, Chiquimula, Guatemala.

UTO	Diversidad morfológica	Diversidad molecular
Vaina Morada-Pata de Sope	5.333	6.597
Cordelin	5.333	1.081
San Jacinto	5.333	1.816
Chivolo	5.333	2.931
Chapín	4.667	6.961
Americano	4.667	2.246
Copaneco	3.333	2.198
Rosita	3.333	1.627
Rabia del Gato	3.333	1.671
Jamapa	3.333	4.396
Vaina Rosada	3.333	2.376
Vaina Morada	3.333	5.897
Frijol Hombre	3.333	0.506
Turrialba	3.333	1.443
Rienda	3.333	0.627
Vaina Morada-Patón de Sope	2.667	2.882
San Francisco	2.667	0.531
Pecho Amarillo	2.667	0.695
Media Guía	2.667	5.779
Arbolito	2.667	1.587
Vaina Blanca	2.667	3.059
Talete	2.000	4.921
Surín Seda Negra	2.000	1.121

**2. Base de datos de frijol común de Guatemala obtenida del Banco de Germoplasma de CIAT.** La diversidad de Weitzman para el grupo fue de 9.531 (Cuadro 6). La exclusión del UTO No. 8, conformado por las variedades color púrpura arbustivas-determinadas, llevó a la mayor pérdida en la diversidad total del grupo (27.583%), disminuyendo la diversidad total a 6.902. Por el contrario, la exclusión de las UTOs conformadas por las variedades negras causó la menor pérdida de diversidad, disminuyéndola a alrededor de 9.3 y 9.4. Asimismo, la diversidad esperada para el grupo, tomando en cuenta los riesgos de extinción es de 7.307 (Cuadro 6).

Al tomar en cuenta el riesgo de extinción ( $z$ , Cuadro 6), la UTO No. 10 presentó el mayor riesgo de extinción por migración juvenil. Asimismo, esta UTO conformada por las variedades color púrpura postradas-indeterminadas presentó el potencial de conservación más alto (56.999, Cuadro 6) indicando que al conservar esta UTO se estará conservando la mayor diversidad genética del grupo. Por su parte, las variedades de color rojo (UTOs 11 y 12) presentaron el menor riesgo de extinción por migración juvenil.

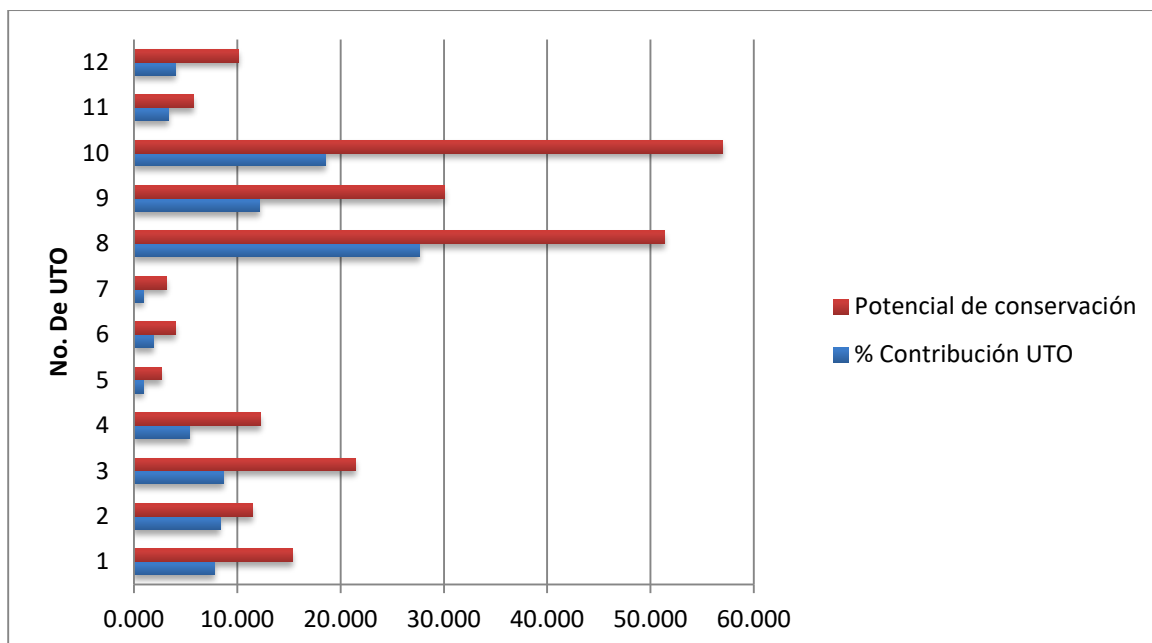
El potencial de conservación de cada UTO se muestra claramente en la Figura 1. Se puede observar que para las UTOs conteniendo variedades de frijol color morado (UTOs de la 8 a la 10), tanto la contribución a la diversidad total del grupo como el potencial de conservación son altos. Por el contrario, las UTOs 5, 6, y 7 correspondientes a las distintas variedades de color negro son las que aportan menos a la diversidad total del grupo y además, presentan un bajo potencial de conservación.

CUADRO 6. Resultados del análisis Weitzman para la base de datos de frijol común de Guatemala tomada del Banco de Germoplasma de CIAT.

No. De UTO	Nombre UTO	D	% Contribución UTO	z	CP (ranking)
1	Variedades Color Amarillo Postradas-Indeterminadas	8.785	7.830	0.210	15.351 (5°)
2	Variedades Color Blanco de Enredo	8.737	8.329	0.135	11.453 (7°)
3	Variedades Color Mixto de Enredo	8.702	8.699	0.210	21.428 (4°)
4	Variedades Color Mixto Postradas-Indeterminadas	9.022	5.344	0.237	12.308 (6°)
5	Variedades Color Negro Arbustivas-Indeterminadas	9.442	0.931	0.226	2.641 (12°)
6	Variedades Color Negro de Enredo	9.354	1.854	0.208	4.038 (10°)
7	Variedades Color Negro Postradas-Indeterminadas	9.438	0.973	0.258	3.152 (11°)
8	Variedades Color Púrpura Arbustivas-Determinadas	6.902	<b>27.583</b>	0.202	51.354 (2°)
9	Variedades Color Púrpura de Enredo	8.371	12.176	0.293	30.060 (3°)
10	Variedades Color Púrpura Postradas-Indeterminadas	7.767	<b>18.507</b>	0.320	56.999 (1°)
11	Variedades Color Rojo de Enredo	9.211	3.360	0.179	5.754 (9°)
12	Variedades Color Rojo Postradas-Indeterminadas	9.148	4.014	0.196	10.109 (8°)
<b>Diversidad total</b>		<b>9.531</b>	<b>Diversidad total esperada</b>	<b>7.307</b>	

Nota:  $D$  es la diversidad de Weitzman total (en la ausencia de la UTO respectiva),  $z$  es el riesgo de extinción por migración juvenil,  $D'$  es la diversidad marginal y CP es el potencial de conservación (por sus siglas en inglés). El % de contribución de la UTO es igual a la cantidad de diversidad reducida debido a la exclusión de dicha UTO.

FIGURA 1. Porcentaje de contribución de cada UTO a la diversidad total del grupo y su respectivo potencial de conservación.



## B. Distribución óptima de los fondos para conservación

Se calculó la distribución óptima de fondos para conservación de las variedades de frijol común de la base de datos del CIAT, basándose en el riesgo de extinción por migración juvenil previamente calculado (Cuadro 7). El modelo recomienda distribuir el 87% de los fondos a la UTO No. 10, correspondiente a las variedades color púrpura postradas-indeterminadas y el 13% restante a la UTO conformada por las variedades de color púrpura arbustivas-determinadas (Ver Cuadro 7). De esta manera, se estaría conservando de mejor manera la diversidad existente en todo el grupo, aumentando la diversidad esperada a 7.477 (Cuadro 8, Anexos).

CUADRO 7. Distribución óptima de fondos disponibles para la conservación del frijol común de Guatemala, a partir de la base de datos de frijol común de Guatemala tomada del Banco de Germoplasma de CIAT.

<b>Orden de prioridad</b>	<b>No. UTO</b>	<b>Variedad</b>	<b>Ubicación</b>	<b>% de fondos para conservación</b>
1	10	Variedades Color Púrpura Postradas-Indeterminadas	El Progreso	87%
2	8	Variedades Color Púrpura Arbustivas-Determinadas	Chimaltenango Santa Rosa	13%

## IV. DISCUSIÓN

El análisis Weitzman es una herramienta que permite calcular la diversidad dentro de un grupo de individuos. Este análisis permite tomar en cuenta uno o más riesgos de extinción al momento de calcular la diversidad de un grupo y además toma en cuenta los costos y los fondos disponibles para conservación (Samuel 2013). Todo esto hace que el análisis Weitzman sea útil al momento de tomar decisiones concernientes a estrategias de conservación, ya que permite maximizar la diversidad a conservar con un presupuesto limitado (Samuel *et al.* 2013).

El análisis Weitzman requiere definir un riesgo de erosión genética común para las UTOs de interés. Sin embargo, no existe manera de saber qué riesgo es el más apropiado para cada UTO (Samuel 2012), por lo que la elección del riesgo de erosión genética queda a juicio del investigador. Esto presenta una desventaja al ser una decisión subjetiva y por lo tanto está abierta a proporcionar distintos resultados según la elección que se tome.

### A. Aplicación del análisis Weitzman

**1. Base de datos de frijoles de Ipala, Chiquimula, Guatemala.** A pesar de pertenecer a la misma base de datos, los resultados del análisis Weitzman para los caracteres morfológicos y moleculares fueron distintos. La diversidad total del grupo fue mayor al analizar los caracteres morfológicos (10.714, Cuadro 3) que la de los caracteres moleculares (6.380, Cuadro 4), indicando que, con los datos empleados, la variabilidad fenotípica es mayor a la variabilidad genética para los frijoles de Ipala.

La mayor diversidad fenotípica también puede deberse a la gran diversidad de ambientes en los que se cultiva el frijol, lo cual ha causado variaciones en caracteres como el hábito de crecimiento, el tipo y forma de la semilla, la fenología y la sensibilidad al fotoperiodo. De esta manera, establecer patrones de domesticación y relación entre genotipos es complicado debido a los altos niveles de polimorfismo, la diversidad fisiológica y la amplia distribución geográfica de la especie (Becerra y Gepts 1994).

La mayor variabilidad fenotípica también puede deberse a la diversidad de criterios preferenciales utilizados por los agricultores y los consumidores, los cuales no implican necesariamente diferencias a nivel molecular. Por lo tanto, mientras los agricultores toman en cuenta el tamaño del grano, el rendimiento y la demanda y acceso del frijol en los mercados, a los consumidores les interesa el sabor y la facilidad de cocción (Collado *et al.* 2006). De esta manera, cada agricultor selecciona los caracteres fenotípicos que le traen mayor beneficio. Además, en Guatemala muchas veces la variedad de frijol preferida para consumo está relacionada con un valor a nivel social y cultural, además de ser parte de tradiciones familiares (Bioversity International 2016).

La variedad de frijol Vaina Morada o Pata de Sope es la que posee una gran contribución a la diversidad en base a caracteres tanto morfológicos como moleculares (Cuadros 5). Esto podría deberse a que es la única variedad dentro del grupo que posee una semilla color negro ceroso y además es la que posee un mayor número de semillas por vaina (IICA, Red SICTA, Cooperación Suiza en América Central, 2011). Esta última característica es muy importante ya que es considerada como un factor de alto rendimiento (López 1971), por lo que podría ser utilizada para llevar a cabo mejoramiento de semillas y por lo tanto debe tomarse en cuenta al momento de priorizar el frijol de Ipala.

En los cuadros 3 y 4 se puede observar que no existe una variedad con un porcentaje de contribución significativamente elevado. Esto podría indicar que la diversidad de los frijoles de Ipala se encuentra distribuida de manera relativamente homogénea, por lo que no existe una variedad que aporte la mayor parte de la diversidad del grupo. Es importante recalcar que para esta base de datos no se tomó en cuenta ningún riesgo de extinción. Por lo tanto, es posible que al completar el análisis Weitzman tomando en cuenta algún riesgo de extinción, los resultados sean distintos (Samuel 2013) y que la variedad a priorizar sea otra distinta a la variedad Vaina Morada o Pata de Sope.

**2. Base de datos de frijoles del CIAT.** Las accesiones de esta base de datos fueron agrupadas en base al color de la semilla y al hábito de crecimiento de la planta. Se agruparon de esta manera ya que son características utilizadas por los agricultores para distinguir las variedades de frijol en el campo (Collado y Pinedo 2007). En la actualidad la mejor estrategia de conservación de recursos fitogenéticos combina la conservación *ex situ* con la conservación *in situ* llevada a cabo por los agricultores (Karp *et al.* 1997). Por lo tanto, es importante que tanto los investigadores como los científicos utilicen términos comunes para poder elaborar y coordinar estrategias de conservación integradas.

En el Cuadro 6 se puede observar que la exclusión de las variedades de color negro causó la menor pérdida de diversidad. Esto indica que estas variedades no se ven muy afectadas por el riesgo de migración juvenil, y por lo tanto tienen un potencial de conservación bajo, o en otras palabras, no requieren un mayor esfuerzo de conservación. Esto puede deberse a que la población guatemalteca tiene una marcada preferencia por el frijol negro, el cual también es base de la dieta de la población (CODECA e IICA 1999, Urbina 2008). Por lo tanto, las preferencias de consumo y la presión del mercado han ocasionado un incremento en la superficie cultivada con las variedades más populares (Rosales *et al.* 2003), y por lo tanto han favorecido a la conservación de las variedades locales de frijol negro.

En relación a las variedades prioritarias para conservación, las primeras tres posiciones están ocupadas por UTOs conformadas por las variedades color púrpura. El potencial de conservación de estas UTOs (entre 30 y 56, Cuadro 6) es alto en comparación con el resto de UTOs (entre 2 y 20, Cuadro 6). Las UTOs con variedades de color mixto también presentan un potencial de conservación relativamente alto. Sin embargo, es importante mencionar que el riesgo de extinción elegido juega un papel importante en los resultados obtenidos (Samuel 2013). Es posible que si se aplica el método Weitzman utilizando un riesgo de extinción distinto, el orden de priorización a partir del potencial de conservación de las UTOs sea distinto.

## **B. Distribución óptima de los fondos para conservación y aplicación del esquema ReSCA como método de conservación**

Bajo los parámetros utilizados, el modelo sugiere invertir los fondos para conservación en las variedades color púrpura arbustivas-determinadas (UTO No. 9) y las variedades color púrpura postradas-indeterminadas (UTO No. 10). Estas se encuentran en los departamentos de Chimaltenango y Santa Rosa (UTO No. 9) y en El Progreso (UTO No. 10). El modelo obtenido a través de este estudio sugirió destinar el 87% de los fondos en la UTO No. 10 y el 13% restante en la UTO No. 9. De esta manera, la diversidad esperada aumentaría a 7.477 (Cuadro 7). Es posible que si se usan otros parámetros, como por ejemplo un mayor número de partes a dividir los fondos, sea posible conservar más UTOs con los fondos disponibles y aumentar la diversidad esperada.

Una vez determinadas las variedades a conservar y la manera en la que los fondos deben ser distribuidos para ser aprovechados de la mejor manera, es necesario determinar qué mecanismo de conservación se va a utilizar para conservar las variedades de interés. Bioersivity International es la organización pionera en aplicar el esquema de Recompensas por Servicios de Conservación de la Agrobiodiversidad (ReSCA), cuya aplicación está a

cargo del Dr. Adam Drucker quien es líder en Bioversity en el tema de “Conservación de la diversidad de cultivos en los campos agrícolas y en el medio silvestre” y también es coordinador del programa global de trabajo relacionado con la “Economía de la Conservación y Uso de la Agrobiodiversidad”. Con este método, Bioversity busca “probar el potencial de los concursos competitivos en la creación de estrategias costo-eficientes para conservar especies prioritarias en riesgo y al mismo tiempo mejorar los medios de vida de las comunidades agricultoras locales” (Bioversity International 2016).

Este trabajo forma parte del proyecto “Integrando la Agrobiodiversidad a cadenas de valor para afrontar el cambio climático y el riesgo nutricional, en áreas vulnerables del corredor seco de Guatemala”, el cual ha sido ejecutado en Guatemala por Bioversity International junto a la Universidad del Valle de Guatemala desde el 2015. Este estudio proporcionó las localidades y las variedades prioritarias de frijol común a conservar y en las cuales aplicar el esquema de recompensas. De esta manera, este trabajo en conjunto con el proyecto de Bioversity International, está colaborando en reconocer y dar valor a la labor y el esfuerzo de los agricultores por mantener la agrobiodiversidad local (Bioversity International 2016).

## V. CONCLUSIONES

- A. Los resultados del análisis Weitzman mostraron que, para los datos utilizados, los frijoles de Ipala poseen una mayor diversidad a nivel fenotípico que a nivel genotípico.
- B. El riesgo de erosión genética que se elige para llevar a cabo el análisis Weitzman debe ser lo suficientemente distintivo para cada UTO. Asimismo, según el riesgo de extinción que se elija, los resultados pueden variar en el mismo análisis.
- C. La variedad de frijol de Ipala “Vaina Morada” es considerada como prioritaria para conservación, ya que posee caracteres que pueden ser útiles para llevar a cabo el mejoramiento de semillas y además posee un alto riesgo de erosión genética por “migración juvenil”.
- D. Los frijoles negros presentan el menor potencial de conservación, utilizando como riesgo de erosión genética la migración juvenil.
- E. Los fondos destinados a la conservación de los frijoles comunes de Guatemala deben destinarse principalmente a las variedades de frijol color púrpura postradas-indeterminadas, localizadas en el departamento de El Progreso, seguido por las variedades de frijol color púrpura arbustivas-determinadas ubicadas en los departamentos de Chimaltenango y Santa Rosa.
- F. El modelaje para la conservación *in situ* de la agrobiodiversidad del país, fue factible realizarlo a través del análisis Weitzman, generando así las bases para la aplicación del esquema ReSCA en Guatemala, para poder conservar las variedades de frijol identificadas como prioritarias.

## VI. RECOMENDACIONES

- A. Para que el método Weitzman sea realmente eficiente y no consuma mucho tiempo, se recomienda realizar el análisis en un ordenador con una capacidad mínima de 5 procesadores.
- B. El acceso a la información respectiva al frijol, y otras especies, es limitado y complicado en Guatemala. Por lo tanto, se recomienda que las instituciones e investigadores que realicen estudios de diversidad trabajen juntos y hagan esta información pública y de fácil acceso. De esta manera, se estaría contribuyendo de mayor y mejor manera al conocimiento que se tiene sobre la agrobiodiversidad, y la biodiversidad en general, de Guatemala. Al tener más información, las bases de datos del frijol de Guatemala estarían más completas y se podría utilizar una mayor cantidad de caracteres, tanto morfológicos como moleculares, para poder obtener resultados más completos.
- C. Para llevar a cabo el análisis, si no se poseen problemas con el acceso a la información, se recomienda utilizar varios riesgos de extinción y comparar los resultados obtenidos para cada uno. Asimismo, se recomienda llevar a cabo el análisis combinando distintos riesgos de extinción.
- D. Se recomienda realizar más estudios en Guatemala basándose en priorización por medio del método Weitzman, ya que es una herramienta pionera y con base científica y matemática, que toma en cuenta la diversidad y los riesgos de extinción.

## VII. LITERATURA CITADA

- Allard, R.W. 1988. *Genetic changes associated with the evolution of adaptedness in cultivated plants and their wild progenitors*. Journal of heredity 79: 225-238
- Altieri, M.A. y L. Merrick. 1987. *In-situ conservation of crop genetic resources through maintenance of traditional farming systems*. Economic Botany 41(1): 86-96
- Azurdia, C. 2005. *Phaseolus en Guatemala: especies silvestres, genética de poblaciones, diversidad molecular y conservación in situ*. Pp. 33-78, En: La Agrobiodiversidad y su conservación *in situ*: un reto para el desarrollo sostenible. Consejo Nacional de Áreas Protegidas –CONAP-.
- Azurdia, C. 2006. *Guatemala un país megadiverso*. Consejo Nacional de Áreas Protegidas –CONAP-. Documento técnico 44 (12-2006). Guatemala. 22pp.
- Bacchetta, G.; A. Bueno Sánchez; G. Fenu; B. Jiménez Alfaro; E. Mattana; B. Piotto y M. Virevaire. 2008. *Conservación ex situ de plantas silvestres*. Principado de Asturias / La Caixa. España. 378pp.
- Becerra, V. y P. Gepts. 1994. *RFLP Diversity of common bean (Phaseolus vulgaris L.) in its centres of origin*. Genome 37: 256-263
- Bellon M.R. y J. Berthaud. 2006. *Traditional Mexican agricultural systems and the potential impacts of transgenic varieties on maize diversity*. Agriculture and Human Values 23: 3-14
- Bioversity International. 2016. *Recompensas por servicios de conservación de la agrobiodiversidad*. En: < <http://www.bioversityinternational.org/pacs-es/>> [con acceso el 24 de octubre de 2016]
- Brush, S. 1989. *Rethinking crop genetic resource conservation*. Conservation Biology 3(1): 19-29

- Castillo, M.; Ramírez, P; Castillo, F. y S. Miranda. 2006. *Diversidad morfológica de poblaciones nativas de frijol común y frijol ayocote del oriente dl Estado de México*. Revista Fitotecnia Mexicana 29: 111-119
- Collado, L.; M. Arroyo y R. Pinedo. 2006. *Preferencias y potencial de mercado de variedades locales de cultivos amazónicos*. CODESU. Perú. 33pp.
- Collado, L. y R. Pinedo. 2007. *Variedades locales de frijol y pallar en la Amazonía central del Perú*. Consorcio para el Desarrollo Sostenible de Ucayali (CODESU). Perú. 23pp.
- Consejo Nacional de Áreas Protegidas -CONAP-. 2009. *IV Informe Nacional de Cumplimiento a los Acuerdos del Convenio de Diversidad Biológica ante la Conferencia de la Partes -CDB-*. Consejo Nacional de Áreas Protegidas. Guatemala. 131pp.
- Consejo Nacional de Áreas Protegidas –CONAP-. 2014. *Sistema guatemalteco de áreas protegidas –SIGAP- y su importancia para el cuidado del medio ambiente*. En: <<https://surlaroutedupatrimoine.files.wordpress.com/2014/07/sigap-y-medio-ambiente.pdf>> [con acceso el 28 de diciembre de 2016]
- Consejo Nacional de Áreas Protegidas –CONAP-. 2017. *Sistema guatemalteco de áreas protegidas, 2017*. En:< <http://168.234.196.99/Documentos/SIGAP/sigap2017.jpg>> [con acceso el 25 de octubre de 2017]
- Consejo Regional de Cooperación Agrícola –CORECA- e Instituto Interamericano de Cooperación para la Agricultura –IICA-. 1999. *El mercado mundial del frijol y sus vinculaciones con el mercado centroamericano*. CORECA e IICA. San José, Costa Rica. 100pp.
- Crozier, R.H. 1992. *Genetic diversity and the agony of choice*. Biological Conservation 61: 11-15
- Drucker, A.G.; S. Paludosi y M. Jager. 2013. *Case studies on Remuneration of Positive Externalities (RPE)/Payments for Environmental Services (PES)*. En:

<[http://www.fao.org/fileadmin/user\\_upload/pes-project/docs/FAO\\_RPE-PES\\_Bioversity\\_BoliviaPeru.pdf](http://www.fao.org/fileadmin/user_upload/pes-project/docs/FAO_RPE-PES_Bioversity_BoliviaPeru.pdf)> [con acceso el 29 de diciembre de 2016]

- El Mousadik, A. y R.J. Petit. 1996. *High level of genetic differentiation for allelic richness among populations of the argan tree [Argania spinosa (L.) Skeels] endemic to Morocco*. Theoretical and Applied Genetics 92 (7): 832-839
- Encuesta Nacional de Empleo e Ingresos -ENEI-. 2016. *Encuesta Nacional de Empleo e Ingresos. Módulo de Juventud*. Instituto Nacional de Estadística. Guatemala. 46pp.
- Engel, S.; S. Pagiola y S. Wunder. 2008. *Designing payments for environmental services in theory and practice: an overview of the issue*. Ecological Economics 65 (4): 663-74
- Espinosa-Pérez, E.N.; Ramírez-Vallejo P.; Crosby-Galván M.M.; Estrada-Gómez J.A.; Lucas-Florentino B. y J.J. Chávez-Servia. 2015. *Clasificación de poblaciones nativas de frijol común del Centro-Sur de México por morfología de la semilla*. Revista Fitotecnia Mexicana 29 (1): 29-38
- Ferraro, P.J. 2001. *Global habitat protection: limitations of development interventions and a role for conservation performance payments*. Conservation Biology 15 (4): 990-1000
- Ferraro, P.J. y R. Simpson. 2002. *The cost-effectiveness of conservation payments*. Land Economics 78: 339-353
- Franco, T. 2008. *Los Bancos de germoplasma de las Américas*. Bioversity International-Centro Internacional de Agricultura Tropical –CIAT-. Cali, Colombia. Recursos Naturales y Medio Ambiente (53): 81-84.
- Frankham, R.; J.D. Ballou y D.A. Briscoe. 2002. *Introduction to conservation genetics*. Cambridge University Press.
- Gandini, G.C.; L. Ollivier; B. Danell; O. Distl; A. Georgoudis; E. Groeneveld; E. Maryniuk; J.A.M. van Arendonk y J.A. Woolliams. 2004. *Criteria to assess the*

*degree of endangerment of livestock breeds in Europe.* Livestock Production Science 91: 173-182

García, D. 2008. *Diversidad genética y establecimiento de prioridades en esquemas de conservación. Ejemplo de aplicación en la raza de lidia.* Trabajo de graduación de Doctorado. Universidad Complutense de Madrid. 159pp.

González-Andrés, F. 2001. *Caracterización morfológica.* Pp. 199-217. En: González-Andrés, F. y J.M. Pita Villamil (eds). *Conservación y caracterización de recursos fitogenéticos.* Publicaciones Instituto Nacional de Educación Agrícola. Valladolid, España.

Hamrick, J.L. y M.J.W. Godt. 1990. *Allozyme diversity in plant species.* Pp. 43-63. En: Brown, A.H.D, M.T. Clegg, A.L. Kahler y B.S. Weir (eds). *Plant Population Genetics, Breeding and Genetic resources.* Sinauer Associates Inc., Sunderland.

Hamrick, J.L.; M.J.W. Godt y S.L. Sherman-Broyles. 1992. *Factors influencing levels of genetic diversity in woody plant species.* New Forests 6: 95-124

Hamrick, J.L.; D.A. Murawski y .D. Nason. 1993. *The influence of seed dispersal mechanisms on the genetic structure of tropical tree populations.* Vegetation 107/108: 281-297

Hamrick, J.L. y M.J.W. Godt. 1997. *Allozyme diversity in cultivated crops.* Crop Science 37: 26-30

Hao, C.; X. Zhang; L.Wang; Y. Dong; X. Shang y J. Jia. 2006. *Genetic Diversity and Core Collection Evaluations in Common Wheat Germplasm from the Northwestern Spring Wheat Region in China.* Molecular Breeding 17 (1): 69-77

Hong, T.D.; S.H. Linington y R.H. Ellis. 1998. *Compendium of Information on Seed Storage Behaviour.* Royal Botanic Gardens. Kew, UK. 901pp.

Instituto de Agricultura, Recursos Naturales y Ambiente –IARNA-. 2006. *Perfil ambiental de Guatemala, tendencias y reflexiones sobre la gestión ambiental.*

- Instituto de Agricultura, Recursos Naturales y Ambiente –IARNA-. Universidad Rafael Landívar. Guatemala. 249pp.
- Instituto Interamericano de Cooperación para la Agricultura –IICA–; Proyecto Red de Innovación Agrícola Red SICTA y Cooperación Suiza en América Central. 2011. *GUATEMALA Catálogo de frijoles de Ipala: Caracterización molecular y morfo agronómica*. Managua, Nicaragua. 63pp.
- Instituto Internacional de Recursos Fitogenéticos -IPGRI-. 2005. *Iniciativa mundial para conservar in situ parientes silvestres de especies cultivadas*. Boletín de las Américas 11 (1): 4-5
- Jombart, T.; Kamvar, Z.; Lustrik, R.; Collins, C.; Beugin, M.P.; Knaus, B.; Solymos, P.; Schliep, K.; Ahmed, I.; Cori, A. y F. Calboli. 2016. *Adegenet: Exploratory Analysis of Genetic and Genomic Data*. Paquete de R [programa informático estadístico en línea]. Disponible desde internet en: <<http://adegenet.r-forge.r-project.org/>>
- Karp, A.; S. Kresovich; K.V. Bhat; W.G. Ayad y T. Hodgkin. 1997. *Molecular tools in plant genetic resources conservation: a guide to the technologies*. Instituto Internacional de Recursos Fitogenéticos –IPGRI-. Roma, Italia. 47pp.
- Kleijn D. y W.J. Sutherland. 2003. *How effective are European agro-environment schemes in conserving and promoting biodiversity?* Journal of Applied Ecology 40(6): 947-969
- Laval, G.; San Cristobal M. y C. Chevalet. 2002. *Measuring genetic distances between breeds: use of some distances in various short term evolution models*. Genetics Selection Evolution 34: 481-507
- López, H. 1971. *Evaluación de material avanzado, tendiente a obtener nuevas variedades de frijol para el Valle de Culiacán, Sinaloa, México. Ciclo 1969-1970*. Pp. 8-17, En: Rufio, (ed). Programa cooperativo centroamericano para el mejoramiento de

cultivos alimenticios – Frijol. XVII Reunión Anual del Programa Cooperativo Centroamericano para el Mejoramiento de Cultivos Alimenticios (PCCMCA).

López, J.L.; Ruiz, J.; Sánchez, J. y R. Lépiz. 2005. *Adaptación climática de 25 especies de frijol silvestre (Phaseolus spp.) en la República Mexicana*. Revista Fitotecnia Mexicana 28: 221-230

Martín, I. 2000. *Conservación de recursos fitogenéticos*. En: [http://www.esporus.org/recursos/articulos/agrobiodiversitat/conservacion\\_rec\\_fitog\\_isaura\\_martin.pdf](http://www.esporus.org/recursos/articulos/agrobiodiversitat/conservacion_rec_fitog_isaura_martin.pdf) > [con acceso el 24 de agosto de 2016]

Maselli, S. 2013. *Recursos fitogenéticos: elementos clave para el desarrollo y la seguridad alimentaria*. Revista de la Universidad del Valle de Guatemala (26): 56-59

Maxted, N.; L. Guarini; L. Myer y E. Chiwona. 2002. *Towards a methodology for on-farm conservation of plant genetic resources*. Genetic Resources and Crop Evolution 49:1-46

Medina, B.; Arrecis, M.; Sobenes, A. y L. Castañeda. 2013. *Sistematización de experiencias de pago por servicios ambientales en Guatemala*. Agencia de Estados Unidos para el Desarrollo Internacional -USAID-. EE.UU. 70pp.

Metrick, A. y M.L. Weitzman. 1998. *Conflicts and choices in biodiversity preservation*. Journal of Economic Perspectives 12: 21–34

Ministerio de Agricultura, Ganadería y Alimentación –MAGA- y Organización de las Naciones Unidas para la Agricultura y la Alimentación –FAO-. 2008. *Segundo Informe Nacional: Conservación y utilización sostenible para la Agricultura y la Alimentación*. MAGA Y FAO. Guatemala. 119pp.

Monge, J.; P. Gómez y M. Rivas. 2005. *Biología General*. Editorial Universidad Estatal a Distancia. Costa Rica. 521pp.

- Mulier, C. 2012. *Application of functional distances to diversity indices: A tool toward more integrated choices about conservation?* University of Montpellier, Francia. 23pp.
- Muradian, R.; E. Corbera; U. Pascual; N. Kosoy y P.H. May. 2010. *Reconciling theory and practice: an alternative conceptual framework for understanding payments for environmental services*. *Ecological Economics* 69 (6): 1202-1208
- Narloch, U.; A.G. Drucker y U. Pascual. 2011. *Payments for agrobiodiversity conservation services for sustained on-farm utilization of plant and animal genetic resources*. *Ecological Economics* 70: 1837-1845
- Nei, M. 1987. *Molecular evolutionary genetics*. Columbia University Press, EE.UU 512pp.
- Oficina de Derechos Humanos del Arzobispado de Guatemala. 2013. *Segundo Informe Juventud, Seguridad y Justicia*. Guatemala. 52pp.
- Organización de las Naciones Unidas para la Agricultura y la Alimentación -FAO-. 2009. *Tratado internacional sobre los recursos fitogenéticos para la alimentación y la agricultura*. Roma, Italia. 56pp.
- Organización de las Naciones Unidas para la Agricultura y la Alimentación -FAO-. 2010. *La situación de los recursos zoogenéticos mundiales para la alimentación y la agricultura*. Roma, Italia. 596pp.
- Organización de las Naciones Unidas para la Agricultura y la Alimentación -FAO-. 2011. *El Segundo Informe sobre el Estado de los Recursos Fitogenéticos para la Alimentación y la Agricultura en el Mundo*. Comisión de Recursos Genéticos para la Alimentación y la Agricultura de la FAO. Roma, Italia. 372pp.
- Pattison, J.; A. Drucker y S. Anderson. 2007. *The cost of conserving livestock diversity? Incentive measures and conservation options of maintaining indigenous Pelón pigs in Yucatán, México*. *Tropical Animal Health and Production* 39 (5): 339-353

- Petit, R.J.; A. El Mousadik y O. Pons. 1998. *Identifying Populations for Conservation on the Basis of Genetic Markers*. Conservation Biology 12 (4): 844-855
- Reist-Marti, S.B.; H. Simianer; J. Gibson; O. Hanotte y J.E.O. Rege. 2003. *Weitzman's Approach and Conservation of Breed Diversity: an Application to African Cattle Breeds*. Conservation Biology 17 (5): 1299-1311
- Rosales, R.; J. Acosta; R. Durán; H. Guillén; P. Pérez; G. Esquivel y J. Muruaga. 2003. *Diversidad genética del germoplasma mejorado de frijol (Phaseolus vulgaris L.) en México*. Agricultura Técnica en México 29(1): 11-24
- Rstudio. 2011. *Rstudio: Integrated development environment for R*. Versión 0.99.489. Rstudio [programa informático estadístico en línea]. Disponible desde internet en: < <https://www.rstudio.com/> >
- Samuel, A.F. 2012. *Development of a Weitzman-type decision-support tool for the identification of cost-effective diversity-maximising crop genetic resources conservation programme strategies*. Technical Report. Bioversity International. (No publicado). 40pp.
- Samuel, A.F. 2013. *Application of Weitzman-type decision-support tool for the identification of cost-effective diversity-maximizing RTB genetic resources conservation programme strategies*. Technical Report. Bioversity International. (No publicado). 37pp.
- Samuel, A.F.; A.G. Drucker; S.B. Andersen; H. Simianer y M. van Zonneveld. 2013. *Development of a cost-effective diversity-maximising decision-support tool for in situ crop genetic resources conservation: The case of cacao*. Ecological Economics 96: 155-164
- Simianer, H.; S.B. Marti; J. Gibson; O. Hanotte y J.E.O Rege. 2003. *An approach to the optimal allocation of conservation funds to minimize loss of genetic diversity between livestock breeds*. Ecological Economics 45: 377-392

- Urbina, A. 2008. “*Guía para la Exportación de Frijol Negro al Mercado de Guatemala*”. Instituto Interamericano de Cooperación para la Agricultura –IICA- y Proyecto Red de Innovación Agrícola –RED-SICTA-. Nicaragua. 19pp.
- U.S. Department of Agriculture –USDA-, Instituto Internacional de Recursos Fitogenéticos -IPGRI-, Centro Internacional de Agricultura Tropical –CIAT- y Facultad de Agronomía de la Universidad San Carlos de Guatemala –FAUSAC-. 2012. *Atlas of Guatemalan Crop Wild Relatives*. En: <<http://www.chmguatemala.gob.gt/images/chmweb/atlas/Recursos%20geneticos%20de%20Phaseolus.pdf>> [con acceso el 13 de julio de 2016]
- Vane-Wright, R.I.; C.J. Humphries y P.H. Williams. 1991. *What to protect –systematics and the agony of choice*. *Biological Conservation* 55: 235-254
- Villanueva, D. 2010. *Evaluación de seis variedades de frijol (Phaseolus vulgaris L.) bajo condiciones de cultivo tradicional en localidades de Chimaltenango y Sololá*. Trabajo de Graduación de Licenciatura. Universidad de San Carlos de Guatemala. Guatemala. 108pp.
- Warnes, G.; Bolker, B. y T. Lumley. 2015. *Gtools: Various R Programming Tools*. *R package*. Paquete de R [programa informático estadístico en línea]. Disponible desde internet en: <<https://CRAN.R-project.org/package=gtools>>
- Weitzman, M.L. 1998. *The Noah’s ark problem*. *Econometrica* 66: 1279–1298
- Weitzman, M.L. 1993. *What to Preserve? An Application of Diversity Theory to Crane Conservation*. *The Quarterly Journal of Economics* 108(1): 157-183
- Widmer, A. y C. Lexer. 2001. *Glacial refugia: sanctuaries for allelic richness, but not for gene diversity*. *Trends in ecology & evolution (Personal edition)* 16 (6): 267-269
- Witt, S. 1985. *Biotechnology and Genetic Diversity*. California Agricultural Lands Project. San Francisco, EE.UU. 145pp.

Wunder, S.; S. Engel y S. Pagiola. 2008. *Taking stock: a comparative analysis of payments for environmental services benefit the poor?* Environment and Development Economics 13: 255-278

## VIII. ANEXOS

CUADRO 8. Modelo de distribución de fondos para la conservación de las variedades de frijol común de Guatemala tomada del Banco de Germoplasma de CIAT.

Partes a dividir los fondos	Diversidad esperada	No. De UTO											
		1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12
1	7.310	0	0	0	0	0	0	0	0	0	1	0	0
2	7.313	0	0	0	0	0	0	0	0	0	2	0	0
3	7.316	0	0	0	0	0	0	0	0	0	3	0	0
4	7.319	0	0	0	0	0	0	0	0	0	4	0	0
5	7.321	0	0	0	0	0	0	0	0	0	5	0	0
6	7.324	0	0	0	0	0	0	0	0	0	6	0	0
7	7.327	0	0	0	0	0	0	0	0	0	7	0	0
8	7.329	0	0	0	0	0	0	0	0	0	8	0	0
9	7.332	0	0	0	0	0	0	0	0	0	9	0	0
10	7.334	0	0	0	0	0	0	0	0	0	10	0	0
11	7.337	0	0	0	0	0	0	0	0	0	11	0	0
12	7.339	0	0	0	0	0	0	0	0	0	12	0	0
13	7.342	0	0	0	0	0	0	0	0	0	13	0	0
14	7.344	0	0	0	0	0	0	0	0	0	14	0	0
15	7.346	0	0	0	0	0	0	0	0	0	15	0	0
16	7.349	0	0	0	0	0	0	0	0	0	16	0	0
17	7.351	0	0	0	0	0	0	0	0	0	17	0	0
18	7.353	0	0	0	0	0	0	0	0	0	18	0	0
19	7.355	0	0	0	0	0	0	0	0	0	19	0	0
20	7.358	0	0	0	0	0	0	0	0	0	20	0	0
21	7.360	0	0	0	0	0	0	0	0	0	21	0	0
22	7.362	0	0	0	0	0	0	0	0	0	22	0	0
23	7.364	0	0	0	0	0	0	0	0	0	23	0	0
24	7.366	0	0	0	0	0	0	0	0	0	24	0	0
25	7.368	0	0	0	0	0	0	0	0	0	25	0	0
26	7.370	0	0	0	0	0	0	0	0	0	26	0	0
27	7.372	0	0	0	0	0	0	0	0	0	27	0	0
28	7.374	0	0	0	0	0	0	0	0	0	28	0	0

CUADRO 8. Modelo de distribución de fondos para la conservación de las variedades de frijol común de Guatemala tomada del Banco de Germoplasma de CIAT (Continuación).

Partes a dividir los fondos	Diversidad esperada	No. De UTO											
		1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12
30	7.378	0	0	0	0	0	0	0	0	0	30	0	0
31	7.380	0	0	0	0	0	0	0	0	0	31	0	0
32	7.382	0	0	0	0	0	0	0	0	0	32	0	0
33	7.384	0	0	0	0	0	0	0	0	0	33	0	0
34	7.386	0	0	0	0	0	0	0	0	0	34	0	0
35	7.388	0	0	0	0	0	0	0	0	0	35	0	0
36	7.389	0	0	0	0	0	0	0	0	0	36	0	0
37	7.391	0	0	0	0	0	0	0	0	0	37	0	0
38	7.393	0	0	0	0	0	0	0	0	0	38	0	0
39	7.395	0	0	0	0	0	0	0	0	0	39	0	0
40	7.396	0	0	0	0	0	0	0	0	0	40	0	0
41	7.398	0	0	0	0	0	0	0	0	0	41	0	0
42	7.400	0	0	0	0	0	0	0	0	0	42	0	0
43	7.402	0	0	0	0	0	0	0	0	0	43	0	0
44	7.403	0	0	0	0	0	0	0	0	0	44	0	0
45	7.405	0	0	0	0	0	0	0	0	0	45	0	0
46	7.407	0	0	0	0	0	0	0	0	0	46	0	0
47	7.408	0	0	0	0	0	0	0	0	0	47	0	0
48	7.410	0	0	0	0	0	0	0	0	0	48	0	0
49	7.411	0	0	0	0	0	0	0	0	0	49	0	0
50	7.413	0	0	0	0	0	0	0	0	0	50	0	0
51	7.414	0	0	0	0	0	0	0	0	0	51	0	0
52	7.416	0	0	0	0	0	0	0	0	0	52	0	0
53	7.417	0	0	0	0	0	0	0	0	0	53	0	0
54	7.419	0	0	0	0	0	0	0	0	0	54	0	0
55	7.420	0	0	0	0	0	0	0	0	0	55	0	0
56	7.422	0	0	0	0	0	0	0	0	0	56	0	0
57	7.423	0	0	0	0	0	0	0	0	0	57	0	0
58	7.425	0	0	0	0	0	0	0	0	0	58	0	0
59	7.426	0	0	0	0	0	0	0	0	0	59	0	0
60	7.428	0	0	0	0	0	0	0	0	0	60	0	0
61	7.429	0	0	0	0	0	0	0	0	0	61	0	0

CUADRO 8. Modelo de distribución de fondos para la conservación de las variedades de frijol común de Guatemala tomada del Banco de Germoplasma de CIAT (Continuación).

Partes a dividir los fondos	Diversidad esperada	No. De UTO											
		1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12
63	7.432	0	0	0	0	0	0	0	0	0	63	0	0
64	7.433	0	0	0	0	0	0	0	0	0	64	0	0
65	7.435	0	0	0	0	0	0	0	0	0	65	0	0
66	7.436	0	0	0	0	0	0	0	0	0	66	0	0
67	7.437	0	0	0	0	0	0	0	0	0	67	0	0
68	7.439	0	0	0	0	0	0	0	0	0	68	0	0
69	7.440	0	0	0	0	0	0	0	0	0	69	0	0
70	7.441	0	0	0	0	0	0	0	0	0	70	0	0
71	7.443	0	0	0	0	0	0	0	0	1	70	0	0
72	7.444	0	0	0	0	0	0	0	0	1	71	0	0
73	7.445	0	0	0	0	0	0	0	0	2	71	0	0
74	7.446	0	0	0	0	0	0	0	0	2	72	0	0
75	7.448	0	0	0	0	0	0	0	0	2	73	0	0
76	7.449	0	0	0	0	0	0	0	0	3	73	0	0
77	7.450	0	0	0	0	0	0	0	0	3	74	0	0
78	7.451	0	0	0	0	0	0	0	0	4	74	0	0
79	7.453	0	0	0	0	0	0	0	0	4	75	0	0
80	7.454	0	0	0	0	0	0	0	0	4	76	0	0
81	7.455	0	0	0	0	0	0	0	0	5	76	0	0
82	7.456	0	0	0	0	0	0	0	0	5	77	0	0
83	7.458	0	0	0	0	0	0	0	0	6	77	0	0
84	7.459	0	0	0	0	0	0	0	0	6	78	0	0
85	7.460	0	0	0	0	0	0	0	0	7	78	0	0
86	7.461	0	0	0	0	0	0	0	0	7	79	0	0
87	7.462	0	0	0	0	0	0	0	0	7	80	0	0
88	7.464	0	0	0	0	0	0	0	0	8	80	0	0
89	7.465	0	0	0	0	0	0	0	0	8	81	0	0
90	7.466	0	0	0	0	0	0	0	0	9	81	0	0
91	7.467	0	0	0	0	0	0	0	0	9	82	0	0
92	7.468	0	0	0	0	0	0	0	0	9	83	0	0
93	7.469	0	0	0	0	0	0	0	0	10	83	0	0
94	7.471	0	0	0	0	0	0	0	0	10	84	0	0

CUADRO 8. Modelo de distribución de fondos para la conservación de las variedades de frijol común de Guatemala tomada del Banco de Germoplasma de CIAT (Continuación).

Partes a dividir los fondos	Diversidad esperada	No. De UTO											
		1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12
96	7.473	0	0	0	0	0	0	0	0	11	85	0	0
97	7.474	0	0	0	0	0	0	0	0	12	85	0	0
98	7.475	0	0	0	0	0	0	0	0	12	86	0	0
99	7.476	0	0	0	0	0	0	0	0	12	87	0	0
<b>100</b>	<b>7.477</b>	<b>0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>	<b>0</b>	<b>13</b>	<b>87</b>	<b>0</b>	<b>0</b>