

**DIVERSIDAD ISOENZIMÁTICA EN POBLACIONES NATIVAS DE FRIJOL NEGRO****ISOZYMIC DIVERSITY IN BLACK DRY BEAN NATIVE POPULATIONS**

**Carlos H. Avendaño Arrazate<sup>1\*</sup>, Porfirio Ramírez Vallejo<sup>1</sup>, Fernando Castillo González<sup>1</sup>,  
José Luis Chávez Servia<sup>2</sup> y Gabriel Rincón Enríquez<sup>1</sup>**

<sup>1</sup> Programa en Genética, Instituto de Recursos Genéticos y Productividad, Colegio de Postgraduados. Km. 36.5 Carr. México-Texcoco. C.P. 56230. Montecillo, Edo. de México. Tel y Fax: 01 (595) 952-0262. Correo electrónico: a carlos@colpos.mx <sup>2</sup> Centro de Investigaciones y de Estudios Avanzados-Unidad -Mérida, Instituto Politécnico Nacional. Carr. Antigua a Progreso. Km.6. C.P. 97310. Mérida, Yucatán.

\* Autor responsable

**RESUMEN**

La diversidad genética presente en poblaciones nativas de frijol (*Phaseolus vulgaris* L.) tipo negro de México, se evaluó en una muestra de 50 de poblaciones de frijol común provenientes de diferentes regiones geográficas, con 20 sistemas isoenzimáticos. Los extractos isoenzimáticos fueron obtenidos por maceración de radículas de cinco plántulas. Seis isoenzimas mostraron polimorfismo: Ácido shikímico deshidrogenasa (SAD) con dos *loci*; Diaforasa (DIA) con cinco *loci*; Enzima málica (ME) con dos *loci*; Esterasa (EST) con dos *loci*; Fosfohexosa isomerasa (PHI) con tres *loci* y Malato deshidrogenasa (MDH) con dos *loci*. De 16 *loci* en total, 11 resultaron polimórficos con un porcentaje de polimorfismo de 68.7 %. El grado de polimorfismo por *locus* varió de uno a seis y en promedio fue de tres alelos por *locus*. El análisis de conglomerados, con base en las distancias genéticas de Nei y el método de ligamiento promedio (UPGMA), mostró que las poblaciones del trópico y zona centro de México mostraron la mayor diversidad genética. Se logró establecer un patrón de distribución con base en alelos específicos, y dentro de cada grupo se observó una distribución continua de la diversidad. La técnica usada mostró la amplitud de la distribución de la diversidad genética existente en poblaciones nativas de frijol tipo negro en México, así como su utilidad para la caracterización de la diversidad genética en esta especie.

**Palabras clave:** *Phaseolus vulgaris* L., diversidad genética, frijol negro, isoenzimas.

**SUMMARY**

Genetic diversity in 50 landraces of black-bean (*Phaseolus vulgaris* L.) from different geographic regions of México, was isozymically assessed on 20 different isozymes. Isozymic extracts were obtained by grinding radicles from five seedlings. Six isozymes showed polymorphism: Shikimic acid dehydrogenase (SAD) with two *loci*; Diaphorase (DIA) with five *loci*; Malic enzyme (ME) with two *loci*; Esterease (EST) with two *loci*; Phosphohexase isomerase (PHI) with three *loci*, and Malate dehydrogenase (MDH) with two *loci*. Eleven *loci* out of 16 were polymorphic (68.7 % of polymorphism). Polymorphism per *locus* was from one to six alleles, with a mean of three alleles per *locus*. Cluster analysis, based on Nei's genetic distances according to the mean linkage method (UPGMA), showed the largest genetic diversity in populations from the central zone and from the tropics of México. A distribution pattern based on specific alleles was established; and within each group a continuous distribution of diversity was observed. Isozyme analysis was useful to show the amplitude of the distribution of the genetic diversity among black bean Mexican landraces, as well as its usefulness for characterization of genetic diversity in this species.

**Index words:** *Phaseolus vulgaris* L., genetic diversity, black bean, isozymes.