



Maíces de Guatemala:

Un acercamiento a su diversidad genética
y a sus aspectos culturales relacionados

César Azurdia
Editor



“De Paxil, de Cayalá, así llamados, vinieron las mazorcas amarillas y las mazorcas blancas. Estos son los nombres de los animales que trajeron la comida: yaak (el gato de monte), Utliv (el coyote), K’el (el chocoy) y jooj (el cuervo). Estos cuatro animales les dieron la noticia de las mazorcas amarillas y las mazorcas blancas, les dijeron que fueran a Paxil y les enseñaron el camino de Paxil. De esto se hizo la carne del hombre que fue formado, esto fue la sangre del hombre.

Así se alegraron por haber hallado una hermosa tierra, llena de dulzuras, de muchas mazorcas amarillas y blancas, mucho pataste y cacao, no eran contables los zapotes, las anonas, jocotes, nances, matasanos y miel.

Luego pusieron en plática el crear a nuestros primeros padres y madres, y solo fueron mazorcas amarillas y blancas su carne; y solo de comida fueron sus brazos y piernas de los hombres, nuestros primeros padres, que fueron cuatro los creadores, y solo de comida fue la carne de ellos.”

Portada: el origen del ser humano a partir del maíz, relato del Pop Wuj

Contraportada: Evolución del maíz a partir del teocintle.

Artista: Carlos Chalí

Maíces de Guatemala:

Un acercamiento a su diversidad genética
y a sus aspectos culturales relacionados

Maíces de Guatemala:

Un acercamiento a su diversidad genética
y a sus aspectos culturales relacionados

Editor:

César Azurdia

Cita: Azurdia, C. (Ed.) (2025). Maíces de Guatemala: Un acercamiento a su diversidad genética y a sus aspectos culturales relacionados. Consejo Nacional de Áreas Protegidas. Publicación técnica No. 15-2025



Proyecto Fortalecimiento y Continuidad de Capacidades en Bioseguridad que Conduzca a una Completa Implementación del Protocolo de Cartagena en Guatemala

Coordinador del proyecto:

César Azurdia

Coordinación desde el Instituto de Ciencia y Tecnología Agrícolas (ICTA)

María de los Ángeles Mérida

Subproyecto parientes silvestres

Fernando Castillo

Subproyecto caracterización agro-morfológica

Recolección de germoplasma: personal del ICTA

Caracterización de germoplasma:

Cuyuta: Julissa Tolico, Alejandra Hernández, Karina Sagarminaga

San Jerónimo: Yesica Hernández, Fernanda Ericastilla

Chimaltenango: Javier Xajil, Roberto Argueta

Quetzaltenango: María Valdez, Dionicia Arango

Análisis estadístico: Alejandro Ruiz

Subproyecto caracterización genómica

César Petrolli, CIMMYT

Rosa Angela Pacheco, CIMMYT

Guadalupe Valdez Velazquez, CIMMYT

Subproyecto caracterización nutricional

Natalia Palacios, CIMMYT

Aidé Liliana Molina, CIMMYT

Subproyecto estudio etnobotánico

Vicente Martínez, Roberto Argueta, Fabiola Tobar, Javier Méndez, Misael López

Revisión de edición

Paola Cotí, Andrea Quevedo

Diagramación

Miguel Leiva

Reconocimientos

A los agricultores (mujeres y hombres) que mediante sus actividades diarias relacionadas con el cultivo, uso y conservación de sus maíces han preservado el legado histórico de los antepasados mesoamericanos.

A las Autoridades y personal de la Dirección de Valoración y Conservación de la Diversidad Biológica del Consejo Nacional de Áreas Protegidas (CONAP) por el acompañamiento y apoyo técnico.

A las autoridades y personal técnico del Instituto de Ciencia y Tecnología Agrícolas (ICTA) por el decidido apoyo sin el cual no se hubiera desarrollado satisfactoriamente el presente proyecto.

A las instituciones financiantes (GEF, ONU Medio Ambiente) por su apoyo.

Al Centro Tropical de Investigación y Enseñanza (CATIE) por su apoyo administrativo.

Al Centro Internacional de Mejoramiento de Maíz y Trigo (CIMMYT) por la ayuda en los análisis genómicos y nutricionales, así como en la creación de capacidades.

A todas las instituciones de gobierno y academia que conforman el comité directivo del proyecto por su apoyo en su implementación.

A la Universidad Rafael Landívar por su apoyo en los estudios fitopatológicos conducidos en el las accesiones de maíz enviadas al CIMMYT para su estudio.

A las municipalidades de Santa Ana Huista, Jacaltenango y San Manuel Chaparrón, así como al Centro Universitario de Sur Oriente (CUNSURORI) de la USAC por su irrestricto apoyo en las actividades desarrolladas relativas a la conservación y uso sostenible del maíz silvestre.

A la Asociación de Organizaciones de los Cuchumatanes (ASOCUCH) por poner a disponibilidad germoplasma de maíz previamente depositado en el banco de germoplasma del ICTA.

Contenido

Introducción	1
Capítulo 1. Los Parientes Silvestres de Cultivos y la resiliencia del sistema milpa	3
1. Introducción	5
1.1. El sistema milpa	5
1.2. Situación actual de PSC asociados al sistema milpa	7
1.2.1. Distribución regional y nacional	12
1.2.2. Estado de conservación	17
1.2.3. Amenazas e impactos por el cambio climático	19
1.3. Contribución de los parientes silvestres a la resiliencia del sistema milpa	22
2. Conclusiones	23
3. Referencias	24
Capítulo 2. Análisis de diversidad genética del maíz de Guatemala utilizando marcadores agromorfológicos	31
1. Introducción	33
2. Antecedentes	33
3. Metodología	35
3.1. Recolección de germoplasma	35
3.2. Medición de rasgos agromorfológicos cualitativos y cuantitativos	37
3.3. Análisis de datos	39
4. Resultados y discusión	40
4.1. Análisis factorial de datos mixtos (FAMD)	48
4.2. Análisis de similitud entre las accesiones de maíz	50
4.3. Consideraciones sobre razas de maíz	57
4.4. Razas identificadas en el estudio	59
5. Conclusiones	65
6. Referencias	67
Capítulo 3. Análisis genómico	71
1. Introducción	73
2. Antecedentes	73
3. Metodología	75
3.1. Análisis molecular	75
3.2. Análisis de datos	75
4. Resultados y discusión	76
4.1. Estructura de la población: similitud entre accesiones	76

4.2.	Algunas consideraciones sobre las razas presentes	82
4.3.	Otros datos de estructura poblacional	83
4.4.	Diversidad genética	85
5.	Conclusiones	87
6.	Referencias	88

Capítulo 4. Análisis nutricional 91

1.	Introducción	93
2.	Antecedentes	94
3.	Metodología	95
4.	Resultados y discusión	95
4.1.	Proteína	96
4.2.	Lisina y triptófano	98
4.3.	Carotenos totales	101
4.4.	Antocianinas totales	102
4.5.	Contenido de Fe y Zn	105
4.6.	Fibra total	107
5.	Conclusiones	109
6.	Referencias	110

Capítulo 5. Estudio etnobotánico de maíz en localidades de tres regiones de Guatemala 113

1.	Introducción	115
2.	Antecedentes	116
3.	Metodología	117
4.	Resultados y discusión	120
4.1.	Información general de los informantes	120
4.2.	Documentación del conocimiento tradicional asociado al cultivo del maíz y del sistema milpa	121
4.3.	Algunas consideraciones sobre las razas de maíz presentes en las diferentes regiones	126
4.4.	El sistema milpa en las regiones de estudio	131
4.5.	Participación de la mujer en el cultivo de la milpa	132
4.6.	Usos de subproductos del cultivo del maíz	134
4.7.	Otros aspectos culturales relacionados con el sistema milpa	135
4.8.	Recopilación de información en cuanto a la opinión de agricultores respecto al tema OGM's	137
5.	Conclusiones	139
6.	Referencias	140

Capítulo 6. Aspectos relacionados con bioseguridad 143

1.	Consideraciones generales	145
2.	Referencias	148



Introducción

El maíz es uno de los cultivos más importantes a nivel mundial, siendo Mesoamérica la región en la que se domesticó y en la que actualmente se encuentra la mayor diversidad genética, tanto en los materiales cultivados como en los parientes silvestres presentes en dicha región. En Guatemala, el maíz es la base alimenticia de su población a la par que representa un elemento importante desde el punto de vista cultural y religioso, por lo cual su conocimiento, conservación y utilización sostenible es prioritaria. Esto queda reflejado en la normativa actual que considera al maíz como Patrimonio Cultural de la Nación (Acuerdo Ministerial Número 767-2011 del Ministerio de Cultura y Deportes) y como Patrimonio Cultural Intangible de la Nación (Decreto Legislativo 13-2004).

Estudios sobre la diversidad del maíz en Guatemala se iniciaron en el primer tercio del siglo pasado, información que llevó a establecer que Guatemala como parte de Mesoamérica es el centro de origen y diversidad del maíz. El resultado principal de estos estudios fue el establecimiento de las razas y subrazas presentes en Guatemala, información que actualmente se maneja a pesar de que ya han pasado muchos años y que no ha tenido actualización basada en los avances científicos presentes.

Por otro lado, dado la importancia económica del maíz a nivel mundial y el avance de la biotecnología moderna, actualmente se cuenta con maíces genéticamente modificados que responden principalmente a caracteres como resistencia a insectos, herbicidas, resistencia a sequía, cambios en la composición nutricional, entre los más importantes.

El Protocolo de Cartagena (PC) sobre seguridad de la Biotecnología del Convenio sobre la Diversidad Biológica es el elemento jurídico que regula el uso de los organismos vivos modificados (OVM) ante sus posibles efectos negativos a la biodiversidad y la salud humana. Dicho Protocolo ha sido ratificado por Guatemala, por lo cual su implementación requiere el desarrollo de normativa específica nacional para alcanzar su objetivo. La base fundamental para definir el uso o no de los OVM es el desarrollo del denominado análisis de riesgo, el cual como está contemplado en el PC, debe desarrollarse basándose en conocimiento científico.

El maíz de Guatemala como ya se anotó es de vital importancia para el pueblo guatemalteco, razón por la cual el uso de maíz OVM en el país despierta polémica entre los que ven a los OVM como una amenaza y los que lo ven como una oportunidad.

En el Acuerdo Ministerial No. 281-2019 se da a conocer la resolución de la Instancia Ministerial-UA No. 60-2019 mediante la cual se aprueba el Reglamento Técnico RT 65.06.01:18 de Bioseguridad de Organismos Vivos Modificados para Uso Agropecuario; el artículo 24 del reglamento en mención se refiere a áreas para la liberación al ambiente de organismos vivos modificados, estableciendo que serán las Autoridades Nacionales Competentes de cada país las que definirán la implementación de dicho artículo en su Manual de Procedimientos.

El Acuerdo Ministerial No. 271-2019 aprueba el Manual de Procedimientos Técnicos para uso confinado, experimental, precomercial y comercial de semilla genéticamente modificada derivado de la implementación del Reglamento Técnico de Bioseguridad 65.06.01:18. En la parte relativa a áreas para liberación al ambiente de semillas genéticamente modificadas incluye el procedimiento para áreas reconocidas como centros de origen y de diversidad genética de parientes silvestres de especies cultivadas. Indicándose que la Dirección de Fitozoogenética y Recursos Nativos, reconocerá por medio de estudios científicos del Comité Técnico de Biotecnología Agrícola de Guatemala (CTBAG) y otras instituciones relacionadas al tema, áreas definidas como centros de origen y de diversidad genética de parientes silvestres de especies cultivadas.

En este sentido, para su cumplimiento práctico se requiere contar con información científica que lo respalde, caso que no sucede para la situación del maíz de Guatemala. Como parte del proyecto de Bioseguridad CATIE-CONAP se ha creado la línea base que responde al conocimiento de la diversidad genética del maíz silvestre de Guatemala (CONAP, 2022)* y se ha propuesto acciones para implementar una estrategia de conservación y uso sostenible de esta especie (CONAP, 2023).**

El presente documento es el resultado de una investigación que permite conocer la línea base de la diversidad genética de maíz de Guatemala con fines de bioseguridad, conservación y uso sostenible. Se incluye información de los parientes silvestres de los cultivos que conforman el sistema milpa, y para el maíz cultivado, información de tipo agromorfológico, genómico y nutricional; y un estudio etnobotánico, que genera información importante cuando se considere los aspectos socioeconómicos. Información pionera que pone ante los ojos del mundo la diversidad de los maíces de Guatemala y que se espera sea utilizada por las instituciones de gobierno y de investigación para desarrollar políticas y acciones que contribuyan al uso sostenible de esta riqueza genética para beneficio de la sociedad guatemalteca.

El editor

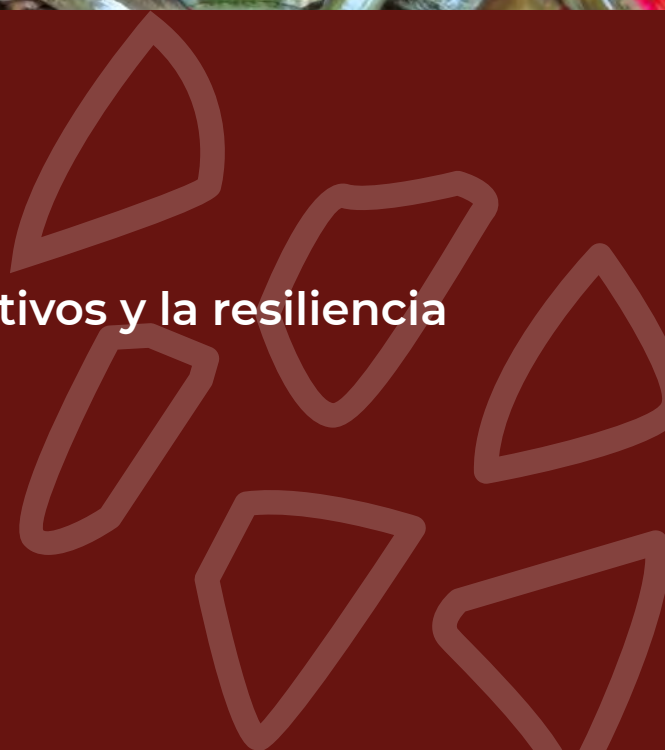
* CONAP (Consejo Nacional de Áreas Protegidas). (2022). Maíz silvestre de Guatemala: Distribución, diversidad genética y conservación. Publicación Técnica Nro. 03-2022.

** CONAP (Consejo Nacional de Áreas Protegidas). (2023). Estrategia de conservación y uso sostenible del maíz silvestre de Guatemala. Publicación Técnica Nro. 03-2023



Capítulo 1.

Los parientes silvestres de cultivos y la resiliencia
del sistema milpa



1. Introducción

Los territorios donde se ubica Guatemala son parte de la región conocida como Mesoamérica, la cual es considerada como un punto caliente de diversidad biológica y uno de los centros de origen y domesticación de especies de importancia alimenticia y agrícola (Vavilov, 1994). La domesticación y cultivo de especies en esta región ocurrieron hace unos 10,000 a 5,000 años atrás cuando distintas civilizaciones empezaron con estos procesos en diferentes especies como el maíz, calabazas, chiles, frijol, aguacate, algodón y vainilla, que son alrededor del 8% de las especies más importantes a nivel planetario (Bukasov, 1963; Goetsch et al., 2021). De hecho, en la región se conocen más de 200 especies domesticadas, así como 5,000 a 7,000 especies con usos reconocidos (Casas et al., 2007).

Las condiciones ecológicas, la diversidad de especies y la riqueza cultural hacen de Guatemala un país reconocido como megadiverso, aunque también pesa con ser uno de los países más afectados por los efectos del cambio climático (CONAP, 2019). Tanto en Mesoamérica y por ende en Guatemala, parte de esta gran diversidad biológica lo constituye la agrobiodiversidad, la cual considera todas las especies utilizadas en los sistemas de producción agrícola, así como de las especies silvestre emparentadas con origen nativo o introducido (Ayala, 1999).

Esta agrobiodiversidad incluye especies domesticadas y silvestres que soportan distintos grados de perturbación y que son utilizadas en sistemas agrícolas tradicionales o industriales (Azurdia, 2008). Dentro de las especies no domesticadas existen unas que están emparentadas con las cultivadas y son llamadas Parientes Silvestres de Cultivos (PSC). Los PSC son reconocidos como taxones de importancia para la agricultura por poseer características genéticas que podrían ser utilizadas para proporcionar ventajas a las especies cultivadas frente a futuros riesgos biológicos y ecológicos (Azurdia et al., 2011).

Este capítulo presenta información sobre el sistema milpa, seguido de la situación actual de 10 PSC asociados a las cuatro especies principales de dicho sistema, a partir de su distribución actual y amenazas, para finalmente mostrar las contribuciones de los PSC a la resiliencia del sistema Milpa.

1.1. El sistema Milpa

El sistema Milpa es uno de los sistemas de producción agrícola más importantes en los territorios de Mesoamérica (Bernsten & Herdt, 1977; Hernandez-Xolocotzi et al., 1995; Terán y Rasmussen, 2009; Zizumbo-Villarreal et al., 2010), siendo considerado el <<eje de las culturas Mayas>> y fundamental en su identidad (Rodríguez-Robayo et al., 2020, Falkowski et al., 2019; de Freece & Poole, 2008). Este sistema ha estado presente desde 9,000 años antes del presente, con evidencia arqueológica de la domesticación de las principales especies que lo conforman, específicamente en la provincia biótica Balsas-Jalisco en el occidente de la región mesoamericana (Zizumbo-Villareal et al., 2012).

El sistema Milpa se caracteriza principalmente por la utilización de la tríada mesoamericana maíz-frijol-calabaza en conjunto con diversas especies cultivadas, sus parientes silvestres y otras especies asociadas (Benrey et al., 2024; Nigh & Diemont, 2013; Terán y Rasmussen, 2009). Si bien estas tres especies son las fundamentales, no se puede hablar de un sistema Milpa único (tal vez sí de un arquetipo de sistema socioecológico), sino más bien de una alta diversidad de sistemas milpas, que incluyen en su ensamble diversas especies de plantas para distintos usos (González-Esquivel et al., 2023; Comunidades Maya-Chortí de Jocotán, Camotán y Olopa et al., 2021; López-Ridaura et al., 2019). Involucra un conocimiento profundo de las condiciones ecológicas del lugar donde se implementa para lograr obtener el máximo de su potencial, un considerable tiempo de trabajo invertido en las actividades cotidianas de su manejo y distintas técnicas como tumbar y quemar, tumbar y acolchar, desmalezar, siembra, intercalado de especies, cuidados, entre otras (Reina, 1967; Drexler, 2020).

Se considera un sistema clave en la agroecología al ser un agroecosistema con un ensamble de cultivos mixtos que produce más al aprovechar las interacciones planta-planta (Vazeux-Blumental et al., 2024). También se le considera como un sistema agroforestal dado que su manejo da como resultado un mosaico de espacios cultivados, campos en barbecho, vegetación secundaria en varios estadios y bosques primarios (Schwartz y Corzo, 2015). Es además un sistema que fomenta la presencia de especies de fauna, no solo por las condiciones ecológicas sino por las prácticas culturales. Existe una alta diversidad de especies de artrópodos y de especies de vertebrados que encuentran fuentes de alimento en dicho sistema (Grof-Tisza et al., 2024; Benrey et al., 2024; Corzo y Schwartz, 2016).

En varias áreas Mayas de tierras bajas como el área de la cultura Maya-Itzá, fue y sigue siendo un sistema rotacional altamente productivo que, en conjunto con huertos familiares y búsqueda de alimentos en el bosque, pudo haber sostenido grandes poblaciones de la civilización Maya antes de la invasión europea (Schwartz y Corzo, 2015). Contrario a esto, el sistema milpa contemporáneo extensivo, en varias regiones de Guatemala, se debe a la marginalización de los campesinos y al minifundio donde se desarrolla (Nigh y Diamond, 2013).

Su alta productividad comparada con los monocultivos, además de la producción de más nutrientes esenciales, obedece al ensamble de especies que hace uso eficiente del suelo, agua, nutrientes y luz a través de interacciones internas de complementariedad del nicho, competencia y facilitación entre las especies que lo conforman (López-Ridaura et al., 2019). Esto significa que las plantas reciben luz a diferentes alturas, el maíz sirve de soporte al frijol, el frijol fija el nitrógeno para que el resto de las plantas lo usen y la calabaza con sus hojas modifica el microclima manteniendo la humedad del suelo y evitando el crecimiento de malezas. Así mismo las flores de todas las especies atraen insectos benéficos y la alta densidad de raíces en el sistema crea canales que facilitan la disponibilidad de agua y nutrientes (Fonteyne et al., 2023).

El sistema Milpa es considerado como un sistema socioecológico complejo, provee hasta 38 beneficios o servicios ecosistémicos. A saber, de aprovisionamiento: provisión de alimentos, biomasa, combustible como leña, plantas medicinales,

suministro de agua. Culturales: turismo, salud mental y física, historias, estimulación intelectual y espiritual, educación, cohesión social, patrimonio cultural, identidad y valores culturales, canciones, inspiración cultural, estética, religiosidad y recreación. De regulación: como control de erosión, reducción del viento, regulación de sequías, regulación de inundaciones, polinización, dispersión de semillas, conservación de suelos, conservación de biodiversidad, control de malezas, control de plagas, fertilidad del suelo, fijación de carbono, secuestro de carbono, calidad del agua, oxígeno, regulación del microclima, mitigación del cambio climático, recarga de pozos de agua y conservación de agua (Romero-Natale et al., 2024).

A pesar de tantas virtudes que posee el sistema Milpa, también existen algunas limitaciones que ponen en peligro su continuidad por parte de los agricultores, entre éstas se encuentran la pérdida de conocimientos en las nuevas generaciones, la intensa labor requerida en el manejo del sistema, el uso de variedades híbridas y el uso de pesticidas, fungicidas y herbicidas, el acceso a tierra cultivable necesaria derivado de la compra de tierras para agricultura comercial y la marginalización de los agricultoras en pequeña escala (González-Esquível et al., 2023; Comunidades Maya-Chortí de Jocotán, Camotán y Olopa et al., 2021; Corzo y Schwartz, 2016; Nigh y Diemont, 2013).

Otra limitación es la tenencia de la tierra, que en las áreas montañosas del país prevalecen las condiciones de minifundio con tierras cultivables < 7 ha (Dürr, 2016; Britos et al., 2022) que requiere por parte de los productores, no sólo cultivar el sistema milpa, sino recurrir a otras estrategias para obtener más ingresos y paliar la inseguridad alimentaria, como cultivar café, animales de patio, vender su fuerza laboral o tener huertos (López-Ridaura et al., 2019).

1.2. Situación actual de PSC asociados al Sistema Milpa

Los PSC se les denomina a todas aquellas especies ancestros de cultivos tradicionales o especies que tienen algún grado de relación o cercanía genética con éstos (CONABIO et al., 2019). Esta cercanía o afinidad genética implica que existe una capacidad de intercambio o transferencia natural de genes entre especies, variedades y géneros (Azurdia et al., 2011).

A nivel mundial se estiman que entre 50,000 a 60,000 especies son PSC y de las cuales, 10,739 son de uso directo para la seguridad alimentaria (Maxted & Kell, 2009) y para la región, se estiman que existen aproximadamente 3,000 taxones (Goettsch et al., 2021). En el caso de Guatemala, el Atlas de PSC registra 105 especies o taxones infraespecíficos de los cuales un 30% de los taxones identificados no tenían muestras suficientes para evaluar el estado de su conservación *in situ*, mientras que un 85% de los taxones registrados, carecían de muestras en bancos de germoplasmas dificultando su conservación *ex situ* (Azurdia et al., 2011).

De las especies fundamentales en el sistema Milpa conformada por la tríada maíz-frijol-calabaza, Guatemala cuenta con distintos PSC asociados a éstas. A continuación, se aborda información acerca de 8 PSC relacionados con la tríada y 2 PSC relacionadas

con el chile. Del maíz se encuentran dos parientes silvestres o teosintles: *Zea luxurians* y *Zea mays* subsp. *huehuetenangensis*. Del frijol 4 parientes silvestres *Phaseolus coccineus*, *Phaseolus dumosus*, *Phaseolus lunatus*, *Phaseolus vulgaris* y de la calabaza *Cucurbita lundelliana* y *Cucurbita argyrosperma* var. *sororia*. Para el caso de los chiles, se presentan 2 parientes silvestres *Capsicum frutescens* y *Capsicum annuum* var. *glabriusculum* (Figuras 1-10).





Figura 3. *Phaseolus coccineus*.

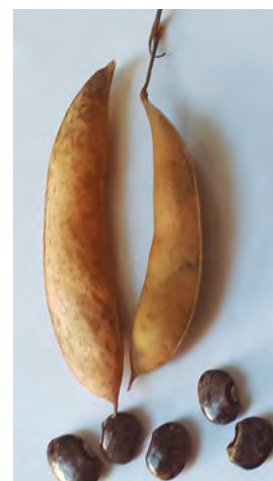


Figura 4. *Phaseolus dumosus*.



Figura 5. *Phaseolus lunatus*.



Figura 6. *Phaseolus vulgaris*.





Figura 9. *Capsicum frutescens*.

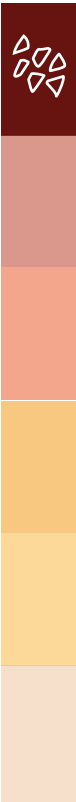


Figura 10. *Capsicum annuum* var. *glabriusculum*.

1.2.1. Distribución regional y nacional

De acuerdo con la literatura estos PSC tienen su actual rango de distribución geográfica como se muestra en el Cuadro 1. En dicho cuadro se observa que algunos de los PSC se encuentran restringidos a Guatemala, otros a la región mesoamericana, algunos tienen una extensión más al norte de México y otros tienen una amplia distribución incluyendo Suramérica y El Caribe.

De los parientes silvestres del maíz, Guatemala alberga dos de las nueve reconocidas



por la ciencia (Mota-Cruz et al., 2023) y ambas tienen distribución restringidas. *Zea luxurians* hacia el oriente en los departamentos de Jutiapa, Jalapa y Chiquimula, y *Zea mays* subsp. *huehuetenangensis*, hacia el noroccidente en el departamento de Huehuetenango (Figuras 11 y 12).

En el caso de los parientes silvestres del frijol, los taxones aquí mencionados son las variantes silvestres de las domesticadas, *Phaseolus coccineus* se distribuye en áreas montañosas de la Cadena Volcánica, los Cuchumatanes y las Verapaces (Figura 13). *Phaseolus dumosus* abarca el Altiplano Central y Occidental junto con las Verapaces (Figura 14). *Phaseolus lunatus* y *Phaseolus vulgaris* prácticamente se distribuyen en todo el país (Figuras 15 y 16).

Para los parientes silvestres de la calabaza, la distribución de *Cucurbita argyrosperma* var. *sororia* ocurre principalmente en zonas semiáridas del Valle del Motagua, Suroriente, Costa Sur y Huehuetenango, mientras que la de *Cucurbita lundelliana* ocurre principalmente en áreas del norte del país como Alta Verapaz y Petén (Figuras 17 y 18).

Para el caso de los chiles que son parientes silvestres, *Capsicum annum* var. *glabriusculum* y *Capsicum frutescens* se distribuyen en prácticamente todo el país, salvo *Capsicum frutescens* cuyo modelo de distribución indica áreas no potenciales en superficies de alta montaña, valles semiáridos del oriente y de la costa sur (Figuras 19 y 20).

Cuadro 1. Distribución nativa de PSC asociados a la tríada del sistema Milpa.

Familia	Nombre de la especie de PSC	Rango de distribución nativa	Fuente
Cucurbitaceae	<i>Cucurbita argyrosperma</i> subsp. <i>sororia</i> (L.H.Bailey) Merrick & D.M.Bates.	Costas de Sonora en México hasta Nicaragua.	Khoury et al. (2019)
	<i>Cucurbita lundelliana</i> L.H. Bailey.	Norte de Centroamérica y Sur de México.	Khoury et.al. (2019)
Fabaceae	<i>Phaseolus coccineus</i> L.	Chihuahua en México hasta Morazán en Honduras.	Debouck (2021)
	<i>Phaseolus dumosus</i> McFadyen.	Suroeste de Guatemala en las montañas volcánicas y sureste de Chiapas.	Debouck (2021)
	<i>Phaseolus lunatus</i> L.	Centroamérica, Suramérica y el Caribe.	Debouck (2021)
	<i>Phaseolus vulgaris</i> L.	Chihuahua en México hasta Argentina.	Debouck (2021)

Familia	Nombre de la especie de PSC	Rango de distribución nativa	Fuente
Poaceae	<i>Zea luxurians</i> (Durieu & Asch.) R.M. Bird.	Oriente de Guatemala, Honduras, El Salvador	Mota-Cruz et al. (2023)
	<i>Zea mays</i> subsp. <i>huehuetenangensis</i> (Iltis & Doebley) Doebley.	Área huista, Huehuetenango, Guatemala	Mota-Cruz et al. (2023)
Solanaceae	<i>Capsicum annuum</i> var. <i>glabriusculum</i> (Dunal) Heiser & Pickersgill.	México, Centroamérica, Caribe, Colombia, Venezuela, Ecuador, Perú y Brasil	Khoury et.al. (2020), Barboza et al. (2022)
	<i>Capsicum frutescens</i> L.	Sur de México, Centroamérica, Caribe, Colombia, Venezuela, Ecuador, Guyanas, Bolivia, Perú y Brasil.	Barboza et al. (2022)



Figura 11 (izquierda) y Figura 12 (derecha). Modelos de distribución actual potencial de parientes silvestres del maíz.



Figura 13 (izquierda) y Figura 14 (derecha). Modelos de distribución actual potencial de parientes silvestres del frijol.



Figura 15 (izquierda) y Figura 16 (derecha). Modelos de distribución actual potencial de parientes silvestres del frijol.



Figura 17 (izquierda) y Figura 18 (derecha). Modelos de distribución actual potencial de parientes silvestres de la calabaza.

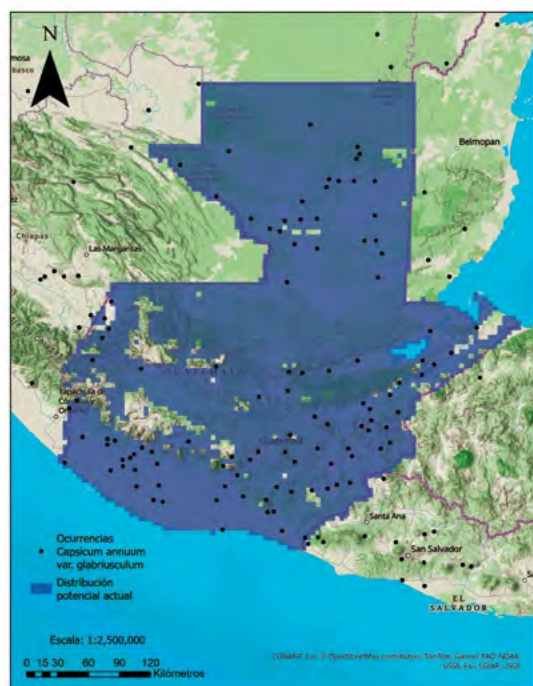


Figura 19 (izquierda) y Figura 20 (derecha). Modelos de distribución actual potencial de parientes silvestres del chile.

1.2.2. Estado de Conservación

La conservación de los PSC ha avanzado significativamente desde finales del siglo XX. Esto como producto de los resultados exitosos de transferir algunos de sus rasgos hacia cultivos para mejorar ciertas condiciones, así como por su inclusión en instrumentos internacionales como el Convenio de Diversidad Biológica, las metas de Aichi y los Objetivos de Desarrollo Sostenible, entre otros (Engels y Thormann, 2020). Guatemala ha firmado y ratificado varios de esos instrumentos legales internacionales a lo largo de los años, lo que promueve la investigación, el uso sostenible y la conservación de la diversidad biológica incluyendo los PSC, demostrando una tradición de cuidar los recursos fitogenéticos (CONABIO et al., 2019). No obstante, siguen existiendo vacíos tanto en conservación *in situ* como *ex situ*, reflejadas en el primer caso, en poco traslape de las áreas de distribución de las especies con áreas protegidas, y en el segundo, en el bajo número de accesiones depositadas en bancos de germoplasma (CONAP, 2019).

En Guatemala se reconocen cuatro áreas de importancia para la conservación de PSC: a) Tierras Altas de la Cadena Volcánica, b) San Marcos y Quetzaltenango, c) la región de Huehuetenango y los bosques nubosos de las Verapaces y el Quiché y d) la zona sureste de Petén, Izabal y Chiquimula; se reconoce, además, un área en Petén e Izabal con parientes silvestres de sapotáceas (CONABIO et al., 2019).

La conservación *ex situ* requiere inversión significativa y colaboración internacional porque los PSC del país y de otras naciones continúan subrepresentados en los bancos de germoplasma (Castañeda-Álvarez et al., 2016; Vincent et al., 2019). La conservación *in situ* permite mantener los procesos de adaptación evolutiva de los PSC que ocurren en los territorios, de manera pasiva esto ha tomado mayor auge en los últimos tiempos (Jovovic et al., 2020; Vincent et al., 2022).

La conservación *in situ* en Guatemala de estos 10 PSC asociados al sistema Milpa está promovida por el Sistema Guatemalteco de Áreas Protegidas (SIGAP). El cuadro 2 muestra qué tanto las áreas de distribución de estos PSC están protegidas bajo el SIGAP. Este mecanismo de conservación muestra que solamente un pariente silvestre posee más del 80% de su distribución protegida (*C. lundelliana* 85%) mientras que el resto de los parientes silvestres están por debajo de la mitad de su área de distribución. Es importante resaltar que ambos parientes silvestres de maíz tienen pocas áreas bajo protección en el SIGAP (0.4 y 8.6%).

Cuadro 2. Distribución actual potencial de los PSC en áreas de conservación bajo el SIGAP.

Familia	Pariente silvestre de cultivos	Área distribución actual potencial (km²)	Área bajo SIGAP (km²)	%SIGAP
Cucurbitaceae	<i>Cucurbita argyrosperma</i> subsp. <i>sororia</i> (L.H.Bailey) Merrick & D.M.Bates.	12,639.37	273.98	2.2
	<i>Cucurbita lundelliana</i> L.H. Bailey.	9,102.95	7,740.02	85.0
Fabaceae	<i>Phaseolus coccineus</i> L.	34,364.09	4,207.63	12.2
	<i>Phaseolus dumosus</i> McFadyen.	22,445.16	2,350.78	10.5
	<i>Phaseolus lunatus</i> L.	97,157.82	26,680.89	27.5
	<i>Phaseolus vulgaris</i> L.	93,643.77	22,970.08	24.5
Poaceae	<i>Zea luxurians</i> (Durieu & Asch.) R.M. Bird.	1,634.20	139.86	8.6
	<i>Zea mays</i> subsp. <i>huehuetenangensis</i> (Iltis & Doebley) Doebley.	186.42	0.74	0.4
Solanaceae	<i>Capsicum annuum</i> var. <i>glabriusculum</i> (Dunal) Heiser & Pickersgill.	101,473.35	31,560.30	31.1
	<i>Capsicum frutescens</i> L.	90,563.54	28,951.50	32.0

Dado que la presencia de los PSC no se limita a áreas bajo protección formal, sino que pueden ocurrir en distintas áreas, resulta importante pensar en otros mecanismos de protección como las denominadas <<Otras Medidas Efectivas de Conservación Basadas en Áreas -OMEC- >> (Maxted y Magos, 2023). Más allá de estas medidas, el sistema Milpa, dado su constante uso y manejo por parte de los grupos humanos lo convierten en un mecanismo de conservación *in situ* exitoso de los PSC y cultivares, pudiéndose reconocerlo como un <<sistema dinámico de conservación sostenible>> ya que permite la coevolución de las especies con los cambios del clima y las preferencias de los agricultores (Azurdia, 2008; Guzzon et al., 2021).

En el sistema Milpa y otros sistemas, la presencia de parientes silvestres o semi silvestres de los cultivos de esa misma región puede facilitar el flujo de genes entre dichos taxones y las especies domesticadas y, por lo tanto, permitir la adaptación a nuevas condiciones (Fonteyne et al., 2023). Por lo tanto, es importante promover el uso de sistemas de policultivos como el Sistema Milpa que ha demostrado además de ser un sistema con alta productividad, nutritivo y agroecológico, ser un reservorio genético y refugio para otras especies silvestres además de ser considerado un sistema sostenible (Benítez et al., 2014; Schwartz y Corzo, 2015; González-Esquivel et al., 2023).



1.2.3. Amenazas e impactos por el cambio climático

Los PSC, al igual que otras especies a nivel global, están en riesgo de extinción derivado de distintas amenazas. Con ello también está en peligro la posibilidad de utilizar su diversidad genética en la agricultura, de hecho, la seguridad alimentaria depende de la conservación de estos taxones (www.croptrust.org¹) y de su uso sostenible a nivel local, nacional, regional y global (FAO, 2018).

Una forma de evaluar el estado de conservación es reconocer los criterios de clasificación de la Lista Roja de Especies Amenazadas de la UICN. Los diez PSC han sido sujetos a evaluaciones de acuerdo con los criterios de esta lista y muestran que dos especies están en peligro (*Zea mays* subsp. *huehuetenangensis* y *Phaseolus dumosus*), una es vulnerable (*Zea luxurians*) y el resto están clasificadas como preocupación menor (Sánchez et al., 2019; Contreras et al., 2019; Azurdia y Delgado-Salinas, 2019; Delgado-Salinas et al., 2019; Delgado-Salinas et al., 2020; Aragón-Cuevas et al., 2019; Azurdia et al., 2020; Aguilar-Meléndez et al., 2020; Castellanos-Morales et al., 2019).

Para el caso de Mesoamérica las amenazas están relacionadas con el uso del suelo en mayor grado y en menor grado por el desarrollo comercial y urbano (Goettsch et al., 2021). Por otro lado, el mejoramiento de especies de importancia económica a partir de la ingeniería genética ha generado preocupación por la posibilidad de contaminar a las especies de cultivos tradicionales o a los mismos PSC. Esta problemática deriva de la posibilidad de movimiento transgénico hacia los PSC que podrían afectar directa o indirectamente su biología, ecología e interacciones (Snow, 2002; Warwick et al., 2009).

Específicamente para las especies aquí mencionadas, las amenazas para su existencia en Guatemala son la agricultura y acuicultura, especies invasivas, uso biológico de los taxones, desarrollo comercial y residencial, así como cambio climático y clima severo. En el cuadro 3 se encuentran las amenazas hacia los géneros de los PSC que se ven afectados.

Finalmente, los efectos negativos del cambio climático han sido reconocidos como una amenaza para la sobrevivencia de los PSC y sus efectos podrían generar la extinción de éstos, así como la pérdida de superficies en sus áreas de distribución (Jarvis et al., 2008). Por otro lado, podría ocurrir un recambio en el uso de cultivares motivados por cambios en los factores ecológicos que permiten la producción y podría tener consecuencias negativas como la pérdida de germoplasma y conocimientos agrícolas (Van Etten, 2006).

En el caso de los PSC aquí descritos, los efectos del cambio climático podrían ser tanto una ampliación del área donde las condiciones bioclimáticas les son favorables para su establecimiento, como una reducción de dicha área. Esto se traduce en un aumento o disminución del área de distribución actual.

1 <https://www.croptrust.org/fileadmin/uploads/croptrust/Documents/A-Global-Rescue-Safeguarding-the-Worlds-Crop-Wild-Relatives.pdf>

Cuadro 3. Amenazas a diez PSC asociados al sistema milpa en Guatemala..

Amenaza	Definición	Impulsores inmediatos (amenaza directa)	PSC afectados (a nivel de género)
Agricultura y acuicultura	Amenazas de cultivar la tierra y crianza de animales como resultado de la expansión e intensificación agrícola. Incluye silvicultura, maricultura y acuicultura (abarca también el impacto del cercado de las áreas).	Agricultura itinerante, pequeña agricultura, agroindustria, plantaciones forestales pequeñas e industriales, trashumancia, pastoreo o crianza de animales en áreas pequeñas, ganadería pecuaria y acuicultura industrial.	<i>Capsicum</i> <i>Cucurbita</i> , <i>Phaseolus</i> , <i>Zea</i> .
Especies invasivas y otras especies, genes o enfermedades problemáticas	Amenazas derivadas de especies nativas y no nativas (plantas, animales, patógenos/microbios, material genético) que tienen o podrían tener efectos dañinos sobre la diversidad biológica posterior a su introducción, expandirse o incrementar su abundancia.	Especies invasoras y enfermedades no nativas, especies y enfermedades nativas problemáticas, material genético introducido, diversas enfermedades: sin causa conocida, sin origen conocido e inducidas por priones o virus.	<i>Cucurbita</i> , <i>Phaseolus</i> , <i>Zea</i> .
Uso de recursos biológicos	Amenazas por el consumo de recursos biológicos silvestres incluyendo efectos deliberados e intencionales de la recolección, incluye también la persecución o control de especies específicas.	Recolección de plantas terrestres, hongos y otros productos no maderables para diversos usos con efectos no intencionados e intencionados de la recolección. Tala y aprovechamiento de madera con efectos no intencionados e intencionados de la actividad.	<i>Capsicum</i> , <i>Cucurbita</i> , <i>Phaseolus</i> .
Desarrollo residencial y comercial	Amenazas de asentamientos humanos y otros usos del suelo no agrícolas con una huella significativa.	Desarrollo de áreas urbanas y residenciales, comerciales, industriales, de turismo y recreativas	<i>Capsicum</i> , <i>Cucurbita</i> , <i>Phaseolus</i> , <i>Zea</i> .
Cambio climático y clima severo	Amenazas derivadas de cambios climáticos a largo plazo que pueden estar ligados al calentamiento global o a otros eventos severos del clima fuera de su rango natural de variación, o potencialmente eliminar una especie vulnerable o su hábitat.	Alteración de hábitats, sequías, temperaturas extremas, tormentas e inundaciones	<i>Capsicum</i> , <i>Cucurbita</i> , <i>Phaseolus</i> , <i>Zea</i> .

Elaboración propia (2025) basado en consulta de expertos (2024), Salafsky et al. (2025) y Goettsch et al. (2021)

De acuerdo con estimaciones, basados en dos tipos de escenarios de trayectorias compartidas SSP (Shared socioeconomic pathways, por sus siglas en inglés) que son escenarios de cómo la sociedad global, la población y la economía podrían cambiar en el próximo siglo, y con tres modelos generales de clima (GCM) para dos períodos de tiempo 2021 a 2040 y 2041 a 2060, los diez PSC podrían sufrir impactos en su área de distribución. El pariente silvestre que podría ver ampliada su distribución, derivado de cambios en el clima, es solamente *Zea luxurians*, pudiendo aumentar su superficie entre 2% al 4% sobre su patrón actual. El resto de las especies perderán áreas, algunas incluso perdiendo drásticamente más del 60% de su patrón actual. Solamente *Phaseolus dumosus* tendría pérdidas de 6 al 17% (Cuadro 4).

Cuadro 4. Porcentaje de pérdida o aumento de área de distribución de diez PSC asociado al sistema Milpa basados en dos trayectorias compartidas (SSP245, SSP585) y dos períodos de tiempo (2020 a 2040 y 2041 a 2060) y tres modelos generales de clima (GCM).

Familia	Pariente silvestre de cultivo	Área (km²)			
		ssp245_30	ssp245_50	ssp585_30	ssp585_50
Cucurbitaceae	<i>Cucurbita argyrosperma</i> subsp. <i>sororia</i> (L.H.Bailey) Merrick & D.M.Bates.	-100.00%	-100.00%	-100.00%	-100.00%
	<i>Cucurbita lundelliana</i> L.H. Bailey.	-100.00%	-100.00%	-100.00%	-100.00%
Fabaceae	<i>Phaseolus coccineus</i> L.	-68.94%	-76.07%	-70.33%	-80.42%
	<i>Phaseolus dumosus</i> McFadyen.	-7.17%	-12.49%	-6.47%	-16.38%
	<i>Phaseolus lunatus</i> L.	-100.00%	-100.00%	-100.00%	-100.00%
	<i>Phaseolus vulgaris</i> L.	-88.72%	-84.05%	-88.49%	-85.32%
Poaceae	<i>Zea luxurians</i> (Durieu & Asch.) R.M. Bird.	4.09%	2.07%	2.80%	2.93%
	<i>Zea mays</i> subsp. <i>huehuetenanguensis</i> (Iltis & Doebley) Doebley.	-100.00%	-100.00%	-100.00%	-100.00%
Solanaceae	<i>Capsicum annuum</i> var. <i>glabriusculum</i> (Dunal) Heiser & Pickersgill.	-100.00%	-100.00%	-100.00%	-99.98%
	<i>Capsicum frutescens</i> L.	-70.53%	-66.16%	-73.00%	-76.99%

1.3. Contribución de los parientes silvestres a la resiliencia del sistema Milpa

Existe una necesidad impostergable en los territorios de Mesoamérica para fortalecer el manejo y conservación de los PSC y sus hábitats. El futuro plantea escenarios de pérdida de áreas de distribución, poniendo en riesgo aún más a los PSC y al cultivo Milpa. Los PSC poseen rasgos y genes que podrían mejorar las variedades de cultivos tradicionales del sistema Milpa y con ello facilitar la adaptación de las especies de dicho sistema a los efectos adversos del cambio climático promoviendo, a su vez, la seguridad alimentaria (FAO, 2018; Goettsch et al., 2021). En otras palabras, los PSC funcionan como un banco o reservorio fitogenético que puede ser utilizado para afrontar problemas con los cultivos tradicionales utilizados en el sistema Milpa.

Las especies del sistema milpa y los PSC mantienen una continua evolución y adaptación a los entornos cambiantes de sus hábitats, lo cual está basado en su diversidad genética. Estos procesos pueden conferirles a dichas especies diversas características deseables para enfrentar diversos retos ambientales (CONABIO et al., 2019). Entonces, la existencia de los PSC abre la posibilidad para el mejoramiento de cultivos tradicionales vía el entrecruzamiento.

El uso de PSC ha tenido y continúa haciendo énfasis en la búsqueda de variedades resistentes a pestes y enfermedades, incremento en productividad, resistir estrés abiótico, entre otras (Hajjar & Hodgkin, 2007; Maxted et al., 2010; Sharma et al., 2020). La diversidad genética de los PSC será útil para el desarrollo de variedades de cultivos más productivas y nutritivas que le permitan al sistema Milpa ser más resiliente frente a los impactos negativos del cambio climático (Benítez et al., 2014; Castañeda-Álvarez et al., 2016).

Los efectos negativos del cambio climático podrían exacerbar las amenazas sobre el sistema Milpa y otros cultivos poniendo en riesgo la seguridad alimentaria. Por lo mismo, estos recursos fitogenéticos y los conocimientos tradicionales asociados deben ser incorporados como elementos clave para la adaptación y mitigación (CONAP, 2019). Movilizar acervos genéticos subutilizados como los que aportarían los PSC y otras razas, podrían generar nuevas funciones a partir de las interacciones entre plantas y hacer más eficientes los sistemas de policultivos como el sistema Milpa (Vazeux-Blumental et al., 2024). La diversidad genética que se encuentra en el sistema Milpa es clave para el desarrollo de variedades robustas y adaptadas localmente para beneficio de pequeños agricultores, así como proveer recursos genéticos para el mejoramiento de cultivos como respuesta al cambio climático (Benrey et al., 2024).

En Guatemala, derivado de las políticas relacionadas con diversidad biológica, tanto los PSC como los cultivos nativos se valoran desde una perspectiva local y se destaca su importancia como medios de vida para las comunidades y población en general. El Estado guatemalteco debe continuar promoviendo su conservación, el respeto a las culturas que la usan y la distribución equitativa de beneficios que derivan del uso de estas especies (CONAP, 2011).

2. Conclusiones

El sistema Milpa es uno de los más importantes sistemas agrícolas de Mesoamérica, tanto para la alimentación y la identidad cultural, así como para la promoción de la diversidad biológica en la región teniendo evidencias de su origen alrededor de 9,000 años antes del presente. De acuerdo con sus características y diversas utilidades en Mesoamérica, el sistema Milpa puede ser clasificado como un agroecosistema, un sistema socioecológico o un sistema agroforestal conformado por una tríada principal de especies: maíz, frijol y calabaza, en conjunto con diversas especies de plantas. Posee una alta productividad comparada con los monocultivos, además, es un sistema eficiente en el uso del suelo, agua, nutrientes y luz a través de la complementariedad del nicho, la competencia y la facilitación de las especies usadas.

De los parientes silvestres de cultivos asociados al sistema Milpa, los dos asociados al maíz tienen distribución restringida al oriente y noroccidente del país, mientras que los asociados al frijol, dos especies tienen distribución en áreas de montaña y dos en todo el país; en el caso de los taxones asociados a la calabaza, uno se distribuye al norte y el otro al sur del Guatemala. Finalmente, los parientes silvestres asociados al chile se distribuyen en todo el país.

El SIGAP es insuficiente para proveer de una adecuada protección a los diez parientes silvestres asociados al sistema Milpa descritos en este capítulo, la mayoría tiene menos de 35% de su distribución potencial bajo un área protegida, resaltando los PSC del maíz que solamente alcanzan un 0.4 y 8.6% de protección. Con relación a su estado de conservación, existen dos especies en peligro, una es vulnerable y siete están clasificadas como preocupación menor. Derivado del cambio climático, la mayoría de estos parientes silvestres podrían ver reducida su área en más del 60% de la actual.

Las amenazas directas a estos diez parientes silvestres del sistema Milpa son agricultura itinerante, pequeña agricultura, agroindustria, plantaciones forestales, trashumancia, pastoreo, crianza de animales en áreas pequeñas, ganadería pecuaria, acuicultura industrial, especies invasoras, enfermedades sin causa conocida, material genético introducido, enfermedades no nativas, recolección de especies sin regulación, tala y aprovechamiento de madera, desarrollo de áreas urbanas, comerciales, residenciales, de turismo y recreativas, alteración de hábitats, sequías, temperaturas extremas, tormenta e inundaciones.

El sistema Milpa y otros sistemas agrícolas de policultivos son importantes para la conservación de la agrobiodiversidad como mecanismo *in situ* pudiendo definirlos como <<sistemas dinámicos de conservación sostenible>>. Los PSC asociados al sistema Milpa contienen material genético que puede ser útil para el desarrollo de variedades con características que las hagan enfrentar los efectos negativos del cambio climático. Estas variedades adaptadas localmente pueden contribuir a la resiliencia del sistema Milpa y, por lo tanto, de la seguridad alimentaria en el país.

3. Referencias

- Aguilar-Meléndez, A., Azurdia, C., Cerén-López, J., Menjívar, J. & Contreras, A. (2020). *Capsicum annuum* (amended version of 2019 assessment). *The IUCN Red List of Threatened Species 2020*: e.T100895534A172969027. <https://dx.doi.org/10.2305/IUCN.UK.2020-2.RLTS.T100895534A172969027.en>.
- Aragón-Cuevas, F., Menjívar, J., Ruíz-Corral, J.A., González-Ledesma, M., Contreras, A., Azurdia, C., de la Cruz-Larios, L. & Sánchez, J.J. (2019). *Zea luxurians*. *The IUCN Red List of Threatened Species 2019*: e.T77726182A77726358. <https://dx.doi.org/10.2305/IUCN.UK.2019-2.RLTS.T77726182A77726358.en>.
- Ayala, H. (1999). *Agrodiversidad de Guatemala: Riqueza Nativa*. CONAMA-GEF- PNUD.
- Azurdia, C. & Delgado-Salinas, A. (2019). *Phaseolus dumosus*. *The IUCN Red List of Threatened Species 2019*: e.T71776921A71776930. <https://dx.doi.org/10.2305/IUCN.UK.2019-3.RLTS.T71776921A71776930.en>.
- Azurdia, C. (2008). Agro biodiversidad de Guatemala. En Consejo Nacional de Áreas Protegidas (CONAP) (Ed.), *Guatemala y su biodiversidad: Un enfoque histórico, cultural, biológico y económico* (Cap. 9, pp. 399–463). Oficina Técnica de Biodiversidad.
- Azurdia, C., Aguilar-Meléndez, A., Cerén-López, J., Contreras, A. & Menjívar, J. (2020). *Capsicum frutescens* (amended version of 2017 assessment). *The IUCN Red List of Threatened Species 2020*: e.T110057309A172968369. <https://dx.doi.org/10.2305/IUCN.UK.2020-2.RLTS.T110057309A172968369.en>.
- Azurdia, C., Sánchez, J.J. & Contreras, A. (2020). *Zea mays* subsp. *huehuetenangensis* (amended version of 2019 assessment). *The IUCN Red List of Threatened Species 2020*: e.T109973611A175177730. <https://dx.doi.org/10.2305/IUCN.UK.2020-3.RLTS.T109973611A175177730.en>.
- Azurdia, C., Williams, K. A., Williams, D. E., Van Damme, V., Jarvis, A., & Castaño, S. E. (2011). *Atlas guatemalteco de parientes silvestres de las plantas cultivadas*. United States Department of Agriculture/Agricultural Research Service (USDA-ARS), Bioversity International, Centro Internacional de Agricultura Tropical (CIAT), & Facultad de Agronomía de la Universidad de San Carlos de Guatemala (FAUSAC).
- Barboza, G. E., Carrizo, C., De Bem, L., Romero, M. V., & Scaldaferrro, M. (2022). Monograph of wild and cultivated chili peppers (*Capsicum* L., *Solanaceae*). *PhytoKeys*, 200, 1–423. <https://doi.org/10.3897/phytokeys.200.71667>
- Benítez, M., Fornoni, J., García-Barrios, L. y R.López. (2014). Dynamical networks in agroecology: the milpa as a model system. En: M. Benítez, O. Miramontes, & A.Valiente-Banuet (Eds.), *Frontiers in Ecology, Evolution and Complexity*. Co-plt-arXives. Editora C3.
- Benrey, B., Bustos-Segura, C., & Grof-Tisza, P. (2024). The mesoamerican milpa system: Traditional practices, sustainability, biodiversity, and pest control. *Biological Control*, 105637.

- Bernsten, R. H., & Herdt, R. W. (1977). Towards an understanding of milpa agriculture: the Belize case. *The Journal of Developing Areas*, 11(3), 373-392.
- Britos, B, Hernandez, M.A., Robles, M, y D.R. Trupkin. (2022). Land market distortions and aggregate agricultural productivity: Evidence from Guatemala. *Journal of Development Economics*, 155:102787
- Bukasov, S.M. (1963). *Las Plantas Cultivadas de México, Guatemala y Colombia*. Instituto Interamericano de Ciencias Agrícolas de la OEA. Publicación Miscelánea 20.
- Casas, A., Otero-Arnaiz, A., Pérez-Negrón, E., & Valiente-Banuet, A. (2007). In situ management and domestication of plants in Mesoamerica. *Annals of Botany*, 100(5), 1101-1115. <https://doi.org/10.1093/aob/mcm126>
- Castañeda-Álvarez, N. P., Khoury, C. K., Achicanoy, H. A., Bernau, V., Dempewolf, H., Eastwood, R. J., ... & Toll, J. (2016). Global conservation priorities for crop wild relatives. *Nature plants*, 2(4), 1-6. <https://doi.org/10.1038/nplants.2016.22>
- Castellanos-Morales, G., Sánchez-de la Vega, G., Aragón-Cuevas, F., Contreras, A. & Lira Saade, R. (2019). *Cucurbita argyrosperma*. The IUCN Red List of Threatened Species 2019: e.T20742586A20755871. <https://dx.doi.org/10.2305/IUCN.UK.2019-2.RLTS.T20742586A20755871.en>.
- Comunidades Maya-Chortí de Jocotán, Camotán y Olopa, Lira, C., Robitaille, R., Argueta, J. C., & Cerna, C. (2021). The maize people in the Mesoamerican dry corridor: Milpa food system of the Maya Ch'orti' people in Chiquimula, Guatemala. En FAO & Alliance of Bioersity International and CIAT (Eds.), *Indigenous Peoples' food systems: Insights on sustainability and resilience in the front line of climate change* (Cap. 8). FAO. <https://doi.org/10.4060/cb5131en>
- CONABIO, INIFAP, ICTA, CENTA, DIBIO-MIAMB IENTE, Universidad de Birmingham y UICN. (2019). *Salvaguardar los parientes silvestres de cultivos mesoamericanos: Síntesis ejecutiva*. Comisión Nacional para el Conocimiento y Uso de la Biodiversidad-Unión Internacional para la Conservación de la Naturaleza, México.
- Consejo Nacional de Áreas Protegidas -CONAP- (2011). *Política Nacional de Diversidad Biológica. Políticas, Programas y Proyectos No.13* (01-2011). 41pp.
- Consejo Nacional de Áreas Protegidas -CONAP- (2019). *Recursos Fitogenéticos y Cambio Climático: un aporte para el SIGAP*. Documento Técnico No.09-2019. Gobierno de Guatemala. 56pp.
- Contreras, A., Alejandro-Iturbide, G., Azurdia, C., Cerén-López, J. & Delgado-Salinas, A. (2019). ><<<<Phaseolus coccineus. The IUCN Red List of Threatened Species 2019: e.T174719A1417770. <https://dx.doi.org/10.2305/IUCN.UK.2019-3.RLTS.T174719A1417770.en>.
- Corzo, A. R., & Schwartz, N. B. (2016). Milpas y huertos de traspatio tradicionales en Petén, Guatemala y el problema de la seguridad alimentaria. *Ciencias Sociales Y Humanidades*, 3(2), 7-24. <https://doi.org/10.36829/63CHS.v3i2.272>
- De Frece, A., & Poole, N. (2008). Constructing livelihoods in rural Mexico: milpa in Mayan culture. *The Journal of Peasant Studies*, 35(2), 335-352.

- Debouck, D.G. (2021). Phaseolus beans (Leguminosae:Phaseoleae): A checklist and notes on their taxonomy and ecology. *Journal of the Botanical Research Institute of Texas*, 15(1):73-111
- Delgado-Salinas, A., Alexandre-Iturbide, G., Azurdia, C., Cerén-López, J. & Contreras, A. (2020). Phaseolus vulgaris (amended version of 2019 assessment). *The IUCN Red List of Threatened Species 2020*: e.T71777161A173264641. <https://dx.doi.org/10.2305/IUCN.UK.2020-2.RLTS.T71777161A173264641.en>.
- Delgado-Salinas, A., Azurdia, C., Cerén-López, J. & Alexandre-Iturbide, G. (2019). *Phaseolus lunatus*. *The IUCN Red List of Threatened Species 2019*: e.T71776946A71776949. <https://dx.doi.org/10.2305/IUCN.UK.2019-3.RLTS.T71776946A71776949.en>.
- Drexler, K. A. (2020). Government extension, agroecology, and sustainable food systems in Belize milpa farming communities: A socio-ecological systems approach. *Journal of Agriculture, Food Systems, and Community Development*, 9(3), 85–97. <https://doi.org/10.5304/jafscd.2020.093.001>
- Dürr, J. (2016). The political economy of agriculture for development today: the “small versus large” scale debate revisited. *Agricultural Economics*, 47:671-681
- Engels, J. M. M., & Thormann, I. (2020). Main Challenges and Actions Needed to Improve Conservation and Sustainable Use of Our Crop Wild Relatives. *Plants*, 9(8), 968. <https://doi.org/10.3390/plants9080968>
- Falkowski, T. B., Chankin, A., Diemont, S. A. W., & Padian, R. W. (2019). More than just corn and calories: A comprehensive assessment of the yield and nutritional content of a traditional Lacandon Maya milpa. *Food Security*, 11, 389–404.
- FAO. (2018). *Voluntary Guidelines for the Conservation and Sustainable Use of Crop Wild Relatives and Wild Food Plants*. United Nations. 106pp. <https://doi.org/10.18356/77e996d1-en>
- Fonteyne, S., Castillo-Caamal, J., Lopez-Ridaura, S., Van-Loon, J., Espidio Balbuena J, Osorio Alcalá L, Martínez Hernández F, Odjo S y N. Verhulst. (2023). Review of agronomic research on the milpa, the traditional polyculture system of Mesoamerica. *Front. Agron*, 5. <https://doi.org/10.3389/fagro.2023.1115490>
- Goettsch, B., Urquiza-Haas, T., Koleff, P., Acevedo Gasman, F., Aguilar-Meléndez, A., Alavez, V., ... & Jenkins, R. K. (2021). Extinction risk of Mesoamerican crop wild relatives. *Plants, People, Planet*, 3(6), 775-795. <https://doi.org/10.1002/ppp3.10225>
- González-Esquivel, C. E., Briones-Guzmán, C., Tovar-López, E., López-Ridaura, S., Arnés, E., & Camacho-Villa, T. C. (2023). Sustainability evaluation of contrasting milpa systems in the Yucatán Peninsula, Mexico. *Environment, Development and Sustainability*, 1-23. 10.1007/s10668-023-04281-y
- Grof-Tisza, P., Muller, M. H., González-Salas, R., Bustos-Segura, C., & Benrey, B. (2024). The Mesoamerican milpa agroecosystem fosters greater arthropod diversity compared to monocultures. *Agriculture, Ecosystems & Environment*, 372, 109074. <https://doi.org/10.1016/j.agee.2024.109074>
- Guzzon, F., Arandia Rios, L. W., Caviedes Cepeda, G. M., Céspedes Polo, M., Chavez Cabrera, A., Muriel Figueroa, J., ... & Pixley, K. V. (2021). Conservation and use of Latin American maize diversity: Pillar of nutrition security and cultural heritage of humanity. *Agronomy*, 11(1), 172. doi: 10.3390/agronomy11010172

- Hajjar, R., & Hodgkin, T. (2007). The use of wild relatives in crop improvement: a survey of developments over the last 20 years. *Euphytica*, 156, 1–13. <https://doi.org/10.1007/s10681-007-9363-0>
- Hernandez-Xolocotzi, E., Baltazar, E., & Tacher, S. (1995). *La milpa en Yucatán: un sistema de producción agrícola tradicional*. Montecillo. Colegio De Postgraduados.
- Jarvis, A., Lane, A., & Hijmans, R. J. (2008). The effect of climate change on crop wild relatives. *Agriculture, Ecosystems & Environment*, 126(1-2), 13-23. <https://doi.org/10.1016/j.agee.2008.01.013>
- Jovovic, J., Andjelkovic, V., Przulj, N., & Mandic, D. (2020). Untapped genetic diversity of wild relatives for crop improvement. En R. Salgotra & S. Zargar (Eds.), *Rediscovery of genetic and genomic resources for future food security* (pp. 25–65). Springer.
- Khoury, C. K., Carver, D., Barchenger, D. W., Barboza, G. E., van Zonneveld, M., Jarret, R., & Greene, S. L. (2020). Modelled distributions and conservation status of the wild relatives of chile peppers (*Capsicum* L.). *Diversity and Distributions*, 26(2), 209-225. DOI:10.1111/ddi.13008
- Khoury, C. K., Carver, D., Kates, H. R., Achicanoy, H. A., van Zonneveld, M., Thomas, E., & Greene, S. L. (2019). Distributions, conservation status, and abiotic stress tolerance potential of wild cucurbits (*Cucurbita* L.). *Plants, People, Planet*, 2(3), 269-283. <https://doi.org/10.1002/ppp3.10085>
- Lopez-Ridaaura, S., Barba-Escoto, L., Reyna, C., Hellin, J., Gerard, B., & Van Wijk, M. (2019). Food security and agriculture in the Western Highlands of Guatemala. *Food Security*, 11, 817-833. DOI: 10.1007/s12571-019-00940-z
- Maxted, N., & Kell, S. P. (2009). *Establishment of a global network for the in situ conservation of crop wild relatives: status and needs*. FAO.
- Maxted, N., & Magos Brehm, J. (2023). Maximizing the crop wild relative resources available to plant breeders for crop improvement. *Frontiers in Sustainable Food Systems*, 7. doi: 10.3389/fsufs.2023.1010204
- Maxted, N., Kell, S., Toledo, Á., Dulloo, E., Heywood, V., Hodgkin, T., ... & Ford-Lloyd, B. (2010). A global approach to crop wild relative conservation: securing the gene pool for food and agriculture. *Kew Bulletin*, 65, 561-576. <https://doi.org/10.1007/s12225-011-9253-4>
- Mota-Cruz, C., Cuevas-Guzmán, R., Azurdia, C., & Palemón-Alberto, F. (2023). *Zea diploperennis* Iltis, Doebley, & R. Guzmán *Zea perennis* (Hitchc.) Reeves & Mangelsd. *Zea luxurians* (Durieu & Asch.) RM Bird *Zea nicaraguensis* Iltis & BF Benz *Zea vespertilio* Gómez-Laur. *Zea mays* subsp. *huehuetenangensis* (Iltis & Doebley) Doebley *Zea mays* subsp. *mexicana* (Schrader.) Iltis *Zea mays* subsp. *parviglumis* Iltis & Doebley *Zea mays* L. subsp. *mays* Poaceae. In *Ethnobotany of the Mountain Regions of Mexico* (pp. 1569-1583). Cham: Springer International Publishing.
- Nigh, R., & Diemont, S. A. (2013). The Maya milpa: fire and the legacy of living soil. *Frontiers in Ecology and the Environment*, 11(1). doi: 10.1890/120344

- Reina, R. E. (1967). Milpas and Milperos: Implications for Prehistoric Times 1. *American Anthropologist*, 69(1), 1-20. <https://doi.org/10.1525/aa.1967.69.1.02a00020>
- Rodríguez-Robayo, K. J., Méndez-López, M. E., Molina-Villegas, A., & Juárez, L. (2020). *What do we talk about when we talk about milpa?* A conceptual approach to the significance, topics of research and impact of the mayan milpa system. *Journal of Rural Studies*, 77, 47-54. 10.1016/j.jrurstud.2020.04.029.
- Romero-Natale, Acevedo-Sandoval, O., & Sanchez-Porras, A. (2024). Ecosystem Services in the Milpa System: A Systematic Review. *One Ecosystem* (9). <https://doi.org/10.3897/oneeco.9.e131969>
- Salafsky, N., Relton, C., Young, B. E., Lamarre, P., Böhm, M., Chénier, M., ... & Suresh, V. (2025). Classification of direct threats to the conservation of ecosystems and species 4.0. *Conservation Biology*, 39(3), e14434.
- Sánchez de la Vega, G., Castellanos Morales, G., Aragón Cuevas, F., Azurdia, C., Contreras, A. & Lira Saade, R. (2019). *Cucurbita lundelliana*. *The IUCN Red List of Threatened Species 2019*: e.T20742757A20755881. <https://dx.doi.org/10.2305/IUCN.UK.2019-2.RLTS.T20742757A20755881.en>.
- Schwartz, N. B., & Corzo M, A. R. (2015). Swidden counts: A Petén, Guatemala, milpa system: production, carrying capacity, and sustainability in the southern Maya Lowlands. *Journal of Anthropological Research*, 71(1), 69-93. 10.3998/jar.0521004.0071.104.
- Sharma, M., Punya, & Gupta, B. B. (2020). Role of wild relatives for development of climate-resilient varieties. En R. Salgotra & S. Zargar (Eds.), *Rediscovery of genetic and genomic resources for future food security* (Cap. 11). Springer. https://doi.org/10.1007/978-981-15-0156-2_11
- Snow, A. A. (2002). Transgenic crops—why gene flow matters. *Nature biotechnology*, 20(6), 542-542. <https://doi.org/10.1038/nbt0602-542>
- Terán, S., y Rasmussen, C. H. (2009). *La milpa de los mayas: la agricultura de los mayas prehispánicos y actuales en el noreste de Yucatán*. Universidad Nacional Autónoma de México. Centro Peninsular en Humanidades y Ciencias Sociales.
- Van Etten, J. (2006). Changes in farmers' knowledge of maize diversity in highland Guatemala, 1927/37-2004. *Journal of Ethnobiology and Ethnomedicine*, 2, 1-17. 10.1186/1746-4269-2-12.
- Vavilov, N. (1994). México y Centroamérica como centro básico de origen de las plantas cultivadas del Nuevo Mundo. *Revista de Geografía Agrícola*, 20, 15-34.
- Vazeux-Blumental, N., Manicacci, D., & Tenaillon, M. (2024). The milpa, from Mesoamerica to present days, a multicropping traditional agricultural system serving agroecology. *Comptes rendus biologiques*, 347, 159–173. <https://doi.org/10.5802/crbiol.164>
- Vincent, H., Amri, A., Castañeda-Álvarez, N.P. Dempewolf, H, Dulloo, E., Guarino, L., hole, D., Mba, Ch., Toledo, A. & N. Maxted. (2019). Modeling of crop wild relative species identifies areas globally for in situ conservation. *Communications Biology*, 2(1), 136 <https://doi.org/10.1038/s42003-019-0372-z>



- Vincent, H., Hole, D. & N. Maxted. (2022). Congruence between global crop wild relative hotspots and biodiversity hotspots. *Biological Conservation*, 265. <https://doi.org/10.1016/j.biocon.2021.109432>
- Warwick, S.I, Beckie, H.J., & L. Hall. (2009). Gene flow, invasiveness, and ecological impact of genetically modified crops. *Annals of the New York Academy of Sciences*, 1168 (1), 72-99. <https://doi.org/10.1111/j.1749-6632.2009.04576.x>
- Zizumbo-Villarreal, D., & Colunga-GarcíaMarín, P. (2010). Origin of agriculture and plant domestication in West Mesoamerica. *Genetic Resources and Crop Evolution*, 57, 813-825. <https://doi.org/10.1007/s10722-009-9521-4>
- Zizumbo-Villarreal, D., Flores-Silva, A. & Colunga-García Marín, P. (2012). The Archaic Diet in Mesoamerica: Incentive for Milpa Development and Species Domestication. *Econ Bot*, 66, 328–343. <https://doi.org/10.1007/s12231-012-9212->



Capítulo 2.

Análisis de diversidad genética del maíz de Guatemala utilizando marcadores agromorfológicos



1. Introducción

Para entender la diversidad genética del maíz de Guatemala es necesario realizar un estudio de las poblaciones de maíz representativas de todas las regiones del país, en donde se incluya elementos como diversidad climática y cultural. Para ello, se debe contar con una línea base del conocimiento de la diversidad del maíz, lo cual implica revisión de germoplasma colectado, disponibilidad de este, y disponibilidad de información científica de calidad sobre la diversidad contenida en dicho germoplasma. En Guatemala se han hecho diferentes estudios sobre la diversidad del maíz, sin embargo, los mismos no han seguido un patrón de integración que permita conocer toda la riqueza genética de esta especie. Además, la información generada no se encuentra fácilmente disponible dado que no siempre se promueve por medio de publicaciones científicas. Ante esta situación, se requiere rescatar parte de esta información generada, y a partir de ella, desarrollar un nuevo programa de estudio más comprensivo de la diversidad genética del maíz de Guatemala. La primera acción del presente estudio de la diversidad del maíz de Guatemala fue realizar una recolección exhaustiva de maíz en el país, con toma de datos de pasaporte completos.

Los primeros estudios que se deben de hacer contando con material genético representativo del país es su caracterización agromorfológica. Este proceso debe conducirse bajo estrictos protocolos científicos, incluyendo el análisis de la información mediante técnicas estadísticas de vanguardia.

Mediante el uso de descriptores de maíz internacionalmente reconocidos se puede contar con la información primaria de la diversidad agromorfológica de los maíces bajo estudio. Cabe mencionar que esta información es la fuente primaria que muestra la interacción genotipo-ambiente, la cual debe complementarse con estudios más complejos que incluyan aspectos de diversidad a nivel genómico.

En este capítulo se presenta en forma general información sobre la diversidad genética de los maíces de Guatemala, estudiándose aspectos como diversidad agromorfológica, definición de caracteres que influyen mayormente en la diversidad presente, relaciones entre las diferentes accesiones y efectos del medio ambiente en el comportamiento de la diversidad reportada.

2. Antecedentes

En los años 1925 el ruso S.M. Bukasov, científico que conformaba parte del equipo de Vavilov, el famoso científico ruso que propuso por primera vez los centros de origen y diversidad de plantas cultivadas, en su visita a Guatemala recolectó 81 muestras de maíz. El 70 % de estas muestras correspondían a los denominados maíces indurata (Flint, cristalino), presentando una gran diversidad en color, tamaño y forma de la mazorca y del grano; mencionando que, junto con Chiapas, Guatemala pertenece a la región en que se concentran un número mayor de este grupo (Bukasov, 1981).

Mangelsdorf y Cameron (1942) anotan que McBryde realizó colectas de maíz en Guatemala, específicamente en el occidente de Guatemala, colectando 318 mazorcas



provenientes de 38 localidades en 13 departamentos. Parte de esta colección fue utilizada para hacer los estudios que dichos autores reportan. A esta fecha se conocían nudos en 18 posiciones cromosómicas, las cuales fueron reportadas en los materiales genéticos guatemaltecos; sin embargo, se reportaron tres nuevas posiciones. Además, la mayor diversidad en cuanto a número de nudos cromosómicos fue reportado en un área pequeña ubicada en la región huista, en donde se conoce la presencia del maíz silvestre (*Zea mays* subsp. *huehuetenangensis*). En dicha área se encontraban materiales con número cromosómico bajo, así como con número cromosómico alto. Postulan que la diversidad presente en Guatemala es el resultado de la presencia de materiales genéticos de origen sur americano y posterior hibridación con *Tripsacum*. Dichos autores concluyen según la diversidad genética encontrada en el área sur occidental de Guatemala que en un área menor a la mitad del estado de Iowa se encuentran probablemente más tipos de maíz que los presentes en todos los Estados Unidos.

McBryde (1947) describe el cultivo del maíz en la zona baja y alta del país, reportando la presencia de maíces utilizados en la elaboración de bebidas alcohólicas, especialmente variedades de color rojo o negro.

Anderson (1947) realizó una colecta de 30 muestras en el altiplano de Guatemala, específicamente en los departamentos de Sacatepéquez, Chimaltenango y Quezaltenango. Con ello reportó que conforme se incrementa la altura sobre el nivel del mar, los materiales cultivados de maíz muestran mazorcas más pequeñas, los tallos que unen a la mazorca con el tallo principal son más pequeños y poco número de hileras. Así mismo, reportó que a pesar de la variabilidad en tipos de maíz que se observan, es notorio que los materiales genéticos a nivel de campo son muy uniformes, dato no reportado en ningún otro lugar en donde se ha colectado maíz, lo cual es el resultado de una selección rígida por tipo de maíz. Notó que la mayor diversidad de maíces se encuentra en el departamento de Quetzaltenango. Describe la dificultad de encontrar maíces especiales tales como maíces reventadores (popcorn), maíces dulces y maíces para elaboración de bebidas alcohólicas (chicha). Sin embargo, describe una variedad de maíz reventador, así como su distribución.

El aporte más importante fue realizado por Wellhausen et al. (1957) a través de un proyecto que dio continuidad a los estudios previamente realizados en Colombia y en México. La obra hace referencia a razas de maíz de Centro América, sin embargo, el estudio se concentra principalmente en Guatemala. Se colectaron en Guatemala 1,054 muestras con las que se realizaron estudios posteriores a nivel de campo en México. Como resultado reportan para Guatemala 13 razas y 9 subrazas. Para todos los materiales analizados se muestra su distribución en el país, se describen brevemente, se postula sus relaciones filogenéticas y se da un resumen de sus características morfológicas.

Diferentes estudios sobre diversidad de maíz se han realizado en Guatemala, pero ninguno de ellos ha profundizado en la revisión de las razas reportadas por Wellhausen et al. (1957). A continuación, se resumen los más importantes.



El Programa maíz-ICTA en los años 80's realizó colecciones de maíz en función ecológica, realizando caracterizaciones morfológicas; el proyecto Latin America Maize Project (LAMP) durante el año 1995 realizó una caracterización morfológica utilizando marcadores morfológicos, empleando un descriptor basándose en características raciales y empleando estadísticas como análisis de conglomerados (Taba et al., 1998).

Algunos proyectos locales han realizado recolecciones y caracterizaciones morfológicas y moleculares; a partir del año 2000 el proyecto Fitomejoramiento participativo (FP) ha realizado recolecciones y caracterizaciones locales (morfológicas y desde el punto de vista del interés del agricultor), y caracterizaciones industriales (Fuentes, 2015).

Previo al desarrollo de las recolecciones de maíz en Guatemala para el desarrollo de la presente investigación, se elaboró una investigación histórica que orienta las acciones a desarrollar (CONAP, 2021). Este documento recopila los esfuerzos de recolección y caracterización morfológica de la agrobiodiversidad del maíz realizados entre los años 1950 y 2016. Se documentan 13 proyectos con participación de la cooperación internacional, instituciones públicas y privadas a nivel nacional e internacional, organizaciones de productores, grupos de agricultores, academia, entre otros. Las acciones se han focalizado en actividades como gestión, colección, conservación y uso de las accesiones. En total se reportan 1,685 accesiones de maíz que fueron evaluadas en diferentes condiciones agroecológicas del país, disponiéndose de información agronómica y morfológica en diferente nivel. Parte de este germoplasma se ha conservado en forma *ex situ* en el banco de germoplasma del ICTA, en bancos comunales y, principalmente, en las instalaciones del Centro Internacional de Mejoramiento de Maíz y Trigo (CIMMYT) en México. Las actividades de conservación in situ se han concentrado esfuerzos con involucramiento de comunidades, grupos de agricultores y organizaciones locales.

Como parte de la implementación del presente proyecto se desarrolló la regeneración de accesiones de maíz y caracterización morfológica de 228 accesiones provenientes de diferentes zonas agroecológicas de Guatemala que fueron repatriadas del banco de germoplasma del CIMMYT y que fueron colectadas entre los años 50's y 2000 a través de diferentes iniciativas (CONAP, 2021a). Esta investigación se desarrolló en Cuyuta, Escuintla. Se dispone de una base de datos con variables cualitativas y cuantitativas que describe la diversidad del maíz para estas condiciones agroecológicas. Se identificaron 10 grupos de accesiones con similitud en caracteres agronómicos y que pueden ser la base para el establecimiento de una colección nuclear de las accesiones caracterizadas.

3. Metodología

3.1 Recolección de germoplasma

A pesar de todo el trabajo de recolección y caracterización anotada en la parte de antecedentes, se pudo comprobar que los materiales de maíz recolectados no estaban disponibles en ningún banco de germoplasma nacional, salvo algunas pocas en el ICTA. Por ello, se procedió a realizar recolecciones nacionales para desarrollar

la presente investigación. Durante el segundo semestre del año 2021 y los primeros meses del año 2022 se hicieron recolecciones de maíz a nivel nacional. Se recolectaron 409 accesiones, distribuidas en diferentes departamentos y estratos altitudinales del país (Figura 21 y 22).

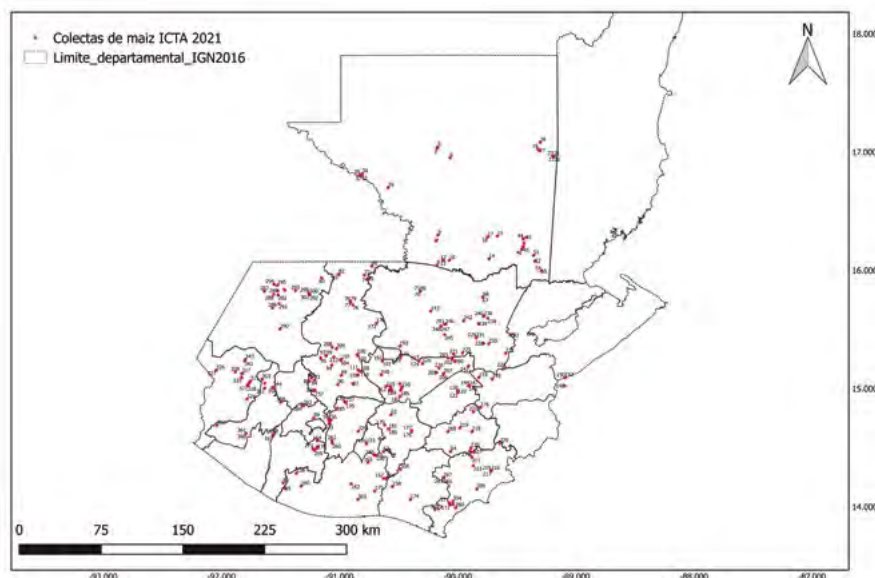


Figura 21. Distribución de las colectas de maíz realizadas durante los años 2021 y 2022

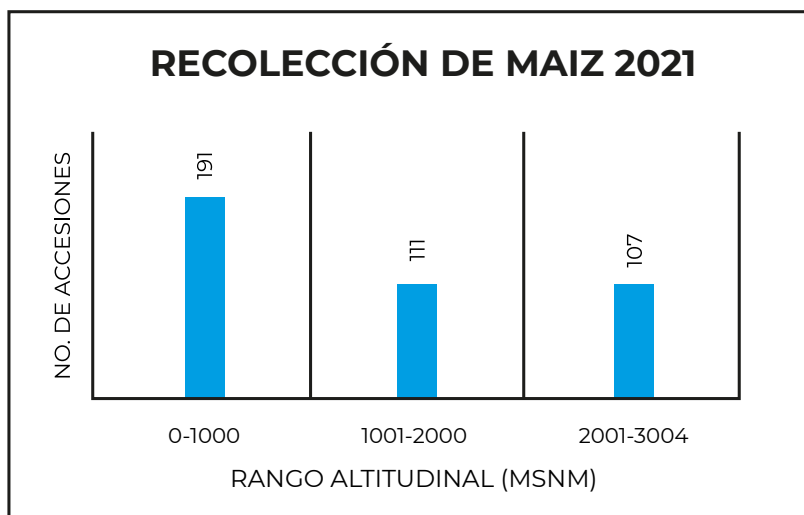


Figura 22. Rangos altitudinales de las recolecciones de maíz realizadas durante los años 2021 y 2022.



Las accesiones empleadas en la caracterización agromorfológica se complementó con algunas accesiones disponibles en el banco de germoplasma del ICTA procedentes de una recolección realizada en los años 2013 y muestras recolectadas por el proyecto ASOCUCH en Huehuetenango.

3.2. Medición de rasgos agromorfológicos cualitativos y cuantitativos

En total, se emplearon 519 accesiones de maíz provenientes de diferentes alturas sobre el nivel del mar (Figura 23), las cuales fueron caracterizadas en el segundo semestre del año 2022 en cuatro centros experimentales del ICTA: Cuyuta, San Jerónimo, Chimaltenango y Quetzaltenango; en donde se distribuyeron según la altitud sobre el nivel del mar de la accesión a caracterizar (Figura 24). Este enfoque aseguró una disposición coherente en función de las características altitudinales de las accesiones, optimizando así las condiciones de evaluación.

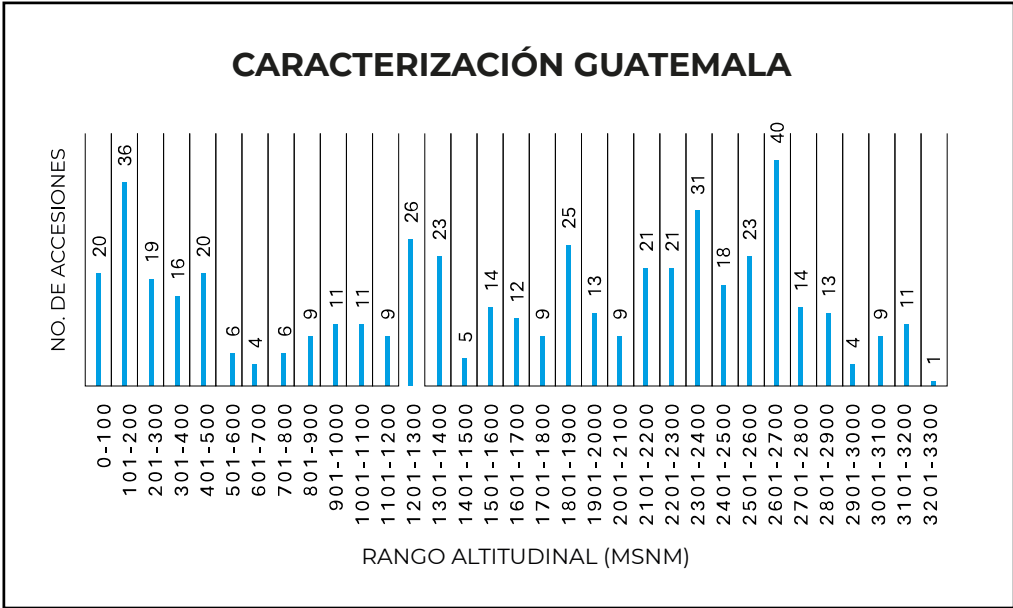


Figura 23. Rango altitudinal (ms.n.m.) de las accesiones caracterizadas.



Las unidades experimentales variaron según la localidad de caracterización, pero en todos los casos se tomaron 35 plantas por accesión para la toma de datos. Para la caracterización agromorfológica se utilizaron descriptores altamente discriminantes disponibles durante el periodo de estudio (IBPGR, 1991). Los 40 descriptores registrados y sus posibles variantes se presentan en el Cuadro 5.

Cuadro 5. Lista de rasgos cuantitativos y cualitativos evaluados y sus variantes alternativas.

Descriptor cuantitativo	Unidad de medida	Descriptor cuantitativo	Unidad de medida
Número de nudos por planta	Conteo	Número de ramas terciarias	Conteo
Antesis masculina	Días	Número de hileras	Conteo
Antesis femenina	Días	Número de granos	Conteo
Altura de planta	cm	Longitud de mazorca	Cm
Altura de mazorca	cm	Diámetro de mazorca	Cm
Ancho de hoja	cm	Peso de mazorca	G
Longitud de hoja	cm	Peso de granos por mazorca	G
Número de hojas por planta	Conteo	Peso de 100 semillas al 13% de humedad	G
Longitud de pedúnculo	cm	Longitud de semilla	Cm
Longitud de eje central	cm	Ancho de semilla	Cm



Número de ramas secundarias	Conteo	Número de mazorca por planta	Conteo
Descriptor cualitativo	Nivel	Descriptor cualitativo	Nivel
Color de hipocótilo	Rojo, verde	Posición predominante mazorca	Colgante, erecta, horizontal
Color de glumas	Amarillo, morado, rojo, rosado	Forma de mazorca	Cilíndrica, ligeramente cónica, muy cónica
Color de antenas	Amarillo, morado, rojo, rosado	Arreglo de hileras	Espiral, irregular, recta, regular
Color de estigmas	Amarillo, morado, rojo, rosado	Cobertura de mazorca	Buena, intermedia, pobre
Color de tallo	Café, rojo, verde	Forma de semilla	Contraído, dentado, muy puntiagudo, plano, redondo
Pubescencia de la vaina foliar	Ligera, media, espesa	Color de semilla	Amarillo, blanco, negro, pinto, rojo,
Color de hoja	Verde, verde oscuro, verde suave	Tipo de grano	Cristalino, dentado, harinoso, semicristalino, semidentado
Ángulo predominante entre la hoja y el tallo	De 30° y 60°, más de 60°	Resistencia de plagas y enfermedades	1-10% De plantas dañadas, sin dados
Color de brácteas	Blanco, morado, pajizo	Resistencia al acame	1, 2

3.3. Análisis de datos

Se empleó el paquete *compareGroups* v.4.5.1 (Subirana et al., 2014) en el *software* R v.4.2.0 (R Core Team R, 2022) para evaluar la significancia estadística del factor de ubicación geográfica, centro de evaluación, pisos altitudinales y grupos morfológicos sobre los valores morfológicos medidos. Se utilizó un análisis de varianza (ANOVA) con un umbral de significancia (α) = 0.05 para cada descriptor morfológico cuantitativo. Se estimó el coeficiente de variación para determinar el grado de variabilidad de cada atributo cuantitativo entre los grupos. Se utilizó el paquete *GGally* v.2.1.2 (Schloerke et al., 2021) para estimar una matriz de correlaciones. Un valor $p < 0.05$ se consideró estadísticamente significativo.

Los datos sobre atributos morfológicos cualitativos se sometieron a un enfoque estadístico de tabulación cruzada para determinar la distribución de frecuencias de las características entre los diferentes grupos. Se utilizó la prueba Chi-cuadrado de Pearson (χ^2) para determinar si las variables de tabulación cruzada estaban relacionadas. Los paquetes *psych* v.2.5.5 y *compareGroups* (Patil, 2021) implementado en R se utilizaron para llevar a cabo las pruebas de tabulación cruzada y Chi-cuadrado. La evaluación de la diversidad fenotípica incluyó el cálculo de los índices de diversidad de Shannon-Weaver (Shannon, 1948) y Simpson (Simpson, 1949) utilizando las frecuencias de los caracteres cualitativos.

Se realizó el análisis factorial de datos mixtos (FAMD) para explorar las relaciones morfológicas de las accesiones de maíz y la asociación entre todas las variables cuantitativas y cualitativas. Puede considerarse que el método FAMD combina el análisis de componentes principales (ACP) y el análisis de correspondencias múltiples (ACM). El FAMD se dedica a analizar un conjunto de datos que contiene variables cuantitativas y cualitativas para equilibrar su influencia en el análisis (Pages, 2004). Dado que las variables medidas en diferentes escalas no contribuyen por igual al análisis FAMD, las variables se estandarizaron antes del análisis (Kenkel, 2006), lo que permitió optimizar la varianza explicada en cada una de las dimensiones. Se utilizaron los paquetes *FactoMineR* v.2.4 (Lê et al., 2008) para desarrollar el FAMD y *factoextra* v.1.0.7 (Kassambara & Mundt, 2020) para extraer los resultados del FAMD.

Se aplicó la agrupación jerárquica en componentes principales (HCPC) basada en el análisis FAMD para identificar la agrupación y la estructura poblacional de las accesiones de maíz. El HCPC es un método robusto que combina métodos de componentes principales, agrupación jerárquica y agrupación por partición, en particular el método k-means, que son los tres métodos estándar utilizados en los análisis de datos multivariantes (Husson et al., 2010). Los resultados del HCPC se visualizaron mediante un dendrograma y un mapa de factores utilizando el paquete *factoextra*. A efectos de personalización y visualización, el dendrograma se exportó en formato *Newick* al programa *Interactive Tree Of Life v6* (iTOL) (Letunic & Bork, 2019).

Para corroborar los grupos identificados por el HCPC se desarrolló un Análisis Discriminante de Componentes Principales (DAPC) con el paquete *adegenet* v.2.1.10 (Jombart, 2008). Este método encuentra las combinaciones lineales de variables agromorfológicas que tienen la mayor varianza entre grupos y la menor varianza dentro del grupo. El DAPC utiliza la transformación de las variables mediante el ACP antes de realizar el análisis discriminante (AD). Esto garantiza que las variables no estén correlacionadas, lo que lo convierte en un enfoque metodológico adecuado para los datos morfológicos que suelen mostrar un alto nivel de correlación. A partir de los resultados del DAPC se calcularon las probabilidades de pertenencia a grupos de cada individuo. Todas las visualizaciones se crearon utilizando los paquetes *ggplot2* (Wickham, 2016), *ggpubr* (Kassambara, 2020), *adegenet* (Jombart, 2008) y *grid-Extra* (Auguie, 2017).

4. Resultados y discusión

Los resultados de la caracterización de las 519 accesiones estudiadas fueron la base para la elaboración de un atlas de maíces de Guatemala, en donde se incluye sus datos de pasaporte, datos de caracterización y fotografía, dicha información estará disponible en una página web que será identificada como “atlas de maíces de Guatemala”. En el presente escrito se discutirán resultados más generales de la diversidad genética de maíces de Guatemala.

El Cuadro 6 muestra que las accesiones caracterizadas en Chimaltenango reportaron los valores más altos en cuanto a altura de planta, altura de mazorca, características de la inflorescencia masculina, no. de hileras por mazorca, no. de granos por mazorca



y longitud de semilla. Mientras que los valores referentes a antesis masculina, antesis femenina, longitud de la mazorca, peso de mazorca, peso de granos por mazorca y peso de 100 semillas al 13 % de humedad fueron más altos en la caracterización realizada en Quetzaltenango. Los valores más bajos de estos caracteres fueron reportados para los materiales caracterizados en Cuyuta. Estos resultados representan la variabilidad genética de los materiales caracterizados en cada localidad, siendo la longitud del cultivo uno de los factores que determinan principalmente los caracteres mencionados, definidos por la altitud sobre el nivel del mar de la localidad en la cual fueron caracterizados.

Cuadro 6. Descripción de rasgos cuantitativos entre centros de evaluación. Valores medios ($\bar{x}$), desviación estándar (SD) y coeficiente de variación (CV).

CE	E	N.P*	A.M*	A.F*	A.P*	A.M*	A.H*	L.H*
Chi, 82	$\bar{X}$	18.41	94	98.89	308.33	200.02	9.99	110.86
	SD	2.4	10.48	10.57	57.18	53.85	6.9	16.17
	CV	13.04	11.15	10.69	18.55	26.92	6.91	14.59
Cuy, 146	$\bar{X}$	21.31	54.51	56.45	237.07	141.19	7.75	90.85
	SD	1.33	3.75	4.13	31.44	29.09	0.9	12.96
	CV	6.24	6.88	7.32	13.26	20.60	11.61	14.27
Quet, 217	$\bar{X}$	16.77	107.04	112.41	264.57	165.29	10.22	94.76
	SD	2.3	16.07	16.62	54.06	50.88	1.29	12.5
	CV	13.71	15.01	14.79	20.43	30.78	12.62	13.19
Sn.Jr, 74	$\bar{X}$	20.77	65.95	69.03	262.34	153.85	8.58	100.63
	SD	1.55	6.28	5.84	35.66	30.39	0.55	9.19
	CV	7.46	9.52	8.46	13.59	19.75	6.41	9.13

H.P*	L.P*	L.E*	R.S*	R.T*	M.P*	H.I*	G.H*	L.M*	D.M*	P.M*	P.C.M*
18.37	24.47	40.42	18.53	6.74	1.13	12.49	31	18.38	4.28	174	140.88
2.63	6.02	3.96	3.02	2	0.13	1.28	3.49	2.75	0.41	42.28	32.68
14.32	24.60	9.80	16.30	29.67	11.50	10.25	11.26	14.96	9.58	24.30	23.20
21.28	19.77	35.48	13.45	3.89	1.31	11.83	26.67	12.51	3.75	83.16	69.68
1.19	2.43	3.86	2.12	1.19	0.31	1.68	3.68	1.49	8.21	23.45	37.35
5.59	12.29	10.88	15.76	30.59	23.66	14.20	13.80	11.91	21.89	28.20	53.60
16.81	17.37	33.71	11.81	4.57	1.01	12	26.19	18.63	4.64	216.2	176.49
2.14	3	4.99	2.75	0.99	0.1	1.38	3.27	9.29	0.41	49.65	33.64
12.73	17.27	14.80	23.29	21.66	9.90	11.50	12.49	49.87	8.84	22.96	19.06
20.76	20.76	39.59	18.32	7.19	1	12.26	30.96	14.72	4.06	107.56	88.77
1.54	1.29	2.19	1.78	1.77	0	1.35	4.43	1.35	0.46	27.67	21.89
7.42	6.21	5.53	9.72	24.62	0.00	11.01	14.31	9.17	11.33	25.73	24.66



P.100*	L.S*	A.S*	M
38.21	10.28	9.05	15.11
6.61	0.69	0.61	
17.30	6.71	6.74	
26.16	9.72	9.02	18.46
6.73	2.57	2.83	
25.71	26.44	31.37	
55.46	10.11	9.7	17.32
6.82	1.08	1.27	
12.30	10.68	13.09	
28.8	9.6	9.05	11.8
5.64	0.72	0.76	
19.58	7.50	8.40	

CE: Centro de evaluación incluyendo el número de accesiones, E: Estimador, N.P: No. de nudos por planta, AM: Antesis masculina, A.F: Antesis femenina, A.P: Altura planta (cm) A.M: Altura mazorca (cm), A.H: Ancho de hoja (cm), L.H: Longitud de hoja (cm), H.P: No. hojas por planta, L.P: Longitud del pedúnculo, L.E: Longitud del eje central, R.S: No. Ramas secundarias, R.T: No. Ramas terciarias, M.P: No. Mazorcas por planta, H.I: No. Hileras por mazorca, G.H: No. Granos por hilera, L.M: Longitud de la Mazorca (cm), D.M: Diámetro de la mazorca (cm), P.M: Peso de la mazorca (g), P.G.M: Peso de grano por mazorca (g), P.100: Peso de 100 semillas (13% humedad), L.S: Longitud de semilla (mm), A.S: Ancho semilla (mm), M: valor medio del CV.

El análisis conjunto de la diversidad agromorfológica conducida en cuatro estaciones experimentales mostró los departamentos con mayor variación. El coeficiente de variación promedio para todos los caracteres cuantitativos y los promedios de índice de Shannon y de Simpson para los caracteres cualitativos fueron los valores utilizados. El Cuadro 7 muestra que los departamentos de Quiché, San Marcos y Quetzaltenango son los más variables. Esta información viene a comprobar lo que ya había sido planteado por Wellhausen et al. (1957). Previamente, Mangelsdorf y Cameron (1942) habían reportado que la región occidental de Guatemala es el centro a partir del cual la mayoría de las variedades de maíz ahora cultivados en Centro América, Norte América, las partes bajas de Sur América y las Indias Orientales, han sido originadas. La parte occidental de Guatemala tiene las altitudes más altas sobre el nivel mar y de acuerdo con Wellhausen et al. (1957), por encima de los 2,000 ms.n.m. se reportan 14 razas y subrazas de maíz; lo que viene a respaldar los datos mencionados para dicha área (Cuadro 7). Adicionalmente, Anderson (1947) había reportado que la mayor diversidad de maíces se encuentra en el departamento de Quetzaltenango. Además, Mangelsdorf y Cameron (1942) desarrollaron estudios citológicos a partir de plantas provenientes de 200 mazorcas de la colección de McBryde sembradas en Connecticut. Ellos encontraron que, en el departamento de Huehuetenango, en un área de aproximadamente la mitad del tamaño de la ciudad de Nueva York, hay presencia de casi todas las posiciones de nudos cromosómicos reportados para todo el mundo.

El Cuadro 7 también muestra que en departamentos reportados por Wellhausen et

al. (1957) con presencia de pocas razas de maíz, caso de Petén, también existe alta diversidad genética, por lo cual el hecho que no tenga alto número de razas de maíz no implica que en dicho departamento no existe diversidad genética importante a ser considerada.

Cuadro 7. Departamentos con valores más altos de variación agromorfológica.

Departamento	No. de accesiones	Coefficiente de variación (media)	Índice de Shannon (media)	Índice Simpson (media)
Alta Verapaz	25	20.93	0.83	0.67
Chimaltenango	27	22.39	0.98	0.61
Jutiapa	14	22.42	0.31	0.88
Petén	14	22.79	0.69	0.72
Quetzaltenango	27	22.87	0.88	0.64
Quiché	59	28.91	1.06	0.58
San Marcos	47	25.83	1.09	0.57
Huehuetenango	129	19.27	0.92	0.64

El análisis de los datos cuantitativos muestra que uno de los valores de mayor variación es el inicio de la floración masculina y femenina. Este carácter se ve fuertemente influenciado por la altitud sobre el nivel del mar. De esta manera, se puede adelantar que a mayor altitud los maíces presentarán ciclos de floración más largos y a la vez, a menor altitud, el ciclo de floración será más corto. La Figura 25 muestra la variación en cuanto a días floración en función de altitud sobre el nivel del mar en donde fue caracterizado. Se puede ver que existe una escala gradual en el ciclo de floración conforme se va incrementando la altura en la cual se hacen las caracterizaciones. En el presente caso, el ciclo más corto se da en la estación experimental Cuyuta (48 ms.n.m.) y el ciclo más largo en la estación experimental de Quetzaltenango (2,344 ms.n.m.).

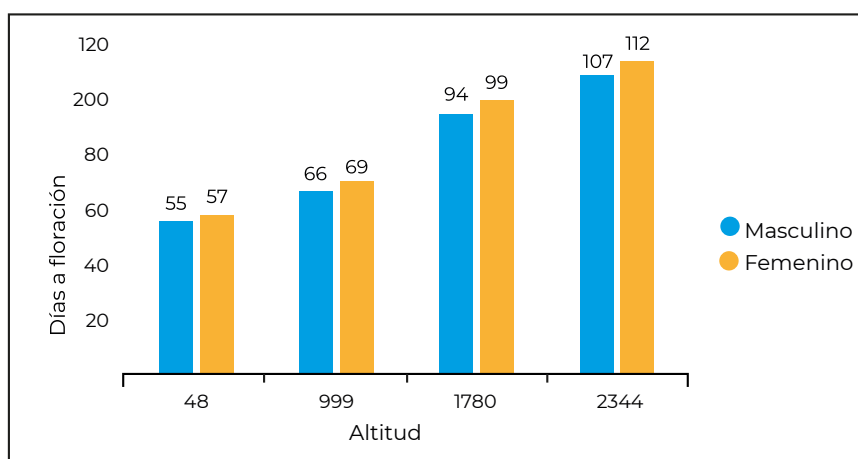


Figura 25. Inicio de floración según altitud sobre el nivel del mar en donde se realizó la caracterización agromorfológica.



Estudios previos utilizando caracteres agromorfológicos habían mostrado que la altitud sobre el nivel de mar es el elemento más importante para definir variación (Wellhausen et al., 1957). Para reforzar esta afirmación, dichos autores reportan la variación de nudos cromosómicos de las diferentes razas de maíz de Guatemala en función de altitud sobre el nivel del mar (Figura 26). Se puede observar que conforme aumenta la altitud sobre el nivel del mar, el número de nudos cromosómicos disminuye.

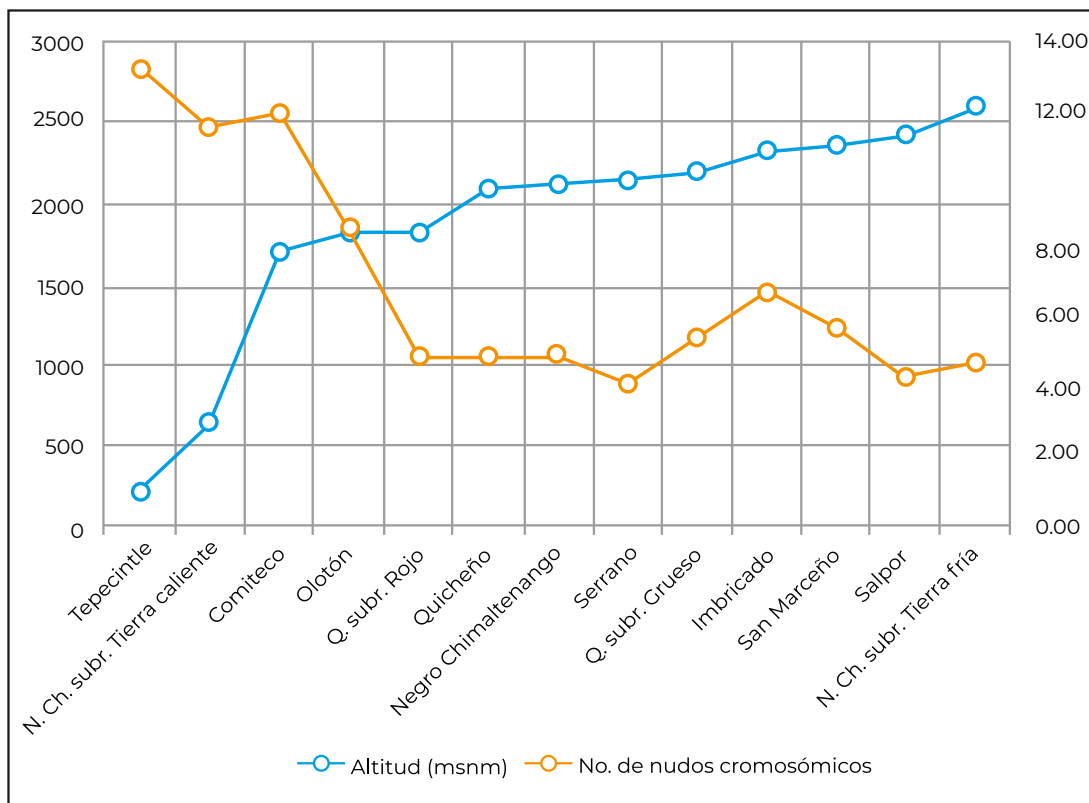


Figura 26. Relación entre la altitud sobre el nivel del mar y el número de nudos cromosómicos en razas de maíz de Guatemala. Fuente: elaborado a partir de datos contenidos en Wellhausen et al. (1957).

Bretting et al. (1990) utilizando marcadores bioquímicos tipo isoenzimas mostraron que las razas de maíz se agrupan en dos grupos, uno proveniente de las partes bajas y otro de las partes intermedias y altas. Estos autores mostraron que al igual que en México y Bolivia, la variación isoenzimática en las razas de maíz guatemaltecas está fuertemente asociada con la altitud sobre el nivel del mar. En su opinión, esta diferenciación podría ser el resultado de diferentes regímenes de selección conducidos por los agricultores indígenas sobre diferentes líneas fitogenéticas regionales, tal como se ha reportado en México y Bolivia utilizando información isoenzimática, cariotípica y morfológica.

Adicionalmente, trabajos conducidos por Mangelsdorf y Cameron (1942) mostraron que los maíces de las partes altas de Guatemala tienen nudos cromosómicos peque-

ños y en número reducido comparados con los maíces de las tierras bajas que, por el contrario, reportan nudos cromosómicos más grandes y en mayor número. Estudios posteriores conducidos por diferentes investigadores han llegado a resultados similares, concluyéndose que la variación cariotípica en el maíz guatemalteco está fuertemente asociado con la altitud sobre el nivel del mar; por ejemplo, información referente a que los maíces de las tierras bajas presentan un mayor número de cromosomas tipo “B” (McClintock et al., 1981; Hanson, 1984; Kato, 1984; Bretting y Goodman, 1989). Kato (1988) menciona que el complejo de las partes altas de Guatemala se caracteriza por la predominancia de una combinación de cromosomas sin nudos y con nudos pequeños. El nudo más pequeño en la parte más proximal de las dos posiciones que pueden tener nudos en la parte más larga del cromosoma 10 (1 OLI) es específico de este complejo. Las razas representativas de este grupo son San Marceño, Serrano, Quicheño, Negro, Imbricado y Salpor.

Estos resultados resaltan la crucial importancia de conservar los agroecosistemas nativos de maíz en distintas altitudes, destacando la necesidad de estrategias *in situ* para salvaguardar la variabilidad genética y permitir la adaptación de las poblaciones de maíz a condiciones cambiantes. Los resultados ofrecen criterios específicos para seleccionar accesiones de maíz que representen la diversidad genética en distintas altitudes para establecer bancos de germoplasma. Esta información resulta valiosa para programas de mejora genética, facilitando el desarrollo de variedades adaptadas a condiciones altitudinales específicas, contribuyendo así a la seguridad alimentaria y sostenibilidad agrícola.

La comprensión de la variabilidad genética también informa sobre prácticas agrícolas sostenibles ajustadas a cada piso altitudinal, resaltando la participación de comunidades locales en esfuerzos de conservación. La inclusión de conocimientos indígenas y prácticas tradicionales refuerza la protección del maíz nativo. La variabilidad genética identificada se revela crucial para abordar desafíos climáticos futuros, ya que variedades adaptadas a diferentes condiciones altitudinales pueden ser fundamentales para garantizar la resiliencia del cultivo ante cambios climáticos y presiones ambientales.

El análisis de correlación entre variables cuantitativas en plantas de maíz (Figura 27) revela patrones significativos sobre las relaciones interdependientes en el desarrollo y rendimiento de los cultivos. Existe una fuerte correlación positiva (0.99) entre los períodos de antesis masculina y femenina, indicando una sincronización precisa en los procesos reproductivos. Además, se destaca la fuerte correlación positiva (0.95) entre la altura de la planta y la altura de la mazorca, sugiriendo que el crecimiento en la altura de la planta se refleja en el desarrollo de la mazorca, lo que puede tener implicaciones en la cosecha.

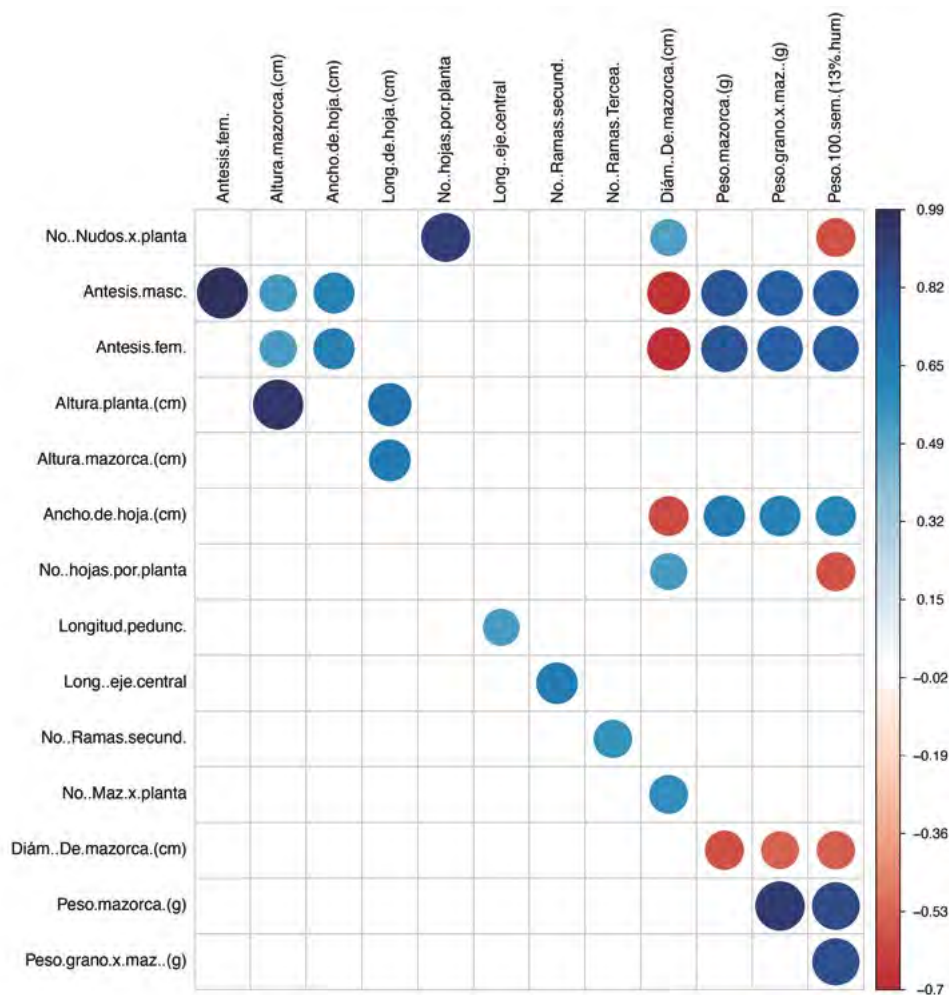


Figura 27. Gráfico de correlación de los rasgos agromorfológicos cuantitativos. Todas las correlaciones indicadas por los círculos son estadísticamente significativas ($p < 0.05$).

Otro hallazgo significativo es la correlación positiva sólida (0.92) entre el peso de la mazorca y el peso del grano por mazorca, indicando una estrecha relación entre el peso total de la mazorca y la calidad del rendimiento del grano.

En cuanto a las características foliares, se observa una correlación positiva (0.65) entre el ancho de la hoja y el peso de la mazorca, sugiriendo que un mayor ancho de hoja puede contribuir al proceso fotosintético, afectando directamente el peso de la mazorca. Estos resultados ofrecen una comprensión valiosa de las relaciones complejas entre diversas variables en las plantas de maíz, proporcionando información clave para la toma de decisiones en prácticas agrícolas destinadas a mejorar el rendimiento y la calidad del cultivo.

4.1. Análisis factorial de datos mixtos (FAMD)

El análisis de varianza aportado por las dos primeras dimensiones alcanza un valor de 26.8 % de la varianza total (Figura 28), estableciéndose que las características que más contribuyen a la varianza de los dos primeros componentes (Figura 28) son valores cualitativos como color de la hoja, forma de semilla, resistencia a plagas y enfermedades y ángulo predominante entre la hoja y el tallo; y los cuantitativos antesis femenina, antesis masculina, altitud sobre el nivel del mar, peso de 100 semillas, peso de mazorca y peso de grano/mazorca. Color de la hoja puede ser un carácter altamente influenciados por el ambiente ya que depende principalmente del contenido nutricional del suelo y de factores como grado de disponibilidad de luz; así mismo, el carácter resistencia a plagas y enfermedades es un dato general que requiere de estudios más detallados para establecer el efecto real en los materiales bajo evaluación.

Los datos cuantitativos reflejan con mayor certeza la respuesta de los materiales genéticos bajo evaluación. Ya se ha discutido con anterioridad que el factor más importante que define variación agromorfológica es la altitud sobre el nivel del mar, reflejada en la antesis. Además, los resultados de la caracterización general muestran que los materiales que crecen a mayor altitud sobre el nivel del mar tienen mazorcas y granos más pesados, definido en buena parte por el largo ciclo del cultivo.

Referente a variación de caracteres que puedan orientar la clasificación racial, Sanchez et al. (1993) menciona que mediante la estimación de la relación de componentes de varianza se pueden identificar 24 variables apropiadas. Los caracteres utilizados en la presente caracterización no necesariamente corresponden al descriptor utilizado por los autores mencionados, sin embargo, los datos presentes en la Figura 28 pueden orientar futuras caracterizaciones que respondan a los caracteres utilizados y que reportan la máxima variación. Algunos caracteres recomendados por Sanchez et al. (1993) y que presentaron varianza alta en el presente estudio son no. de hojas por planta y diámetro de la mazorca. Por su parte, Melchiorre et al. (2017) indican que los caracteres discriminantes asociados a la primera y segunda variables canónicas están relacionadas con las dimensiones de la espiga y de los granos (no. de hileras de granos por espiga, espesor de los granos) y principalmente longitud del ciclo vegetativo. Tapia et al. (2021) utilizaron en su estudio caracteres cualitativos y cuantitativos que han mostrado alta capacidad discriminatoria, dentro de estos se encuentran la forma del grano y el diámetro de la mazorca, los cuales mostraron alta varianza en el presente estudio (Figura 29). Cabe resaltar que en los estudios mencionados se ha partido que se conoce la identidad de cada accesión a nivel de raza, mientras que en el presente estudio se cuenta con accesiones que no necesariamente responden completamente a los caracteres específicos de las razas reconocidas de Guatemala. No se debe olvidar que en los estudios de Wellhausen et al. (1957) se muestra mucha introgresión entre razas, describiéndose regiones en donde en aquella época se podrían encontrar razas puras. De cualquier manera, el factor eco geográfico más importante que define diversidad entre los maíces de Guatemala es la altitud sobre el nivel de mar, como ya ha sido discutido.

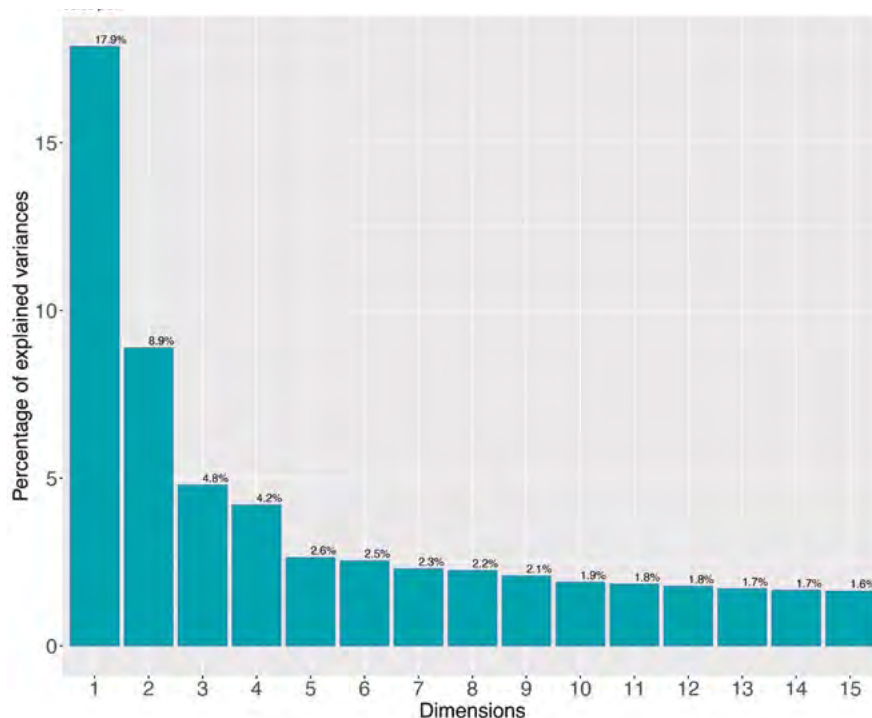


Figura 28. Porcentaje de varianza explicada por cada una de las 15 primeras dimensiones.

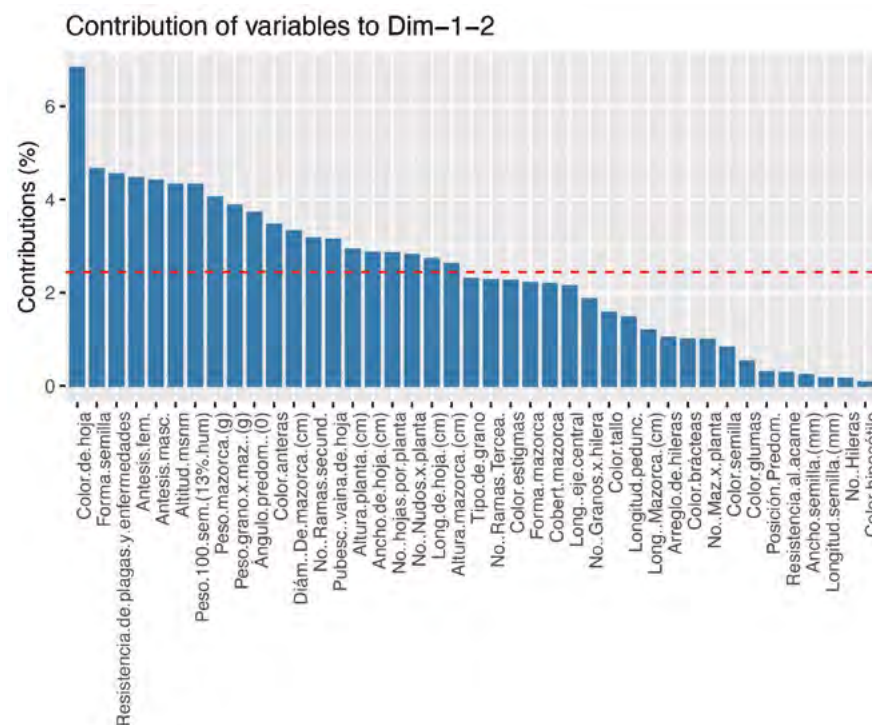


Figura 29. Contribución de las variables agro morfológicas de maíz a las dimensiones 1 y 2. La línea roja discontinua del gráfico indica el valor medio esperado, si las contribuciones fueran uniformes.

4.2. Análisis de similitud entre las accesiones de maíz

La agrupación jerárquica en componentes principales (HCPC) basada en el análisis FAMD utilizando las dimensiones uno y dos para identificar la agrupación y la estructura poblacional de las accesiones de maíz muestra tres grupos (Figura 30), los cuales están principalmente definidos por accesiones que provienen de rangos específicos de altitud sobre el nivel del mar. Un grupo corresponde a accesiones bajas del oriente, sur y norte de Guatemala, caracterizados en Cuyuta y San Jerónimo. Otro de accesiones de altura media caracterizados en Chimaltenango, y el tercero, de accesiones provenientes de altitudes por encima de los 2,000 ms.n.m. y caracterizados en Quetzaltenango. Esto viene a confirmar el factor altitud sobre el nivel mar como el elemento más importante que define la diversidad genética del maíz de Guatemala. Estudios similares en México plantea este mismo comportamiento, sin embargo, en el país mencionado, hay otro factor importante como lo es la latitud (Arteaga et al., 2016). En Guatemala, este segundo factor parece no tener importancia dado el tamaño del país comparado con México. En este sentido los grupos conformados no necesariamente responden a distribución geográfica ya que en algunos de estos grupos (principalmente los de zonas bajas e intermedias) se pueden ver materiales de diferentes departamentos, siendo entonces, solamente el factor altitud sobre el nivel mar el elemento que define al grupo que pertenecen.

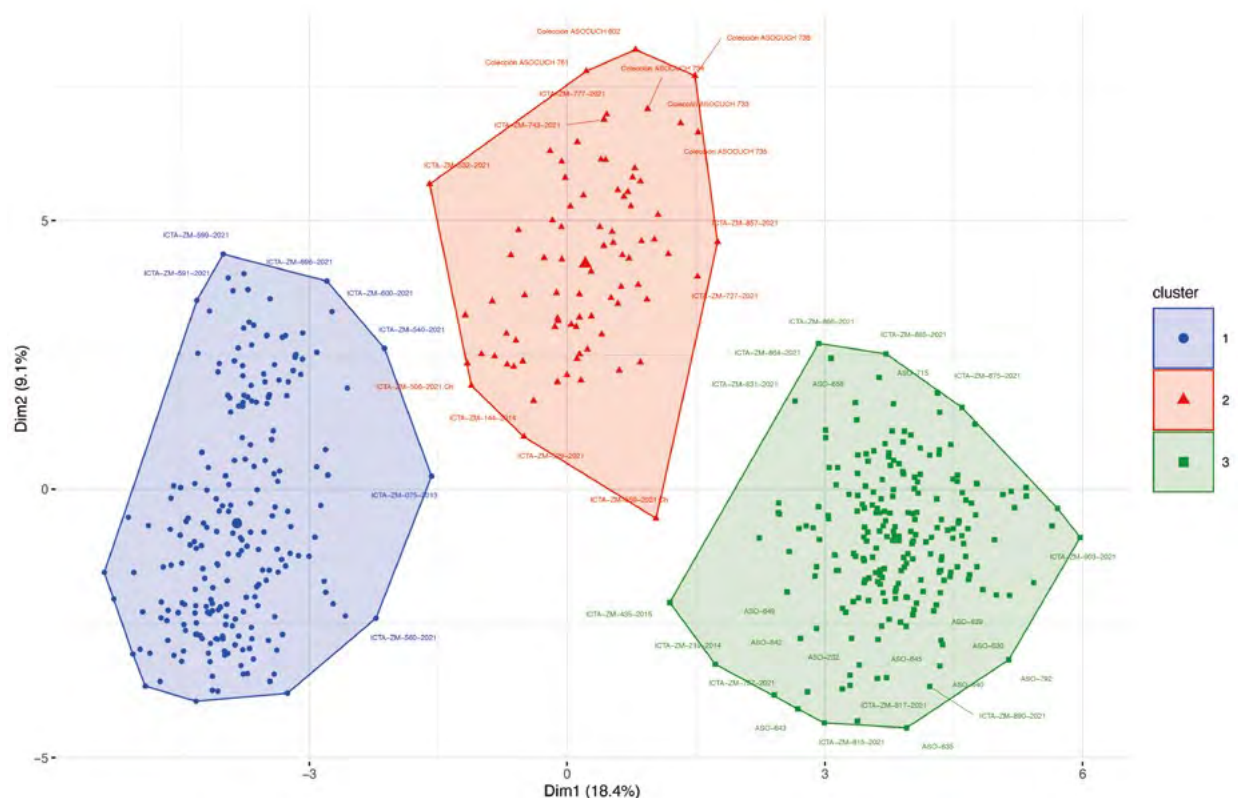


Figura 30. Visualización de las accesiones de maíz basada en un mapa factorial construido a partir del algoritmo HCPC.



El Cuadro 8 presenta algunos caracteres cuantitativos que diferencian a los grupos de la Figura 30. Las mazorcas más pesadas, con mayor peso de grano por mazorca se encuentra en las partes más altas de la distribución de maíces en Guatemala (clúster 3), siendo el clúster dos intermedios, y el clúster uno, con el de menor valor en estos caracteres. Similar comportamiento se ve para datos de longitud de mazorca y floración masculina y femenina.

Cuadro 8. Comparación de algunos caracteres cuantitativos entre los tres clústeres contruidos a partir del algoritmo HCPC.

Descriptor	Clúster 1	Clúster 2	Clúster 3	Promedio general
Antesis masculina (días)	58.42	92.27	107.04	84.34
Antesis femenina (días)	60.76	99.16	112.41	88.34
Peso mazorca (gr)	91.24	175.37	216.20	156.62
Peso granos/mazorca (gr)	76.02	141.90	176.49	128.31
Longitud mazorca (cm)	13.25	18.47	18.63	16.31
Altitud (msnm)	666.39		2527.32	1612.95

Al igual que el mapa de factores, el dendrograma del análisis jerárquico de conglomerados (Figura 31) reveló tres agrupaciones distintas, cada una de las cuales incluía accesiones de departamentos diferentes, lo que sugería una estructura genética débil en función a la geografía. El grupo más grande estuvo representado por ramas azules (221 accesiones), seguido de ramas rojas (217 accesiones) y, por último, el grupo más pequeño estuvo indicado por el color verde (81 accesiones), todos ellos conteniendo muestras de diversos departamentos (Figura 31).

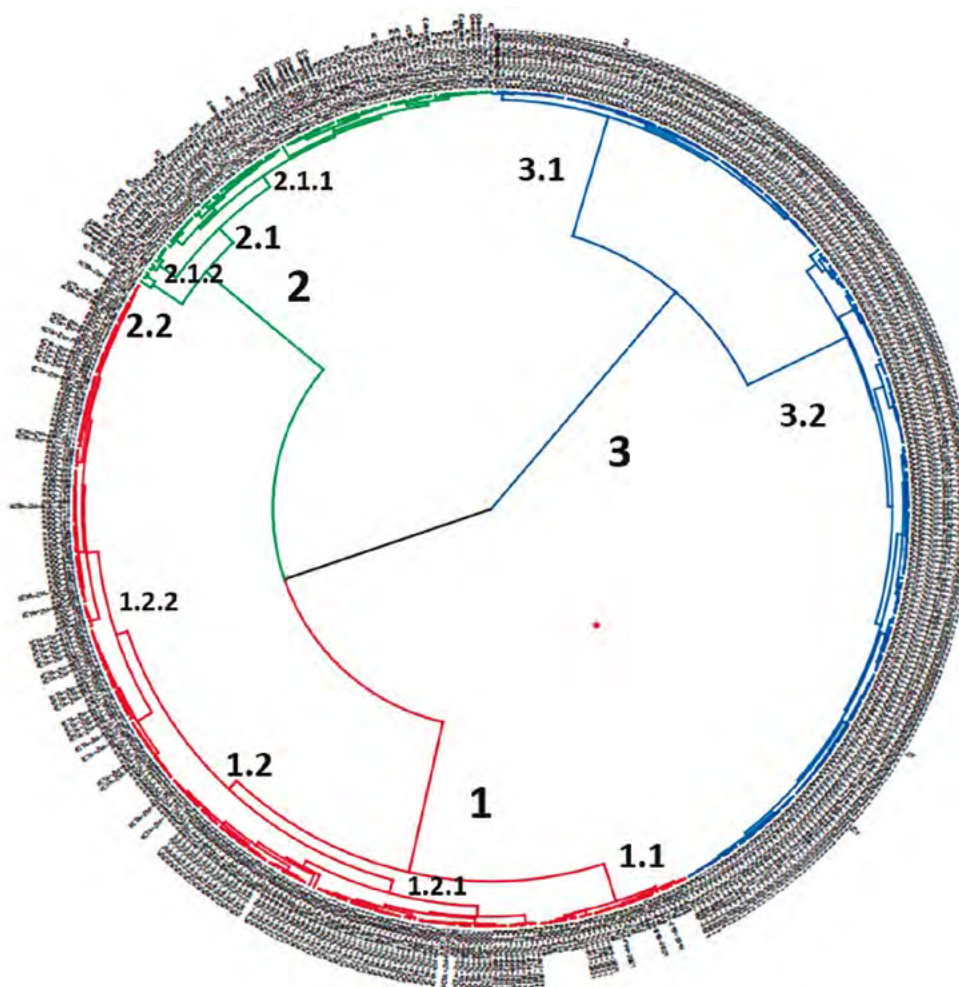


Figura 31. Visualización de accesiones de maíz de Guatemala basada en un dendrograma construido a partir del análisis jerárquico de conglomerados.

El análisis de los tres núcleos del dendrograma muestra que el identificado con el no. 3, constituido por accesiones que van desde 0 ms.n.m. hasta 1,200 ms.n.m. (color azul); el segundo, accesiones de 1,200 ms.n.m. hasta los 2,000 ms.n.m. (color verde); y el tercero, por accesiones de 2,000 a 3,400 ms.n.m. (color rojo). Estos resultados vienen a confirmar que el factor más importante que establece las diferencias entre accesiones es la altitud sobre el nivel del mar.

El Cuadro 9 muestra el análisis más detallado de los clústeres y subclústeres formados en la Figura 31. Como se había indicado, cada clúster (diferentes colores en la Figura 30) está definida por un rango altitudinal definido. De igual manera, los subclústeres en cada clúster siguen el mismo patrón, por ejemplo, el clúster 1.1 está constituido por materiales provenientes de las partes más altas de Guatemala (promedio de altura de 2,935 ms.n.m.); similarmente, los subclústeres 1.2.1 y 1.2.2 están constituidos por accesiones provenientes de diferentes alturas (2,552 y 2,425 ms.n.m. respectivamente).



Todas las accesiones que componen el clúster 1 fueron caracterizadas en Quetzaltenango (2,344 ms.n.m.). El clúster 2 (color verde en la Figura 31) está constituido por accesiones de la parte media del país y sus subclústeres están constituidos por accesiones de diferentes promedios de altitud y caracterizados en la estación experimental del ICTA, Chimaltenango (1,780 ms.n.m.). El clúster 3 es interesante ya que está conformado por accesiones provenientes de las partes bajas de Guatemala, estando constituido por el subclúster 3.1 con accesiones principalmente de la parte seca y caracterizado en San Jerónimo (999 ms.n.m.) con un promedio de 1,242 ms.n.m., mientras que el subclúster 3.2 constituido por accesiones de las partes más bajas del país (376 ms.n.m. en promedio) y caracterizados en Cuyuta, Escuintla (48 ms.n.m.). Esto viene una vez más a comprobar que el factor más importante que define diversidad genética en los maíces de Guatemala es la altitud sobre el nivel del mar, y no el geográfico.

Cuadro 9. Variación de los clústeres generados en la Figura 31 de acuerdo con el promedio de altitud de las accesiones de maíz que lo componen.

Clúster	Media altitudinal msnm	No. accesiones	Lugar caracterización
1.1	2935	28	Quetzaltenango
1.2.1	2552	83	Quetzaltenango
1.2.2	2425	102	Quetzaltenango
2.1.1	1715	72	Chimaltenango
2.1.2	2051	6	Chimaltenango
2.2	1746	3	Chimaltenango
3.1	1242	72	San Jerónimo
3.2	376	147	Cuyuta

Para efectos de visualizar de mejor manera los resultados discutidos, la Figura 32 muestra la distribución de la diversidad agromorfológica de los maíces de Guatemala. Se puede observar los tres núcleos formados distribuidos en diferentes partes del país, dependiendo básicamente de sus rangos altitudinales (alto, intermedio y bajo). Estos datos confirman que la selección de los centros de caracterización fue adecuada.

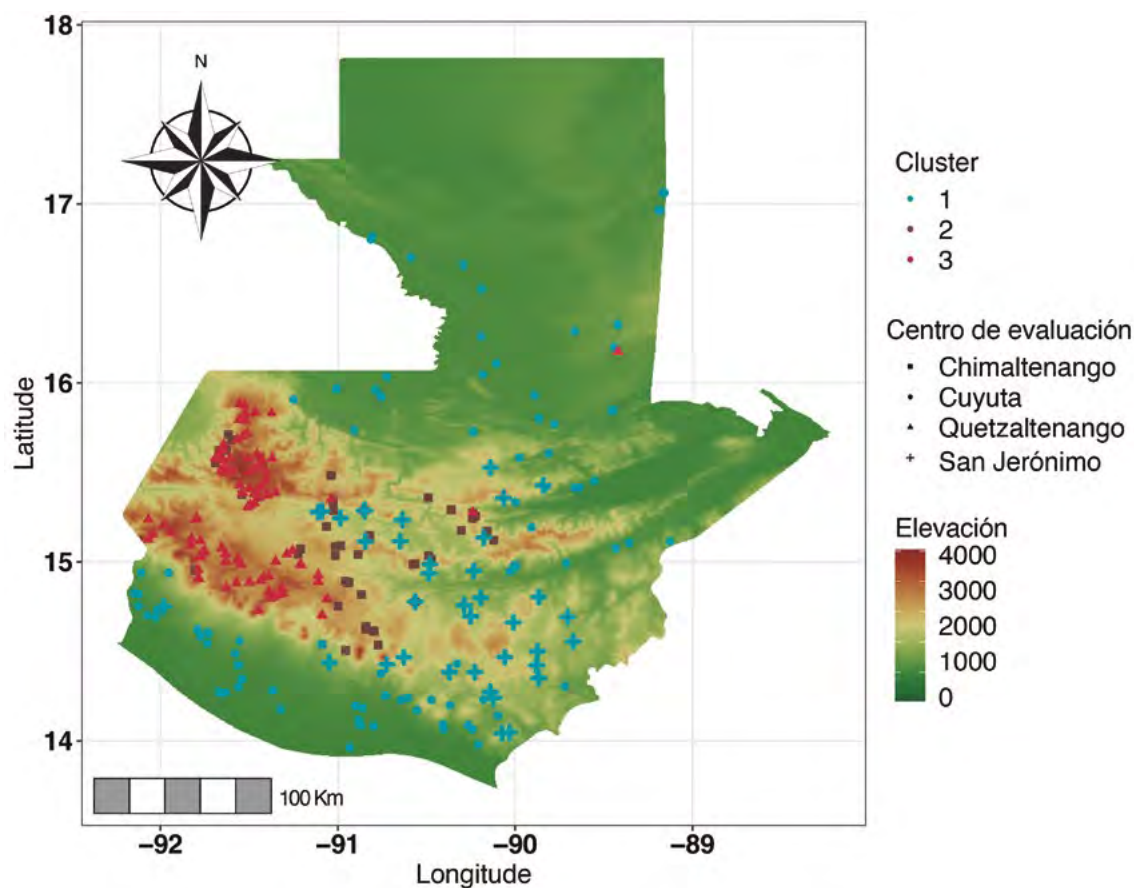


Figura 32. Distribución de los clústeres reportados en la caracterización de maíces nativos de Guatemala, indicándose también los centros en los cuales fueron caracterizados.

El análisis discriminante de componentes principales (DAPC) identificó una estructura similar, utilizando información de muestreo a priori, indicando la formación de tres conglomerados (Figura 33A) que no siguen un patrón geográfico definido, sugiriendo que las características agromorfológicas son compartidas entre grupos de departamentos (Figura 33B).

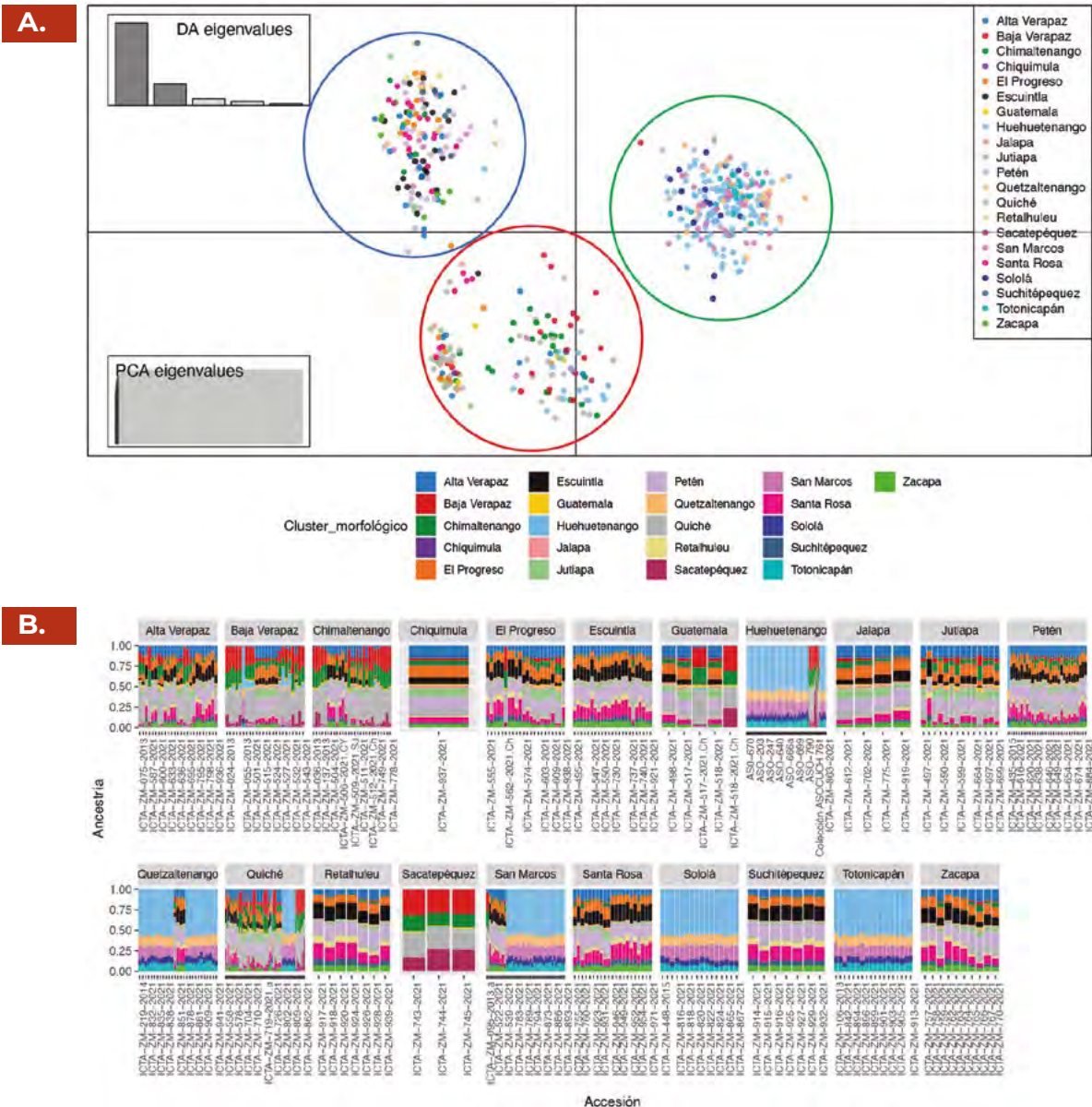


Figura 33. Estructura poblacional obtenida a partir de análisis DAPC de 519 accesiones de maíz, provenientes de 21 departamentos de Guatemala. A) Diagrama de dispersión de las dos primeras funciones discriminantes. B) Gráfico de barras del análisis DAPC donde cada individuo está representando por una línea vertical coloreada. El mismo color en diferentes individuos indica que pertenecen al mismo grupo.

A partir de los datos del DAPC se calcularon las posibilidades de pertenencia a grupos de cada individuo (Figura 34A y 34B). Se confirma de nuevo la existencia de tres grupos, cada uno constituido por accesiones definidas principalmente por su altitud sobre el nivel mar. La Figura 34B muestra que las accesiones provenientes de altas altitudes como Totonicapán y Sololá se representan exclusivamente en grupo de alta altitud (color verde); por el contrario, las accesiones provenientes de

bajas altitudes del departamento de Retalhuleu, Santa Rosa, Suchitepéquez, Petén y Escuintla conforman exclusivamente parte del clúster de menor altitud (color azul). Los departamentos de Huehuetenango, San Marcos y Quetzaltenango tienen accesiones presentes exclusivamente en el clúster de mayor altitud (color verde), sin embargo, dentro de dichos departamentos hay accesiones provenientes de altitudes más bajas y que conforman los otros dos grupos de menor altitud. Este dato es importante porque viene a confirmar que la distribución de la diversidad genética de las accesiones de Guatemala está en función de altitud sobre el nivel del mar antes que en su distribución geográfica.

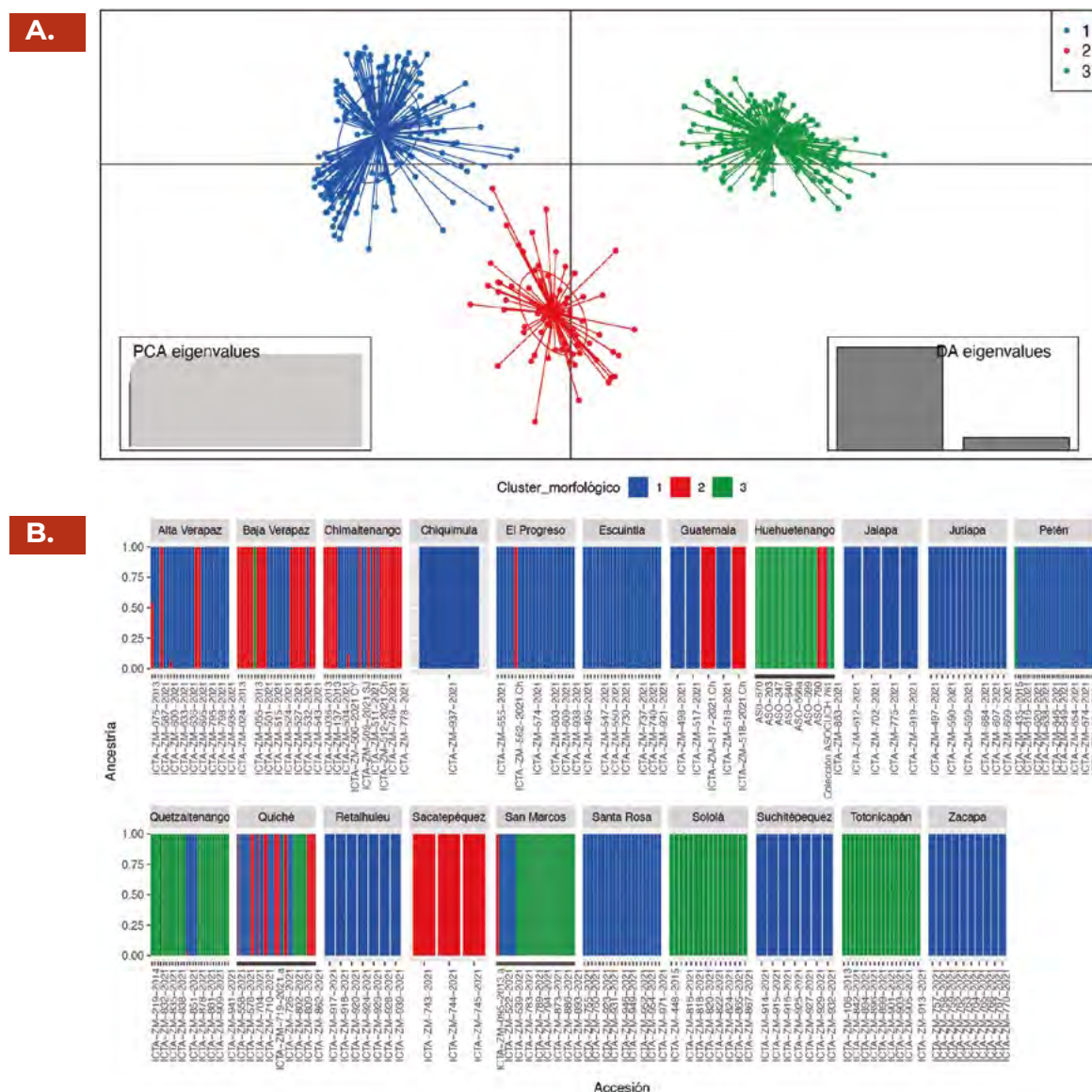


Figura 34. A) Diagrama de dispersión DAPC de las 519 accesiones de maíz agrupados en tres grupos genéticos. B) representación gráfica de barras de los resultados de la DAPC. Las probabilidades de asignación a cada grupo genético se presentan con diferentes colores que representan los grupos genéticos.



Cuando se realizó la asignación de ascendencia se observó un patrón de asociación de las accesiones a su respectivo clúster en función al piso altitudinal en donde fueron colectadas. Las accesiones provenientes de departamentos con menores altitudes como Zacapa, Santa Rosa y Petén se ubicaron en el clúster 1, mientras que las accesiones de regiones con mayor altitud localizadas en el occidente se ubicaron en el clúster 3 (Figura 34B).

El Cuadro 10 muestra los resultados del análisis de Mantel, revela correlaciones significativas entre diversas variables relacionadas con la agromorfología, la geografía, altitud sobre el nivel del mar y los clústeres en el germoplasma nativo de maíz de Guatemala. En general, se puede observar que las correlaciones más altas son entre agromorfología-clústeres (0.80), clústeres-altitud (0.78) y agromorfología-altitud (0.63). Los relacionados con geografía son los más bajos, así, agromorfología-geografía (0.26) y clústeres-geografía (0.33).

Estos resultados es una confirmación más de que la diversidad agromorfológica de los maíces de Guatemala está definida por la altitud sobre el nivel del mar. Comprender estas correlaciones puede orientar estrategias para la conservación, selección y uso eficiente de variedades de maíz, promoviendo la diversidad y la resiliencia de los cultivos en diversos contornos de Guatemala.

Cuadro 10. Resultados de la prueba de mantel.

Correlación	Valor observado prueba de mantel	Valor p
Agromorfología-geografía	0.26	0.01
Agromorfología-clústeres	0.80	0.01
Agromorfología-altitud	0.63	0.01
Clústeres-geografía	0.33	0.01
Clústeres-altitud	0.78	0.01

4.3. Consideraciones sobre razas de maíz

Se ha planteado la agrupación de maíz en razas y subrazas. Anderson y Cutler (1942) definieron la palabra “raza” como “un grupo de individuos con suficientes características en común para permitir su reconocimiento como un grupo”. Desde el punto de vista genético, la raza es “un grupo de individuos con un número significativo de genes en común, las razas principales con un menor número en común que las subrazas”. Este concepto es difícil de plasmarlo en la realidad, ya que se debe considerar que el maíz son poblaciones alógamas, lo cual permite que los caracteres que teóricamente definen una raza se puedan mezclar.

La revisión del trabajo de Wellhausen et al. (1957) plantea la presencia de muchas accesiones de maíz de Guatemala en las que se manifiesta presencia de introgresión de caracteres de diferentes razas. Además, Goodman y Brown (1988) mencionan que las razas de maíz de América Central no han sido colectadas, descritas y mantenidas cuidadosamente como lo han sido las razas mexicanas. Esto complica aún más los

estudios de razas de maíz de Guatemala. Por ello, se ha planteado la dificultad de elaborar claves dicotómicas que faciliten la determinación de razas.

Para orientar la discusión, la Figura 35 elaborada según datos proporcionados por Wellhausen et al. (1957) muestra la distribución de las razas que proponen en función de altitud sobre el nivel del mar. En general, la Figura 35 muestra que el mayor número de razas se encuentra por encima de los 2000 ms.n.m.

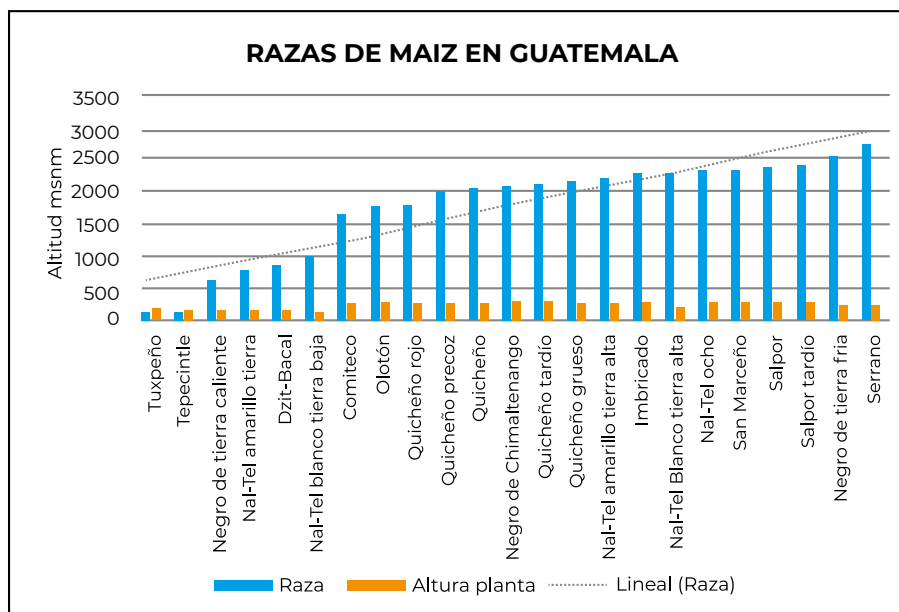


Figura 35. Distribución altitudinal de las razas de maíz de Guatemala, elaborado con información de Wellhausen et al. (1957).

El análisis detallado de las accesiones que componen el núcleo uno del fenograma (datos no mostrados) de la Figura 31 y descrito según rangos de altitud en el Cuadro 11, muestra que, en el presente estudio, las accesiones caracterizadas en Quetzaltenango están constituidas por razas reportadas por Wellhausen et al. (1957). Es de hacer notar que razas como olotón y comiteco están representados en el subnúcleo 1.2.2, el cual tiene el menor promedio de altitud sobre el nivel del mar. La raza comiteco normalmente está distribuida más ampliamente por debajo de los 2000 ms.n.m. También se reporta que los datos de caracterización utilizados en el presente estudio no necesariamente agrupan las accesiones en las razas a las que supuestamente pertenecen. Esto se debe a que los caracteres que definen las razas (Wellhausen et al., 1957) como tamaño de mazorca, forma de mazorca, orientación de las hileras de la mazorca, número de hileras, entre otros, solo representan un porcentaje menor de todos los caracteres utilizados. Vale la pena recordar que como se ha venido manifestando, en la parte alta de Guatemala se distribuyen varias razas, las cuales tienen un rango de distribución relativamente amplio. Resultados similares se mostraron para los otros dos núcleos de la Figura 31, es decir, las razas presentes en dichos núcleos y subnúcleos corresponden a las razas reportadas por Wellhausen et al. (1957) según piso altitudinal que se estime. Esto permite que cada raza tenga ciertas características como tamaño de planta, tiempo de antesis, altura de mazorca,



tamaño de hoja, ancho de hoja específicas para el rango altitudinal del cual proceden. Estos datos son importantes porque para efectos de conservación in situ es necesario establecer acciones de conservación en cada uno de los diferentes rangos en los cuales se distribuyen las razas identificadas. Para establecer el agrupamiento entre razas algunos autores sugieren además del uso de caracteres agromorfológicos, el uso de marcadores moleculares o genómicos. Sin embargo, Arteaga et al. (2016) reportan que el uso de SNIPs no permitió la separación e identificación de las razas mexicanas. Estudios posteriores mostraron que solamente unos pocos SNIPs seleccionados son útiles para establecer la raza de las accesiones de maíces utilizadas (Caldu-Primo et al., 2017). Estos resultados remarcan la dificultad de asignar con alto grado de certeza la raza a la cual pertenece una accesión de maíz, especialmente aquellas que muestran características morfológicas de razas reportadas en función de caracteres agromorfológicos.

En la presente investigación de la diversidad de maíces de Guatemala se desarrollaron estudios a nivel de campo, que condujeron a la identificación de dos razas de maíz no reportadas previamente para Guatemala (CONAP, 2024). La primera, denominada Tewah reportada para el estado de Chiapas en México, en proceso de desaparecer y presente en el área huista de Huehuetenango, Guatemala. La otra raza, es la que se ha denominado como “Salpor majoco”, distribuida en el oriente de Guatemala y utilizada especialmente en panificación como se usan los conocidos salpores del occidente de Guatemala. Ambas razas pueden desaparecer si no se les da la importancia que requieren.

Cuadro 11. Información preliminar de algunas de las razas plenamente identificadas presentes en el núcleo 1 de la Figura 31. Entre paréntesis, el de no. de accesiones de cada raza.

Núcleo	Subnúcleo	Sub sub núcleo	Promedio altitud (msnm)	Razas identificadas
1	1.1		2935	Quicheño grueso (1), San Marceño (1)
	1.2	1.2.1	2552	Salpor (2), Negro Chimaltenango tierra alta (3), Serrano (4), San Marceño (15), Naltel blanco tierra alta (3), Imbricado (2), Olotón (1)
		1.2.2	2425	Serrano (2), Comiteco (2), Olotón (3), Naltel Blanco tierra fría (4), San Marceño (2), Negro Chimaltenango tierra alta (2), Quicheño rojo (1)

4.4. Razas identificadas en el estudio

En base a las características reportadas inicialmente por Wellhausen et al. (1957), así como por los estudios complementarios desarrollados, la Figura 36a muestra las razas que plenamente representan a los materiales genéticos presentes en Guatemala. Además, la figura 36b recopila en forma general la distribución en el país

de las razas anotadas, así como los maíces silvestres. Es de hacer notar que muchas accesiones presentan características de más de una raza, tal como ha sido planteado por Wellhausen et al. (1957). Se adelanta que las denominadas subrazas establecidas en base a caracteres morfológicas, no necesariamente deberían de mantener esa categoría, ya que en el análisis morfológico realizado no conforman los mismos grupos establecidos, diferenciándose por la adaptación a diferentes altitudes (por ejemplo, las subrazas de naltel y las del denominado negro de Chimaltenango). En el caso del negro de Chimaltenango, Goodman y Brown (1988) consideran que este grupo está constituido por tres razas, denominadas negro de Chimaltenango proveniente de las partes altas e intermedias, negro de tierra alta de las montañas más altas de Guatemala y negro de tierra caliente de las partes más bajas. En el estudio agromorfológico conducido con accesiones de regiones del trópico bajo (0-1400 ms.n.m.) repatriadas del CIMMYT, se indica la presencia de otras razas poco comunes en Guatemala como cubano, argentino y salvadoreño. También se anota que la mayoría de accesiones no reportan identificación de raza (CONAP, 2021a).



Tuxpeño



Tepecintle



Naltel amarillo tierra baja



Dzit-Bacal



Negro Chimaltenango



Naltel blanco tierra baja



Olotón



Comiteco



Salpor majoco



Negro de Chimaltenango tierra caliente







Figura 36a. Razas de maíz de Guatemala plenamente identificadas.

Figura 36b. Distribución de razas de maíz cultivado y maíces silvestres en los diferentes departamentos de Guatemala.



5. Conclusiones

El total de accesiones de maíz analizadas conformaron 3 grupos basados en la similitud de las características agromorfológicas. Estos grupos fueron corroborados utilizando diferentes enfoques multivariados. El clúster 1 se caracterizó por incluir accesiones procedentes de regiones de altitudes bajas como Chiquimula, Escuintla y Zacapa, entre otros. Además, presentó el mayor diámetro de mazorca, número de hojas por planta y mayor cantidad de mazorcas por planta, así como semillas de forma dentada y una forma ligeramente cónica de la mazorca. Por otra parte, el clúster 2 fue conformado por accesiones con origen en Sacatepéquez, Baja Verapaz y Chimaltenango; mostrando los mayores valores de altura de planta y número de granos por hilera, así como una buena cobertura de mazorca y una pubescencia ligera en la vaina de la hoja. Finalmente, el clúster 3 estuvo formado por las accesiones provenientes de la zona occidental del país como Huehuetenango, Quetzaltenango, Totonicapán, entre otros. Este clúster mostró el mayor número de días para la antesis masculina y femenina, así como el mayor peso de la mazorca y de 100 semillas. También mostró una mayoría de accesiones de semilla redondas y plantas resistentes al acame.

Las correlaciones observadas entre la agromorfología, la geografía y las agrupaciones genéticas proporcionan información crucial sobre cómo interactúan los rasgos genéticos con los factores ambientales. La correlación positiva (0.26, $p = 0.01$) entre agromorfología y geografía indica un vínculo poco perceptible entre las características morfológicas y la distribución geográfica del maíz. Además, la correlación positiva (0.63, $p = 0.01$) entre agromorfología y altitud pone en relieve la influencia de la altitud en las características morfológicas. Estos hallazgos enfatizan la importancia de considerar los factores ambientales, particularmente la altitud para entender la adaptabilidad de los genotipos de maíz. Así mismo, el desarrollo de estrategias que promueven rasgos adaptativos, asegurando la resiliencia y sostenibilidad de las variedades de maíz a través de diversas condiciones ambientales de Guatemala.

Basado en los valores del coeficiente de variación para datos cuantitativos y los índices de diversidad de Shannon y Simpson para datos cualitativos, la región del altiplano occidental compuesta por los departamentos de Quetzaltenango, San Marcos, Totonicapán y Huehuetenango albergan la mayor diversidad genética de maíz en Guatemala. No obstante, la diversidad presente en el resto de los departamentos es significativa y no debe subestimarse al momento de establecer programas de conservación del germoplasma de maíz nativo, ya que dichas accesiones, aunque en menor medida, presentan variante agromorfológicas que pueden ser de interés en el desarrollo de futuras variedades.

El establecimiento de las razas a las que pertenecen las diferentes accesiones caracterizadas morfológicamente es complicado. Esto sucede porque se utiliza como base la descripción de las razas reportadas por Wellhausen et al. (1957), mismos que reportan la presencia en Guatemala de muchas accesiones con reporte de introgresión entre diferentes razas y el reporte de algunas pocas accesiones como representativas de las razas designadas para Guatemala. Se muestran fotografías de accesiones que se podrían considerar como representativas para las principales razas de maíces de

Guatemala. El presente estudio permitió la identificación de dos nuevas razas de maíz, una en el occidente y otra en el oriente de Guatemala. Ambas razas están en proceso de reducción de sus poblaciones debido a factores como cambio climático y características agronómicas desventajosas (CONAP, 2024).

6. Referencias

- Anderson, E. (1947). Field studies of Guatemalan maize. *Annals of the Missouri Botanical Garden*, 34(4), 433-467. <https://doi.org/10.2307/2394775>
- Anderson, E., & Cutler, H. C. (1942). Races of *Zea mays*: I. Their recognition and classification. *Annals of the Missouri Botanical Garden*, 29(2), 69-88. <https://doi.org/10.2307/2394331>
- Arteaga, M. C., Moreno-Letelier, A., Mastretta-Yanes, A., Vázquez-Lobo, A., Breña-Ochoa, A., Moreno-Estrada, A., ... & Piñero, D. (2016). Genomic variation in recently collected maize landraces from Mexico. *Genomics data*, 7, 38-45. <https://doi.org/10.1016/j.gdata.2015.11.002>
- Auguie, B. (2017). gridExtra: *Miscellaneous functions for "grid" graphics* (R package version 2.3) [Software]. CRAN. <https://CRAN.R-project.org/package=gridExtra>
- Bretting, P. K., & Goodman, M. M. (1989). Karyotypic variation in Mesoamerican races of maize and its systematic significance. *Economic Botany*, 43(1), 107-124. <https://doi.org/10.1007/BF02859330>
- Bretting, P. K., Goodman, M. M., & Stuber, C. W. (1990). Isozymatic variation in Guatemalan races of maize. *American Journal of Botany*, 77(2), 211-225. <https://doi.org/10.1002/j.1537-2197.1990.tb13547.x>
- Brown, L., & Goodman, M. M. (1988). Races of corn. En G. F. Sprague, D. A. Fuccillo, L. S. Perelman, & M. Stelly (Eds.), *Corn and corn improvement* (Vol. 18, pp. 49-88). American Society of Agronomy.
- Bukasov, S. M. (1981). *Las plantas cultivadas de México, Guatemala y Colombia* (J. León, Trad.; a partir de la versión en inglés de M. H. Byleveled; con suplemento de N. N. Kuleshov y otros). CATIE, Unidad de Recursos Genéticos.
- Caldu-Primo, J. L., Mastretta-Yanes, A., Wegier, A., & Piñero, D. (2017). Finding a needle in a haystack: distinguishing Mexican maize landraces using a small number of SNPs. *Frontiers in Genetics*, 8, 45. doi: 10.3389/fgene.2017.00045
- CONAP. (2021). *Maíces de Guatemala: documentación del proceso de colección y caracterización morfológica de la agrobiodiversidad del maíz realizado entre los años 1950-2016*. CONAP.
- CONAP. (2021a). *Maíces de Guatemala: regeneración y caracterización morfológica de colecciones de maíz (Zea mays L) con adaptación a zonas tropicales de Guatemala*. CONAP.
- CONAP. (2024). *Profundizando en el conocimiento de la diversidad genética del maíz de Guatemala: caso del Tewah y Salpor Majoco*. Publicación Técnica No. 09-2024.



- Fuentes, M. (2015). *El mejoramiento participativo en comunidades rurales de Centroamérica. En Taller: Diversidad genética de maíz en Guatemala y México: Estado de su conocimiento y su actualización (Ciudad de Guatemala, 10-11 de febrero de 2015)*. Consejo Nacional de Áreas Protegidas (CONAP), Programa de las Naciones Unidas para el Medio Ambiente (PNUMA), & Fondo para el Medio Ambiente Mundial (GEF).
- Goodman, M. M., & Brown, W. L. (1988). Races of corn. En G. F. Sprague & J. W. Dudley (Eds.), *Corn and corn improvement* (3ª ed., pp. 33-79). American Society of Agronomy.
- Hanson, W. D. (1984). Intergradation among Latin American maize based on an analysis of chromosome knob frequencies. *Theoretical and Applied Genetics*, 68, 347-354. <https://doi.org/10.1007/BF00267888>
- Husson, F., Josse, J., & Pages, J. (2010). Principal component methods-hierarchical clustering-partitional clustering: why would we need to choose for visualizing data. *Applied mathematics department*, 17.
- International Board for Plant Genetic Resources (IBPGR). (1991). *Descriptor del maíz*. CIMMYT / IBPGR.
- Jombart, T. (2008). Adegnet: A R package for the multivariate analysis of genetic markers. *Bioinformatics*, 24(11), 1403-1405. <https://doi.org/10.1093/bioinformatics/btn129>
- Kassambara, A., & Mundt, F. (2020). *Factoextra: Extract and visualize the results of multivariate data analyses* (R package version 1.0.7) [Software]. <https://CRAN.R-project.org/package=factoextra>
- Kato, T. A. (1984). Chromosome morphology and the origin of maize and its races. *Evolutionary Biology*, 17, 219-253.
- Kato, T. A. (1988). Cytological classification of maize race populations and its potential use. En CIMMYT (Ed.), *Recent advances in the conservation and utilization of genetic resources: Proceedings of the Global Maize Germplasm Workshop* (México, 6-12 de marzo de 1988). CIMMYT.
- Kenkel, N. C. (2006). On selecting an appropriate multivariate analysis. *Canadian Journal of Plant Science*, 86(3), 663-676. doi:10.4141/P05-164.
- Lê, S., Josse, J., & Husson, F. (2008). FactoMineR: an R package for multivariate analysis. *Journal of statistical software*, 25, 1-18.
- Letunic, I., & Bork, P. (2019). Interactive Tree of Life (ITOL) v4: Recent Updates and New Developments. *Nucleic Acids Res.*, 47, W256-W259, doi:10.1093/nar/gkz239.
- Mangelsdorf, P. C., & Cameron, J. W. (1942). Western Guatemala a secondary center of origin of cultivated maize varieties. *Botanical Museum Leaflets, Harvard University*, 10(8), 217-252.
- McBryde, F. W. (1947). *Cultural and historical geography of southwest Guatemala*. Smithsonian Institution, Institute of Social Anthropology Publication No. 4, 1-184.



- McClintock, B., Kato, Y.-T. A., & Blumenschein, A. (1981). *Chromosome constitution of races of maize*. Colegio de Postgraduados.
- Melchiorre, P., Bartoloni, N., & Cámara Hernández, J. A. (2017). Relaciones fenéticas entre razas de maíz (*Zea mays* ssp. *mays*) nativas de la provincia de Jujuy (Argentina). *Boletín de la Sociedad Argentina de Botánica*, 52(4), 717-735.
- Pages, J. (2004). Analyse factorielle de données mixtes. *Revue de statistique appliquée*, 52, 93-111.
- Patil, I. (2021). Visualizations with statistical details: The “ggstatsplot” approach. *Journal of Open Source Software*, 6(61), 3167. <https://doi.org/10.21105/joss.03167>
- R Core Team. (2022). *R: A Language and Environment for Statistical Computing* (Version 4.2.0) [Computer software].
- Sanchez, J.J.G., Goodman, M.M. and Rawlings, J.O. (1993). Appropriate characters for racial classification in maize. *Economic Botany* (47): 44-59.
- Schloerke, B., Cook, D., Larmarange, J., Briatte, F., Marbach, M., Thoen, E., Elberg, A., & Crowley, J. (2021). *Ggally: Extension to 'ggplot2'* (R package version X.X.X) [Software]. <https://CRAN.R-project.org/package=GGally>
- Shannon, C. E. (1948). A mathematical theory of communication. *Bell System Technical Journal*, 27(3), 379-423. <https://doi.org/10.1002/j.1538-7305.1948.tb01338.x>
- Simpson, E.H. (1949). Measurement of Diversity. *Nature*, 163, 688, doi:doi:10.1038/163688a0.
- Subirana, I., Sanz, H., & Vila, J. (2014). Building bivariate tables: The CompareGroups package for R. *Journal of Statistical Software*, 57(12), 1-16. <https://doi.org/10.18637/jss.v057.i12>
- Taba, S., Diaz, J., Franco, J., Crossa, J., & Eberhart, S. (1998). A core subset of LAMP. En S. Taba (Ed.), *Latin American maize germplasm conservation core subset development and regeneration: Proceedings of a workshop held at CIMMYT*, June 1-5, 1998.
- Tapia, C., Torres, E., Paredes, N., & Parra-Quijano, M. (2021). Morphological and eco-geographical diversity analysis of maize germplasm in the high altitude Andes region of Ecuador. *Plant Genetic Resources*, 19(3), 183-194. doi: 10.1017/S1479262121000125
- Wellhausen, E. J., Fuentes, A., & Hernández, A. (1957). *Races of maize in Central America* (in collaboration with P. C. Mangelsdorf). National Academy of Sciences – National Research Council Publication, 511.
- Wickham, H., Chang, W., & Wickham, M. H. (2016). *Package 'ggplot2'*. Create elegant data visualisations using the grammar of graphics. Version, 2(1), 1-189.



Capítulo 3.

Análisis genómico

1. Introducción

Los estudios de diversidad genética basados en caracteres que son influenciados por el ambiente, los agromorfológicos, por ejemplo, muestran en forma parcial la diversidad genética de las poblaciones bajo estudio. Por ello, es necesario complementar dichos estudios mediante el uso de marcadores genéticos en el nivel de ADN. En el caso de maíz se han utilizado diferentes marcadores, sobresaliendo el uso de microsatélites, metodología con alta repetitividad, costo relativamente bajo y sin requerimiento de capacidades tecnológicas altamente especializadas. Sin embargo, el número de marcadores no es alto (alelos polimórficos) y, además, es específico para las especies. Con los avances en la secuenciación de genomas, en la actualidad existen metodologías que permiten ampliar los estudios de diversidad genómica. En el presente caso se realizó un análisis basado en genotipificación por secuenciación (GBS), el cual proporciona cientos de miles de datos que amplían de manera considerable los estudios de diversidad genética a través de todo el genoma. En el caso del maíz el conocimiento y la clasificación certera de su diversidad genética es importante; de esta manera, toda la diversidad genética de las razas de maíz debe ser conocida y apropiadamente definida. Técnicas y herramientas objetivas y precisas son necesarias en forma urgente ya que la clasificación basada en morfología, adaptación y criterios culturales es insuficiente (Arbizu et al., 2025).

Las bases de datos generadas en el presente estudio son inicialmente utilizadas para el establecimiento de algunos parámetros que muestran la diversidad genética del maíz de Guatemala, sin embargo, estas bases de datos son una fuente de información única que puede ser utilizada en estudios más específicos. Ejemplo de esto es la identificación de regiones del genoma relacionados con elementos nutricionales de interés, la búsqueda de resistencia a factores ambientales adversos (cambio climático, por ejemplo), la orientación del desarrollo de variedades de nueva generación (Arca et al., 2023), el establecimiento de colecciones nucleares, así como estudios más a profundidad para esclarecer las diferentes razas y relaciones filogenéticas entre las razas de maíz de Guatemala, entre otras aplicaciones.

Los estudios desarrollados mediante la utilización de la técnica de secuenciación anotada son pioneros para Guatemala, mismos que han permitido el conocimiento más profundo de la diversidad genética de los maíces del país, y que complementa los conocimientos previos que se tienen basados en caracteres agromorfológicos. Además, ha permitido el desarrollo de capacidades en los principales actores relacionados con los estudios de diversidad genética del maíz en Guatemala.

2. Antecedentes

Estudios enfocados en materiales resistentes a sequía (Maselli et al., 2006) provenientes de zonas secas de Guatemala han generado colecciones de maíces (115 en total). Estas colecciones sirvieron para identificar 21 colecciones con buen rendimiento bajo condiciones simuladas de sequía. El análisis molecular de estas colecciones seleccionadas mostró los alelos característicos en los maíces provenientes de las zonas secas de Guatemala, así mismo que existe alta diversidad genética distribuida

principalmente dentro de las colecciones (80 %), y que los maíces provenientes de Zacapa, Chiquimula y Huehuetenango son más diversos que los provenientes de El Progreso, Jalapa, Zacapa y Baja Verapaz.

Maselli et al. (2014) colectaron y estudiaron el germoplasma de maíz del departamento de Sololá. El número total de accesiones fue de 209 provenientes de los 16 municipios de Sololá, seleccionando 48 muestras reportadas por los agricultores como las de mayor producción; con ellas se realizaron estudios de diversidad genética utilizando marcadores moleculares tipo microsatélites. La selección de los microsatélites utilizados fue en función de lo reportado en la literatura en cuanto a representar locus relacionados con resistencia a sequía y de alto rendimiento. Se identificaron los marcadores con más alelos, las frecuencias alélicas y patrón de alelos por municipio; además, se identificaron alelos previamente reportados en otro estudio genético de maíces procedentes de la zona seca de Guatemala (Maselli et al., 2006), así como la presencia de alelos únicos para el departamento de Sololá. En general, se reportó alta diversidad genética, indicándose que es necesario incrementar el número de primers a utilizar, así como el número de individuos por accesión.

van Etten et al. (2008) colectaron 79 muestras en el departamento de Chimaltenango y mediante el uso de marcadores moleculares tipo microsatélite, reportan que la diversidad genética observada muestra aislamiento significativo a nivel local comparado con el nivel regional. Esto posiblemente se debe a los patrones de intercambio de semillas. Además, se observó una relación significativa entre la altitud y las características de la mazorca y del grano; también reportan limitada influencia de las variedades modernas.

El CONAP (2014) como parte de un proyecto que tenía el objetivo de establecer las bases para declarar una reserva de conservación del maíz silvestre en Huehuetenango utilizando microsatélites, realizó un análisis preliminar de la diversidad genética presente en las poblaciones de maíz silvestre de Huehuetenango y en algunos materiales cultivados de la región. Los resultados mostraron tal como se esperaba, la diversidad genética es más alta en el germoplasma de maíz silvestre (*Zea mays* subsp. *huehuetenangensis*) que la presente en los materiales cultivados.

Un estudio amplio conducido mediante el uso de marcadores microsatélites en razas de maíz de América (Bedoya et al., 2017), incluyendo varias razas de Guatemala, mostró la presencia de tres grupos denominados México y parte sur de los Andes, parte baja de Mesoamérica, y sur América y región Andina. Las razas guatemaltecas se distribuyeron en diferentes grupos y subgrupos. Así, la raza quicheño precroz en el grupo México, parte sur de los Andes y en el subgrupo parte baja tropical. En el grupo de partes bajas de Mesoamérica, en el subgrupo del sur de México, Guatemala, Islas Vírgenes y Venezuela se reportan San Marceño, Olotón, Quicheño precoz, Comiteco, Olotón, Naltel, Negro de Chimaltenango y Naltel Blanco Tierra Baja. En el grupo de sur América y la región Andina, en el subnúcleo de la parte más norte de las tierras bajas tropicales se reporta Salpor y Naltel Amarillo de Tierra Baja. Es de hacer notar que el Naltel Amarillo de Tierra Baja y el Naltel Blanco de Tierra Baja son dos razas pertenecientes a dos de los grupos estudiados, esto puede reforzar la discusión



si ambas entidades son subrazas o razas. Caldú (2016) mostró mediante el uso de SNPs que se pueden diferenciar tres razas de maíz mexicano, dentro de las cuales se encuentra la raza Tewah. En su estudio utilizó materiales de origen mexicano y dos accesiones reportadas para Guatemala. Esto viene a confirmar que los materiales de origen guatemalteco pueden considerarse como parte de esta raza, dada su similitud con materiales mexicanos reconocidos plenamente como Tewah. Los datos genómicos reportados muestran cierta mezcla entre Tewah y Comiteco (otra raza presente en Guatemala).

3. Metodología

Se enviaron 545 accesiones de maíz de Guatemala al laboratorio de análisis genético del Centro Internacional de Mejoramiento de Maíz y Trigo (CIMMYT) en México. Se realizó un análisis genético a través de genotipificación por secuenciación (GBS) que da como resultado datos primarios (perfiles genómicos de marcadores moleculares DArT-Seq) a partir de muestras de ADN. La genotipificación es un sistema altamente multiplexado que genera cientos a cientos de miles de marcadores de tipo SNPs (Polimorfismos de nucleótido simple, marcadores codominantes) y PAVs (Variación de presencia/Ausencia, marcadores dominantes) a partir de representaciones genómicas reducidas y valiéndose de plataformas de secuenciación de última generación (NGS) ILLUMINA.

3.1. Análisis molecular

Se realizó el aislamiento de ADN a partir del tejido foliar de cada una de las muestras. Para ello, se germinaron las semillas en invernadero controlado. Luego, se realizó la liofilización del tejido vegetal, la extracción del ADN mediante el protocolo CTAB adaptado a maíz y, finalmente, controles del material genético mediante técnicas de electroforesis para garantizar la calidad y cantidad del material genético bajo estudio. Con el ADN obtenido se realizó la genotipificación de las 545 accesiones. La tecnología empleada fue DArTSeq y el método seleccionado fue el de alta densidad. La técnica incluyó la aplicación de una combinación de dos enzimas, una de corte frecuente (PstI) y otra de corte específico sensitivas a la metilación (para evitar regiones repetitivas del genoma), siendo esta segunda, afín a la especie. De esta manera y mediante un protocolo estandarizado se generaron librerías de fragmentos para los genotipos (muestras o accesiones) de interés, bajo estrictos controles de calidad. Las librerías fueron secuenciadas con la tecnología ILLUMINA en un secuenciador Novaseq6000. Al final se obtuvo la información a través de la cantidad de marcadores Silico DArT y SNPs obtenidos a partir de la genotipificación vía la tecnología DArTseq.

3.2. Análisis de datos

Debido a que el objetivo inicial de esta caracterización genotípica era conocer la diversidad genética de las accesiones de maíz, el análisis se centró principalmente en parámetros que tratan de responder de manera inicial a la estructura de las poblaciones y la diversidad genética presente en la colección de maíces de Guatemala. Se utilizó el software libre BIO-R (Copyright 2016 CIMMYT) versión 5.0 (2024-Nov). Se calcularon

la heterocigosidad, diversidad genética entre y dentro de grupos, índice de Shannon, número efectivo de alelos, % de loci polimórficos, distancia de Rogers, análisis clúster y escalamiento multidimensional en dos y tres dimensiones.

4. Resultados y discusión

Los resultados obtenidos para las muestras evaluadas fueron 122,249 SNPsDARtseq (código binario, 1 y 0), 174,865 DArTseq (conteo de fragmentos) y 336,699 Silico-Dart (código binario 1 y 0). Estos marcadores se deben utilizar a conveniencia de la población que se analiza y los propósitos del estudio. Los SNPs seleccionados para los análisis de diversidad y estructura genética estaban bien distribuidos a lo largo de los 10 cromosomas del maíz (Figura 37), lo cual asegura buena representación de la diversidad genética de las accesiones estudiadas.

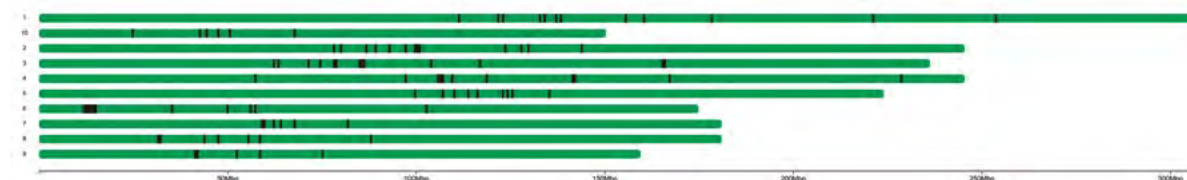


Figura 37. Distribución de los SNIPs seleccionados a lo largo de los diez cromosomas del maíz. Los puntos negros son áreas en donde no hay presencia de los SNIPs seleccionados.

Los resultados muestran que la diversidad del germoplasma evaluado es considerable y los datos obtenidos son óptimos para su empleo en diferentes tipos de análisis, sobre todo aquellos relacionados con el estudio de la diversidad genética de las muestras caracterizadas.

4.1. Estructura de la población: similitud entre accesiones

El análisis clúster obtenido (Figura 38) muestra tres núcleos bien definidos, el identificado con el No. 1 constituido por 323 accesiones procedentes de las partes bajas del país (promedio de 724 ms.n.m.); el núcleo dos, 133 accesiones de las partes más altas del país (promedio de 2,649 ms.n.m.); y el núcleo 3 con 82 accesiones procedentes de partes intermedias (promedio 2,094 ms.n.m.). Se puede apreciar en la Figura 38 que el núcleo 2 y 3 son los más similares, mientras que el núcleo 1 se separa de los dos mencionados. Estos resultados son congruentes con el conocimiento actual que se tiene sobre la distribución de razas de maíz en Guatemala (Wellhausen et al., 1957), ya que se reporta que por encima de los 2000 ms.n.m. hay por lo menos 17 razas de 23 (70 %), mientras que en la parte baja se reporta presencia de 7 razas (30 %). Estos datos son un primer acercamiento a la interpretación de la diversidad genética presente en el germoplasma de maíz de Guatemala ya que, en las accesiones estudiadas, no necesariamente están presentes todas las razas reportadas, así como alguna de las dos nuevas recién reportadas (CONAP, 2024).

El análisis más detallado de los núcleos y subnúcleos formados en la Figura 38, se muestra en el Cuadro 12. Se puede observar que la distribución de la diversidad genética de los maíces de Guatemala en cada núcleo sigue el mismo comportamiento explicado para los grupos formados; es decir, la altitud sobre el nivel del mar es el factor más importante a considerar cuando se estudia la diversidad genética del maíz de Guatemala. Estos resultados son importantes ya que muestran la diversidad genómica de este germoplasma, es decir, el efecto ambiente es separado. Esto especialmente si se recuerda que las muestras analizadas es germoplasma procedente de sus localidades de recolección original y no de poblaciones obtenidas en caracterizaciones realizadas en otras localidades, tal como se realizó en el análisis agromorfológico discutido en el capítulo anterior. Sin embargo, el comportamiento general de la diversidad genómica es bastante similar a los resultados presentados en los análisis agromorfológicos, en donde, también la diversidad genética se agrupa en materiales procedentes de la parte baja, intermedia y alta de Guatemala.

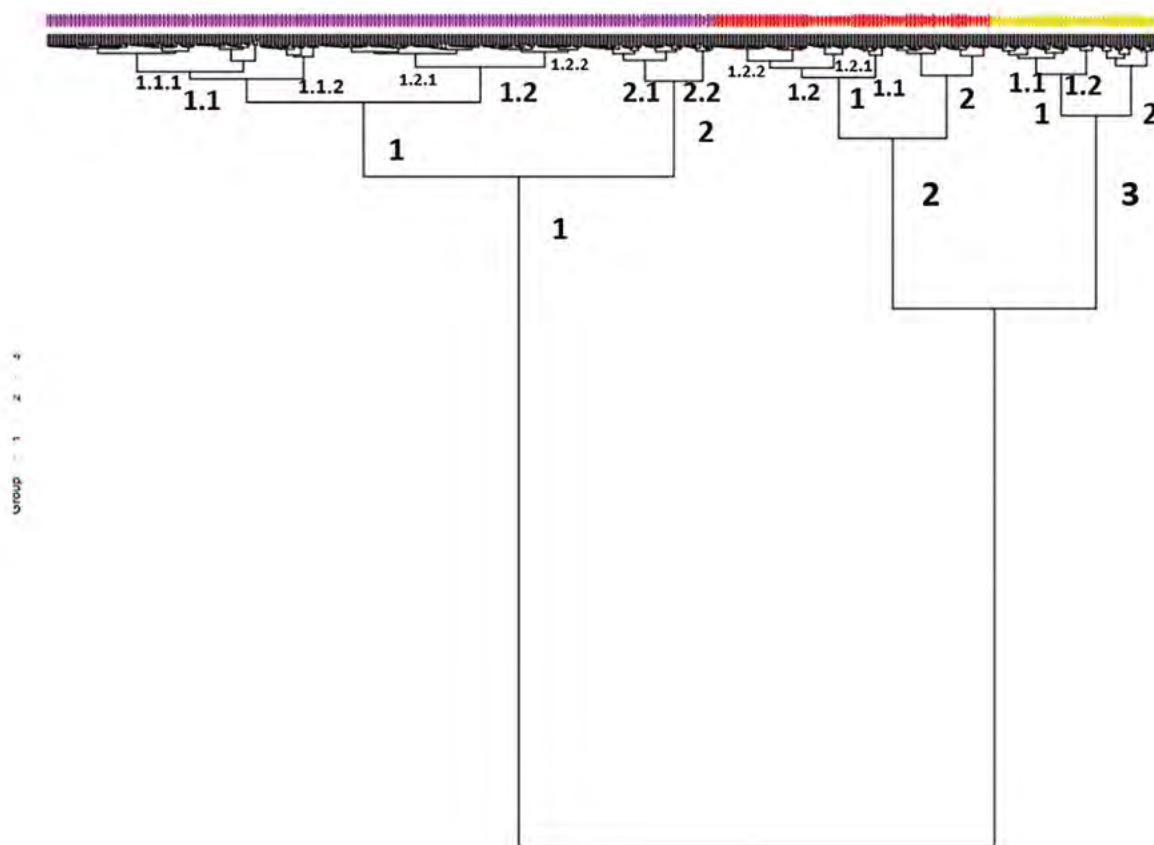


Figura 38. Fenograma mostrando las relaciones genéticas basadas en análisis genómico de maíces nativos de Guatemala.

Otra forma de comprobar la similitud entre accesiones es utilizar la metodología de escalamiento multidimensional basado en variables que no son continuas (Principal coordinate analysis, PCoA). Los resultados se pueden mostrar en dos y en tres dimensiones. La Figura 39 muestra la distribución en dos dimensiones dadas por la variación presente en el factor uno (22.62 %) y el factor 2 (2.3 %); y en la Figura 40 se muestra la distribución en tres dimensiones, resultado de los Factores 1, 2 y 3 (22.62 %, 2.3 % y 1.02 % de variación, respectivamente). Claramente se observa la existencia de tres clústeres, por ello, estos resultados refuerzan los resultados mostrados en la Figura 38 del análisis clúster.

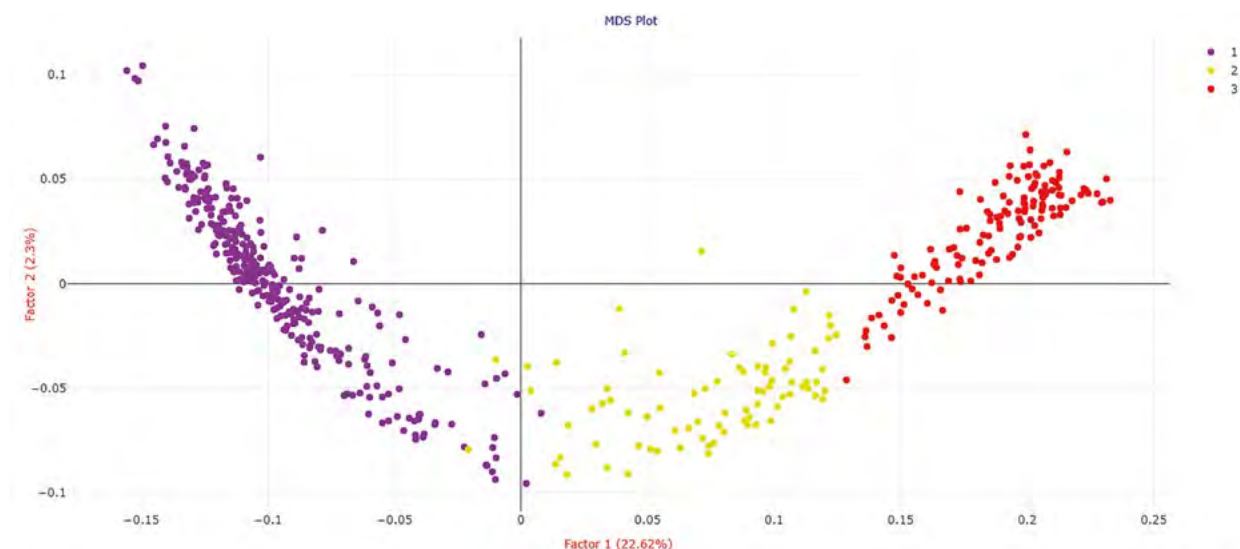


Figura 39. *Análisis en dos dimensiones, diversidad de maíces de Guatemala*

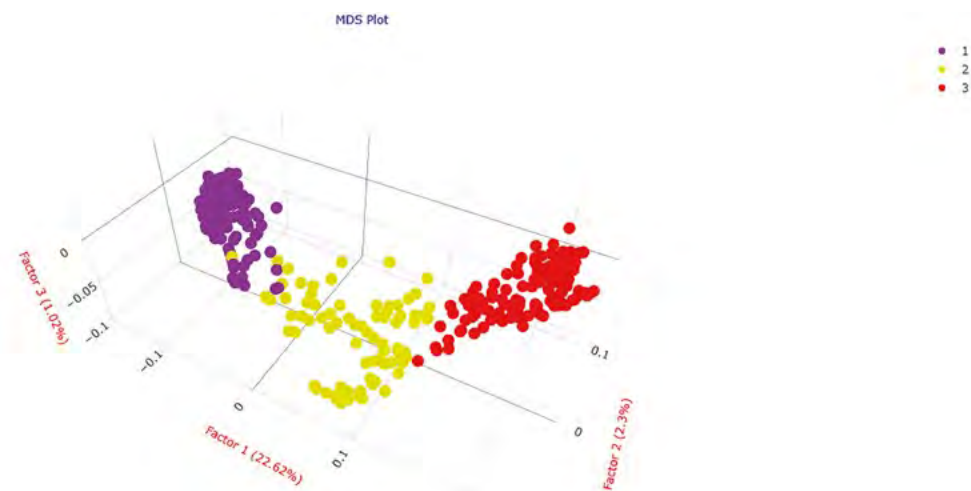


Figura 40. *Análisis en tres dimensiones, diversidad genética de maíces de Guatemala.*

Para visualizar de mejor manera la distribución de los clústeres de diversidad genética generados mediante la Figura 38, la Figura 41 muestra la distribución de estos dentro del territorio de Guatemala. Se puede observar que los departamentos del altiplano de Guatemala son los que representan la mayor diversidad de maíz, ya que tienen por lo menos dos clústeres; sobresalen departamentos como Huehuetenango que tiene representación de accesiones pertenecientes a los tres clústeres reportados en la Figura 38. La parte norte, oriente y sur del país reporta presencia de un solo clúster, precisamente el representativo de las partes bajas del país. Estos resultados vienen a corroborar los resultados obtenidos en el capítulo anterior, si se comparan la Figura 41 del presente capítulo y la Figura 32 del capítulo anterior.

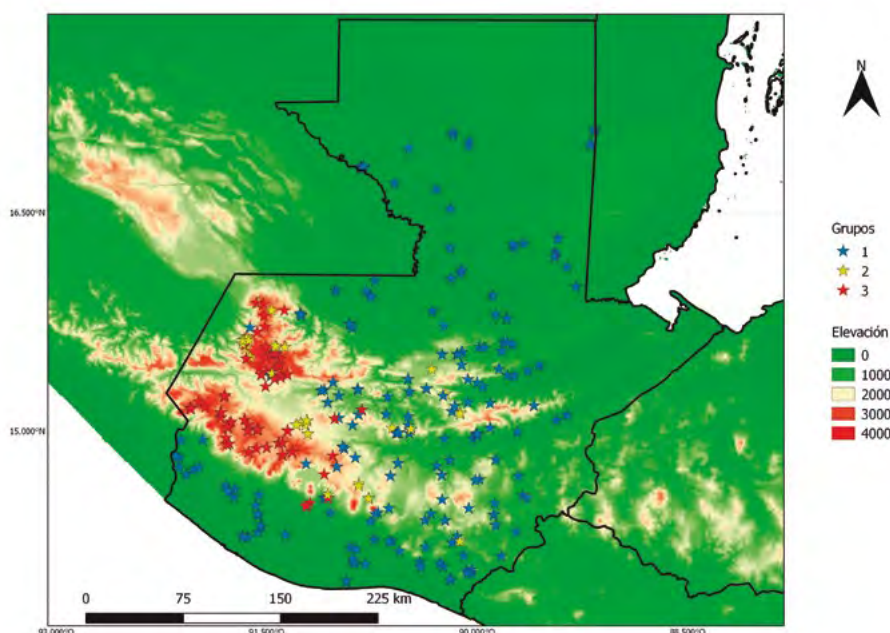


Figura 41. Distribución en Guatemala de los clústeres generados en la Figura 38.

Una de las características propias de los llamados centros de origen y diversidad de plantas cultivadas es la riqueza cultural que se presenta en el mismo, acompañado de la presencia de los denominados parientes silvestres de los cultivos. El caso de Guatemala, como parte de Mesoamérica, no es la excepción. El conocimiento tradicional asociado a los recursos genéticos es discutido por Azurdia y Cotí (2021), Azurdia (2019) y Díaz y Azurdia (2001) mostrando el papel que juega la riqueza cultural en zonas de alta riqueza biológica, como lo es Guatemala. La diversidad genética reportada para los maíces de Guatemala, como se esperaba, muestra una relación estrecha con la riqueza cultural del país. En la Figura 42 se puede observar claramente que la mayor diversidad de maíces se encuentra en la región occidental de Guatemala, en donde, a su vez, se encuentra la mayor diversidad en cuanto a idiomas de origen maya.

4.2. Algunas consideraciones sobre las razas presentes

Diversidad racial no es un indicador de la estructura genética en maíz ya que las razas fueron descritas utilizando solamente algunos caracteres morfológicos, principalmente de la mazorca y del grano. Similarmente, existen criterios ecológicos y culturales para clasificación que no son bien entendidos. Clasificación más acertada es esencial, toda la diversidad de las razas de maíz podrá ser entendida si las razas son definidas apropiadamente. Técnicas y herramientas precisas para este tipo de investigación son requeridas urgentemente, ya que la clasificación basada en morfología, adaptación y criterios culturales es insuficiente (Arbizu et al., 2025). A continuación, se anotan algunos datos preliminares obtenidos a partir de la información presentada en la Figura 38.

Las accesiones de la nueva raza de maíz denominada salpor majoco, se encuentran en el subnúcleo 1.2.2, separado de las accesiones de las razas Dzit-Bacal. Esto indica que estas accesiones de salpor majoco son diferentes a la raza mencionada, por lo que se responde a la inquietud planteada por CONAP (2024) en cuanto a la relación entre ambas razas. Además, las accesiones de salpor de tierra fría están ubicadas en el núcleo 3 y 2, con lo queda claro que la raza salpor majoco de tierras bajas es totalmente distinta a los salpores de tierras altas. Esto viene a apoyar el planteamiento que esta es una nueva raza para Guatemala. Es decir, en Guatemala existen tres tipos de salpores (maíces harinosos); el simplemente llamado Salpor, el Salpor tardío y el Salpor Majoco.

Como se ha mencionado, el departamento de Huehuetenango es uno de los que presentan mayor diversidad de maíz. En el fenograma representado por la Figura 38, el subnúcleo 1.2.1 del núcleo 2 está constituido exclusivamente por accesiones procedentes de la parte alta de los Cuchumatanes (las accesiones más altas de Guatemala reportadas en el presente estudio) a un promedio de altura de 2930 ms.n.m. En la misma se puede identificar accesiones pertenecientes a razas como serrano, quicheño rojo, salpor e imbricado; accesiones de estas mismas razas procedentes de otras partes del altiplano de Guatemala (San Marcos, Quetzaltenango) se encuentran distribuidas en otras subnúcleos. De igual manera, otras accesiones del departamento de Huehuetenango distribuidas a menor altura se encuentran conformando casi exclusivamente otros subnúcleos (3.1.2 y 2.1.1). Por otro lado, en las partes bajas del departamento se reporta la presencia de la raza Tewah, la cual es casi exclusiva del departamento de Huehuetenango (CONAP, 2024). Entonces se puede mencionar que, dadas las condiciones de alta diversidad de ecosistemas aislados geográficamente, la diversidad genética del departamento de Huehuetenango es única.

La raza San Marceño está distribuida principalmente en el subnúcleo 1.2.2 del núcleo 2, el cual tiene un promedio de altitud de 2576 ms.n.m., con accesiones procedentes principalmente de San Marcos y ninguna de Huehuetenango. Esta información viene a establecer otra región de Guatemala con diversidad genética interesante.

La raza Dzit-Bacal tiene accesiones distribuidas en el oriente de Guatemala, en parte de la franja transversal del norte y, principalmente, en Petén. Las accesiones provenientes de las partes más altas (promedio 1363 ms.n.m.) procedentes de Quiché,



se agrupan en el subnúcleo 1.2.1, mientras que las restantes a alturas más bajas conforman principalmente el 1.1.1. Esta información actualiza la información dada por Wellhausenn et al. (1957), quienes reportaban la distribución de esta raza solo para el oriente de Guatemala.

La raza naltel ha sido reportada como constituida por cuatro subrazas, diferenciadas por el color del grano y la altitud sobre el nivel del mar del cual provengan. En el presente estudio se pudo comprobar que las denominadas subrazas naltel blanco tierra baja y naltel amarillo tierra baja conforman grupos genéticos que están distribuidas exclusivamente en las partes bajas del país (núcleo 1), mientras que las denominadas subrazas naltel amarillo tierra alta y naltel blanco tierra alta están conformando los núcleos de las partes altas del país (núcleo 2 y núcleo 3). Entonces, se podría plantear que estas subrazas (al menos las de las partes bajas y de las partes altas) son grupos genéticamente distintos, por lo cual, mantenerlas a nivel de subraza es discutible. Ya se ha discutido que el concepto de raza se ha establecido en base a pocos caracteres morfológicos y agronómicos, y no por información generada por estudios más profundos de diversidad a lo largo de todo el genoma.

Las anotaciones referentes a razas de maíz que se mencionan son consideraciones generales sobre las razas que componen las accesiones caracterizadas genómicamente en el presente estudio. Para poder profundizar en el conocimiento de las razas de maíz de Guatemala, sus relaciones genéticas, su diversidad y estructura genética, es necesario continuar con un estudio comparativo de las razas plenamente identificadas utilizando la información genómica generada en el presente estudio. Buenos ejemplos para seguir son los desarrollados con razas de maíz de México (Arteaga et al., 2016; Caldu-Primo et al., 2017) y de Perú (Arbizu et al., 2025).

4.3. Otros datos de estructura poblacional

El Cuadro 13 muestra otros datos que definen la estructura de las poblaciones. Se muestra la diversidad presente entre y dentro de los grupos conformados por el análisis clúster. Se puede observar que la diversidad entre los grupos es pequeña (se considera como diversidad pequeña cuando se obtienen valores entre 0.0 y 0.05) comparada con la diversidad presente dentro de los grupos. Estos resultados son propios de especies que tienen cruzamiento alógamo, tal como es el maíz. Es notorio que los grupos representativos de la parte intermedia y alta de Guatemala (grupo dos y tres) presentan mayor diversidad dentro del grupo que el presente en el núcleo 1, el cual representa a las accesiones de las partes bajas del país. Se debe recordar que se espera que la diversidad genética presente en las partes altas del país sea mayor que la presente en las partes bajas, tal como ha sido discutido en el análisis agromorfológico, así como en el reporte de mayor número de razas de maíz en las partes intermedias y altas del país. Similarmente, un aspecto que debe tomarse en cuenta es que se esperaría mayor diversidad genética del maíz en aquellas regiones en donde existen mayor presencia de culturas indígenas, las cuales consideran al maíz como su principal elemento de producción a través del sistema milpa, el cual representa un agrosistema con mayor diversidad y con alta resiliencia. Huehuetenango es un claro ejemplo, en donde por lo menos se hablan ocho idiomas de origen Maya.

Otra forma complementaria de analizar la diversidad genética entre grupos y dentro de grupos se presenta en el Cuadro 14. El análisis AMOVA muestra que la diversidad genética total está representada por la diversidad entre los tres grupos conformados y la diversidad total presente dentro de los grupos. De igual manera, se observa que la diversidad entre grupos es menor que la presente dentro de los grupos. Estudios conducidos por Azurdia (1994) con especies de *Phaseolus* de cruzamiento alógamo (*Phaseolus coccineus* y *Phaseolus dumosus*) de Guatemala, presentan similares resultados.

Cuadro 13. Estructura poblacional por grupos, análisis clúster.

Tipo diversidad	Valor	No. Alelos
Entre grupos	0.04595	7414
Dentro grupos	Grupo 1: 0.2364	7414
	Grupo 2: 0.2777	7414
	Grupo 3: 0.2932	7414

Cuadro 14. Análisis molecular de la varianza de la variación genética de 534 accesiones de maíz de Guatemala.

Fuente	DF	Suma cuadrados	MS	F	Pr.F.	Sigma	% variación	Phi
Entre grupos	2	8.6221	4.3110	77.40	0.001	0.02381	29.95	0.2995
Dentro de grupos	533	29.6856	0.0556	NA	NA	0.0556	70.04	NA
Total	535	38.3077	0.0716	NA	NA	0.0795	100	NA

DF: grados de libertad, MS: cuadrado de la media, F; Pr.F.; Phi: diferenciación estadística.

El análisis AMOVA permite determinar la diferencia en frecuencias alélicas entre subpoblaciones dentro de una región y también la diferencia en frecuencias alélicas entre regiones. Entre menos diferente sean las poblaciones entre ellas, mayor será la diversidad genética entre sus individuos. En los datos del análisis AMOVA se puede observar que la mayor diversidad genética se encuentra dentro de los grupos (70.04 %) comparada con la presente entre los grupos (29.95 %). Un significativo valor de Phi fue obtenido (0.2995), esto significa que la diversidad genética en las accesiones de maíz de Guatemala hay mayor variación dentro de las accesiones que componen los diferentes grupos que la diversidad genética existente entre grupos. Estos datos son importantes porque pueden orientar los métodos de conservación del germoplasma, ya sea en condiciones *ex situ* o *in situ*.

4.4. Diversidad genética

El resumen de los datos de diversidad genética se muestra en el Cuadro 15. La heterocigosidad esperada se estima a partir de la frecuencia alélica, la observada se estima directamente a partir de los genotipos individuales y depende tanto de la cantidad de variación genética en la población como en el nivel de endogamia que aumenta la homocigosis. Una alta heterocigosidad significa mucha variabilidad genética, una baja significa poca variabilidad genética. En el presente caso se reporta una heterocigosidad esperada de 0.282, la cual, de acuerdo con los reportes de Arca et al. (2023), es ligeramente más baja que la presente para algunas accesiones provenientes de México y Centro América, y sur América (0.328 y 0.32.3 respectivamente), así como para el dato de 46 razas de maíz de México (0.311) reportadas por Arteaga et al. (2016); y para razas de la parte alta de Perú, las cuales según Arbizu et al. (2025) fue de 0.35. El coeficiente de endogamia es de 0.1811 ($H_e - H_o / H_e$), debido a que la heterocigosidad observada es menor (0.2310) que la heterocigosidad esperada (0.2821) y en este caso por ser positivo muestra una reducción de la heterocigosidad en las diferentes accesiones de maíz evaluadas. Este resultado contrasta con otros resultados mostrados para diferentes razas de maíz de México (Arteaga et al., 2016), en donde predominan los coeficientes de endogamia negativos, indicando mayor heterocigosidad observada que esperada. De acuerdo con estos autores, la mayoría de las razas estudiadas forman grupos de cruzamiento cruzado. Sin embargo, los datos reportados para el caso de Guatemala coinciden con los datos reportados para algunas razas de maíz del altiplano de Perú, en donde los coeficientes de endogamia son positivos (Arbizu et al., 2025), variando de 0.21 a 0.27. El maíz es básicamente una especie de cruzamiento cruzado, sin embargo, este dato para los materiales de origen guatemalteco llama a la reflexión. Anderson (1947) fue quien hizo los primeros estudios extensivos de maíz en Guatemala, resaltando que las variaciones en un mismo campo de maíz en Guatemala son menores que en cualquier otra región en la cual el haya estudiado el maíz. Entonces, será posible que este comportamiento permita mayor uniformidad en las características del maíz y, por ende, a nivel de unidad productiva se esté reduciendo la heterocigosidad. Este autor menciona que la razón para la estabilidad del maíz de Guatemala requiere estudios adicionales; en parte, al menos, se basa en la selección rígida por tipos físicos en las mazorcas cosechadas.

Cuadro 15. Resumen de algunos elementos importantes que definen la diversidad genética de los maíces de Guatemala.

% de loci polimórficos	0.0811
Heterocigosidad esperada	0.2821
Desviación estándar de la HE	0.0016
Heterocigosidad observada	0.2310
Desviación estándar de la HO	0.0003
Número de alelos efectivos	1.4506
Desviación estándar para Ae	0.0004
Índice de diversidad de Shannon	0.6387
Desviación estándar para Shannon	0.0028

Inbreeding coefficient: $F_{is} = H_e - H_o / H_e = 0.2821 - 0.23 / 0.2821 = 0.1811$.

5. Conclusiones

La diversidad genética de las accesiones de maíz de Guatemala basado en genotipificación muestra que la misma es influenciada, principalmente, por la altitud sobre el nivel del mar del cual proviene cada accesión, resultados similares si se usa análisis clúster o de escalamiento multidimensional. De esta manera se tienen tres grupos, una de las partes bajas, una de las partes intermedias y una de las partes más altas del país. Estos resultados confirman los obtenidos previamente mediante análisis de datos agromorfológicos.

La distribución de los diferentes clústeres en el área del país muestra que los departamentos con mayor variabilidad genética son los del altiplano occidental de Guatemala, especialmente Huehuetenango, San Marcos y Quetzaltenango. De igual manera, la diversidad genética presente en la parte baja del país es diferente a la presente en las áreas más altas, por lo cual, también debe considerarse como importante.

El análisis de otros componentes de diversidad mostró que la diversidad genética de los materiales de Guatemala es alta, comparada con resultados obtenidos en otros estudios con alta diversidad reportada como son México y Perú. Similarmente, el coeficiente de hibridación es positivo, lo que refleja reducción de la heterocigosis esperada.

Las accesiones de maíz de Guatemala se comportan como verdaderas poblaciones alógamas ya que la diversidad genética entre grupos es más baja que la diversidad genética dentro de grupos. Este comportamiento puede orientar las metodologías de muestreo y de conservación, ya sea *in situ* o *ex situ*.

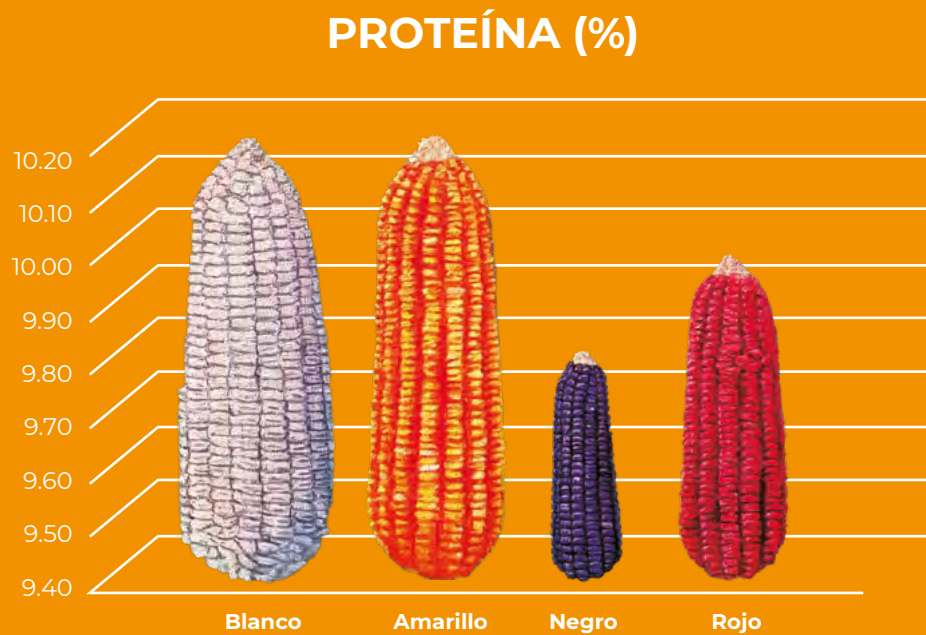
Los resultados obtenidos son parciales, ya que la base de datos generada por la metodología de genotipificación utilizada genera miles de datos que permite realizar numerosos análisis de diversidad genética como: profundizar en las relaciones entre razas de maíz, identificación más certera de la raza de maíz a la que pertenece cada accesión estudiada, relación entre caracteres genotípicos y ambiente, búsqueda de resistencia a factores ambientales adversos, identificación de zonas del genoma relacionados con elementos nutricionales de interés, entre otros.

6. Referencias

- Anderson, E. (1947). Field studies of Guatemalan maize. *Annals of the Missouri Botanical Garden*, 34(4), 433-467. <https://doi.org/10.2307/2394775>
- Arbizu, C. I., Bazo-Soto, I., Flores, J., Ortiz, R., Blas, R., García-Mendoza, P. J., ... & Grobman, A. (2025). Genotyping by sequencing reveals the genetic diversity and population structure of Peruvian highland maize races. *Frontiers in Plant Science*, 16, 1526670. <https://doi.org/10.3389/fpls.2025.1526670>
- Arca, M., Gouesnard, B., Mary-Huard, T., Le Paslier, M. C., Bauland, C., Combes, V., ... & Nicolas, S. D. (2023). Genotyping of DNA pools identifies untapped landraces and genomic regions to develop next-generation varieties. *Plant Biotechnology Journal*, 21(6), 1123-1139. <https://doi.org/10.1111/pbi.14022>
- Arteaga, M. C., Moreno-Letelier, A., Mastretta-Yanes, A., Vázquez-Lobo, A., Breña-Ochoa, A., Moreno-Estrada, A., ... & Piñero, D. (2016). Genomic variation in recently collected maize landraces from Mexico. *Genomics data*, 7, 38-45. <https://doi.org/10.1016/j.gdata.2015.11.002>
- Azurdia, C. (1994). *Genetic diversity in the Phaseolus vulgaris complex in Guatemala* [Tesis doctoral, University of California].
- Azurdia, C. (2019). Recursos fitogenéticos y cambio climático: un aporte para el SIGAP. Documento técnico No. 09-2019.
- Azurdia, C., Cotí, P. 2021. Recursos genéticos y conocimientos tradicionales: un enfoque desde un país megadiverso. Publicación técnica No. 07-2021.
- Bedoya, C. A., Dreisigacker, S., Hearne, S., Franco, J., Mir, C., Prasanna, B. M., ... & Warburton, M. L. (2017). Genetic diversity and population structure of native maize populations in Latin America and the Caribbean. *Plos one*, 12(4). <http://doi.org/10.1371/journal.pone.0173488>
- Caldú, J. L. (2016). *Caracterización de las razas de maíz (Zea mays L.) Tehua, Zapalote Chico, Zapalote Grande, Comiteco y Conejo, por métodos genómicos* [Tesis de pregrado, Universidad Nacional Autónoma de México].
- Caldu-Primo, J. L., Mastretta-Yanes, A., Wegier, A., & Piñero, D. (2017). Finding a needle in a haystack: distinguishing Mexican maize landraces using a small number of SNPs. *Frontiers in Genetics*, 8, 45. doi: 10.3389/fgene.2017.00045
- CIMMYT. (2016). BIO-R (versión 5.0) [Software]. Centro Internacional de Mejoramiento de Maíz y Trigo. <https://data.cimmyt.org/dataset.xhtml?persistentId=hdl:11529/10820>.
- CONAP. (2014). *Declaratoria de Paisaje Cultural y Natural Protegido a la zona de distribución natural del ancestro silvestre del maíz Zea mays ssp huehuetenangensis en la región huista de Huehuetenango, San Antonio, Santa Ana y Concepción Huista, Jacaltenango, Huehuetenango*. CONAP; FONACON.



- CONAP. (2024). *Profundizando en el conocimiento de la diversidad genética del maíz de Guatemala: caso del Tewah y Salpor Majoco*. Publicación Técnica No. 09-2024.
- Díaz, E., Azurdia, C. 2001. El papel de la mujer en la conservación de los recursos genéticos del maíz. Guatemala. FAO, IPGRI. 55 p.
- Maselli, S., M. Fuentes, J. L. Zea. (2006). *Colección, evaluación, caracterización agromófica y molecular con microsatélites (SSR) de germoplasma de maíz (Zea mays L.) con tolerancia a sequía*. Informe de Proyecto No. 010-02, línea AGRO-CYT del CONCYT. Instituto de Ciencia y Tecnología Agrícolas, ICTA. Bárcena, Villa Nueva, Guatemala. 37 pp.
- Maselli, S., Navas, A., & Melgar, F. (2014). Establecimiento de un banco de semillas en uvg-antiplano y estudio preliminar a nivel molecular de la diversidad de maíz criollo almacenado en el banco. *Revista de la Universidad del Valle de Guatemala*, 27 (40-48p). <https://repositorio.uvg.edu.gt/xmlui/handle/123456789/5484>
- van Etten, J., Fuentes López, M. R., Molina Monterroso, L. G., & Ponciano Samayoa, K. M. (2008). Genetic diversity of maize (*Zea mays* L. ssp. *mays*) in communities of the western highlands of Guatemala: geographical patterns and processes. *Genetic Resources and Crop Evolution*, 55, 303-317. <https://doi.org/10.1007/s10722-007-9235-4>
- Wellhausen, E. J., Fuentes, A., & Hernández, A. (1957). *Races of maize in Central America*. National Academy of Sciences – National Research Council Publication, 511.



Capítulo 4.

Análisis nutricional

1. Introducción

Los centros de origen y diversidad de plantas cultivadas son áreas geográficas en las cuales se ha centrado la búsqueda de alternativas para el mejoramiento de especies cultivadas. Tradicionalmente, esta búsqueda ha enfatizado la diversidad genética como fuente de rasgos asociados con el rendimiento, la resistencia a plagas y enfermedades, tolerancia a estrés abiótico incluyendo sequía y calor, aspectos esenciales hoy en día ante los desafíos del cambio climático. Sin embargo, es fundamental reconocer que la diversidad genética también abarca la variabilidad en el contenido y calidad de los compuestos nutricionales, que son esenciales tanto para la alimentación humana como animal. En este contexto, el estudio de la línea base de la diversidad nutricional del maíz adquiere gran relevancia. Es importante considerar componentes clave como el contenido y calidad de proteína, la fibra dietética, el zinc, el hierro y compuestos bioactivos como carotenoides en maíces amarillos y antocianinas en maíces azules, los cuales tienen implicaciones directas en el procesamiento, la nutrición y la salud pública, particularmente en poblaciones con dietas con alto consumo de este cereal. En regiones como Centro América, donde el maíz proporciona hasta el 80 % de proteína de la dieta de hogares rurales, la identificación y selección de variedades con perfiles nutricionales mejorados es una estrategia de alto impacto tanto en términos nutricionales como agronómicos. Por ejemplo, algunas de las deficiencias provocadas por la falta de hierro y zinc son retraso en el crecimiento, madurez ósea, sexual, dermatitis, diarrea, alopecia, fallas en el sistema inmunológico, anemia, deterioro mental, problemas durante el embarazo, disminución de la productividad y baja tasa de conversión de energía a partir de los alimentos (Palacios-Rojas, 2018).

Comprender esta diversidad nutricional permitirá identificar materiales genéticos con características nutricionales sobresalientes, lo cual abre múltiples vías para su aprovechamiento estratégico. Por un lado, estos materiales pueden ser promovidos directamente en contextos específicos como variedades nativas o mejoradas con alto valor nutricional, adaptadas a las condiciones agroecológicas y culturales de determinadas regiones. Por otro, ofrecen una base valiosa para su incorporación en programas de mejoramiento genético, tanto convencionales como participativos.

Esta diversidad representa una oportunidad para nutrir los esquemas de biofortificación con fuentes genéticas ya adaptadas o con características deseables en cuanto a contenido de micronutrientes (como zinc y hierro), proteína de calidad, fibra y compuestos funcionales. Además, pueden integrarse en procesos de mejoramiento participativo con comunidades, permitiendo no solo adaptar el material a las condiciones locales, sino también alinear las preferencias agronómicas, nutricionales y culinarias de los agricultores y consumidores, fortaleciendo así la adopción y el impacto de las variedades resultantes.

Este enfoque promueve una visión más integrada de la mejora del maíz, donde el valor nutricional es tan importante como el rendimiento o la resistencia, y donde la participación de las comunidades y la conservación del conocimiento local son elementos fundamentales del proceso de innovación agrícola.

A pesar que en Guatemala se ha desarrollado investigación en maíces nativos por varias décadas, la presente investigación es la primera que trata de conocer la diversidad genética en cuanto contenido nutricional de una gran parte del germoplasma de maíz presente en Guatemala. Se espera que la información generada sea tomada con la importancia que representa por parte de las instituciones de gobierno, academia, iniciativa privada, ONGs y otras relacionadas, para orientar la mejora de la disponibilidad de materiales de maíz nativo, y contribuir a la mejora de la seguridad alimentaria y nutricional de la población guatemalteca, uno de los temas aún pendientes.

2. Antecedentes

Bressani y colaboradores en la década de los 50s desarrollaron investigación con algunos materiales de origen guatemalteco. Aspectos que se evaluaron fueron contenido de proteína, fibra cruda, minerales (Bressani et al., 1953; Bressani y Martz, 1958), lisina, metionina (Aguirre et al., 1953), triptófano, niacina, timina, riboflavina (Aguirre et al., 1953), influencia varietal y ambiental en el contenido de nitrógeno, aminoácidos esenciales y contenido de grasa (Bressani et al., 1962), entre otros. Estos estudios pioneros orientaron los estudios posteriores conducidos principalmente por el Instituto de Nutrición de Centro América y Panamá (INCAP) y de buena manera descritos por Bressani y Joachin (s.f.).

En 1964 se obtuvo información sobre el desarrollo del maíz Opaco-2 (Mertz et al., 1964) con presencia del gen 02 que inducía aumento significativo en el contenido de lisina y triptófano en la proteína del maíz. Su evaluación biológica del mayor contenido se demostró en varias ocasiones (Bressani y Elias, 1972).

De acuerdo con ICTA (2016) la biofortificación es una técnica que permite hacer cruces entre diferentes variedades con un alto contenido de determinado nutriente o mineral de interés en la alimentación humana. Diferentes acciones llevadas a cabo por esta institución se resumen a continuación.

Como resultado de los esfuerzos colaborativos entre el ICTA, INCAP y CIMMYT en 1983 se puso a disposición de los agricultores la primera variedad de maíz con alto contenido de proteína, denominada “Nutricia”. Seguidamente, en el año 2000 el híbrido HB Proticta (ICTA, 2,000). Estos materiales presentaban características altamente nutritivas equivalentes a la leche y con buenos rendimientos, sin embargo, su distribución y uso no tuvieron buenos resultados. En el caso de HB Proticta, el mejoramiento genético se basó en la incorporación del gene Opaco-2 y se reporta que posee 206 mg/gN de lisina (maíz común 177 mg/gN) y triptófano 94 mg/gN (maíz común 35 mg/gN). En el año 1999 fue validado en 27 localidades.

En el año 2009 se lanzó el híbrido ICTA Maya con mejores características como alto rendimiento, tolerancia a pudrición de mazorca, resistencia al acame y alta calidad de proteína (ICTA, 2009). En el año 2013 se promovieron 1,000 quintales de semilla beneficiando a cerca de 11,000 familias. Posteriormente, el ICTA creó la variedad ICTA B-9 ACP, primera con alta calidad de proteína liberada en Guatemala, tolerante a la sequía y con rendimiento promedio de 60-90 quintales por manzana con buen



manejo agronómico. Para el año 2018 se puso a disposición de los agricultores los materiales biofortificados variedad ICTA B-15 CP+Zn y el híbrido HB-18 ACP+Zn, con alta cantidad de proteína y con el 50 % más de zinc que el comúnmente disponible en el mercado (ICTA, 2022). El ICTA B-15 CP+Zn fue validado en 2018 en 54 parcelas de prueba en seis municipios de la zona norte de Guatemala (CRIA, 2018). Se indica que las tortillas elaboradas a partir de estos materiales tienen 60 % más de lisina y triptófano que las elaboradas con maíces convencionales. Todos estos materiales son destinados para altitudes de 0 a 1400 ms.n.m.

3. Metodología

Las 545 accesiones que fueron analizadas genómicamente también fueron evaluadas nutricionalmente por el Laboratorio de Calidad Nutricional del Maíz “Evangalina Villegas” del Centro Internacional de Mejoramiento de Maíz y Trigo (CIMMYT). Los análisis realizados incluyeron contenidos de proteína, lisina, triptófano, hierro, zinc, fibra dietética, antocianinas totales en maíces azules y carotenos totales en maíces amarillos. Las metodologías de análisis se detallan en Palacios-Rojas (2018). Todos los datos son reportados en base seca. Las muestras son de un solo ciclo reproductivo y los datos son un primer indicativo que sirven para seleccionar los materiales de mayor interés, por lo cual, es necesario evaluarlos nuevamente, dada la interacción genotipo ambiente que puede darse para algunos compuestos.

4. Resultados y discusión

El Cuadro 16 resume la información obtenida, comparándose con la información que se tiene sobre el contenido nutricional del maíz en general. Se puede observar que los maíces nativos de Guatemala se encuentran dentro de los rangos reportados para el maíz cultivado, sin embargo, hay ciertos compuestos que sobrepasan los reportes conocidos; tal es el caso de proteína y hierro. A continuación, se anotarán y discutirán los resultados por cada uno de los compuestos mencionados.

Cuadro 16. Resumen del análisis nutricional del maíz de Guatemala comparado con los datos de referencia para el maíz cultivado.

Compuesto	Diversidad de maíz	Maíces nativos Guatemala
Proteína (%)	9 – 11	6 – 12.95
Lisina (%)	0.2 – 0.6	0.03 – 0.46
Triptófano (%)	0.03 -1	0.03 – 0.09
Antocianinas totales (ug Pel/g)	2.5 – 1989	0.00 – 500.51
Hierro (mg/kg)	11 – 39	10.42 – 42.06
Zinc (mg/kg)	15 -49.1	12.09 – 35.57
Fibra dietaria total (%)	7 - 15	7.33 – 16.22

4.1. Proteína

Los valores obtenidos fueron: media 10.01 %, desviación estándar 1.17 %, valor mínimo 1.09 % y máximo 12.95 %. Estos datos muestran una variabilidad moderada, con la mayoría de valores cercanos al promedio de 10.01 %, lo cual es adecuado en comparación con los valores de referencia para maíz. Se observa una accesión con un valor extremadamente bajo (1.09 %), que puede representar una muestra atípica. Las accesiones con valores altos de proteína (12.95 %) son candidatas ideales para una segunda evaluación en programas de mejoramiento genético, con el objetivo de desarrollar maíces de mayor valor proteico.

La Figura 43 muestra la distribución del contenido del maíz de Guatemala, siendo notorio que se acerca al comportamiento de una curva normal, y que, el número de accesiones por encima del dato reportado en el Cuadro 16 límite superior del contenido del maíz es alto; precisamente 97 accesiones en un rango de 11.01 % a 12.95 %. Estudios previos (Bressani et al., 1953) habían mostrado rangos interesantes en el contenido de proteína de maíces guatemaltecos (6.8 % a 12 %).

En el reporte de CONCYT (2008) referente a evaluación de 9 variedades de maíces de alto valor nutritivo se indica que se obtuvo un rango de 8.39 a 10.67 % de proteína, mientras que los resultados de la presente caracterización nutricional reportan 147 accesiones en un rango superior (10.68 % a 12.95 %). Un estudio adicional desarrollado por Bressani et al. (1962) reporta un contenido promedio de 9.69 %. Entonces, se puede adelantar que, en los materiales genéticos de maíz de Guatemala, en cuanto a proteína, existe una alta variabilidad genética que representa un pool genético importante para mejorar la calidad nutricional de la población guatemalteca. Sin embargo, hay que recordar que el contenido nutricional del maíz depende también de la calidad de la proteína, así como la cantidad que se produzca por unidad de área. Por ello, se necesita continuar con los estudios de estos materiales promisorios mediante ensayos durante diferentes años y en diferentes ambientes para ver la respuesta de la interacción genotipo ambiente. Alguna información previa sobre esta temática indica que el contenido de proteína no cambió cuando un material bajo estudio se sembró en varias localidades, y que aparentemente la constitución genética es más importante en cuanto contenido de nitrógeno que las diferencias por efectos ambientales (Bressani et al., 1953). El Cuadro 17 reporta las 10 accesiones de maíz con el más alto contenido de proteína.

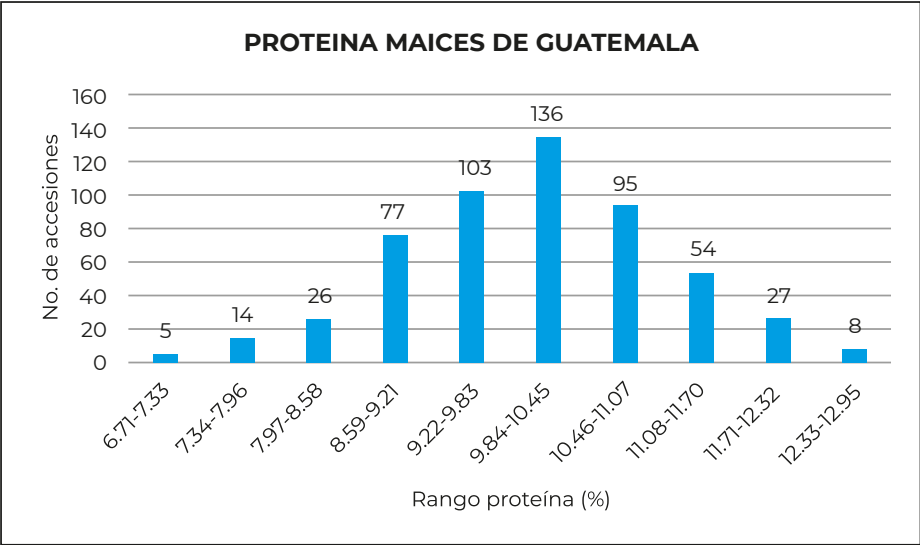


Figura 43. Distribución de las diferentes accesiones de maíz de Guatemala según contenido de proteína.

Cuadro 17. Accesiones con el más alto contenido de proteína.

Accesión	Contenido de proteína %
ICTA-ZM 673-2021	12.23
ICTA-ZM 515-2021	12.30
ICTA-ZM 959-2021	12.49
ICTA-ZM- 881-2021	12.54
ICTA-ZM 938-2021	12.61
ICTA-ZM 936-2021	12.72
ICTA-ZM 886-2021	12.83
ICTA-ZM 893-2021	12.87
ICTA-ZM 931-2021	12.90
ICTA-ZM 539-2021	12.95

La Figura 44 muestra el comportamiento de las diferentes accesiones de maíces de Guatemala, según el color del grano. Se puede observar que los maíces amarillos tienen en promedio un valor más alto de contenido de proteína y el de color negro el contenido es más bajo. Este último, es importante por el contenido de otros componentes de interés para la salud humana como es el caso de las antocianinas, así como el uso diferencial que se tiene desde el punto de vista gastronómico (platillos especiales) y cultural (bebidas para ocasiones especiales). Sin embargo, es importante notar que los valores en general están en el rango superior de contenido de proteína en maíz.

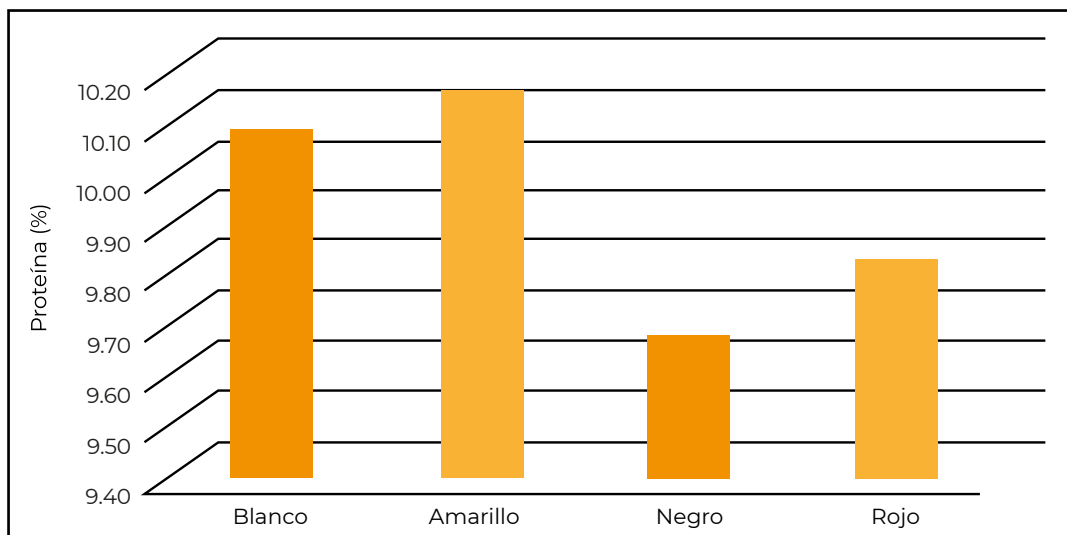


Figura 44. Contenido de proteína según color del grano de las accesiones de maíz de Guatemala.

4.2. Lisina y triptófano

La lisina y el triptófano son dos aminoácidos esenciales que en general se encuentran en muy bajas proporciones en las proteínas del maíz. Los datos de lisina reportan una media de 0.27 %, desviación estándar de 0.06 %, valores mínimos de 0.03 % y máximo de 0.46 %. Este aminoácido esencial reporta una media representativa para la diversidad del maíz, la desviación estándar refleja una variación moderada. Las accesiones con valores más altos (0.46 %) son importantes para el desarrollo de variedades de maíz con calidad proteica mejorada. La Figura 45 muestra el comportamiento de los materiales estudiados en cuanto a este aminoácido. El Cuadro 18 reporta las 10 accesiones de maíz con el más alto contenido de lisina.

El triptófano, otro aminoácido, reporta una media de 0.04 %, desviación estándar de 0.01 %, valor mínimo de 0.03 % y máximo de 0.07%. Los datos muestran una baja variabilidad, aunque la mayoría de las accesiones promedian 0.04 %, algunas alcanzaron niveles de 0.07 %, lo que es favorable para desarrollar maíces con perfiles proteicos mejorados. Su distribución en cuanto a rangos de contenido en todas las accesiones se muestra en la Figura 46. El Cuadro 19 reporta las 10 accesiones de maíz con el más alto contenido de triptófano.

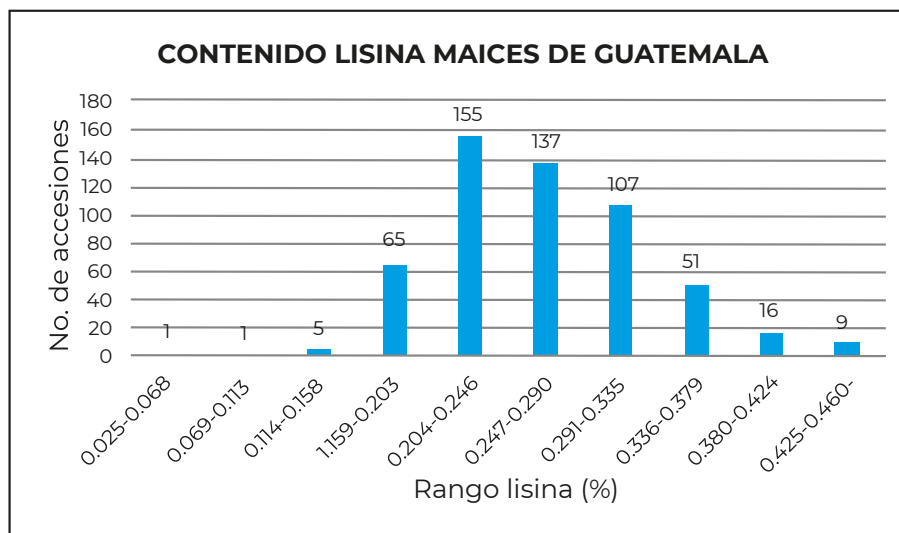


Figura 45. Distribución de las accesiones de maíz de Guatemala de acuerdo con su contenido de lisina.

Cuadro 18. Accesiones con el mayor contenido de lisina.

Accesión	Contenido de lisina %
ICTA-ZM 603-2021	0.429
ICTA-ZM 931-2021	0.439
ICTA-ZM 702-2021	0.439
ICTA-ZM 740-2021	0.440
ICTA-ZM 591-2021	0.442
ICTA-ZM 712-2021	0.446
ICTA-ZM 701-2021	0.448
ICTA-ZM 607-2021	0.452
ICTA-ZM 577-2021	0.458
ICTA-ZM 915-2021	0.460

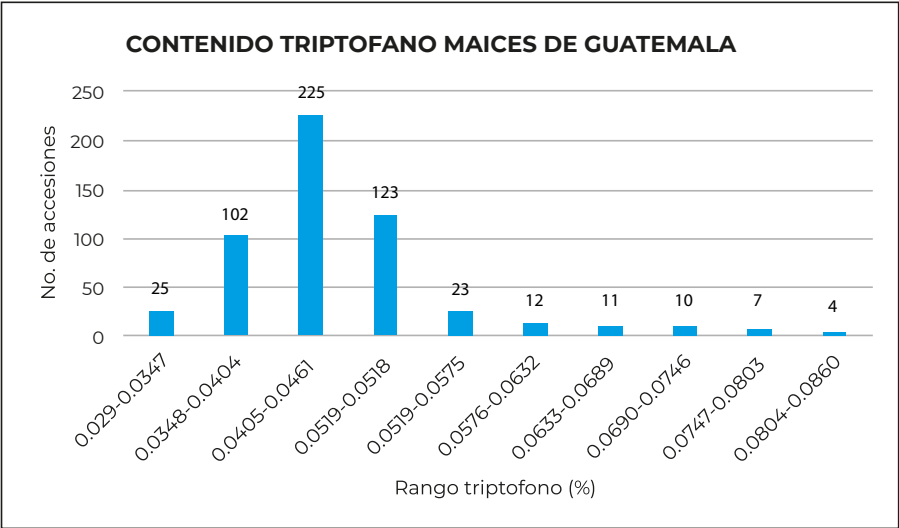


Figura 46. Distribución de las accesiones de maíz de Guatemala de acuerdo con su contenido de triptófano.

Cuadro 19. Accesiones con el mayor contenido de triptófano.

Accesiones	Contenido de triptófano %
ICTA-ZM-746-2021	0.0752
ICTA-ZM-607-2021	0.0753
ICTA-ZM-711-2021	0.0753
ICTA-ZM-743-2021	0.0756
ICTA-ZM-694-2021	0.0784
ICTA-ZM-716-2021	0.0790
ICTA-ZM-701-2021	0.0844
ICTA-ZM-702-2021	0.0847
ICTA-ZM-700-2021	0.0858
ICTA-ZM-740-2021	0.0861

Los resultados obtenidos cuando se estudian componentes nutricionales como la lisina, entre otros, pueden variar dependiendo de los genotipos y ambientes utilizados. Por ejemplo, Aguirre et al. (1953) reportan para el estudio del contenido de lisina de 23 variedades en Guatemala datos un tanto diferentes a los obtenidos en el estudio de la colección de maíces nativos de Guatemala. Reportan un rango de 0.28 % a 0.40 % con un promedio de 0.32 (desviación estándar de 0.04), con la excepción de un valor bajo de 0.05 %, y que, no hay correlación ($r=0.114$) con el contenido de nitrógeno reportado en el estudio de Bressani et al. (1953). También se indica que el contenido de lisina de una variedad sembrada en diferentes localidades reportó datos distintos. Entonces, se puede decir que las variaciones en el contenido de aminoácidos son muchas veces independientes de las variaciones en el contenido de nitrógeno y pueden ser debidas, bien sea a las condiciones del medio o a factores genéticos, o a ambas causas a la vez según el material estudiado.



En el mismo sentido, Bressani et al. (1962) mencionan que hay efectos significativos de la interacción variedad x localidad para todos los nutrientes estudiados y mencionan que hay diferencias varietales en todas las localidades. Por ejemplo, triptófano y lisina, los dos aminoácidos más limitantes en maíz, mostraron diferencias varietales significativas en cada una de las localidades, así como también a nivel de localidad. Es interesante anotar que los datos promedio para los estudios desarrollados por estos investigadores son exactamente iguales a los promedios reportados en el presente estudio, para todos los maíces de Guatemala. Agregan que la estimación de los componentes de varianza indica que la selección de variedades basadas en triptófano, valina y lisina puede ser exitosamente llevada al nivel de localidad simultáneamente con la selección para máxima producción.

El contenido promedio de lisina en los materiales caracterizados según color de grano muestra que tanto el color blanco, amarillo como negro tienen datos muy similares, mientras que el grano de color rojo es relativamente menor. Similar comportamiento se observa para el contenido de triptófano (Figura 47).

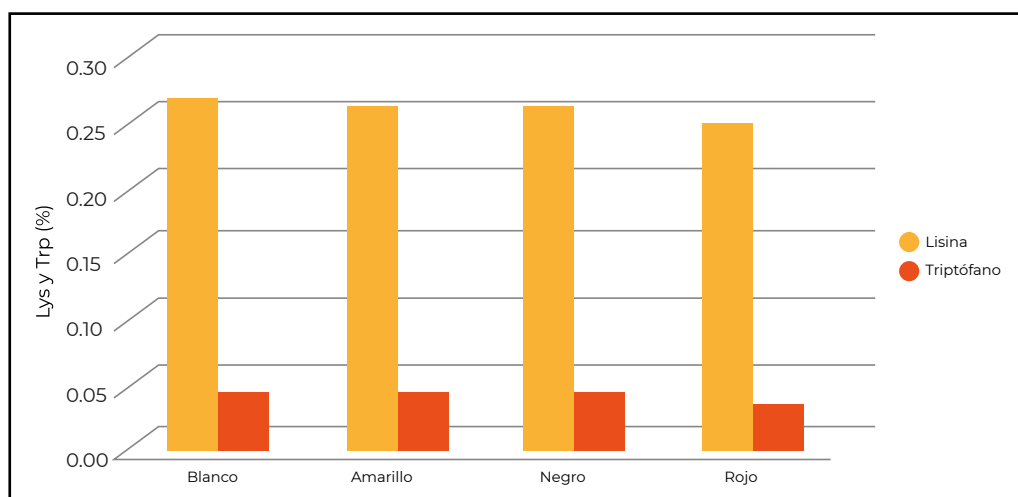


Figura 47. Contenido promedio de lisina y triptófano según color de grano de los materiales de maíz de Guatemala.

4.3. Carotenos totales

Los datos reportados son medios de 6.78 mg/g, desviación estándar 4.87 mg/g, valor mínimo 1.37 mg/g y máximo de 42.00 mg/g. Los carotenos totales muestran una alta variabilidad de acuerdo con la alta desviación estándar. Este nivel de dispersión refleja la diversidad genética entre accesiones, con algunas alcanzando valores de 42.00 mg/g, lo que es prometedor para la selección de materiales con alto contenido de provitamina A. Estas accesiones son cruciales para programas de fortificación. La Figura 48 muestra los resultados de carotenos totales en las accesiones evaluadas para este componente nutricional. El maíz amarillo es el maíz con considerables cantidades de carotenos; de acuerdo con Palacios-Rojas (2018) los rangos que presenta son de 0.45 a 41.5 mg/kg. Los datos reportados en el presente estudio están dentro de este rango. El Cuadro 20 reporta las 10 accesiones de maíz con el más alto contenido de caroteno en base seca mg/g.

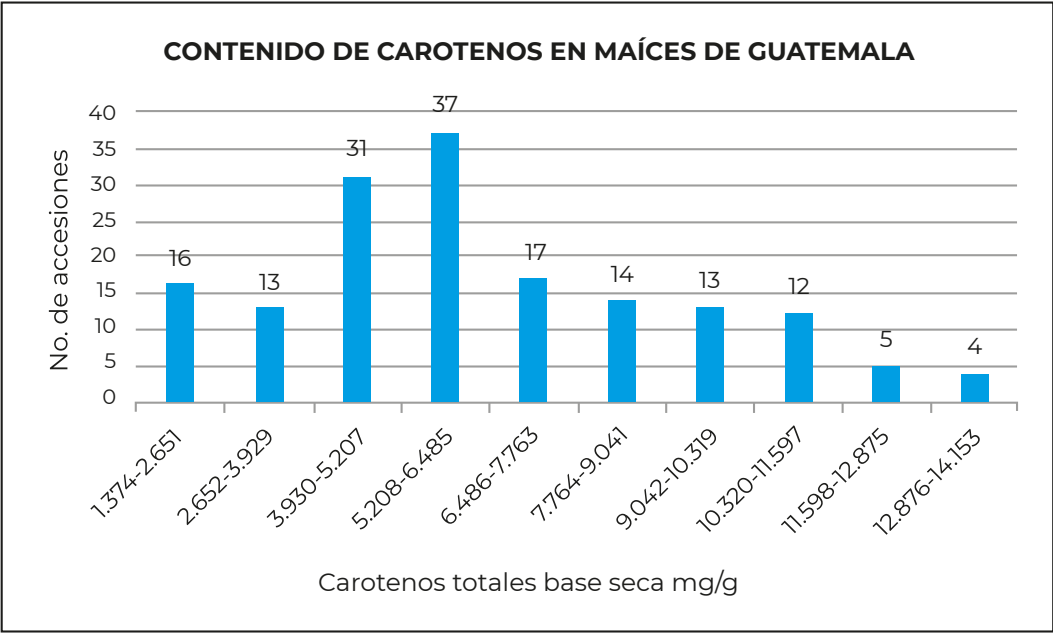


Figura 48. Variabilidad de carotenos totales en accesiones de maíz de Guatemala.

Cuadro 20. Accesiones con los valores más altos de contenido de caroteno en base seca mg/g.

Accesión	Contenido de caroteno base seca mg/g
ICTA-ZM-514-2021	11.57
ICTA-ZM-638-2021	11.62
ICTA-ZM-703-2021	12.26
ICTA-ZM-558-2021	12.42
ICTA-ZM-652-2021	12.47
ICTA-ZM-851-2021	12.55
ICTA-ZM-519-2021	12.90
ICTA-ZM-601-2021	12.92
ICTA-ZM-521-2021	13.91
ICTA-ZM-676-2021	14.15

4.4. Antocianinas totales

Los datos muestran que se tiene una media de 175.69 ug Pel/g, con una desviación estándar de 109.59 ug Pel/g, valor mínimo de 0 ug Pel/g y máximo de 500.51 ug Pel/g. Las antocianinas totales presentan una gran dispersión en las accesiones de maíz



pigmentado, como lo evidencia la desviación estándar; además los niveles más altos de antocianinas sugieren un potencial para seleccionar accesiones con alto contenido de antioxidantes. La Figura 49 muestra los rangos de distribución en cuanto al contenido de antocianinas totales en las accesiones de maíz de Guatemala en las que se midió este componente. Las propiedades antioxidantes del maíz son cruciales dado el papel que juegan como oxidativos del estrés en varias enfermedades, además, representa un papel importante como fuente de alimentos funcionales y nutraceuticos. Estudios recientes muestran el potencial prebiótico de las antocianinas, dado su habilidad de modular positivamente la microbiota intestinal (Reyes-Pavón et al., 2024). Estudios conducidos en México (López-Martínez et al., 2009; Salinas-Moreno et al., 2012) muestran la importancia de las antocianinas como elemento nutricional y para la salud humana. Así mismo, se señala la importancia de estudiar este componente en diversas razas de maíz dado la relación que existe entre la diversidad de maíces con la cultura, elementos que caracterizan el centro de origen Mesoamericano, del cual, también Guatemala forma parte. Salinas-Moreno et al. (2012) apuntan que, para contenido de antocianinas, se reporta menor diversidad dentro de las razas, pero mayor entre razas; y que, hubo correlación positiva ente contenido de antocianinas y actividad antioxidante. El Cuadro 21 muestra las accesiones con el contenido más alto de antocianinas totales.

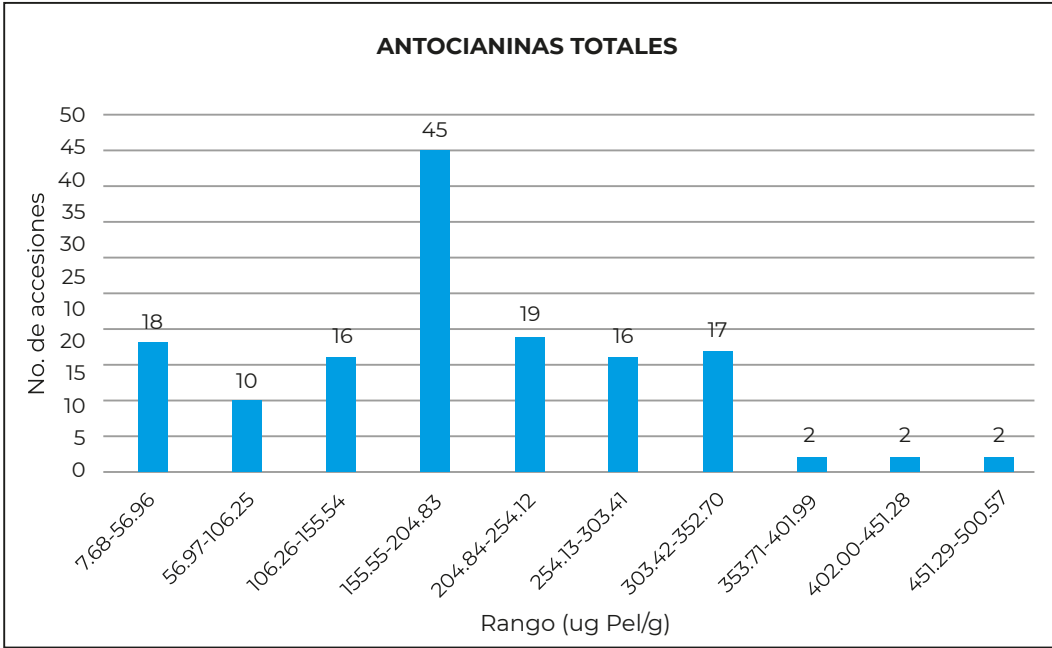


Figura 49. Distribución de rangos de antocianinas totales en los maíces de Guatemala.

Cuadro 21. Accesiones con el contenido más alto de antocianinas totales.

Accesión	Contenido de antocianinas totales ug Pel/g
ICTA-ZM-787-2021	317.07
ICTA-ZM-903-2021	326.45
ICTA-ZM-554-2021	335.71
ICTA-ZM-906-2021	345.33
ICTA-ZM-520-2021	355.28
ICTA-ZM-890-2021	405.44
ICTA-ZM-706-2021	422.77
ICTA-ZM-896-2021	438.29
ASO-643-2019	482.19
ICTA-ZM-940-2021	500.51

La Figura 50 muestra el contenido promedio de antocianinas totales según color del maíz. Como era de esperarse, los maíces de color negro son los que presentan los contenidos más altos. La presencia de antocianinas en maíces amarillos puede ser por la segregación en las mazorcas, aunque los granos mayoritariamente eran amarillos, y de ahí su clasificación como maíces amarillos.

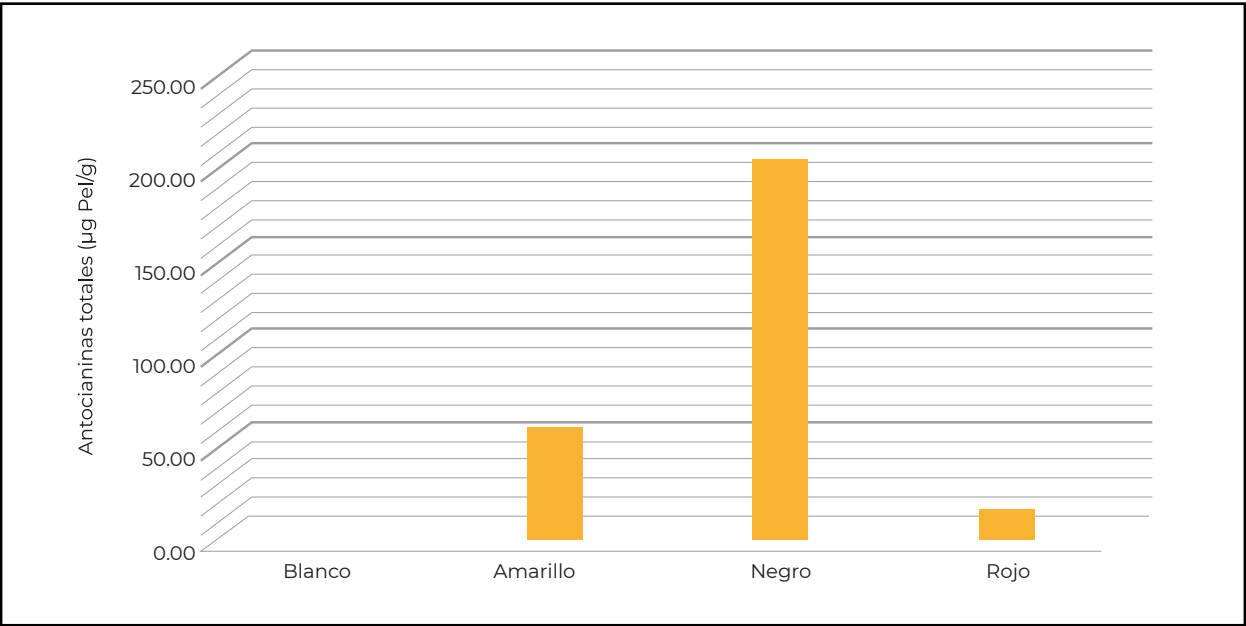


Figura 50. Contenido promedio de antocianinas totales según color del maíz.

4.5. Contenido de Fe y Zn

Los datos obtenidos para hierro son: media de 17.15 mg/kg, desviación estándar 2.95 mg/kg, valor mínimo 2.68 mg/kg y máximo de 42.06 mg/kg. El contenido de hierro muestra una variabilidad moderada, con un valor máximo de 42.06, lo que es excepcionalmente alto en comparación con el promedio y puede ser contaminación o en realidad un recurso genético valioso. Estos resultados son más altos que los reportados por Chi-Sanchez et al. (2021) para maíces criollos de Yucatán, quienes reportan los rangos 4.54-18 mg/kg. Es necesario recordar que el efecto del ambiente (contenido de Fe en el suelo) es muy alto. Este nivel de hierro es relevante para combatir la deficiencia de hierro en poblaciones que dependen del maíz como alimento principal. La distribución del contenido de hierro en todas las accesiones se observa en la Figura 51. El Cuadro 22 detalla las accesiones con más alto contenido de hierro.

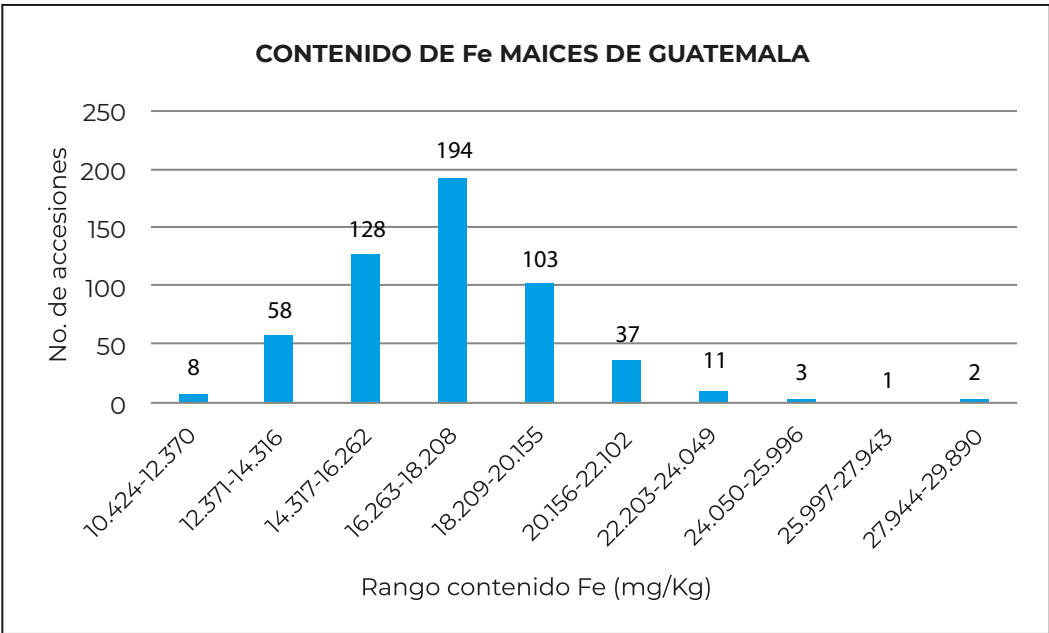
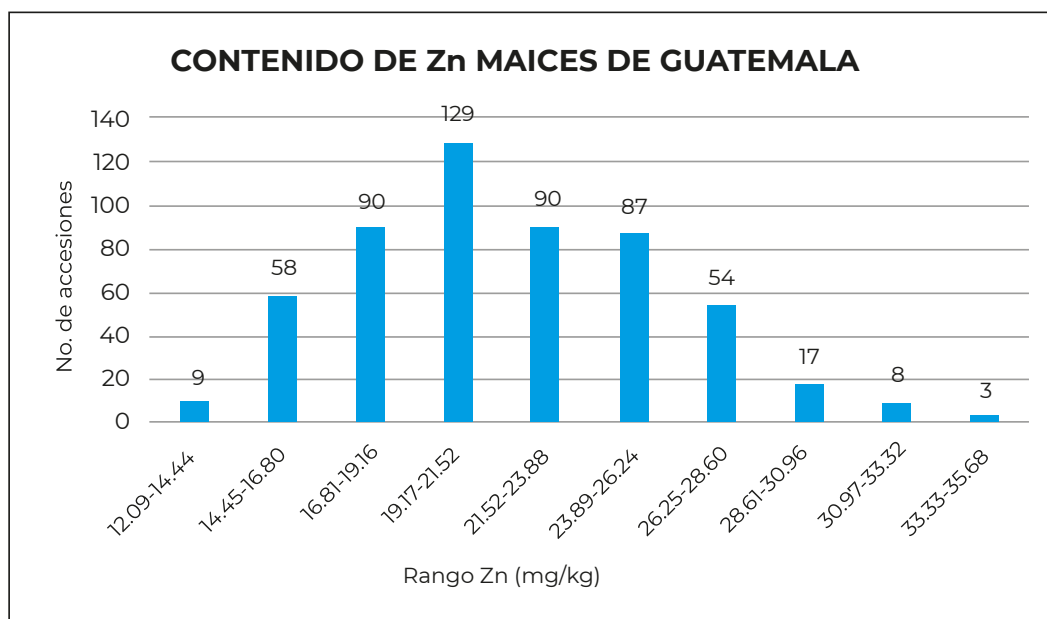


Figura 51. Distribución del contenido de hierro en las accesiones de maíz de Guatemala.

Cuadro 22. Accesiones con el contenido más alto de hierro.

Accesión	Contenido de hierro mg/kg
ICTA-ZM-669-2021	23.50
ASO-225-2018	23.51
ICTA-ZM-753-2021	23.68
ICTA-ZM-726-2021	23.69
ICTA-ZM-556-2021	24.50
ASO-692-2019	24.74
ASO-632-2019	25.07
ASO-231-2018	26.53
ICTA-ZM-972-2021	29.89
ASO-794-2019	42.06

La media reportada para zinc es de 21.72 mg/kg, desviación estándar 4.23 mg/kg, valor mínimo 4.11 mg/kg y máximo 35.57 mg/kg. El contenido de zinc en las accesiones muestra una considerable variabilidad, con un valor máximo de 35.57 mg/kg. Los resultados obtenidos están dentro de los rangos reportados por Chi-Sánchez et al. (2021) y Qamar et al. (2017). Las accesiones con alto contenido de zinc son importantes para mejorar la ingesta de este mineral en regiones en donde las deficiencias de zinc afectan la salud pública. La distribución del contenido de zinc en las accesiones de maíz de Guatemala se observa en la Figura 52. El Cuadro 23 muestra las accesiones que presentan los valores más altos de zinc.

**Figura 52.** Rangos de contenido de zinc en maíces de Guatemala.

Cuadro 23. Accesiones con el contenido más alto de zinc.

Accesión	Contenido de zinc (mg/kg)
ICTA-ZM-759-2021	31.33
ICTA-ZM-597-2021	31.38
ICTA-ZM-525-2021	31.44
ICTA-ZM-653-2021	31.61
ICTA-ZM-553-2021	32.47
ICTA-ZM-593-2021	32.54
ICTA-ZM-676-2021	32.61
ICTA-ZM-641-2021	33.36
ICTA-ZM-573-2021	34.21
ICTA-ZM-639-2021	35.57

La Figura 53 muestra que el color de la semilla de maíz de Guatemala reporta valores similares en cuanto a contenido de hierro y zinc.

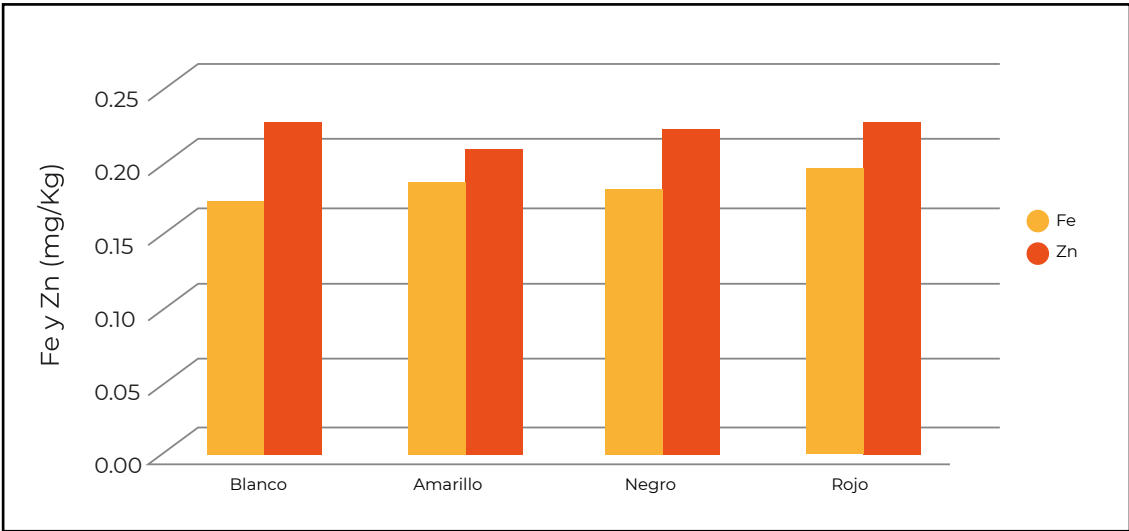


Figura 53. Contenido de hierro y zinc de acuerdo con el color de la semilla de maíz de Guatemala.

4.6. Fibra total

Se reporta una media de 11.75 %, desviación estándar 1.47 %, valor mínimo 7.33 % y máximo 16.21 %. La variabilidad es moderada con accesiones que alcanzan 16.21 %, las cuales son particularmente interesantes para la mejora de variedades de maíz con alto contenido de fibra, lo cual tiene implicaciones para la salud digestiva y la prevención de enfermedades metabólicas (Figura 54). Este componente nutricional es importante particularmente para Centroamérica, ya que el grano se consume entero, alcanzándose mayores beneficios nutricionales. El Cuadro 24 muestra las accesiones que muestran los contenidos más altos de fibra total.

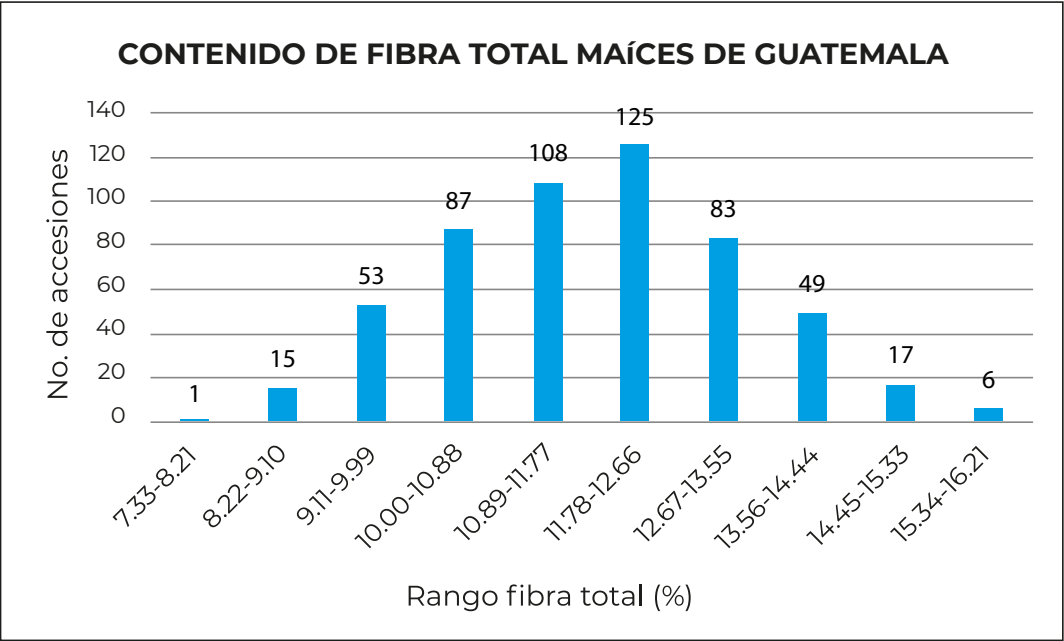


Figura 54. *Contenido de fibra total (%) en maíces de Guatemala.*

Cuadro 24. *Accesiones con fibra dietaria total más altos.*

Accesión	Contenido de fibra dietaria total %
ICTA-ZM-757-2021	14.98
ASO-212-2018	15.14
ICTA-ZM-852-2021	15.15
ICTA-ZM-931-2021	15.20
ASO-216-2018	15.41
ICTA-ZM-945—2021	15.45
ICTA-ZM-549-2021	15.61
ASO-211-2018	15.70
ICTA-ZM-525-2021	16.15
ICTA-M-518-2021	16.15

5. Conclusiones

El análisis de las 545 accesiones de maíz revela una importante variabilidad en los parámetros nutricionales clave como proteína, lisina, triptófano, carotenos, antocianinas, hierro, zinc y fibra total. Esta diversidad genética ofrece un recurso valioso para la mejora nutricional a través de la biofortificación, así como para el desarrollo de variedades nativas mejoradas con contenido nutricional sobresaliente, la incorporación en programas de mejoramiento genético convencional o participativo y en general, para el desarrollo de variedades de maíz con mayor valor agregado. Los valores extremos identificados en este análisis proporcionan información clave para la selección de accesiones con potencial de mejorar la calidad nutricional del maíz, beneficiando así las comunidades que dependen de este cultivo básico en su dieta diaria. Es recomendable una nueva evaluación para corroborar los datos específicos y descartar efectos medio ambientales y/o GxA.

Los estudios de diversidad nutricional en maíces de Guatemala proporcionan la línea base para apoyar los programas de biofortificación que se implementan a nivel nacional. Los estudios previos muestran que el factor genotipo ambiente es importante. Por ello, se puede plantear que una variedad de maíz no se puede introducir en una región, desde un punto de vista práctico, únicamente en atención a su valor nutritivo más elevado. Tiene que ser de mayor rendimiento o reunir otras características, cuya conveniencia sea indudable para el agricultor.



6. Referencias

- Aguirre, F., Bressani, R., & Scrimshaw, N. S. (1953). The nutritive value of Central American corns. III. Tryptophan, niacin, thiamine, and riboflavin content of twenty-three varieties in Guatemala. *Food Research*, 18, 273–279.
- Aguirre, F., Robles, C. E., & Scrimshaw, N. (1953). The nutritive value of Central American corns. II. Lysine and methionine content of 23 varieties in Guatemala. *Food Research*, 18, 268–272.
- Bressani, R. & Martz, E.T. (1958). Studies on corn proteins. IV. Protein and acid content of different corn varieties. *Cereal Chem*, 35, 227-235.
- Bressani, R. y Elias, L.G. (1972). La calidad proteica del maíz Opaco-2 como ingrediente de dietas rurales de Guatemala. *Archivos Latinoamericanos de Nutrición*, 22, 577-594.
- Bressani, R. y Joachin, A. (s.f.). Caracterización química y nutricional de nuevas variedades de maíces de alto valor proteico. *Revista de la Universidad del Valle de Guatemala*, 21, 22-33.
- Bressani, R., Arroyave, G., & Scrimshaw, N. S. (1953). The nutritive value of Central American corns. I. Nitrogen, ether extract, crude fiber, and minerals of twenty-four varieties in Guatemala. *Food Research*, 18(3), 261–267.
- Bressani, R., Elias, L.G., Scrimshaw, N.S., & Guzman, M.A. (1962). Nutritive value of central american corns VI. Varietal and environmental influence on the nitrogen, essential amino acid, and fat content of ten varieties. *Cereal Chemistry, American Association of Cereal chemist*, 39 (1).
- Chi-Sanchez, F. A., Alvarado-López, C. J., Cristobal-Alejo, J., González-Moreno, A., & Reyes-Ramírez, A. (2021). Contenido mineral de maíces criollos de Yucatán: análisis mediante u-fluorescencia de rayos X. *Terra Latinoamericana*, 39, 1–12. <https://doi.org/10.28940/terra.v39.0.454>
- CONCYT. (2008). *Caracterización química/nutricional y tecnológica de nueve variedades de maíces de alto valor nutritivo* (Proyecto FODECYT No. 08-03).
- CRIA. 2018. Validación de la variedad biofortificada de maíz ICTA B-15 ACPZn en la zona norte de Guatemala. 25 p.
- ICTA. (2,000). HB-Proticta. *Híbrido de maíz blanco con alta calidad de proteína* (QPM). Subárea de maíz. ICTA.



- ICTA. (2009). ICTA Maya QPM. *Híbrido de maíz no transgénico con alta calidad de proteína*. ICTA.
- ICTA. (2016). *Cultivos biofortificados: una oportunidad para combatir la desnutrición* (Boletín mensual, No. 7).
- ICTA. (2022). *Investigaciones para el desarrollo* (Boletín enero).
- Lopez-Martinez, L. X., Oliart-Ros, R. M., Valerio-Alfaro, G., Lee, C. H., Parkin, K. L., & Garcia, H.S. (2009). Antioxidant activity, phenolic compounds and anthocyanins content of eighteen strains of Mexican maize. *LWT-Food Science and Technology*, 42(6), 1187-1192.
- Mertz, E., Bates, J. and Nelson, O.E. (1964). Mutant gene that change protein composition and increase lysine content of maize endosperm. *Science*, 145: 279-280.
- Palacios Rojas, N. (2018). *Calidad nutricional e industrial de maíz: laboratorio de calidad nutricional de maíz "Evangeline Villegas" Protocolos*. CIMMYT.
- Qamar, S., Aslam, M., Huyop, F.Z., and Javed, M. (2017). A comparative study of the inorganic nutrients in different types of Zea mays L. using inductively coupled plasma mass spectrometry. *The journal of animal & plant sciences* 27 (4): 1315-1320.
- Reyes-Pavón, D., Soto-Sigala, K. S., Cano-Sampedro, E., Méndez-Trujillo, V., Navarro-Ibarra, M. J., Pérez-Pasten-Borja, R., ... & Torres-Maravilla, E. (2024). Pigmented Native Maize: Unlocking the Potential of Anthocyanins and Bioactive Compounds from Traditional to Functional Beverages. *Beverages*, 10(3), 69. <https://doi.org/10.3390/beverages100030069>
- Salinas-Moreno, Y., Pérez-Alonzo, J.J., Vázquez-Carrillo, G., Aragón-Cuevas, F., Velázquez-Cardelas, G.A. (2012). Antocianinas y actividad antioxidante en maíces (Zea mays L.) de las razas Chalqueño, elotes cónicos y bolita. *Agrociencia*, 46: 693-706.



Capítulo 5.

Estudio etnobotánico de maíz en localidades de tres regiones de Guatemala



1. Introducción

El maíz (*Zea mays* L.) es uno de los principales cultivos de Guatemala y fuente fundamental de la seguridad alimentaria. Es una especie originaria y domesticada en el área mesoamericana, donde están sus parientes silvestres y juega un papel trascendental en la cultura maya y sus descendientes.

Con el objetivo de documentar aspectos etnobotánicos del sistema milpa, para obtener información que pueda orientar los estudios socioeconómicos cuando se tomen decisiones referentes al posible uso de OGMs de maíz, se realizó el estudio desde la perspectiva etnobotánica. Se complementó con la obtención de la opinión de los agricultores sobre los cultivos genéticamente modificados. Se realizó en tres regiones de Guatemala, que comprende cuatro departamentos y 10 localidades contrastantes, a saber, en la región oriente Jalapa, en la región norte Rabinal y en la región occidental San Marcos y Quetzaltenango.

La obtención de la información de campo se realizó por medio de boletas que fueron elaboradas, discutidas y validadas por el equipo de trabajo del proyecto. Se realizó entrevistas primero con grupos focales uno para hombres y otro para mujeres, cuya conformación fue recomendada por las organizaciones locales. Posteriormente, se realizó entrevistas individuales con agricultores hombres y con mujeres.

Los resultados muestran que en las tres regiones estudiadas hay uso de variedades nativas, principalmente por agricultores de minifundio. También se estableció que hay variedades nativas que se reporta con poco uso o que ya no se utilizan, provocado por la pérdida de semilla y características no deseadas. El conocimiento local sobre estas variedades está mejor representado en agricultores mayores de 40 años y el conocimiento es similar en hombres y mujeres.

En todos los casos el cultivo del maíz se realiza bajo el sistema milpa, que es el principal en la mayoría de las localidades, integrado además por frijol y cucúrbitas (ayote, güicoy, chilacayote), que son el componente básico que está combinado con otras especies como macuy, tomatillo, haba, entre otras especies cultivadas y arvenses utilizadas en la alimentación.

Se estableció que la mayoría de los encuestados no tienen conocimiento de variedades de maíz genéticamente modificadas por biotecnología moderna. En Rabinal donde tienen algún conocimiento, la opinión es negativa para su uso.

El enfoque etnobotánico antropológico consistente en entrevistas abiertas y uso de boletas fue útil para captar los aspectos esperados: uso y conocimiento asociado a las variedades utilizadas, conocimiento del cultivo bajo el sistema milpa, usos culinarios del maíz, historias, rituales y celebraciones relacionadas con el cultivo, el papel de la mujer en el cultivo y conservación del maíz.



2. Antecedentes

La etnobotánica es una disciplina multidisciplinaria útil para documentar información botánica, ambiental y social de las áreas rurales. De acuerdo con Hernández (2012) “La etnobotánica es el campo científico que estudia las interrelaciones que se establecen entre el hombre y las plantas, a través del tiempo y en diferentes ambientes”. Según Martínez (2012) entre los métodos y técnicas etnobotánicas se pueden mencionar tres: a) antropológicas, b) etnográficas e c) históricas. Los métodos y las técnicas antropológicas incluyen las entrevistas abiertas o cerradas con el empleo de cuestionarios, grabaciones, uso de un diario de campo, videos o fotografías y otras, estas son aplicadas a informantes clave o expertos locales para obtener información comparativa o contrastante en el tiempo y el espacio. El método antropológico fue el utilizado en este estudio.

En la investigación científico social los resultados tienen un componente descriptivo o interpretativo, cualitativo o cuantitativo, los que son complementarios, pues se tienen descripciones muy finas que interpretan los datos seriamente, aunque no tengan respaldo cuantitativo. Es importante no opacar los trabajos etnobotánicos con información cuantitativa que refleje pobremente el tema de estudio y no tenga una descripción pertinente para un manejo cuantitativo (Martínez, 2012).

Con respecto al maíz, Hernández (1987) hace aportes significativos al centrar la aplicación de la etnobotánica en los estudios del maíz. Para el autor, los principales objetivos de la exploración etnobotánica en maíz son: colección de variabilidad genética, recolección de material genético con características requeridas por programas de fitomejoramiento, recopilación de información respecto a la adaptación ecológica de las variedades nativas, recopilación de información respecto al proceso de selección natural y recopilación de información pertinente al proceso de evolución bajo domesticación. En este estudio se obvió la recolección de material genético dado que expediciones de colecta anteriores lo han realizado, estando almacenado en el banco de germoplasma del Instituto de Ciencia y tecnología Agrícolas (ICTA).

El papel que tienen las variedades nativas de maíz en las comunidades locales es muy importante y mucho del estudio etnobotánico se centra en profundizar en su cultivo y usos asociados. Los estudios etnobotánicos ayudan a responder preguntas como: ¿Por qué se sigue produciendo maíz en sistemas de subsistencia si hay otros cultivos más rentables?. Hay varios estudios al respecto, la mayoría son de carácter técnico, en los que hay aspectos sociales o de actitud que no se contemplan y que posiblemente son los más importantes; por ello, los que más guían al respecto son aquellos que tienen el componente antropológico y/o sociológico, o que en el equipo de investigación parte de los que lo realizan sean de profesiones relacionadas con las ciencias sociales.

Por ejemplo, Guillén et al. (2002) abogan por el enfoque de psicología social para abordar el tema de adopción de nuevas tecnologías, que según ellos explica los comportamientos a partir de los procesos cognoscitivos. Al estudiar las razones del uso de semillas criollas y mejoradas de maíz en tres grupos: productores, asesores

técnicos e investigadores; encontraron que las cuatro causas principales por las cuales los agricultores usan semilla criolla son: a) la adaptación a las condiciones climáticas de la región, en lo cual los tres grupos estudiados coincidieron; b) por su rendimiento; c) la confianza y fe que los agricultores tienen en las variedades criollas, en b) y c) hubo algunas coincidencias entre los tres grupos estudiados; y d) el factor económico en el cual los agricultores y técnicos le dan el cuarto lugar y los investigadores el primero. De acuerdo con esto solo el factor c) es el que tiene un carácter interno y que el agricultor puede manejar, entonces, mucho del porque se sigue usando las variedades criollas no está en elementos cuantitativos, sino en aquellos cognitivos como la confianza y la fe que les tienen.

En Camotán, Chiquimula, se estudió la diversidad genética de maíz y la importancia de las semillas criollas en la región Chortí (Villela, 2023). Se encontró que, aunque las áreas de cultivo de maíces criollos se han reducido por el cambio en el uso del suelo o porque se usan para cultivos más rentables, hay una tendencia de seguir utilizando variedades criollas que bien saben son poco rentables. Es por seguir la cultura o tradición y por ser un alimento que forma parte de la seguridad alimentaria familiar, aunque las condiciones climáticas (principalmente los cambios en los regímenes de lluvia) y suelos con alta pendiente y poca fertilidad natural no permitan mejores rendimientos. Los agricultores a pesar de esto ven como características ventajosas, la adaptación de esas variedades criollas a los microclimas de la región, la tolerancia a la sequía y la precocidad, lo cual es producto de un proceso de selección de muchos años.

En Huehuetenango, López (2024) al realizar un estudio etnobotánico en maíz en Jacaltenango y Todos Santos Cuchumatán documentó las variedades locales de maíz, de las cuales varias son nativas. Encontró que hay una gran variedad de usos para el grano de maíz que varía entre las localidades estudiadas, se resaltan los destinados a la alimentación humana y a diferentes rituales. Se pudo constatar que los agricultores realizan selección de sus cultivares en busca de mayor rendimiento y que se adapten a sus necesidades de manejo. La mujer aporta a la conservación de los cultivares a través de la memoria social y la sostenibilidad en el uso del recurso genético del maíz, por medio de una labor conjunta entre el agricultor que selecciona la semilla de su parcela y la mujer que la almacena y protege.

3. Metodología

En la Figura 55 se muestran los lugares de estudio: en la parte occidental del país está San Lorenzo y San Carlos Sija, en la parte norte Rabinal y en el oriente Jalapa. En el Cuadro 25 se muestra los nombres de las localidades estudiadas.



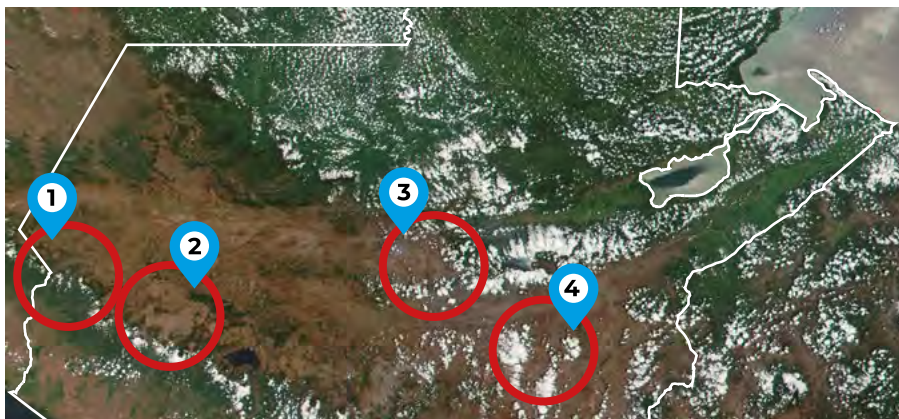


Figura 55. Porción del mapa de Guatemala que muestra los lugares de estudio, que se indican en los cuadros rojos. **1.** San Lorenzo, San Marcos; **2.** San Carlos Sija, Quetzaltenango; **3.** Rabinal, Baja Verapaz; **4.** Jalapa.

En el Cuadro 25 se muestra que en total se cuenta con información de 10 localidades. Hay cuatro idiomas mayas: Achí, Pocomam, Mam y K'iche', todos los agricultores donde se habla un idioma maya también hablan el español. En dos localidades de Jalapa y una de San Carlos Sija indican ya no comunicarse en idioma maya, únicamente lo hacen en español.

Cuadro 25. Localidades y características generales de las áreas de estudio

Región	Aldea/caserío	Idiomas	ms.n.m.	Clima	Textura suelo	Pedregosidad	% pendiente	% área con maíz
Rabinal, Baja Verapaz	Chichupac	Achí y Español	1400-1872	Frío	Franco y arcilloso	Sí	0-30	>75
	Pahoj	Achí y Español	1363-1487	Templado	Franco, arenoso y arcilloso	Sí	0-31	>75
	Nimacabaj	Achí y español	949-975	Cálido	Franco y arenoso	No	0-15	25-50
San Pedro Pinula, Jalapa	Carrizalito de la cumbre	Pocomam y Español	1410-1484	Templado	Arcilloso	Si	20-40	100
	El Aguacate	Español	1116-1124	Templado	Arcilloso	Si	0-30	100
Jalapa, Jalapa	Miramundo	Español	2409-2509	Frío	Franco-Arcilloso	No	15-40	100
San Lorenzo, San Marcos	Santa Rosa de Lima	Español	2760-2790	Frío	Franco y arcilloso	No	0-15	75
	Paconché	Mam y Español	2690-2699	Frío	Franco y arcilloso	No	16-30	75
San Carlos Sija, Quetzaltenango	Paso rojo	K'iche' y Español	2708-2716	Frío	Franco y arcilloso	No	0-15	51-75
	Llano grande	Español	2712-2713	Frío	Franco	No	16-30	>75



Las localidades del occidente del país y Miramundo en Jalapa son las que tienen mayor altitud y, por lo tanto, el clima es frío. Las demás son de clima templado en altitudes que varían entre 1200 a 1500 ms.n.m., solo una localidad de Rabinal se encuentra por debajo de los 1000 ms.n.m. con un clima cálido. Las características de los lugares donde siembran maíz variaron de suelos franco-arenosos a arcillosos, con presencia de pedregosidad en más del 50% de las localidades y en pendientes que en promedio tienen de 15 a 30%. El área con cultivo de maíz en general es mayor del 75% en áreas de terreno que en promedio son de 0.34 ha, por lo que la mayoría están dentro de una categoría de minifundio.

Para desarrollar este estudio inicialmente se realizó el acercamiento al Ministerio de Agricultura Ganadería y Alimentación (MAGA), ONG´s y Consejos Comunitarios de Desarrollo Rural (Cocodes) de cada lugar para solicitar apoyo en la identificación de colaboradores. Seleccionados los informantes se hicieron entrevistas en dos niveles: a) primero a grupos focales formados por 7 a 10 personas, uno de hombres y otro de mujeres, y b) entrevistas individuales a hombres y mujeres con número variable de informantes por localidad. Las entrevistas con grupos focales sirvieron para tener un panorama general de la información que se obtendría en las entrevistas individuales, lo cual se pudo corroborar con las respuestas que en todos los casos estuvieron asociadas entre los dos grupos; sin embargo, con las entrevistas individuales se pudo profundizar más en algunos aspectos de importancia.

Las boletas utilizadas contenían preguntas correspondientes a las variedades utilizadas, formas de uso, conocimiento asociado al cultivo, sobre el sistema milpa, historias, ceremonias y celebraciones y las preguntas dirigidas a establecer el papel de la mujer. Las boletas fueron discutidas en el equipo de trabajo y validadas en una comunidad rural. El número de entrevistados por región se presenta en el Cuadro 26.

Cuadro 26. *Número de informantes focales e individuales por paraje.*

Región	Localidad	No. informantes grupos focales		Informantes individuales	
		Hombres	Mujeres	Hombres	Mujeres
Rabinal	Chichupac	6	10	23	23
	Pahoj	7	7		
	Nimacabaj	10	10		
Jalapa	Carrizalito La Cumbre	9		30	30
	El Aguacate	12			
	Miramundo				
San Lorenzo, S.M.	Pocponché		7		17
	Santa Rosa		10		
San Carlos Sija, Quetz.	Paso rojo		15		16

Con los resultados obtenidos de cada región se elaboraron cuadros y figuras que se presentan unificando los cuatro departamentos estudiados. Se hizo un análisis cuantitativo con los datos de edad de los agricultores como media, desviación estándar, rango y coeficiente de variación. Utilizando el programa Infostat se realizó un análisis de variables categóricas de edad y variedades utilizadas, analizando los resultados de significancia. En todos los casos no hubo significancia por lo que no se presentan los resultados. Para el caso de número de variedades conocidas por hombres y mujeres se realizó el cálculo de estadísticos descriptivos y un análisis de correlación.

4. Resultados y discusión

Como se muestra en los resultados, el abordaje etnobotánico siguiendo recomendaciones de autores como Hernández (1985), Barrera-Marín (2012), Martínez (2012) y otros, permite ver la relación entre agricultores (as) y el cultivo del maíz en el sistema milpa y su conocimiento asociado, con lo cual a partir de un análisis cualitativo se pudo interpretar de manera objetiva el cumulo de información técnica y social guardado en las localidades rurales sobre el cultivo de la milpa.

4.1. Información general de los informantes

En el Cuadro 27 se presenta la información estadística descriptiva de la composición de edades de los informantes de las regiones estudiadas. En cuanto al rango de edad en Jalapa es más amplio, pero con una media de 55 años, que indica que hay un alto porcentaje de edades sobre el promedio, pero debido a esa amplitud de edad tanto la desviación estándar como el coeficiente de variación es el más alto de los cuatro departamentos.

En Rabinal el rango de edades es más compacto que las otras regiones, con una composición de adultos mayores de 45 años, por esta razón la desviación estándar y el coeficiente de variación son más bajos. En esas localidades no se reporta personas jóvenes informantes que realicen el cultivo del maíz.

En el caso de las localidades de San Lorenzo y San Carlos Sija el rango inferior de edades es de personas jóvenes que está de 30 a 32 años y el rango mayor no supera los 71 años. En estos casos se nota que el promedio de edad es más bajo que las dos regiones anteriores, sin embargo se puede apreciar que el coeficiente de variación en ambos casos es relativamente alto debido a la composición de grupos de edades donde hay influencia de la amplitud.

Cuadro 27. Estadísticas convencionales de las edades de agricultores colaboradores.

Regiones	Rango edad	Media	Desviación estándar	Coeficiente de variación
Jalapa	26-95	55	16.07	29.36
Rabinal	45-82	58	9.85	17.06
San Lorenzo	32-70	47	12.99	27.43
San Carlos Sija	30-60	41	9.36	22.73

Se realizó un análisis estadístico de variables categorizadas entre variedades usadas y edad de agricultores, pero en todos los casos no hubo significancia, por lo que no se presentan los cuadros de resultados. Sin embargo, cualitativamente se nota que a mayor edad hay mayor conocimiento de las variedades de maíz que se usan. Esto ha sido discutido y descrito en varios estudios, por ejemplo, Perea (2014), menciona a favor de más conocimiento con la edad debido a: a) la experiencia a través de la observación y acumulación de conocimiento tradicional, b) transmisión de conocimiento recibido y c) adaptación al ambiente socioambiental local.

4.2. Documentación del conocimiento tradicional asociado al cultivo del maíz y del sistema milpa

Con relación a las variedades nativas utilizadas, en el Cuadro 28 se incluye la lista de cada área de estudio. En Jalapa, San Lorenzo y San Carlos Sija se cultivan maíces de los tres colores (blanco, amarillo y negro) y en algunas ocasiones de otro color, como el colorado (rojo), azul y/o pinto. Los de color rojo son un elemento importante en los rituales y para usos culinarios especiales (pinol, atol), son materiales genéticos identificados como raza Quicheño (Fuentes, 2012). También hay interés reciente en su estudio por el contenido de antocianinas para su uso como antioxidante (González, 2025), infortunadamente ya son poco cultivadas y es importante revalidar su importancia, profundizar en las causas del porque está desapareciendo y aumentar sus áreas de cultivo.

En tanto que en Rabinal predominan los maíces blancos y amarillos, ya que los negros son reportados únicamente en las partes más altas como materiales que ya casi no se siembran o que ya no se siembran. En todas las regiones estudiadas predomina el cultivo de maíz blanco, seguido por el amarillo y luego el negro.

En las localidades estudiadas en Jalapa se presenta mayor variabilidad en nombres de variedades locales. En El Aguacate, San Pedro Pínula se da el uso de variedades mejoradas y un material que llaman ICTA criollo que posiblemente fue una introducción que se hizo años atrás y que ahora lo consideran propio, en un proceso que puede denominarse criollización o acriollización de variedades mejoradas (INTA, 2018). Otro caso curioso en este departamento es en el Carrizalito La Cumbre en San Pedro Pínula, con la variedad Robot o Rotado cuyo nombre no es convencional con los nombres asignados a variedades locales, no conocen de donde proviene y su uso es relativamente reciente de 5 años, entre las características favorables que en el encuentran es el rendimiento y posible corresponde a una variedad mejorada.



Cuadro 28. Variedades que usan y que ya no usan, y opiniones al respecto.

Lugar de estudio	Variedades sembradas	Variedades que ya no se siembran o se siembran poco	Variedades que conocen las mujeres	Opiniones del porqué siguen usando sus variedades	Opiniones del porqué ya no siembran algunas variedades
Rabinal, Baja Verapaz	Chucuy blanco, Chucuy amarillo, Toco blanco, Toco amarillo, ICTA HB17, ICTA HB83.	Chucuy negro, chiquito, chiquito negro, toco negro, pulul, oaxaqueño, chucuy josca, chucuy bejuco.	Chucuy blanco amarillo y negro, toco blanco amarillo y negro, blanco mejorado, ICTA HB17, ICTA SIAM 01.	Por ser criollas tienen valor de identidad, por tradición de sus abuelos, están adaptadas localmente, buen rendimiento en grano y calidad.	Escasez de semilla, susceptibilidad a sequía, bajo rendimiento, ciclo muy largo, susceptible al acame.
Jalapa	Pacaya, pacaya grande, pacaya 2-15, negrito, negrito ligero, negrito de sabana, blanco, amarillo, xelano, breve, bayo, robot o rotado, ICTA criollo, ICTA HB83.	Tabero o cuarenteño, mexicano, majoco, pinueleño, mizuno, sarsareño, maíz 520, siete cueros, blanco y negro de montaña, punta cerrada.	Arriquín, pacaya, bayo, blanco, amarillo, negro, pacaya pequeño y grande, ICTA criollo, rotado.	Por ser criollas se siembran por costumbre, tradición y porque les tienen fe, están adaptadas, tienen características agronómicas favorables, hay variedad de usos especiales, mejor calidad culinaria.	No se adapta al cambio climático, no saben la razón, escasez de semilla, susceptible a sequía, mazorca pequeña, bajo rendimiento, es muy breve.
San Lorenzo, San Marcos	Blanco, amarillo, negro, pinto, salpor	Chaparro, diente perro, picudo	Blanco, amarillo, negro, pinto, salpor.	Están adaptadas localmente, se aprovecha para alimento animal, siembran por tradición y costumbre, mejores características de sabor, mejor calidad culinaria.	Escasez de semilla, difícil de desgranar, no saben la razón, susceptible a sequía, ciclo muy largo, susceptible a plagas en almacenamiento.
San Carlos Sija, Quetzaltenango	Blanco, amarillo, negro, salpor.	Diente de ajo blanco y negro.	Blanco, amarillo, negro, salpor.	Están adaptadas localmente, hay disponibilidad de semilla, plantas grandes más alimento animal, siembran por tradición y costumbre, mejor calidad culinaria.	Difícil de desgranar, escasez de semilla, no saben la razón, susceptible al acame, susceptible a plagas en almacenamiento.

En Rabinal es donde menor número de nombres de variedades se mencionan, la mayor cantidad de variedades locales están catalogadas en el nombre genérico de Toco en las partes altas y Chucuy en las medias, en ambos casos comprende materiales de color blanco, amarillo y negro. De acuerdo con las razas nativas de Guatemala (Wellhausen et al., 1957) los materiales de Toco se parecen a la raza Olotón y Comiteco y los de Chucuy a la raza Naltel tierra baja. En Rabinal hay uso de variedades mejoradas del ICTA en la localidad de Nimacabaj que está ubicada en altitudes por debajo de los 1000 ms.n.m. donde hay terrenos con menor pendiente y mejores condiciones para la agricultura, lo que contribuye a que variedades mejoradas tengan un mejor comportamiento que las nativas. En las localidades del occidente (San Lorenzo en San Marcos y San Carlos Sija en Quetzaltenango) las variedades son conocidas únicamente por sus colores,



predominando las de color blanco. Solo en estas localidades fueron mencionadas las variedades de Salpor, correspondiente a materiales de grano harinoso con usos especiales para alimentación. Además, se puede observar presencia de materiales pertenecientes a las razas imbricado y serrano.

Hay diferentes opiniones del porqué siguen sembrando sus variedades. Para Rabinal y Jalapa las principales razones son la tradición y costumbre, por ser nativas, por identidad, por ser las que sus abuelos cultivaban y porque les tienen fe; esto último también ha sido documentado en otros estudios (Guillén-Pérez et al., 2002). Otra razón importante en estas dos regiones es que están adaptadas a las localidades.

En Jalapa fueron más específicos en por qué siguen sembrándolas y expresan razones de características agronómicas favorables como olote delgado, largo de mazorca, facilidad de desgranar y rendimiento aceptable. Además, algunas tienen un uso especial como en la elaboración de tortillas negritas, atoles como shuco o chilate.

En el caso de Rabinal algunos expresaron desventajas en su uso. La mayor desventaja es su bajo rendimiento y hay localidades de tierras bajas donde ya no se siembran variedades nativas, ya que prefieren las variedades mejoradas por ser de mayor rendimiento.

En las localidades de la región de occidente, se menciona como principales razones para seguir sembrando variedades nativas es que están adaptadas a la localidad y, por lo tanto, necesitan menor cantidad de abono y rinden más. Además, por ser plantas más grandes, tienen más hojas, lo cual es ventajoso para la alimentación de animales. Tanto en San Lorenzo en San Marcos como en San Carlos Sija en Quetzaltenango, la opinión del uso de las variedades nativas por tradición ocupó un tercer lugar.

En todas las regiones la opinión de la mujer respecto a las variedades utilizadas está dirigida a señalar la calidad culinaria que se expresa en mejor sabor, más suavidad, rendimiento del grano y mayor rendimiento en la molienda.

En la tercera columna del Cuadro 28 se presenta la información de aquellas variedades nativas que ya casi no se usan o ya no se usan. En Rabinal y Jalapa es donde hay mayor número de variedades que ya no utilizan (6 y 10 respectivamente). En las localidades de Rabinal son los maíces de color negro los que tienen mayor porcentaje de informantes que indicaron que ya no se siembran o se siembran solo en algunos casos, especialmente en lugares de mayor altitud.

En las localidades de Jalapa el mayor porcentaje corresponde a quienes no saben cuáles son las variedades que ya no se siembran, posiblemente son los agricultores de menor edad que componen el grupo entrevistado. Una variedad muy apreciada por el uso para hacer galletas es el salpor (pertenece al material Majoco, propuesto como nueva raza para Guatemala (CONAP, 2024)), siendo cultivado ya solo por algunos agricultores de San Pedro Pinula. Sin embargo, mencionan algunas desventajas como rendimiento muy bajo y, por ser una variedad de grano harinoso, es muy apetecido por plagas como el gorgojo, incluso empiezan a dañarlo desde que la mazorca aún está en la planta.

Para las localidades de San Lorenzo en San Marcos y San Carlos Sija en Quetzaltenango el mayor porcentaje es para personas que no saben o no conocen de nombres de variedades que ya no siembran, lo que puede deberse a que en estas localidades son las mujeres las que principalmente hacen ahora la agricultura y que no existió una transmisión oral de ese conocimiento de parte de sus esposos, padres y abuelos. Para San Lorenzo, son las variedades Chaparro y Picudo las que con mayor porcentaje se mencionaron. En tanto en San Carlos Sija son las variedades Diente de ajo las que se han perdido (puede suponerse que son las pertenecientes a la raza imbricado).

En los cuatro casos, pero con mayor número en Rabinal y San Lorenzo, la principal razón que se expone es que ya es difícil conseguir la semilla o que es muy escasa. Esto se debe principalmente a que cuando el agricultor por alguna razón pierde su semilla, la principal forma de recuperarla es por intercambio con otros agricultores, pero en estos casos a varios agricultores se les ha perdido y, por lo tanto, no hay forma de recuperarla en la comunidad. Es aquí en donde los bancos de germoplasma pueden jugar un papel importante como fuente alternativa para llevar al campo aquellas variedades que por diversas razones se han perdido.

Otra razón comentada en todos los casos es que muchas de estas variedades no han logrado adaptarse a los cambios que impone el clima, lo cual va asociado a la susceptibilidad a la sequía, plagas y enfermedades. Otro motivo muy mencionado es la susceptibilidad al acame especialmente en variedades altas de áreas de mayor altitud.

En el caso de las localidades de la parte occidental del país una de las razones del porqué algunas variedades nativas ya no se usan es por la dificultad de desgranar, pues son variedades de grano imbricado.

Hay muchos agricultores que desconocen las razones de la pérdida de variedades locales lo cual implica que muchos aspectos de tradición e históricos se están perdiendo. Se considera que los agricultores jóvenes están perdiendo mucho del conocimiento local, y como indica Rodríguez (2015), la causa principal se puede atribuir a la globalización y a la agricultura convencional que contribuye a la pérdida de saberes, tecnologías, semillas y valores. Esto incide directamente en la crisis alimentaria aumentando también la pobreza rural.

En el Cuadro 28 se presenta una columna con los nombres de las variedades nativas de maíz que las mujeres entrevistadas conocen que se siembran en los terrenos de su familia. En Rabinal y Jalapa es donde se nota que hay mayor variedad de maíces que conocen.

De acuerdo con la opinión de las mujeres, los colores de maíz que se siembran son blanco, amarillo y negro, los dos primeros son los que mayormente se utilizan y el color negro en menor área y por menos agricultores. La variedad de salpor se menciona solo en las localidades de occidente, se indica que ya casi no se siembra porque al ser de grano harinoso la plaga del gorgojo daña mucho al grano. La opinión de las mujeres respecto a estas variedades está relacionada con la calidad culinaria como ya

se había anotado. Por esto es importante valorar las variedades nativas y las de usos especiales, lo que contribuye a darles importancia para poder seguir preservando las razas que actualmente se tienen en el país, pues son representantes de la amplia diversidad de maíz (Reza-Solis et al., 2024).

Los agricultores consciente o inconscientemente en cada ciclo de cultivo van realizando mejoramiento de sus materiales nativos de maíz, en ocasiones están dispuestos a sacrificar rendimiento por otras características, por ejemplo, resistencia a la sequía y al acame como lo mostraron en su estudio Marennya et al. (2022). En la mayoría de las veces las variedades mejoradas creadas por las instituciones de investigación no se adaptan a microclimas locales y, además, su composición genética es muy diferente a la de maíces nativos locales.

Es conveniente, por lo tanto, impulsar programas estatales en conjunto con grupos de desarrollo local para generar variedades adaptadas a las necesidades de cada población. Esto puede ser a través del desarrollo de un enfoque de mejoramiento genético que combine un mejoramiento centralizado y uno participativo y descentralizado, donde se utilice la genómica para la extracción de rasgos a partir de colecciones *ex situ* de material genético local, ensayos participativos multi locales y ciencia, y conocimiento local colaborativo. Esto puede dar como resultado lo que se llama “semillas para la necesidad” (Fadda et al., 2020), con lo que se puede desarrollar variedades locales con una mejor adaptación al cambio climático y condiciones socioeconómicas, así como dar solución a través de acciones enfocadas a la sostenibilidad de los recursos (Reza-Solis et al., 2024).

En el Cuadro 29 se presentan los resultados del conocimiento de variedades locales de maíz por hombres y mujeres de los cuatro departamentos estudiados. Se unió el conocimiento de las variedades que utilizan actualmente y de las que ya casi no se usan o se han perdido, considerando que en conjunto forman el conocimiento de variedades tradicionales de maíz. El rango de variedades que conocen los hombres es de 1 a 7, mientras que el de las mujeres es de 1 a 4, pero en promedio tanto hombres como mujeres conocen tres variedades. Los parámetros calculados indican que la desviación estándar no es alta y está muy cercana a uno, lo que muestra que la media es una medida adecuada en este caso, pero el coeficiente de variación demuestra que hay variabilidad alta en el número de variedades conocidas por los hombres y mujeres. Los coeficientes de regresión y correlación confirman que hay un adecuado ajuste entre el número de casos de hombre y mujeres en el conocimiento de variedades. Relacionado con lo anterior Damián et al. (2008) en un estudio de adopción de tecnología encontraron que es levemente más alta en hombres que en mujeres, lo cual se atribuye a que los hombres tienen más acceso a tecnología, algo similar puede suceder con el conocimiento de variedades locales de maíz



Cuadro 29. Estadísticas de número de variedades nativas conocidas por hombres y mujeres.

Parámetro	Hombres	Mujeres
Media	3.00	3.00
Máximo	7	4
Mínimo	1	1
Desviación Estándar	1.322	0.991
Coef. de variación	46.51	36.59
Coef. de correlación R	0.9667	
Coef. de regresión R2	0.9346	

4.3. Algunas consideraciones sobre las razas de maíz presentes en las diferentes regiones

En las Figuras 56, 57, 58 y 59 se pueden observar los diferentes tipos de maíces reportados en las cuatro regiones bajo estudio. Es notorio que los nombres comunes varían en cada una de las localidades estudiadas, además, existe variabilidad dependiendo de la altitud sobre el nivel del mar. En el caso de Rabinal, en la parte más baja (aldea Nimacabaj), los materiales denominados chucuy son materiales de ciclo corto pertenecientes a la raza naltel amarillo tierra baja, mientras que en la localidad intermedia (aldea Pahoj), además de los chucuy amarillo, aparece el chucuy blanco (un tipo de naltel blanco tierra baja) y una transición a los tipos comiteco y olotón (chucuy negro). En la parte más alta de Rabinal (aldea Chichupac) ya se presentan razas como olotón (tocoy amarillo y tocoy pinto) y comiteco (tocoy blanco y tocoy azulado). En Jalapa, en las partes más bajas se presenta el naltel blanco de tierra baja (el denominado en todo oriente como arriquín y el nombrado como pacaya grande y pequeño) contrastando con las partes más altas (aldea Miramundo) en donde se presentan razas de clima frío como Quicheño (punta cerrada), naltel amarillo tierra alta (breve), negro Chimaltenango tierra alta (negrito), comiteco (xelano) y materiales con características cercanas a la raza serrano (bayo y coroneño).

En el occidente de Guatemala, en donde las localidades estudiadas estaban a mayor altitud sobre el nivel del mar, los materiales presentes pertenecen a otras razas, por ejemplo, en San Lorenzo, San Marcos, se observa la raza salpor, San Marceño (amarillo), una accesión con características de serrano (blanco), e imbricado (color negro). En San Carlos Sija, Quetzaltenango, se reportan las razas imbricado (diente de ajo), quicheño (negro), naltel blanco tierra alta (blanco), San Marceño (amarillo) y serrano (amarillo dulcito). Esta información viene a confirmar lo que ya se conoce para los maíces de Guatemala, es decir, la variabilidad genética de los maíces depende principalmente de la altitud sobre el nivel del mar. También es notorio que, como ya se ha discutido, cada material genético en las diferentes localidades tiene sus propios usos.

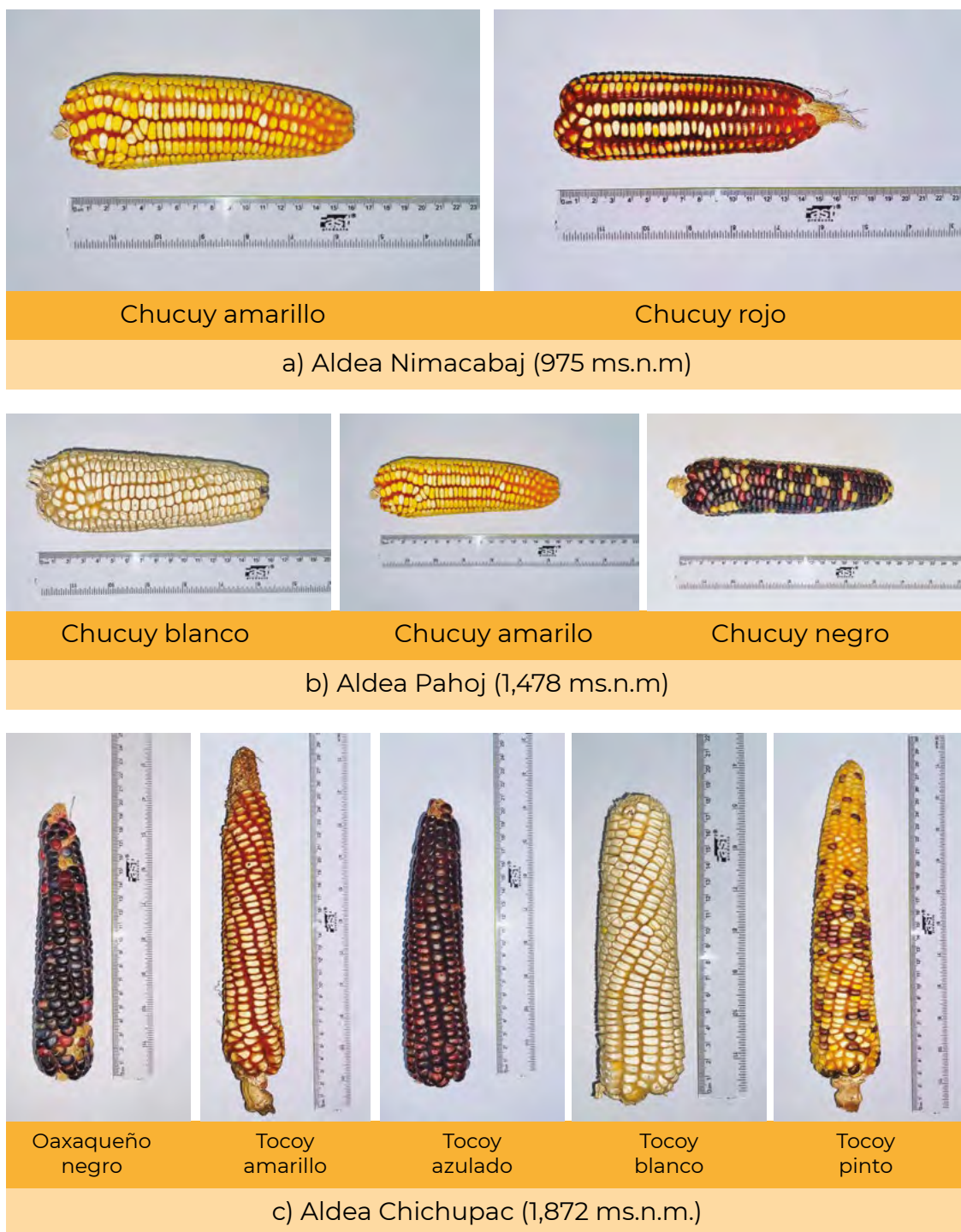


Figura 56. Diferentes accesiones de maíz del municipio de Rabinal, Baja Verapaz.

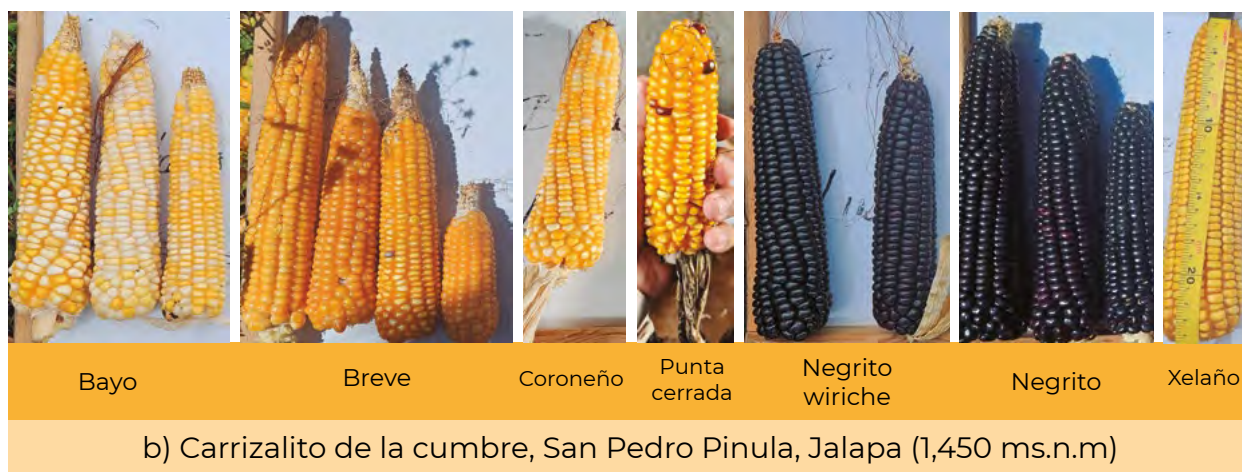
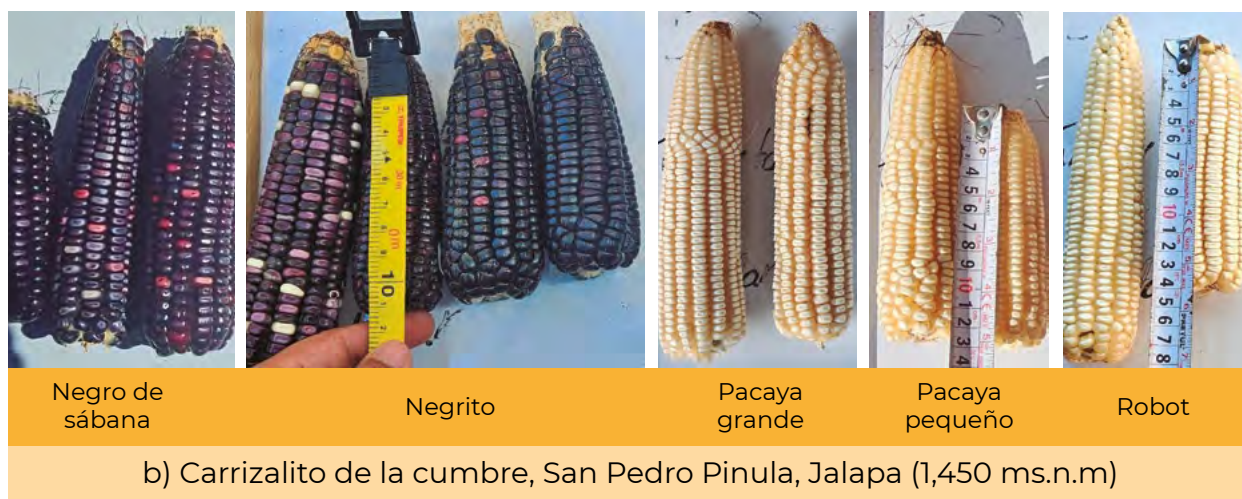
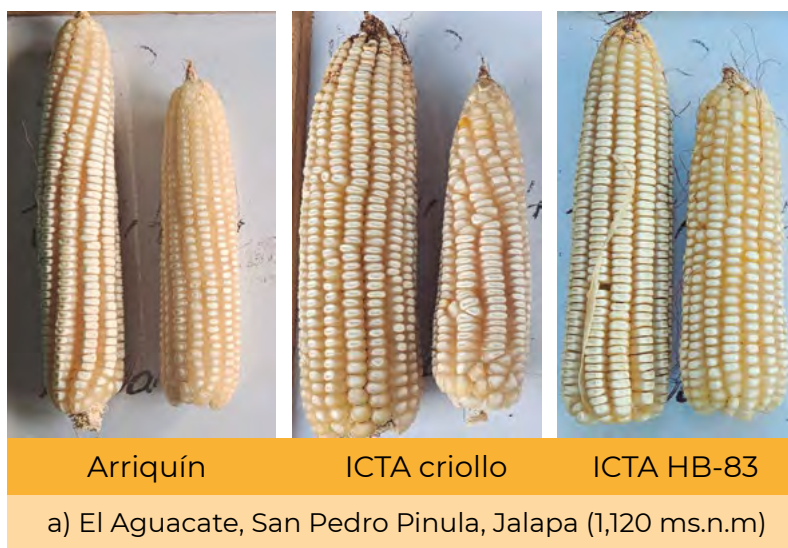


Figura 57. Accesiones de maíz de tres regiones de Jalapa.



Amarillo



Blanco



Negro



Negro imbricado



Salpor

Figura 58. Accesiones de San Lorenzo, San Marcos (2,710 ms.n.m)



Diente de ajo



Amarillo



Blanco



Amarillo dulcito



Negro

Figura 59. Accesiones de San Carlos Sija, Quetzaltenango (2,715 ms.n.m.).

4.4. El sistema milpa en las regiones de estudio

En el Cuadro 30 se presenta la información del sistema de manejo del cultivo del maíz, observándose que la mayoría lo realiza en el sistema milpa, con excepción de Rabinal en donde el sistema milpa no constituye el principal cultivo. Según la opinión de los agricultores de Rabinal, pueden realizarlo con el fin de seguridad alimentaria, sin embargo, el mayor esfuerzo lo dedican a otros cultivos que les proporcionan mejores ingresos económicos como hortalizas, café, frijol y tomate.

Cuadro 30. Principales características del sistema milpa utilizado en las regiones estudiadas.

Región	Aldea/caserío	Sistema cultivo maíz	¿Es el cultivo principal?	Otros cultivos aparte de maíz	Especies incluidas en el sistema milpa
Rabinal, Baja Verapaz	Chichupac	Milpa	No	Café y tomate	Frijol, ayote y macuy
	Pahoj	Milpa	No	Café y hortalizas	Frijol y ayote
	Nimacabaj	Milpa	No	Frijol y hortalizas	Ayote
San Pedro Pinula, Jalapa	Carrizalito de la cumbre	Milpa	Sí	Frijol	Quilete, tomatillo, chipilín, chile, miltomate
	El Aguacate	Milpa	Sí	Frijol	Quilete, tomatillo, miltomate, bleado
Jalapa, Jalapa	Miramundo	Milpa	Sí	Ninguno	Frijol de enredo, chilacayote, quilete, rábano de monte, lechuga de monte, mostaza
San Lorenzo, San Marcos	Santa Rosa de Lima	Milpa	Sí	Arveja, durazno	Frijol, ayote, habas hierba mora, a veces arveja.
	Paconché	Milpa	Sí	Ninguno	Frijol, ayote, habas, hierba mora, a veces arveja.
San Carlos Sija, Quetzaltenango	Paso rojo	Milpa	Sí y no	Frutales, haba, arveja	Frijol, ayote, güicoy, haba, arveja.
	Llano grande	Milpa	Sí	Frutales, haba	Frijol, ayote, güicoy.

En la mayoría de localidades la opinión es que el sistema milpa es el principal a excepción de la localidad de Paso rojo en San Carlos Sija, en donde la opinión fue dividida entre los que se dedican a él principalmente y otros que también tienen cultivo de frutales, arveja y haba. En la aldea Miramundo en Jalapa reportan que exclusivamente se dedican al cultivo de la milpa, pero en las otras localidades de ese departamento



además de la milpa pueden tener frijol, frutales y alguna hortaliza en áreas pequeñas por separado.

La composición básica del sistema milpa es maíz, frijol (principalmente de enredo) y ayote. Pero muchas veces hay otras especies que crecen de manera arvense o bien que ellos siembran con el maíz. Entre esas otras están el macuy o quilete, tomatillo, chile, miltomate, bledo, nabo silvestre o mostaza y en lugares de altura haba y/o arveja (Cuadro 30).

4.5. Participación de la mujer en el cultivo de la milpa

En el Cuadro 31 se presenta la información respecto a la participación de la mujer en el cultivo de la milpa. En Rabinal la participación consiste en contribuir con llevar la comida al lugar de cultivo y participar en algunas de las labores del cultivo. En esta localidad también se da la modalidad donde la mujer se encarga del cultivo, pero no realizando las labores directamente sino administrando por medio de dar instrucciones a mozos que realizan el trabajo.

Cuadro 31. *Participación de la mujer en el cultivo de la milpa.*

Lugar de estudio	En opinión de las mujeres			
	Participación mujer en el cultivo de milpa	¿Quién decide que variedad sembrar?	¿Cómo se realiza la conservación de semilla	Principales usos maíz en alimento humano y animal
Rabinal, Baja Verapaz	Durante todo el cultivo, en llevar comida, en la cosecha (tapisca), dirigir trabajo de mozos	La mujer 44%, ambos, 30%, el hombre 22%, toda la familia 4%	Costales, vasijas de barro, silos	Tortillas, atoles (chilate blanco, shuco), pinol (para comidas y bebidas), rasha, tamalitos, pan de maíz, concentrado para pollos, harina de maíz, tamales
Jalapa	En llevar comida al campo	El esposo 60%, ambos 17%, la esposa 13%, padre 7%, suegro 3%	Costales, granero, colgado, toneles de plástico	Tortillas, chilate blanco, tamalitos con frijol, tamales, tamalitos de elote, tamalitos con chipilín, chilate shuco, atol de elote, tamales con pollo, pan de maíz, tazcales, atol de 3 cocimientos, dobladas, atol de masa, pinol

San Lorenzo, San Marcos	En todo el cultivo (ellas son las agricultoras)	Esposa 65%, ambos 25%, esposo 10%	Silos, costales, colgado	Tortilla, quesadillas, atol, alimento de animales, pan de elote, tamalitos de masa, shuco de elote, pan, pinol
San Carlos Sija, Quetzaltenango	En todo el cultivo (ellas son las agricultoras)	La esposa 100%	Costales, colgando	Tortilla, alimento de animales, tamalitos de masa, pinol, quesadillas, pastel de elote, tamalitos de elote, manjar, atol, fresco de masa

En el caso de las localidades de Jalapa se nota que las familias son más conservadoras respecto a la participación de la mujer en las labores de cultivo, la mayoría se dedican a llevar la comida y hay otro grupo que no participan en nada. En otros casos las mujeres participan parcialmente en diferentes labores, pero especialmente durante la cosecha o tapisca. Lo descrito en estas dos regiones coincide con lo reportado en estudios previos que muestran la participación parcial de la mujer en el cultivo del maíz (Castillo-Nonato, 2016).

En las localidades de occidente son las mujeres las que hacen el trabajo de agricultoras, lo cual se debe a que los hombres han migrado hacia otras partes del país o al extranjero en busca de mejores oportunidades de ingresos; esto es lo que algunos autores llaman la feminización de la agricultura (Costa, 2005; Reimao et al., 2015). Este fenómeno observado en varias partes del país debería traer consigo cambios sustanciales en la transferencia de tecnología de parte de las instituciones estatales, ya que se ha observado que la tecnología generada no considera el rol protagónico de la mujer en la producción de bienes agrícolas (Damián et al., 2008).

Las respuestas respecto a quien decide que variedad o variedades de maíz se van a sembrar, están en la tercera columna del Cuadro 31. A excepción de Jalapa, en todas las localidades estudiadas, es la mujer quien principalmente decide que se va a sembrar tomando en consideración que es ella quien va a manejar la cosecha para su aprovechamiento en alimentación. En San Carlos Sija en el 100% casos es la mujer la que decide, ya que ellas son las que hacen el papel de agricultoras.

En el caso de San Lorenzo también es principalmente la mujer, pero se nota que aún hay más comunicación con el esposo que, aunque no esté presente físicamente, es tomado en cuenta para decisiones del hogar. Esto se facilita por medio de la comunicación que mantienen por teléfono celular, lo cual ha sido documentado por Reimao et al. (2015). Para Rabinal se puede notar una tendencia a que más mujeres van decidiendo que variedades sembrar, esto tomando en consideración que también un mayor número de mujeres se van involucrando más en las actividades del cultivo por el fenómeno de la migración del hombre.

La conservación de las semillas en la mayoría de las veces se realiza en costales, en Jalapa también se menciona el granero y toneles de plástico y en Rabinal las vasijas de barro y silos; la mayoría aplica insecticidas químicos en polvo o pastillas para su conservación. La forma tradicional de conservación de semillas ha sido el colgado en las vigas de las casas que al parecer ha disminuido, pues los casos reportados son pocos y en Rabinal ninguna de las mujeres encuestadas lo mencionó.

Con relación a los usos del grano del maíz, en Jalapa es donde se reportó mayor número de usos. En los cuatro departamentos el uso principal es en tortilla. En Rabinal todos los usos que se mencionaron son manejados por la mayoría de las informantes, lo que muestra el amplio conocimiento del uso del maíz en cada hogar. En Jalapa después de las tortillas los atoles son de importancia, usos que solo se mencionaron en este departamento son los tazcales y las dobladas.

En el caso de San Lorenzo los usos principales después de las tortillas son quesadillas y atol, el uso en alimento de animales también es bastante mencionado. En San Carlos Sija después de la tortilla el uso son tamalitos de masa e igual peso tiene el uso para alimento de animales. En este municipio se mencionan como usos exclusivos el fresco de masa y el manjar.

Cabe mencionar que la elaboración de tamales fue mencionada en Rabinal y Jalapa, en las localidades de occidente al parecer ya no es muy común y solo elaboran tamalitos. El uso del grano de maíz como alimento para animales, aunque se realiza en todas las regiones, en las de occidente tiene mayor importancia, pues de acuerdo con las respuestas de mujeres se destina una parte importante de lo que cosechan, lo que denota mayor manejo de animales domésticos como aves, cerdos y bovinos.

Los resultados discutidos ponen de manifiesto el papel tan importante que tiene la mujer en el cultivo del maíz y la conservación de sus semillas. Esto es apoyado por estudios como el de Fuentes (2021) que muestran el papel fundamental en el sistema productivo de varios cultivos a través de labores para su producción, el aspecto culinario y la comercialización de productos agrícolas. También FAO e IPGRI (2001) muestra el papel determinante de la mujer en el proceso de selección y conservación de las semillas de maíz, y el conocimiento que tiene sobre distintas variedades, su valor e importancia para los distintos usos. Además, se encontró evidencia de su involucramiento en el manejo de la diversidad genética del maíz y su participación parcial en el sistema agrícola de esta especie. Sin embargo, el papel de la mujer muchas veces tiende a invisibilizarse (FAO e IPGRI, 2001), y también se sabe de la marginación y menos oportunidades de educación y capacitación de las mujeres (Us, 2023).

4.6. Usos de subproductos del cultivo del maíz

En la Figura 60 se presentan los resultados de las respuestas de mujeres respecto al uso de subproductos del maíz. En el caso de la tuza el uso principal es para envoltura de alimentos que es común para los cuatro departamentos en estudio. Para Rabinal y Jalapa además hay otros usos como alimentación de ganado y para abono. En pocos



casos también la venden. Respecto a los estigmas del pistilo del maíz (pelo de elote o maíz), la mayoría de las entrevistadas en los cuatro departamentos no lo utilizan. De las pocas que saben de su uso, lo refirieron como medicinal para infecciones urinarias, lo cual ha sido documentado por la Biblioteca Digital de la Medicina Tradicional Mexicana de la UNAM (2009), en Jalapa hay dos casos que lo reportan para evitar el sangrado de nariz y en San Carlos Sija en algunos casos mencionaron su uso para bajar el dolor de muelas.

El olote es principalmente utilizado para alimento de ganado, a excepción de Jalapa donde el principal uso es como combustible en el fuego de la cocina. Para el occidente hay otros usos que se reportan para asiento de ollas y para nidos. Un uso reportado en Jalapa y en San Lorenzo es como sustrato para la producción de hongos comestibles.

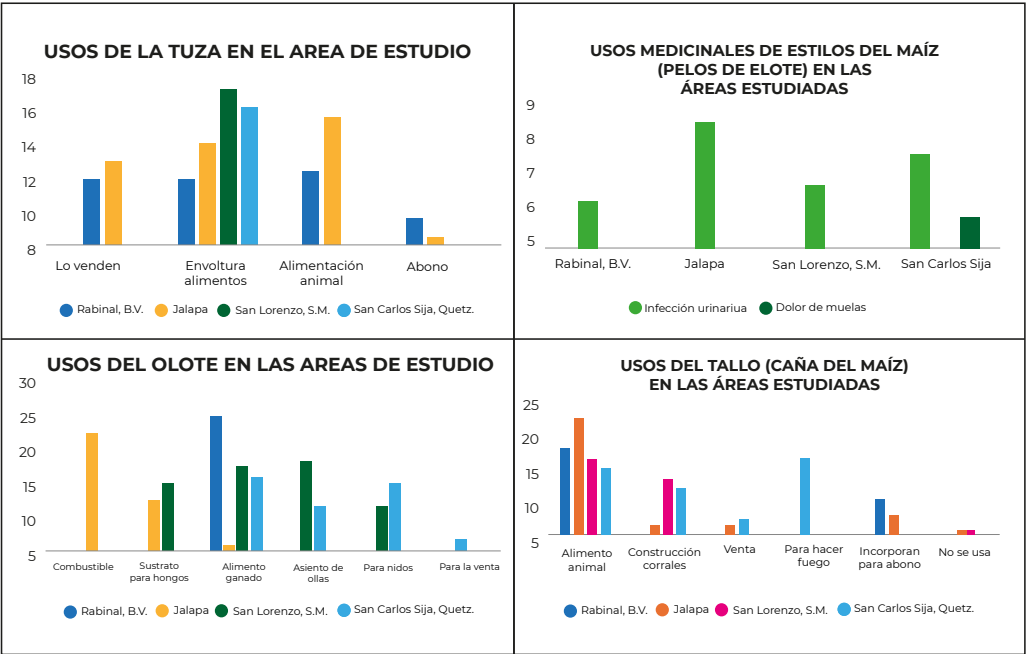


Figura 60. Usos de subproductos del maíz en opinión de las mujeres.

Para el tallo o caña del maíz, en Rabinal no se reporta uso. En las otras regiones el uso principal es para alimento de ganado, en ese aspecto hay estudios como el de Treviño et al. (1974) y Amador y Boschini (2000) que reportan el valor nutritivo de varias partes de la planta de maíz. El otro uso importante es para la construcción que puede ser para corrales o bien para cercos. Algunos usos particulares son su incorporación al suelo para abono y como combustible en la cocina.

4.7 Otros aspectos culturales relacionados con el sistema milpa

En el Cuadro 32 se muestra el estado respecto a historias tradicionales alrededor del maíz narradas por hombres. En la mayoría de los casos en los cuatro departamentos, las personas ya no conocen de las historias o bien indicaron las han olvidado. De las

pocas que se narraron se nota que lo que hay es un respeto por el maíz y el lugar donde se siembra. En Jalapa el 100% de los agricultores indicaron desconocer de historias sobre el maíz.

Cuadro 32. *Historias, ceremonias y celebraciones alrededor del cultivo y cosecha del maíz.*

Lugar del estudio	Historias según hombres	Historias según mujeres	Celebraciones y rituales
Rabinal, Baja Verapaz	De 23 hombres entrevistados: 14 dijeron que no conocían o que no había historias. 9 indicaron que sí había historias alrededor del cultivo del maíz, de ellos, 7 no se recuerdan como es la historia, solo 2 las narraron	De 23 mujeres, se tuvieron 8 historias, 5 entrevistadas dijeron que no había historias sobre el maíz y 8 que saben que hay historias pero que se les han olvidado y 2 no contestaron	Corpus christi, día de la cruz, ceremonias mayas, primicia a la iglesia, navidad, fiesta patronal. Se celebra con ofrendas de maíz, atol, al muerzo con gallina
Jalapa	El 100% de los agricultores hombres indicaron que no hay o no conocen historias alrededor del cultivo de maíz	No reportaron historias del maíz	La mayoría indican que no hacen celebraciones relacionadas con el maíz. Los que indicaron señalaron el día de la cruz, presentación de maíz (primicia) en iglesia, cumpleaños, funerales, bodas. Con atol, comida
San Lorenzo, San Marcos	De los 18 agricultores en este caso fueron mujeres y solo un hombre, cuatro indicaron que si hay y 12 que no hay o no conocen	No reportaron historias del maíz	No hacen ninguna celebración alrededor el cultivo del maíz
San Carlos Sija, Quetzaltenango	De las 17 agricultoras (solo había un hombre), 16 dijeron que no hay historias o las desconocen, solo una persona indicó que si hay historias	No reportaron historias del maíz	En este caso solo dos agricultoras hacen celebraciones. Oración de colores con comida y tamalitos, primicia y ceremonia en la iglesia

En lo que respecta al relato oral por generaciones de mujeres, las historias alrededor del maíz infortunadamente se están perdiendo. En el presente estudio solo se obtuvo información de ocho mujeres de Rabinal, cinco entrevistadas dijeron que no había



historias sobre el maíz y ocho que saben que hay historias pero que se les han olvidado. La situación de la pérdida de conocimiento de tradiciones orales por las mujeres ha sido señalada también por FAO e IPGRI (2001). Todas las historias giran alrededor de ver al maíz como algo sagrado que se debe respetar desde su siembra hasta la cosecha, esto a través de oraciones y peticiones para que abunde la cosecha. En San Lorenzo en San Marcos, San Carlos Sija en Quetzaltenango y en el departamento de Jalapa las mujeres no reportaron historias sobre el maíz.

En la narración de ceremonias y celebraciones alrededor del cultivo y cosecha de maíz de los informantes hombres, fue en Rabinal donde se pudo recolectar más información al respecto ya que en las otras localidades fue escasa. La mayoría están alrededor de la siembra y/o la cosecha, donde se mezclan rituales mayas y ceremonias católicas. Muy importante es señalar que en varias de estas ceremonias se indica el llevar maíz como ofrenda a la iglesia católica o al salón de culto en el caso de la religión evangélica, esto es lo que llaman llevar la primicia, es decir las primeras mazorcas cosechadas.

Los casos de celebraciones o rituales para Jalapa y San Carlos Sija mencionan que se hace una celebración el 3 de mayo Día de la cruz, varias personas también coinciden en la celebración realizada el 15 de octubre, subida de los ángeles. En la mayoría de las ocasiones llevan maíz a la iglesia como parte de la ceremonia. En todos los casos el objetivo es hacer oración y dar gracias a Dios.

En San Carlos Sija sólo dos agricultoras narraron sus ceremonias, las demás indican desconocerlas. En el caso de San Lorenzo, San Marcos, todas las agricultoras consultadas dijeron que no hay o desconocen celebraciones alrededor del cultivo del maíz.

En la última columna del Cuadro 32 se muestran los resultados de los nombres de fiestas o celebraciones realizadas en relación con el maíz. Se puede indicar que muchas de ellas se están perdiendo, ya que en Jalapa casi la mitad de las encuestadas ya no las hacen y en San Lorenzo en San Marcos y San Carlos Sija en Quetzaltenango no se reporta fiestas ni celebraciones, al menos en la entrevista de mujeres. En todas estas celebraciones la tradición es llevar maíz como ofrenda ya sea en grano y/o preparado. Las principales celebraciones son las del 3 de mayo Día de la cruz, la de Corpus Christi, la de llevar la primicia (la primera cosecha) a la iglesia u oratorio. Algunas celebraciones especiales son cumpleaños, funerales, bodas y la fiesta patronal.

En San Lorenzo en San Marcos y San Carlos Sija en Quetzaltenango, por ser las mismas mujeres las que realizan la agricultura, en la respuesta son las mismas externadas en la boleta de hombres.

4.8 Recopilación de información en cuanto a la opinión de agricultores respecto al tema OGM´s

Respecto al conocimiento de los OGMs, solo en Rabinal, Baja Verapaz, se obtuvo información. En Jalapa (San Pedro Pínula y Jalapa), San Lorenzo (San Marcos) y San Carlos Sija (Quetzaltenango) indicaron desconocer del tema y, por lo tanto, no tenían opinión sobre posibles consecuencias en sus cultivos y en la alimentación.

En Rabinal, en las tres comunidades estudiadas dijeron conocer del tema (solo dos personas de la comunidad de Chichupac indicaron desconocerlo). Las personas que dijeron si conocer de OGM's, es a partir de pláticas que les han dado y por eso pudieron dar su opinión, la que en términos generales se puede considerar en contra de su uso. En la Figura 61 se presenta de manera resumida esa información.

La mayoría opina que si esos materiales se siembran en Guatemala se perderá el uso tradicional de variedades locales que se han sembrado por muchos años. En varias respuestas se pudo percibir que hay confusión de los agricultores entre lo que son las variedades mejoradas e híbridos obtenidos por fitomejoramiento convencional y las variedades transgénicas obtenidas por la biotecnología moderna. Esto se pudo notar principalmente en la comunidad Nimacabaj ubicada a menos de 1000 ms.n.m. que en la mayoría de los casos siembran variedades mejoradas y fueron quienes externaron la opinión de que los transgénicos tienen mejor rendimiento.

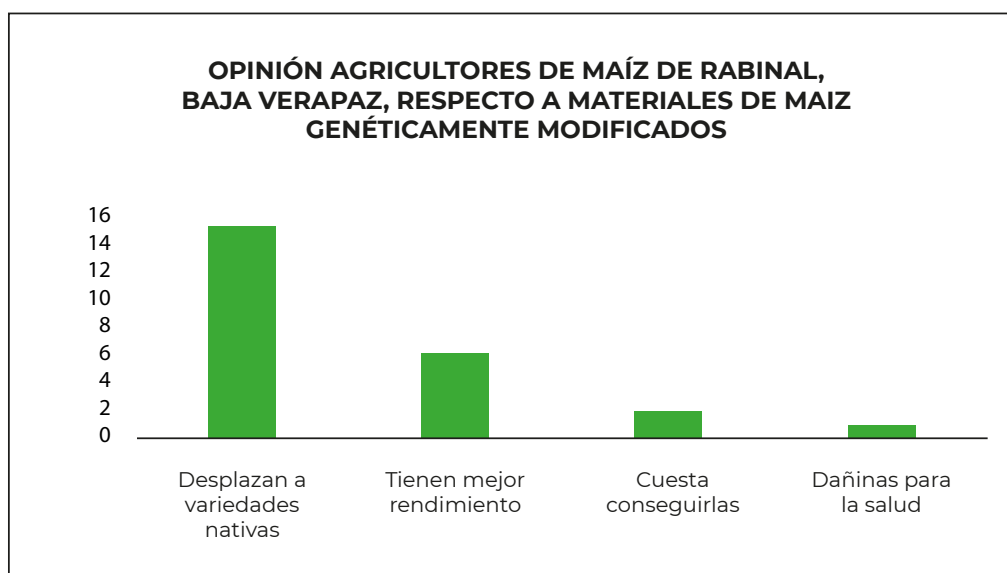


Figura 61. Opinión de los agricultores de Rabinal, Baja Verapaz sobre los materiales de maíz genéticamente modificados.

En general, en las respuestas de la Figura 61 se puede percibir una defensa de las variedades nativas sobre el uso de materiales transgénicos, sobreponiendo en la mayoría de los casos el valor cultural de sus variedades nativas, lo cual también ha sido señalado en el estudio realizado por Barrera-Bassols et al. (2009).

5. Conclusiones

El abordaje desde la etnobotánica realizado en las 10 localidades de este estudio ha permitido documentar el uso de variedades nativas, así como su conocimiento asociado, el manejo del sistema milpa, además del papel de la mujer en el cultivo de la milpa y las ceremonias, rituales y celebraciones en relación con el cultivo del maíz.

En cuanto a las variedades utilizadas se puede indicar que aún hay un alto porcentaje de uso de variedades nativas, que muestra que los agricultores son conservadores de los recursos fitogenéticos de esta especie. Al referirse a las características del porque siguen usando sus variedades, se muestra que no es el rendimiento lo más importante, sino que la cultura, tradición y la fe en ellas, además su adaptación al ambiente local. Debe indicarse también que hay una pérdida de variedades principalmente por bajo rendimiento, pérdida de adaptación local y porque se ha perdido la semilla.

El cultivo del maíz en todas las localidades estudiadas se realiza en el sistema milpa compuesto principalmente por maíz, frijol, cucúrbitas y otras especies alimenticias relacionadas con la localidad. A excepción de Rabinal y una localidad de Jalapa, el sistema milpa es el principal, lo cual está asociado a que esos agricultores tienen pequeñas extensiones de terreno.

El conocimiento de las variedades de maíz es similar en hombres y mujeres, y se nota una participación creciente e importante de la mujer en las labores del cultivo de la milpa. En Jalapa la participación directa de la mujer es mínima. En Rabinal se considera intermedia donde ya hay un porcentaje que realiza todo el trabajo agrícola, en tanto que en las localidades del occidente del país son las mujeres quienes realizan todo el proceso de cultivo producto de la emigración de los hombres.

El conocimiento de historias, rituales, ceremonias y celebraciones relacionadas con el cultivo del maíz infortunadamente se está perdiendo, lo cual es más notorio en las localidades del occidente del país que fueron estudiadas.

A excepción de Rabinal, en todas las regiones de estudio, se tienen un desconocimiento del tema de OGMs. En las localidades de Rabinal donde se dice conocer del tema la opinión respecto a su cultivo en general es negativa. Al respecto este estudio contribuye al conocimiento tradicional del cultivo del sistema milpa y puede servir de criterio para futuros estudios socioeconómicos contemplados en el Protocolo de Cartagena.



6. Referencias

- Amador R., A. L., & Boschini F., C. (2000). Fenología productiva y nutricional de maíz para la producción de forraje. *Agronomía Mesoamericana*, 11(1), 171-177. <http://www.redalyc.org/articulo.oa?id=43711126>
- Barrera-Bassols, N., Astier, M., Orozco, Q., & Schmidt, E. B. (2009). Saberes locales y defensa de la agrobiodiversidad: maíces nativos vs. maíces transgénicos en México. *Papeles*, 107, 77-91.
- Barrera-Marín, A. (2012). La etnobotánica. Etnobiología, 10. *Clásicos de la etnobiología en México (suplemento 1)*, 94-97.
- Biblioteca Digital de la Medicina Tradicional Mexicana de la UNAM (2009). Diccionario enciclopédico de la medicina tradicional mexicana. <http://www.medicinatradicionalmexicana.unam.mx/>
- Castillo-Nonato, J. (2016). Conservación de la diversidad del maíz en dos comunidades de San Felipe del Progreso, estado de México. *Agricultura, Sociedad y Desarrollo*, 13(2), 217-235. https://www.scielo.org.mx/scielo.php?script=sci_arttext&pid=S1870-54722016000200217
- Consejo Nacional de Áreas Protegidas (CONAP). (2024). *Profundizando en el conocimiento de la diversidad genética del maíz de Guatemala: Caso del Tewah y Salpor Majoco* (Publicación técnica No. 09-2024). CONAP.
- Costa-Leonardo, N. (2005). *La incorporación de la cuestión de género en las políticas públicas de desarrollo rural en México*. Instituto Interamericano de Cooperación para la Agricultura. http://www.iica.int/Esp/organizacion/LTGC/DesRural/Publicaciones%20Desarrollo%20Rural/sin02_2005.pdf
- Damián-Huato, M. Á., López-Olguín, J. F., Ramírez-Valverde, B., Parra-Inzunza, F., Paredes-Sánchez, J. A., Gil-Muñoz, A., & Cruz-León, A. (2008). Hombres y mujeres en la producción de maíz: un estudio comparativo en Tlaxcala. *Región y Sociedad*, 20(42), 63-94. http://www.scielo.org.mx/scielo.php?script=sci_arttext&pid=S1870-39252008000200003
- Fadda, C., Mengistu, D. K., Kidane, Y. G., Dell'Aqua, M., Pè, M. E., & Etten, J. V. (2020). Integrating conventional and participatory crop improvement for smallholder agriculture using the seeds for needs approach: A review. *Frontiers in Plant Science*, 11, 1-6. Article 559515 <https://www.frontiersin.org/journals/plant-science/articles/10.3389/fpls.2020.559515/full>
- Fuentes, M. E. F. (2021). Rol de la Mujer del área Rural en la Agricultura: el caso de San Pedro Sacatepéquez, San Marcos. *Revista de Investigación Proyección Científica*, 3(1), 163-175. <https://doi.org/10.56785/ripc.v3i1.69>
- Fuentes, M. R. (2012). *Modulo I. Manejo, conservación y uso de la agrobiodiversidad en maíz*. Programa Colaborativo de Fitomejoramiento Participativo en Mesoamérica. <https://www.programafpma.com/PDF/publicaciones/EscueladeAgrobiodiversidad/ModuloMaiz.pdf>



- González-Amaro, R. M. (2025). *Los colores del maíz que pintan la vida*. Instituto de Ecología A. C. (INECOL). <https://www.inecol.mx/index.php/divulgacion/ciencia-hoy/los-colores-del-maiz-que-pintan-la-vida>
- Guillén-Pérez, L. A., Sánchez-Quintanar, C., Mercado-Domenech, S., & Navarro-Garza, H. (2002). *Análisis de atribución causal en el uso de semilla criolla y semilla mejorada de maíz*. *Agrociencia*, 36(3), 377-387. <https://www.redalyc.org/articulo.oa?id=30236311>
- Hernández X, E. (2012). El Concepto de etnobotánica. *Etnobiología* 10(Suplemento 1), 91-93.
- Hernández X. E. (1985). Xolocotzia: obras de Efraím Hernández Xolocotzi (Vol. 1). Revista de Geografía Agrícola.
- Hernández X., E. (1987). Xolocotzia. Obras de Efraín Hernández Xolocotzi (Vol. 2). *Revista de Geografía Agrícola*.
- Instituto Nicagüense de Tecnología Agropecuaria (INTA). (2018). *Catálogo de variedades criollas y acriolladas de frijol y maíz*. INTA-FAO-AMEXID.
- López, M. 2024. Estudio etnobotánico del sistema milpa en dos localidades del departamento de Huehuetenango. Proyecto Bioseguridad CATIE-CONAP.
- Marenja, P., Wanyama, R., Alemu, S., Westengen, O., & Jaleta, M. (2022). Maize variety preferences among smallholder farmers in Ethiopia: Implications for demand-led breeding and seed sector development. *PLoS One*, 17(9), e0274262.
- Martínez-Alfaro, M. A. (2012). La etnobotánica: metodología, desarrollo y orientaciones en México. *Etnobiología* 10 (Suplemento 1), 98-101.
- Organización de Naciones Unidas para la Agricultura y Alimentación (FAO) e Instituto Internacional para los Recursos Fitogenéticos (IPGRI). (2001). *El papel de la mujer en la conservación de los recursos genéticos del maíz*. Guatemala. <https://www.fao.org/4/y3841s/y3841s00.htm>
- Perea, S. L. (2014). *Consenso cultural de los conocimientos de las variedades de maíz, entre agricultores mayas de diferente edad y nivel escolar*. [Tesis Maestría, Colegio de la Frontera Sur]. https://ecosur.repositorioinstitucional.mx/jspui/bitstream/1017/2025/1/100000053881_documento.pdf
- Reimao, M. Theis, S., & Coello, B. (2015). ¿Las esposas de los migrantes abandonan las labores agrícolas, o ellos lo hacen?. Voces. Banco Mundial. <https://blogs.worldbank.org/es/voices/las-esposas-de-los-migrantes-abandonan-las-labores-agr-colas-o-ellos-lo-hacen>
- Reza-Solis, I. J., Romero-Rosales, T., Hernández-Galeno, C. del A., Valenzuela-Lagarda, J. L., & Jiménez- Lobato, V. (2024). Saberes tradicionales en el cultivo de maíces nativos. *Revista Científica Biológico Agropecuaria Tuxpan*, 12(1), 167-178. <http://www.doi.org/10.47808/revistabioagro.v12i1.551>
- Rodríguez, R. (2015). *Editorial, la gestión del conocimiento local y el desarrollo sostenible*. Boletín Camino al Desarrollo, No. 50. Fundación para el Desarrollo y Restauración Ambiental (FUNDERYRAM). <https://fundesyram.info/wp-content/uploads/2019/12/2015-MAYO-.pdf>

- Treviño, J., Hernández, M. T., & Caballero, R. (1974). Estudio del valor nutritivo de la hojas y tallos del maíz híbrido de tallo azucarado E-10. *Pastos*, 286-292. <https://polired.upm.es/index.php/pastos/article/viewFile/542/545>
- Us, H. (2023). Las mujeres rurales como agentes de cambio en Guatemala. Y Si ¿hablamos de igualdad? *Banco Interamericano de Desarrollo (BID)*. <https://blogs.iadb.org/igualdad/es/mujeres-rurales-guatemala/>
- Villela Morataya, S. D. (2023). *Diversidad genética e importancia de las semillas criollas de maíz, en la producción y alimentación de las familias campesinas del municipio de Camotán, Chiquimula*. [Tesis Maestría, Universidad de San Carlos de Guatemala]. <https://www.researchgate.net/publication/372717765>
- Wellhausen, E. J., Fuentes, A., & Hernández, A. (1957). *Races of maize in Central America* (P. C. Mangelsdorf, Colab.). *National Academy of Sciences – National Research Council* (Publ. No. 511).



Capítulo 6.

Aspectos relacionados
con bioseguridad



1. Consideraciones Generales

El objetivo del Protocolo de Cartagena resalta la protección de la biodiversidad ante los posibles daños que puedan causar el uso de organismos genéticamente modificados (OGMs). Dentro de su contenido, el artículo 15 establece el desarrollo de evaluación de riesgo, indicándose que el mismo se debe llevar con arreglo a procedimientos científicos sólidos. Además, da los lineamientos para la gestión del riesgo (artículo 16) (CDB, 2000).

El análisis de riesgo debe centrarse en los objetivos de protección y los puntos finales de evaluación y medición, apoyado en información relevante y de calidad (CDB, 2016). Para Guatemala, el objetivo de protección en este caso es la conservación de centro de origen y diversidad genética (Guatemala forma parte de Mesoamérica, uno de los centros de origen y diversidad de plantas cultivadas); siendo los puntos finales de protección, en este caso, los parientes silvestres y los maíces de Guatemala.

El análisis de riesgo basado en ciencia requiere contar con información científica de alta calidad, por ello el presente proyecto generó dicha información para el caso de los maíces de Guatemala, tanto para parientes silvestres como para maíces cultivados. La información generada viene a complementar información disponible (Azurdia et al., 2011; Azurdia, 2014; Azurdia et al., 2020; Azurdia et al., 2024; Goettsch et al., 2021; Mota-Cruz et al., 2022; Tobon et al., 2022) y que en conjunto conforman la línea base que oriente el análisis de riesgo y la toma de decisiones cuando se requiera dar respuesta a solicitud de aprobaciones del uso de OGMs de maíz. La información generada puede ser la base para el establecimiento de regiones biogeográficas y centros de diversidad de las razas presentes, tal como ha sido realizado en México (Perales y Golicher, 2014). Estos autores reportan 11 regiones biogeográficas, siendo seis de ellas las más diversas en función de razas de maíz. Otros estudios extensivos referente a la diversidad genética del maíz de México (Kato et al., 2009) proporcionó elementos cruciales para orientar la normativa en cuanto a bioseguridad en el uso de OGMs en México.

Para la realización del análisis de riesgo se requiere información de tipo biológico de la especie como floración, dispersión y longevidad del polen, distancias de aislamiento, tipo de reproducción (sexual o asexual), dispersión y dormancia de la semilla, plantas voluntarias, ruderales, persistencia y capacidad invasora, hibridación, tasas de cruzamiento, relaciones de parentesco con otras especies, entre otros (Azurdia, 2014). Para el caso del maíz estos elementos ya han sido considerablemente estudiados. Uno de los aspectos más importantes es conocer a la especie cultivada y sus parientes silvestres más cercanos desde el punto de vista genético, es decir, su estructura y diversidad genéticas. Este segundo aspecto para el caso de Guatemala era poco conocido.

Para fines de análisis de riesgo, en este documento se presenta por primera vez la estructura y diversidad genéticas de un número representativo de accesiones de maíz de Guatemala, utilizando características agromorfológicas, y genotipificación. Ambas metodologías muestran complementariedad, llegando a establecerse como está distribuida la diversidad genética del maíz de Guatemala. Se puede decir en estos

momentos que existen tres grupos genéticos bien establecidos definidos por altitud sobre el nivel del mar (distribuidos a lo largo y ancho del país), cubriendo localidades desde el nivel del mar hasta los 3300 m.s.n.m. Se establece como las áreas más ricas los departamentos occidentales de Guatemala. Sin embargo, las partes bajas del país (costa sur y parte norte) presenta diversidad única que no puede dejar de tomarse en cuenta en la toma de decisiones sobre el uso de OGMs de maíz. Azurdia (2014) había mostrado que estos departamentos son los más ricos en función de riqueza de razas, utilizando la información generada por Wellhausen et al. (1957).

La normativa nacional para el caso de OGMs de uso agropecuario está plasmada en el Acuerdo Ministerial No. 281-2019, el cual hace referencia a la resolución de la Instancia Ministerial-UA No. 60-2019, por el cual se aprueba el Reglamento Técnico RT 65.0601:18 de Bioseguridad de organismos vivos modificados para Uso Agropecuario, dentro del cual se hace referencia a áreas para la liberación al ambiente de OGMs (artículo 24). El Manual de procedimientos técnicos (Acuerdo Ministerial No. 271-2019) establece que cuando se haga liberación al ambiente, se tendrá que tener opinión de CONAP cuando la actividad se desarrolle dentro de áreas protegidas. También indica que se debe tener consideraciones especiales en aquellas áreas reconocidas como centros de diversidad y origen de parientes silvestres de cultivos de Guatemala.

Referente a la parte de centros de diversidad se puede plantear la pregunta del porqué no se incluyó el centro de origen y diversidad de cultivos de Guatemala, ya que la agrobiodiversidad incluye tanto los parientes silvestres como los cultivos que dieron origen. Los estudios que se presentan en el presente documento pueden responder inicialmente a los aspectos relativos a las regiones de Guatemala con mayor diversidad de maíz cultivado. Para sus especies silvestres el aporte del proyecto establece plenamente el centro de origen y diversidad de los maíces silvestres de maíz (CONAP, 2022; Castillo et al., 2025, CONAP, 2023). Esta información inicialmente es importante para el establecimiento de normativa y apoyo a su conservación in situ por parte de CONAP, así como para apoyar en base científica el manual de procedimientos aprobado mediante el acuerdo ministerial no. 271-2019 mencionado.

El artículo 26 del Protocolo de Cartagena hace referencia a consideraciones socioeconómicas, el cual es de carácter voluntario. Se hace referencia al uso sostenible de la biodiversidad, incluyendo el valor que la diversidad biológica tiene para las comunidades indígenas y locales. La importancia del maíz de Guatemala en aspectos biológicos, culturales, religiosos y económicos debe tomarse en cuenta. Los estudios de tipo etnobotánico desarrollados en el presente proyecto muestran evidencia del papel que juega la interacción de la diversidad del maíz y la diversidad cultural de Guatemala. Estos aspectos normalmente no son tomados en cuenta cuando se hace análisis de riesgo. Similarmente, el conocimiento de la riqueza nutricional de los maíces de Guatemala (que se discute en este documento) es fundamental para apoyar programas de biofortificación que tengan como base el uso de materiales genéticos nativos, coadyuvando a la nutrición y la seguridad alimentaria, así como a la conservación de estos materiales por parte de los agricultores que desarrollan principalmente agricultura tradicional.

El estudio piloto desarrollado con maíces de Guatemala (silvestres y cultivados) es un avance para fortalecer los estudios de diversidad de recursos genéticos de centros de origen en función de apoyar la toma de decisiones en bioseguridad. Las bases de datos generadas principalmente por medio de la metodología de genotipificación representan una fuente importante para continuar los estudios de los maíces de Guatemala y así responder a aspectos de bioseguridad, pero también al mejoramiento genético y acciones de conservación tanto *in situ* como *ex situ*. Se debe continuar con estudios de esta naturaleza en especies de Guatemala de importancia nacional y mundial, como el frijol, el chile y las cucurbitáceas, las cuales junto con el maíz conforman el sistema milpa de origen prehispánico.



2. Referencias

- Azurdia, C. (2014). *Cultivos nativos de Guatemala y bioseguridad del uso de organismos vivos modificados*. Maíz (*Zea mays*). Consejo Nacional de Áreas Protegidas. Documento técnico No. 10-2014. 74 p.
- Azurdia, C., Montejó, A., López, M., y Mérida M.A. (2024). *Profundizando en el conocimiento de la diversidad genética del maíz de Guatemala. Caso del Tewah y Salpor Majoco*. Publicación Técnica Nro. 09-2024.
- Azurdia, C., Sánchez, J.J. & Contreras, A. (2020). *Zea mays subsp. huehuetenangensis* (amended version of 2019 assessment). The IUCN Red List of Threatened Species 2020: e.T109973611A175177730. <https://dx.doi.org/10.2305/IUCN.UK.2020-3.RLTS.T109973611A175177730.en>
- Azurdia, C., Williams, K. A., Williams, D. E., Van Damme, V., Jarvis, A., & Castaño, S. E. (2011). *Atlas of Guatemalan crop wild relatives*. United States Department of Agriculture/Agricultural Research Service (USDA/ARS); Bioversity International; International Center for Tropical Agriculture (CIAT); & University of San Carlos in Guatemala (FAUSAC). <http://www.ars.usda.gov/Services/docs.html?docid=22225>
- Castillo, F. (2025). *Actualización de mapas de parientes silvestres de cultivos de Guatemala*. CONAP.
- CONAP (Consejo Nacional de Áreas Protegidas). (2022). *Maíz silvestre de Guatemala: Distribución, diversidad genética y conservación*. Publicación Técnica Nro. 03-2022.
- CONAP (Consejo Nacional de Áreas Protegidas). (2023). *Estrategia de conservación y uso sostenible del maíz silvestre de Guatemala*. Publicación técnica No. 03-2023.
- Convention on Biological Diversity. (2016). *Guidance on risk assessment of living modified organisms and monitoring in the contexto of risk assessment*. UNEP/CDB/BS/COP-MOP/8/8/Add.1
- Goettsch, B., Urquiza-Haas, T., Koleff, P., Acevedo Gasman, F., Aguilar-Meléndez, A., Alavez, V., ... & Jenkins, R. K. (2021). Extinction risk of Mesoamerican crop wild relatives. *Plants, People, Planet*, 3(6), 775-795.
- Kato, T. Mapes, C., Mera, L., Serratos, J., & Bye, R. (2009). Origen y diversificación del maíz: una revisión analítica. México, D.F.: Universidad Nacional Autónoma de México, Comisión Nacional para el Conocimiento y uso de la Biodiversidad.
- Mota-Cruz, C., Cuevas-Guzman, R., Azurdia, C., and Palemón-Alberto, F. (2022). Mesoamerican wild corn. In: Casas, A.; Blanca, J. (eds.). *Ethnobotany of the Mountain Regions of Mexico, Ethnobotany of Monuntain Regions*. http://10.1007/978-3-319-77089-5_54-1
- Perales, H., & Golicher, D. (2014). Mapping the diversity of maize races in Mexico. *PloS one*, 9(12), e114657.



Secretaría del Convenio sobre la Diversidad Biológica (2000). *Protocolo de Cartagena sobre Seguridad de la Biotecnología del Convenio sobre la Diversidad Biológica: texto y anexos*. Montreal: Secretaría del Convenio sobre la Diversidad Biológica.

Tobón-Niedfeldt, W., Mastretta-Yanes, A., Urquiza-Haas, T., Goettsch, B., Cuervo-Robayo, A. P., Urquiza-Haas, E., ... & Koleff, P. (2022). Incorporating evolutionary and threat processes into crop wild relatives conservation. *Nature Communications*, 13(1), 6254. <https://doi.org/10.1038/s41467-022-33703-0>

Wellhausen, E. J., Fuentes, A., & Hernández, A. (1957). *Races of maize in Central America* (P. C. Mangelsdorf, Colab.). National Academy of Sciences – National Research Council (Publ. No. 511).



En esta obra se presenta la línea base de la diversidad genética del maíz de Guatemala (parientes silvestres, diversidad agro morfológica, genómica, nutricional, y estudios etnobotánicos) como apoyo a acciones relativas a bioseguridad, conservación y uso sostenible de este recurso de importancia nacional y mundial. La inclusión de estudios nutricionales es un plus que puede orientar los programas de mejora genética en el apoyo a la seguridad alimentaria y nutricional de Guatemala. Se refuerza el conocimiento relativo a la importancia de Guatemala como parte del centro de origen y diversidad del maíz

y de otros cultivos de importancia mundial. Es el seguimiento a información que se ha generado en las últimas décadas, especialmente a los trabajos pioneros desarrollados por Edwin J. Wellhausen, Alejandro Fuentes, Antonio Hernández y P.C. Mangelsdorf, publicado con el título: Razas del maíz en la América Central en el año 1957. El uso de metodologías de análisis modernas apunala los importantes resultados señalados por los autores mencionados.