



Universidad Nacional Agraria Facultad de Agronomía

Trabajo de Graduación

Acervos genéticos, indicios de erosión genética y banco de germoplasma del género *Xanthosoma* establecido en el CNIA-INTA, 2016

Autores

Br. Esmir Alexander Carmona Pérez
Br. Reynaldo Antonio Orozco Gutiérrez

Asesores

Dr. Guillermo del Carmen Reyes Castro
Ing. Agr. Heedy Guadalupe Corea Narváez
Ing. Agr. Luz María Flores Guzmán

Managua, Nicaragua

Diciembre, 2017



Universidad Nacional Agraria Facultad de Agronomía

Trabajo de Graduación

Acervos genéticos, indicios de erosión genética y banco de germoplasma del género *Xanthosoma* establecido en el CNIA-INTA, 2016

Autores

Br. Esmir Alexander Carmona Pérez
Br. Reynaldo Antonio Orozco Gutiérrez

Asesores

Dr. Guillermo del Carmen Reyes Castro
Ing. Agr. Heeidy Guadalupe Corea Narváez
Ing. Agr. Luz María Flores Guzmán

Trabajo presentado a la consideración del honorable tribunal examinador como requisito final para optar al título de ingeniero agrónomo

Managua, Nicaragua

Diciembre, 2017

ÍNDICE DE CONTENIDO

SECCIÓN	PÁGINA
DEDICATORIA	i
AGRADECIMIENTOS	iii
ÍNDICE DE CUADROS	v
ÍNDICE DE FIGURAS	vi
ÍNDICE DE ANEXOS	vii
RESUMEN	ix
ABSTRACT	x
I. INTRODUCCIÓN	1
II. OBJETIVOS	3
2.1. Objetivo general	3
2.2. Objetivos específicos	3
III. MATERIALES Y MÉTODOS	4
3.1 Colecta del material vegetal	4
3.2 Datos de pasaporte	5
3.3 Banco de germoplasma del género <i>Xanthosoma</i>	5
3.3.1 Establecimiento del banco de germoplasma en campo	5
3.4 Variables evaluadas	6
3.5 Análisis de datos	7
IV. RESULTADOS Y DISCUSIÓN	8
4.1 Colecta del germoplasma	8
4.2 Acervos genéticos del género <i>Xanthosoma</i> en Nicaragua	8
4.3 Descriptores morfológicos	9
4.3.1 Acervo genético 1	9
4.3.2 Acervo genético 2	10
4.3.3 Acervo genético 3	12
4.4 Descriptores de las estructuras subterráneas	12
4.4.1 Acervo genético 1	12
4.4.2 Acervo genético 2	13
4.4.3 Acervo genético 3	14
4.5 Análisis multivariado	14
V. CONCLUSIONES	20
VI. RECOMENDACIONES	21
VII. BIBLIOGRAFÍA CITADA	22
VIII. ANEXOS	25

DEDICATORIA

Especialmente a Dios nuestro padre celestial como principal precursor de mis esfuerzos, logros y metas que he logrado obtener. No cabe duda en decir que siempre me instruiste por el buen camino, me distes las fuerzas necesarias para desarrollar mi trabajo de investigación que con mucho esfuerzo he logrado realizar.

Tengo plena confianza en que continuarás siempre delante de mí, guiándome con buenos valores y forjando mi personalidad para ser persona de bien con excelentes cualidades.

Porque todas las cosas proceden de él, y existen por él y para él. ¡A él sea la gloria por siempre! Amén. (Romanos 11:36)

A mis padres **Armando Carmona Martínez** y **María Pérez Guatemala** por estar siempre pendientes de mí y brindarme el apoyo moral, económico y psicológico para que lograra salir adelante y ver nuestro sueño realizado. No existen palabras para expresar mi satisfacción hacia ellos; aquellas palabras de aliento que motivaron mis deseos de seguir adelante en el desempeño de mi carrera aun cuando me sentía derrotado. De ellos es el honor percibido por este trabajo de investigación.

Br. Esmir Alexander Carmona Pérez

DEDICATORIA

Dedico con todo mi corazón este trabajo a nuestro Dios Todopoderoso Creador del Cielo, la Tierra por su amor para conmigo, por estar siempre fortaleciéndome e iluminándome en todo momento, lugar y circunstancia de mi vida y en este trabajo.

A mis padres Reynaldo Antonio Orozco Soza y Mercedes Adilia Gutiérrez Bonilla por estar a mi lado apoyándome incondicionalmente siempre en cada uno de los retos que me impone la vida.

A mis hermanas Cintya Lucía Orozco Gutiérrez y Itzayana del Socorro Orozco Gutiérrez por su apoyo moral y sus oraciones para que pudiera culminar mis estudios y lograr el sueño de mi vida.

Al Dr. Guillermo Reyes Castro, gracias por ser un excelente profesor, asesor, motivador, amigo y compañero, gracias por formar profesionales con un verdadero espíritu de trabajo, por el tiempo extra que invirtió, que correspondía a su familia y que no estaba obligado para la culminación de ésta investigación. DIOS le bendiga hoy y siempre.

“No te des por vencido con las primeras palabras o desalientos de los demás, pues tú puedes hacerlo todo”. Jorge Alfaro

Todo lo podemos en Cristo Jesús que nos fortalece (Filipenses 4.13.)

Br. Reynaldo Antonio Orozco Gutiérrez

AGRADECIMIENTOS

De manera general mis muestras de agradecimiento para todos aquellos que de manera directa o indirecta contribuyeron en el desempeño y culminación de mi trabajo de investigación. Mi sincera gratitud para todos.

De manera particular quiero darle gracias a mi asesor **PhD. Guillermo del Carmen Reyes Castro** por haberse tomado la paciencia y delicadeza de mostrarme la secuencia del conocimiento científico, asimismo por tomar parte de su tiempo para brindarme atención a mis dudas y peticiones. Durante el transcurso de este trabajo, más que un asesor, significó para mí un amigo, un motivador dándonos consejos en muchos ámbitos de la vida, excelente profesor y considero que fue la pieza profesional idónea para darle sentido a mi trabajo científico.

A mi asesora **Ing. Agr. Heidy Guadalupe Corea Narváez** por estar siempre atenta, realizar correcciones las veces que fueron necesarias y brindarnos suficiente información para darle consistencia a nuestro trabajo. Aquellos llamados de atención constructivos, fueron clave para mi aprendizaje en este proceso. **Ing. Agr. Luz María Flores Guzmán (Doña China)**, totalmente agradecido con su persona por el apoyo brindado en todo el desarrollo de nuestra tesis, la información suministrada para favorecer el procesamiento de datos. Al Centro Nacional de Investigación Agropecuaria (CNIA-INTA) por permitirnos establecer nuestro ensayo en sus terrenos y darle seguimiento.

Reconozco la enorme labor de mi alma mater, Universidad Nacional Agraria (UNA) por formarme como profesional en las ciencias agrarias y facilitar mi enriquecimiento científico para contribuir al desarrollo de mi país.

A mis hermanos **Exynia Massiel Carmona Pérez** y **Denis Francisco Carmona Pérez** por estar siempre conmigo en mis alegrías y dificultades. De manera continua dándome ánimos para seguir adelante. ¡Gracias hermanos, los quiero mucho!

¡Eternamente agradecido!

Br. Esmir Alexander Carmona Pérez

AGRADECIMIENTOS

A Dios nuestro buenísimo y maravillosísimo Señor porque es el único poderoso y majestuoso que está sobre todas las cosas, quien nos regala inteligencia y sabiduría para alcanzar nuestras metas y realizar nuestros sueños, de lo contrario no sería posible.

A mis padres quienes a pesar de sus limitaciones económicas me han brindado siempre su apoyo para realizar mis sueños. Este es el fruto de sus oraciones, amor, consejos brindados, apoyo económico, moral incondicional.

Al Doctor Guillermo Reyes Castro por su apreciable asesoría, compartir sus conocimientos y experiencia y por toda la paciencia que me tuvo en el largo desarrollo de la tesis. Dios le colme de muchas bendiciones por la particularidad que tiene de identificarse con sus tesisas y brindarles toda la ayuda necesaria. Así también a la Ing. Agr Heidi Corea por la ayuda dada en todo el lapso de tiempo que conllevó la realización de la tesis y por la paciencia que me tuvo.

Al Instituto Nicaragüense de Tecnología Agropecuaria (INTA) donde se estableció el ensayo. A la Ing. Agr. Luz María Flores Guzmán, por la ayuda brindada en el ensayo de investigación y por brindad su experiencia en todo sus años de trabajo.

Que nuestro buenísimo y maravillosísimo Dios los bendiga a todas y todos hoy y siempre, recuerden él les ama.

Br. Reynaldo Antonio Orozco Gutiérrez

ÍNDICE DE CUADROS

CUADRO		PÁGINA
1.	Departamentos, municipios, coordenadas y altitud (msnm) de las especies <i>Xanthosoma</i> colectadas en Nicaragua y establecidas en el CNIA-INTA, 2015-2016.	4
2	Fertilizantes, dosis (kg ha^{-1}) y momentos de aplicación (dds) utilizada en el estudio.	6
3	Descriptores morfológicos (cualitativos y cuantitativos) y de estructuras subterráneas según descriptores morfológicos IBPGR (1989).	6
4	Clasificación de los acervos genéticos del género <i>Xanthosoma</i> colectados en Nicaragua.	9
5	Promedio de largo (cm), ancho (cm) y peso (g) de corno y cormelos del acervo genético 1 establecidas en el CNIA-INTA, 2016.	13
6	Promedio de largo (cm), ancho (cm), peso (g) de corno y estolones del acervo genético 2 establecidas en el CNIA-INTA, 2016.	13
7	Promedio de largo (cm), ancho (cm) y peso (g) de corno del acervo genético 3 establecidas en el CNIA-INTA, 2016.	14

ÍNDICE DE FIGURAS

FIGURA		PÁGINA
1.	Promedio de altura de planta (cm), diámetro del pseudotallo (cm), área foliar (cm ²), número de hijos y de hojas de plantas del acervo genético 1 a los 263 días de establecidas en el CNIA-INTA, 2016.	10
2.	Promedio de altura de planta (cm), diámetro del pseudotallo (cm), área foliar (cm ²), número de hijos y de hojas de plantas del acervo genético 2 a los 263 días de establecidas en el CNIA-INTA, 2016.	11
3.	Promedio de altura de planta (cm), diámetro del pseudotallo (cm), área foliar (cm ²), número de hijos y de hojas de plantas del acervo genético 3 a los 263 días de establecidas en el CNIA-INTA, 2016.	12
4.	Dendograma originado a partir del análisis multivariado de 11 caracteres morfológicos cualitativos y cuantitativos de las 25 accesiones del género <i>Xanthosoma</i> colectados en Nicaragua y establecidos en el CNIA-INTA, 2016.	15

ÍNDICE DE ANEXOS

ANEXO		PÁGINA
1.	Altura de plantas (cm) a los 174, 263 y 339 dds de accesiones del acervo genético 1 colectadas en Nicaragua, establecidas en el CNIA-INTA, 2016.	25
2.	Diámetro del pseudotallo (cm) a los 174, 263 y 339 dds de accesiones del acervo genético 1 colectadas en Nicaragua, establecidas en el CNIA-INTA, 2016.	25
3.	Área foliar de plantas (cm ²) a los 174, 263 y 339 dds de accesiones del acervo genético 1 colectadas en Nicaragua, establecidas en el CNIA-INTA, 2016.	26
4.	Número de hijos de plantas a los 174, 263 y 339 dds de accesiones del acervo genético 1 colectadas en Nicaragua, establecidas en el CNIA-INTA, 2016.	26
5.	Número de hojas de plantas a los 174, 263 y 339 dds de accesiones del acervo genético 1 colectadas en Nicaragua, establecidas en el CNIA-INTA, 2016.	27
6.	Altura de plantas (cm) a los 174, 263 y 339 dds de accesiones del acervo genético 2 colectadas en Nicaragua, establecidas en el CNIA-INTA, 2016.	27
7.	Diámetro del pseudotallo (cm) a los 174, 263 y 339 dds de accesiones del acervo genético 2 colectadas en Nicaragua, establecidas en el CNIA-INTA, 2016.	28
8.	Área foliar de plantas (cm ²) a los 174, 263 y 339 dds de accesiones del acervo genético 2 colectadas en Nicaragua, establecidas en el CNIA-INTA, 2016.	28
9.	Número de hijos de plantas a los 174, 263 y 339 dds de accesiones del acervo genético 2 colectadas en Nicaragua, establecidas en el CNIA-INTA, 2016.	28

10.	Número de hojas de las plantas a los 174, 263 y 339 dds de accesiones del acervo genético 2 colectadas en Nicaragua, establecidas en el CNIA-INTA, 2016.	29
11.	Altura de plantas (cm) a los 263 y 339 dds de accesiones del acervo genético 3 colectadas en Nicaragua, establecidas en el CNIA-INTA, 2016.	29
12.	Diámetro del pseudotallo (cm) a los 263 y 339 dds de accesiones del acervo genético 3 colectadas en Nicaragua, establecidas en el CNIA-INTA, 2016.	29
13.	Área foliar de plantas (cm ²) a los 263 y 339 dds de accesiones del acervo genético 3 colectadas en Nicaragua, establecidas en el CNIA-INTA, 2016.	30
14.	Número de hijos de plantas a los 263 y 339 dds de accesiones del acervo genético 3 colectadas en Nicaragua, establecidas en el CNIA-INTA, 2016.	30
15.	Número de hojas de las plantas a los 263 y 339 dds de accesiones del acervo genético 3 colectadas en Nicaragua, establecidas en el CNIA-INTA, 2016.	30
16.	Ficha de colecta del germoplasma.	31

RESUMEN

Con el objetivo de describir las características morfológicas de los acervos genéticos del género *Xanthosoma* establecidos en un banco de germoplasma en el CNIA-INTA (2016) y analizar indicios de erosión genética en el género, se realizó una colecta en nueve departamentos de las regiones Pacífico, Central y Caribe de Nicaragua. Se evaluaron los descriptores morfológicos y rendimiento entre y dentro de los acervos genéticos del género. En la Región del Pacífico, se colectaron *X. spp* (1), *X. violaceum* (2), *X. wendlandii* (1) en Chinandega. En Masaya se colectaron *X. spp* (2), *X. atrovirens* (1) y *X. violaceum* (1). En la Región Central, Río San Juan, se colectaron: *X. violaceum* (3), *Xanthosoma mexicanum* (1), *Xanthosoma wendlandii* (1) y *Xanthosoma sagittifolium* (1). En Chontales se colectó *X. violaceum* (1). En la Región Autónoma Costa Caribe Norte se encontraron *X. violaceum* (2), *X. sagittifolium* (1) y *X. spp* (1). En la Región Autónoma Costa Caribe Sur se colectaron *X. spp* (5) y *X. sagittifolium* (1). Se describieron tres acervos genéticos *Xanthosoma* en Nicaragua. El acervo genético uno lo constituyen 12 accesiones *Xanthosoma* comestibles (*X. violaceum* y *X. sagittifolium*), en el acervo genético dos se agrupan nueve accesiones de *Xanthosoma* silvestres emparentadas con las comestibles (*Xanthosoma spp.*) y en el acervo genético tres se encuentran *Xanthosoma* silvestres: dos accesiones *X. wendlandii*, una accesión *X. mexicanum* y una *X. atrovirens*. No se encontraron accesiones colectadas en trabajos anteriores. En Masaya y Chinandega los agricultores han dejado de cultivar quequisque por el impredecible y cada vez más cortos período de lluvia. En Nueva Guinea el mal seco ha trasladado la producción a la frontera agrícola.

Palabras claves: Colecta de germoplasma, banco de germoplasma, erosión genética.

ABSTRACT

With the objective of describing the morphological characteristics of the *Xanthosoma* gene-pool established in a germplasm bank at CNIA-INTA (2016) and analyzing possible signs of genetic erosion in the genus, a collection was carried out in nine departments of the regions Pacific, Central and Caribbean regions of Nicaragua. Morphological and yield descriptors were evaluated between and within the gene pools of the genus. In the Pacific Region, *X. spp* (1), *X. violaceum* (2), *X. wendlandii* (1) were collected in Chinandega. In Masaya, *X. spp* (2), *X. atrovirens* (1) and *X. violaceum* (1) were collected. In the Central Region, Rio San Juan, *X. violaceum* (3), *Xanthosoma mexicanum* (1), *Xanthosoma wendlandii* (1) and *Xanthosoma sagittifolium* (1) were collected. In Chontales *X. violaceum* was collected (1). *X. violaceum* (2), *X. sagittifolium* (1) and *X. spp* (1) were found. In the Caribbean Coast Autonomous Region of the North and *X. spp* (5) and *X. sagittifolium* (1) were found. Three *Xanthosoma* gene-pools were described in Nicaragua. The collection is made up of 12 accessions of edible *Xanthosoma* (*X. violaceum* and *X. sagittifolium*); two collections of wild *Xanthosoma* related to edible (*Xanthosoma spp.*) And there are three wild *Xanthosoma*: two accessions of *X. wendlandii*, one of *X. mexicanum* and one of *X. atrovirens*. Some accessions collected in previous work were not found. In Masaya y Chinandega farmers have begun to leave the crop due to the unpredictable and increasingly shorter period of rain. In Nueva Guinea the rot root disease has moved production to the agricultural border.

Keywords: Germplasm collection, germplasm bank, genetic erosion.

I. INTRODUCCIÓN

La producción de quequisque está en riesgo por factores bióticos y abióticos. Según Reyes *et al.*, (2013) el mal seco (*Pythium myriotylum* Dreschl), la enfermedad más devastadora del quequisque a nivel mundial, puede causar pérdidas totales del rendimiento y no existen hasta el momento cultivares resistentes. FAO (2008) menciona que los eventos climáticos pueden causar pérdidas de los recursos genéticos disponibles para la producción agrícola y de alimentos. De acuerdo con el IFPRI (2009) la agricultura es extremadamente vulnerable al cambio climático. El aumento de las temperaturas termina por reducir la producción de los cultivos deseados, a la vez que provoca la proliferación de malas hierbas y plagas.

El quequisque tiene una estrecha base genética (IAEA, 2004; Rao *et al.*, 2010). De acuerdo con Cooper *et al.* (2001) la angosta base genética intrínseca de varios cultivos es causada por el cuello de botella de la domesticación, la migración o por los efectos epistáticos y las enfermedades. Otros cultivos tienen una base genética estrecha como producto de una falta de diversidad en las prácticas de mejoramiento anteriores. Según Rao *et al.* (2010) la estrecha base genética dificulta hacer frente a los desafíos del cambio climático, la aparición de nuevas plagas y enfermedades y la demanda cambiante del mercado internacional.

Los trabajos de mejora genética en quequisque en búsqueda de tolerancia a factores bióticos y abióticos actuales y potenciales causados por el cambio climático, ya sea convencional o auxiliada con técnicas especiales, donde se incluya la introgresión, requieren encontrar los acervos genéticos. Harlan y Wet (1971) describen a los acervos genéticos como una reserva de diversidad que pueden aprovechar los organismos para adaptarse al entorno cambiante y los científicos para la mejora vegetal. Definen acervo genético como el conjunto total de genes únicos que pueden encontrarse en un grupo de organismos y a la vez los clasifican en acervo genético primario para las especies que se pueden cruzar directamente con el cultivo para producir una progenie fuerte y fértil. El acervo genético secundario se compone de parientes silvestres de cultivos que son diferentes de las especies cultivadas pero que aun así tienen un parentesco bastante cercano como para poder cruzarse con el cultivo, al menos en cierta medida, para producir una progenie fértil. El tercer acervo se compone de especies de parientes silvestres de cultivos cuyo parentesco es todavía más lejano, para conseguir que este tipo de pariente silvestre se una con los acervos anteriores se deben utilizar técnicas

específicas de mejora como el rescate de embriones o los cruces con miembros del acervo secundario para obtener especies puentes.

En 2007, García reportó 63 accesiones de siete especies *Xanthosoma* en el país (*X. mexicanum*, *X. wendlandii*, *X. robustum*, *X. atrovirens*, *X. spp.*, *X. sagittifolium*, *X. violaceum*) distribuidas en las tres regiones edafoclimáticas del país. En posteriores visitas a los lugares de colecta y producción comercial se ha observado indicios de desaparición de las accesiones silvestres y cultivadas. La erosión genética es definida por Rodríguez *et al.*, (1985) como la pérdida irreversible de cultivares y especies, con ello se elimina la diversidad genética contenido en ella (características de adaptabilidad, resistencia, etc.).

En el presente estudio se colectaron 25 accesiones del género *Xanthosoma* presentes en Nicaragua, se analizaron los descriptores fenotípicos entre y dentro de los tres acervos genéticos, se verificó la existencia o desaparición de accesiones de *Xanthosoma* reportados por García (2007) y se estableció el banco de germoplasma en el Centro Nacional de Investigación Agropecuaria del Instituto Nacional de Tecnología Agropecuaria (CNIA-INTA), responsable del resguardo del germoplasma de los cultivos de importancia en el país.

II. OBJETIVOS

2.1. Objetivo general

- Describir las características morfológicas de los acervos genéticos del género *Xanthosoma* establecidos en un banco de germoplasma CNIA-INTA, 2016.

2.2. Objetivos específicos

- Evaluar las características agro-morfológicas dentro y entre acervos genéticos comestibles, silvestres emparentadas y silvestres de *Xanthosoma* colectadas en Nicaragua.
- Conocer los indicios de erosión genética en el género *Xanthosoma* al comparar los datos de la colecta realizada en el presente estudio con una realizada hace 10 años.
- Establecer el banco de germoplasma del género *Xanthosoma* en el CNIA-INTA para realizar estudios de pre y mejoramiento genético de las especies comestibles.

III. MATERIALES Y MÉTODOS

3.1. Colecta del material vegetal

La colecta del material vegetal se realizó en nueve departamentos (Madriz, Nueva Segovia, Matagalpa, Chontales, RACCS, RACCN, Masaya, Managua y Chinandega) de las tres Regiones geomorfológicas de Nicaragua: Pacífico, Central y Caribe, en el período Marzo-Abril 2015. Se incluyeron los lugares de colecta del estudio de García (2007).

Cuadro 1. Departamentos, municipios, coordenadas y altura (msnm) de las especies *Xanthosoma* colectadas en Nicaragua y establecidas en el CNIA-INTA, 2015-2016.

Genotipos	Departamento	Municipio	Coordenadas		Altura (msnm)
			Lat. N	Long. O	
X. v. CH-1	Chinandega	Chinandega	12°36'58.9"	087°03'58.1"	172
X. w. CH-2	Chinandega	Chinandega	12°36'58.9"	087°03'58.1"	172
X. v. CH-3	Chinandega	Chinandega	12°35'20.1"	087°05'14.5"	91
X. spp CH-4	Chinandega	Posoltega	12°32'57.919"	86°59'32.481"	81
X. spp MY-1	Masaya	Ticuantepe	11°58'44.227"	86°15'16.653"	452
X. v. MY-2	Masaya	Ticuantepe	11°58'45.6"	086°14'27.3"	408
X. a. MY-3	Masaya	Catarina	11°54'55.06"	86°04'35.79"	521
X. spp MY-4	Masaya	Pío XII	11°53'53.392"	86°6'33.789"	456
X. v. CT	Chontales	San Pedro de Lóvago	12°07'32.6"	085°17'10.8"	481
X. v. RSJ-1	Río San Juan	Cruz verde	11°17'12.1"	84°42'24.5"	113
X. m. RSJ-2	Río San Juan	Cruz Verde	11°17'16.8"	84°42'29.1"	125
X. v. RSJ-3	Río San Juan	San Carlos	11°31'06.7"	084°47'19.7"	68
X. w. RSJ-4	Río San Juan	San Carlos	11°31'06.7"	084°47'19.7"	68
X. s. RSJ-5	Río San Juan	Las Palomas	11°31'2.755"	84°49'23.444"	67
X. v. RSJ-6	Río San Juan	Las Palomas	11°31'2.755"	84°49'23.444"	67
X. v. RACCN-1	RACCN	Siuna	13°42'59.004"	84°46'27.951"	145
X. spp RACCN-2	RACCN	Siuna	13°43'12.655"	84°49'50.116"	121
X. v. RACCN-3	RACCN	Siuna	13°43'12.655"	84°49'50.116"	121
X. s. RACCN-4	RACCN	Rosita	13°51'41.364"	84°24'22.906"	47
X. s. RACCS-1	RACCS	Nueva Guinea	11°42'52"	084°25'59.4"	167
X. spp. RACCS-2	RACCS	Nueva Guinea	11°39'33.4"	084°22'008"	231
X. spp. RACCS-3	RACCS	Nueva Guinea	11°41'15.1"	084°27'23.0"	201
X. spp. RACCS-4	RACCS	Kukra Hill	12°14'	83°45'	16
X. spp. RACCS-5	RACCS	Kukra Hill	12°14'	83°45'	16
X. spp. RACCS-6	RACCS	Kukra Hill	12°14'	83°45'	16

X. v. (*Xanthosoma violaceum*), X. m. (*Xanthosoma mexicanum*), X. w. (*Xanthosoma wendlandii*), X. a. (*Xanthosoma atrovirens*), X. s. (*Xanthosoma sagittifolium*), X. spp. (*X. sagittifolium* o *X. violaceum* por identificar). CH: Chinandega, MY: Masaya, CT: Chontales, RSJ: Río San Juan, RACCN: Región Autónoma Costa Caribe Norte, RACCS: Región Autónoma Costa Caribe Sur.

Para ubicar las coordenadas del material colectado se utilizó un equipo de sistema de posicionamiento global (GPS, siglas en inglés de Global Position System), fichas de registro, cámara fotográfica, mapas, machetes, regla milimetradas, sacos y marcadores permanentes.

3.2. Datos de pasaporte

La información se registró en una ficha de colecta de germoplasma. Se utilizaron los descriptores basados en la caracterización del género *Xanthosoma* del IBPGR (1989) y de Croat y Stibel (2001) que comprende datos ecogeográficos, taxonómicos, características cuantitativas y cualitativas del material colectado, nombre del informante y sitio de colecta para las accesiones (Ficha, Anexo 16).

Se creó una base de datos con la información de los agricultores visitados en el estudio y los agricultores de la base de datos elaborada por García (2007)

3.3. Banco de germoplasma del género *Xanthosoma*

El banco de germoplasma está ubicado en el Centro Nacional de Investigación Agropecuaria del Instituto Nicaragüense de Tecnología Agropecuaria (CNIA-INTA), ubicado en el kilómetro 14 ½ de la carretera norte; municipio de Managua, localizado entre las coordenadas 12°08'36'' latitud norte y a los 86°09'49'' longitud oeste, su altitud es de 56 msnm.

Multiplicación del material vegetal. Los genotipos colectados se limpiaron y multiplicaron aislando yemas individuales con potencial de regeneración como lo sugiere la Técnica de Reproducción Acelerada de Semillas (TRAS) reportada por Reyes y Aguilar (2010). Las yemas individualizadas se sembraron en bolsas de polietileno con lombrihumus, se regaron diariamente y se aplicó *Trichoderma harzianum* para prevenir la incidencia de enfermedades fungosas.

3.3.1. Establecimiento del banco de germoplasma en campo

Preparación del terreno. Se realizó la chapoda y limpieza del terreno, luego se realizó un pase de grada y un banqueo.

Siembra del material vegetal. Se sembraron plantas de 10 cm con dos o tres hojas a una distancia de siembra 0.8 m entre planta y 1 m entre surco.

Fertilización. Las fertilizaciones se realizaron después de las labores de limpieza. El tipo de fertilizante, la dosis y momento de aplicación (Días después de la siembra, dds) se presenta en el Cuadro 2.

Cuadro 2. Fertilizantes, dosis (kg ha^{-1}) y momentos de aplicación (dds) utilizada en el estudio.

Fertilizante	Dosis (kg ha^{-1})	Momento de aplicación (dds)
15-15-15	129.37	45
18-46-0	64.68	45
Urea 46%	64.68	60
0-0-60	64.68	60
Fitomare	1ml/litro de agua	2 aplicaciones/mes

Control de malezas y aporque. Limpieza mecánica con azadones según incidencia de la misma también se realizó aporque de las plantas a los 45 y 60 dds.

Riego. Se realizó con aspersores 2 horas 2 veces por semanas

Cosecha. La cosecha se realizó a los 13 meses después de la siembra de forma manual con cobas y palas, luego se agruparon y se identificaron todas las plantas según su genotipo.

3.4. Variables evaluadas

Se evaluaron variables morfológicas a los 174, 263 y 339 dds y las variables de rendimiento al momento de la cosecha.

Cuadro 3. Descriptores morfológicos (cualitativos y cuantitativos) y de estructuras subterráneas según descriptores morfológicos IBPGR (1989).

Descriptores	Descripción
Descriptores morfológicos cualitativos	
Forma de la hoja	1. Sagitada, 2. Hastada, 3. Cartucho, 4. Lobulada.
Color de la hoja	1. Verde olivo, 2. Verde claro, 3. Verde oscuro, 4. Verde amarillo, 5. Variegación, 6. Verde olivo y claro.
Presencia de cormelos	0. No hubo, 1. Si hubo
Presencia de estolones	0. No hubo, 1. Si hubo
Presencia de minicormelos	0. No hubo, 1. Si hubo
Descriptores morfológicas cuantitativos	
Diámetro de pseudotallo	Evaluated desde el punto de inserción de las vainas de las hojas y la base del cormo.
Altura de planta (cm)	Medido a partir de la base del pseudotallo hasta la inserción del pecíolo de la hoja de mayor altura en la planta.
Largo de la hoja (cm)	Desde el punto de inserción del pecíolo de la hoja hasta la punta de la hoja.
Ancho de hoja (cm)	Cruzando horizontalmente el punto de inserción del pecíolo de

	la hoja.
Número de hijos	Se contabilizó el número de vástagos originados a partir de la planta madre
Número de hojas	Se contabilizó el total de hojas presentes en la planta principal.
Estructuras subterráneas	
Número de cormelos	Números de cormelos colectados al momento de la cosecha.
Peso del cormelo (g)	Promedio del peso registrado de cinco cormelos por planta
Ancho del cormelo (cm)	Medido en la parte media de los cormelos. Promedio de ancho registrado de cinco cormelos por planta
Largo del cormelo (cm)	Medido desde la cicatriz de inserción del cormelo con la planta, hasta la base de la yema principal de crecimiento del cormelo. Promedio del largo registrado de cinco cormelos por planta.
Peso del cormo (g)	El peso registrado por el cormo de la planta principal, limpio de hojas envolventes y restos de tierra.
Ancho del cormo (cm)	Registrado en la parte media del cormo de la planta principal.
Largo del cormo (cm)	Medido desde la base de la yema principal de crecimiento hasta la base del cormo.

3.5. Análisis de datos

A los datos de las variables morfológicas y rendimiento se les calculó la media de datos provenientes de cinco plantas por accesión. Los datos se presentan en histogramas y tablas de medias.

Se realizó un análisis multivariado en el programa InfoStat versión 2017 basado en los descriptores morfológicos cuantitativos y cualitativos (altura de planta, diámetro del pseudotallo, área foliar, número de hijos, forma, color y número de hojas y presencia de comerlos, minicormelos y estolones). Se construyó una matriz de similitud y se utilizó el promedio Linkage y la distancia Euclídea para agrupar las accesiones según características similares en un análisis de conglomerado.

IV. RESULTADOS Y DISCUSIÓN

4.1. Colecta del germoplasma

En la Región del Pacífico, departamento de Chinandega se colectaron *X. spp* (1), *X. violaceum* (2), *X. wendlandii* (1). En Masaya se colectaron *X. spp* (2), *X. atrovirens* (1) y *X. violaceum* (1). En la Región Central, departamento de Río San Juan, se colectaron las especies: *X. violaceum* (3), *Xanthosoma mexicanum* (1), *Xanthosoma wendlandii* (1) y *Xanthosoma sagittifolium* (1). En Chontales se colectó únicamente *X. violaceum* (1). En la Región Autónoma Costa Caribe Norte se encontraron *X. violaceum* (2), *X. sagittifolium* (1) y *X. spp* (1) y en la Región Autónoma Costa Caribe Sur se colectaron *X. spp* (5) y *X. sagittifolium* (1).

4.2. Acervos genéticos del género *Xanthosoma* en Nicaragua

Se identificaron tres grupos de acervos genéticos en el género *Xanthosoma* colectados en Nicaragua (Cuadro 4). El acervo genético uno lo constituyen las especies *Xanthosomas* comestibles: *X. sagittifolium* y *X. violaceum*. El acervo genético dos lo constituyen las especies *Xanthosomas* emparentadas a las comestibles que poseen características similares a las especies *X. sagittifolium* y *X. violaceum* como altura de planta, forma de la hoja, color del pseudotallo y de cormo. En el acervo genético tres se identificaron las especies *Xanthosomas* silvestres que no tienen mucha relación con las especies cultivadas *X. mexicanum*, *X. wendlandii* y *X. atrovirens*.

Cuadro 4. Clasificación de los acervos genéticos del género *Xanthosoma* colectados en Nicaragua.

Especies	Accesiones
Acervo genético 1. <i>Xanthosoma</i> comestibles	
<i>Xanthosoma sagittifolium</i>	X. s. RSJ-5
<i>Xanthosoma sagittifolium</i>	X. s. RACCN-4
<i>Xanthosoma sagittifolium</i>	X. s. RACCS-1
<i>Xanthosoma violaceum</i>	X. v. RACCN-3
<i>Xanthosoma violaceum</i>	X. v. RACCN-1
<i>Xanthosoma violaceum</i>	X. v. RSJ-6
<i>Xanthosoma violaceum</i>	X. v. CH-1
<i>Xanthosoma violaceum</i>	X. v. CH-3
<i>Xanthosoma violaceum</i>	X. v. RSJ-3
<i>Xanthosoma violaceum</i>	X. v. CT
<i>Xanthosoma violaceum</i>	X. v. MY-2
<i>Xanthosoma violaceum</i>	X. v. RSJ-1
Acervo genético 2. <i>Xanthosoma</i> emparentadas a las comestibles	
<i>Xanthosoma</i> spp.	X. spp. RACCN-2
<i>Xanthosoma</i> spp.	X. spp. RACCS-5
<i>Xanthosoma</i> spp.	X. spp. RACCS-2
<i>Xanthosoma</i> spp.	X. spp. MY-1
<i>Xanthosoma</i> spp.	X. spp. CH-4
<i>Xanthosoma</i> spp.	X. spp. RACCS-6
<i>Xanthosoma</i> spp.	X. spp. RACCS-4
<i>Xanthosoma</i> spp.	X. spp. RACCS-3
<i>Xanthosoma</i> spp.	X. spp. MY-4
Acervo genético 3. <i>Xanthosoma</i> silvestres	
<i>Xanthosoma wendlandii</i>	X. w. RSJ 4
<i>Xanthosoma wendlandii</i>	X. w. CH-2
<i>Xanthosoma mexicanum</i>	X. m. RSJ-2
<i>Xanthosoma atrovirens</i>	X. a. MY-3

4.3. Descriptores morfológicos

4.3.1 Acervo genético 1

X. s. RSJ-5 y *X. s.* RACCN-4 registraron consistentemente las plantas más altas, de mayor grosor del pseudotallo, de mayor área foliar, mayor número de hijos y de mayor número de hoja. *X. v.* MY-2 registró las plantas con los menores valores. Los valores de altura de planta, diámetro del pseudotallo, área foliar, número de hijos y hojas aumentaron con el incremento del número de dds (Anexos 1, 2, 3, 4 y 5). Las accesiones registraron similares números de

hojas en las tres fechas evaluadas y difirieron en el tamaño de las hojas a los 174 y 339 dds (Figura 1).

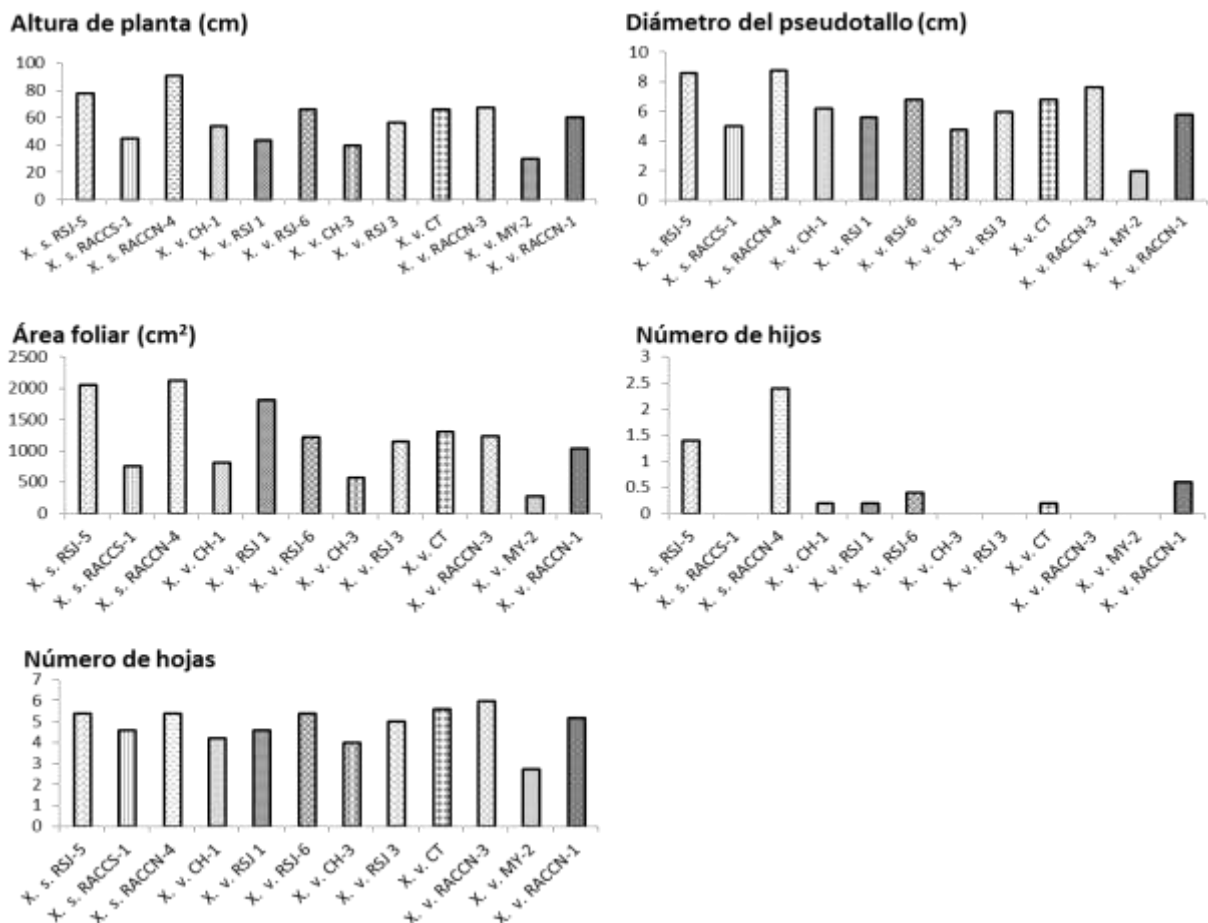


Figura 1. Promedio de altura de planta (cm), diámetro del pseudotallo (cm), área foliar (cm²), número de hijos y de hojas de plantas del acervo genético 1 a los 263 días de establecidas en el CNIA-INTA, 2016.

Moreno y Suárez (2009), Centeno y Orozco (2009) y Alfaro (2010) evaluaron en sus estudios las accesiones X. v. CT, X. s. RACCS-1, X. v. CH-1. Reportan resultados similares a los realizados en el presente estudio con plantas de mayor tamaño, grosor y número de hojas. X. s. RACCS-1 y X. v. CH-1 registran hojas de menor tamaño significativamente en los estudios antes mencionados.

4.3.2. Acervo genético 2

Las accesiones registraron tendencia a aumentar los valores de los descriptores morfológicos con el aumento de los dds, también registraron valores similares en número de hijos y hojas (Anexos 6, 7, 8, 9 y 10).

Las accesiones *X. spp.* RACCN-2, *X. spp.* RACCS-2 y *X. spp.* RACCS-3 registraron consistentemente los mayores valores de altura de planta, grosor de tallo, área foliar y número

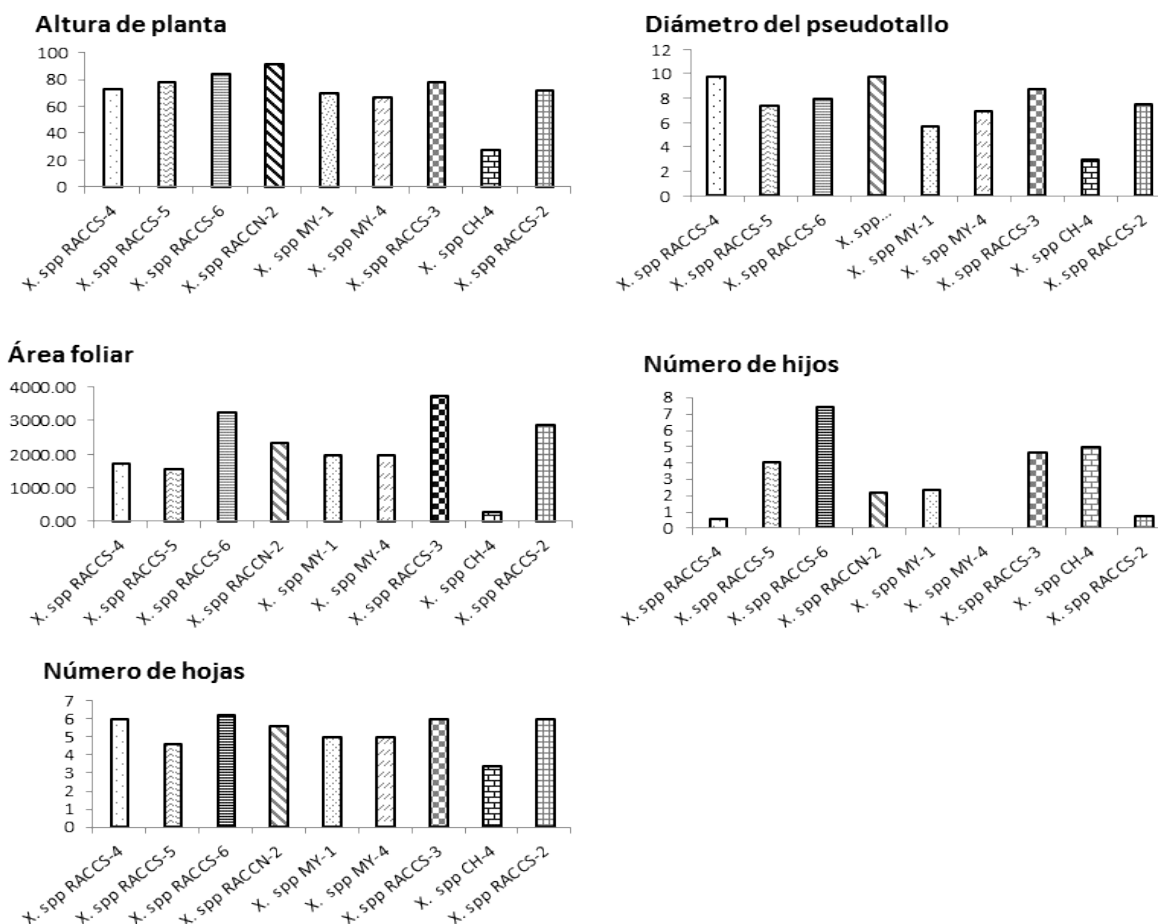


Figura 2. Promedio de altura de planta (cm), diámetro del pseudotallo (cm), área foliar (cm²), número de hijos y de hojas de plantas del acervo genético 2 a los 263 días de establecidas en el CNIA-INTA, 2016.

de hojas en las tres fechas de evaluación. *X. spp.* CH-4 y *X. spp.* MY-4 registró las plantas más pequeñas, más delgadas, con hojas de menor tamaño y menos número de hijos. La mayor parte de las accesiones fueron similares en número de hojas durante las tres evaluaciones (Figura 2).

Las accesiones *X. spp.* RACCS-3, *X. spp.* MY-4, *X. spp.* MY-1, y *X. spp.* RACCS-2 coinciden en desarrollar plantas estadísticamente superiores en tamaño, grosor, número de hojas y área foliar similares en estudios realizados por Moreno y Suárez (2009), Centeno y Orozco (2009) y Alfaro (2010). En el presente estudio la accesión *X. spp.* CH-4 obtuvo el mayor número significativo de hijos; en los estudios de Centeno y Orozco (2009) registró datos relativamente bajos.

4.3.3. Acervo genético 3

Las accesiones registraron valores similares en diámetro del pseudotallo, número de hijos y número de hojas (Anexos 11, 12, 13, 14 y 15). *X. w.* RSJ-4 obtuvo consistentemente los mayores valores de altura de planta, diámetro del pseudotallo, área foliar, número de hijos y hojas en las evaluaciones realizadas. *X. w.* CH-2 registró la planta con los menores valores de los descriptores morfológicos altura de planta, diámetro del pseudotallo y área foliar (Figura 3).

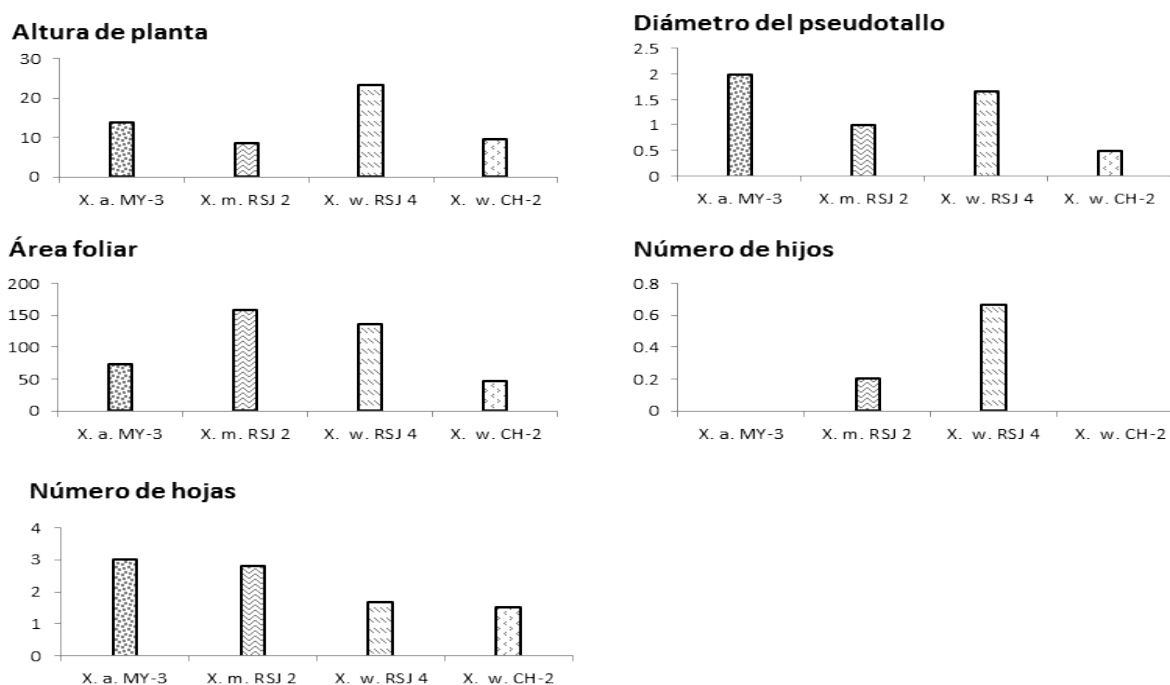


Figura 3. Promedio de altura de planta (cm), diámetro del pseudotallo (cm), área foliar (cm²), número de hijos y de hojas de plantas del acervo genético 3 a los 263 días de establecidas en el CNIA-INTA, 2016.

Moreno y Suárez (2009) evaluaron las accesiones silvestres, *X. wendlandii*, *X. atrovirens* y *X. mexicanum* registrando datos fenológicos y morfológicos similares a las evaluadas en el presente estudio.

4.4. Descriptores de las estructuras subterráneas

4.4.1. Acervo genético 1

Las accesiones *X. v.* CT, *X. s.* RACCN-4, *X. s.* RSJ-5, *X. v.* RSJ-6, *X. v.* RACCN-1, *X. v.* RACCN-3, *X. v.* RSJ 3, *X. v.* MY-2 registraron cormos de mayor longitud, grosor y peso. *X. v.* CH-1, *X. s.* RACCS-1 presentaron cormos de peso y largo similares a los anteriores y de

grosor estadísticamente inferior. *X. v.* RSJ 1 registró los valores inferiores de peso, largo, ancho del corno (Cuadro 5).

Cuadro 5. Promedio de largo (cm), ancho (cm) y peso (g) de corno y cormelos del acervo genético 1 establecidas en el CNIA-INTA, 2016.

Accesiones	Corno			Cormelos			
	Peso	Largo	Ancho	Peso	Largo	Ancho	Número
<i>X. v.</i> CT	1350.00	14.88	11.09	60.48	6.62	4.10	8.80
<i>X. s.</i> RACCN-4	1167.60	17.34	09.85	120.56	8.31	4.80	27.40
<i>X. s.</i> RSJ-5	1022.40	15.84	09.95	133.76	9.93	5.36	19.40
<i>X. v.</i> RSJ-6	955.50	14.48	10.21	60.00	7.16	4.06	7.25
<i>X. v.</i> RACCN-1	720.80	13.59	08.88	74.13	7.05	3.83	5.00
<i>X. v.</i> RACCN-3	674.67	12.94	09.08	sd	sd	sd	0.00
<i>X. v.</i> RSJ 3	636.40	12.37	08.08	62.03	6.00	4.04	6.00
<i>X. v.</i> MY-2	510.00	11.60	09.05	42.20	6.93	3.20	4.50
<i>X. v.</i> CH-1	469.60	12.82	08.01	100.00	7.90	4.84	0.60
<i>X. s.</i> RACCS-1	437.50	12.09	07.38	40.60	4.59	3.57	4.00
<i>X. v.</i> CH-3	359.80	10.39	07.34	28.71	4.20	5.06	2.20
<i>X. v.</i> RSJ 1	142.00	08.08	05.95	10.50	3.63	1.93	1.50

Las accesiones *X. v.* CT, *X. s.* RACCN-4, *X. s.* RSJ-5, *X. v.* RSJ-6, *X. v.* RACCN-1, *X. v.* RSJ 3, *X. v.* MY-2, *X. v.* CH-1 registraron los cormelos de mayor peso, largo y ancho. *X. s.* RACCN-4, *X. s.* RSJ-5 también produjeron el mayor número de cormelos. *X. v.* RSJ 1 obtuvo el menor número de cormelos, de menor tamaño, grosor, peso.

4.4.2. Acervo genético 2

Todas las accesiones registraron cormos similares en tamaño, ancho y peso; mayores a los registrados por *X. spp.* CH-4 (Cuadro 6).

Cuadro 6. Promedio de largo (cm), ancho (cm), peso (g) de corno y estolones del acervo genético 2 establecidas en el CNIA-INTA, 2016.

Accesiones	Corno			Estolones			
	Peso	Largo	Ancho	Peso	Largo	Ancho	Número
<i>X. spp.</i> RACCS-2	2181.00	19.10	12.70	79.20	15.39	3.83	17.50
<i>X. spp.</i> RACCN-2	1578.40	17.69	11.00	200.24	09.65	5.71	17.80
<i>X. spp.</i> RACCS-3	1482.80	16.12	11.08	103.50	08.87	3.97	8.40
<i>X. spp.</i> RACCS-4	1132.40	16.27	09.86	182.06	09.03	4.47	5.60
<i>X. spp.</i> MY-4	808.00	15.37	09.83	50.00	07.69	2.79	19.00
<i>X. spp.</i> MY-1	716.00	14.07	09.37	113.40	08.89	3.98	8.50
<i>X. spp.</i> RACCS-6	661.20	11.98	09.63	234.00	09.74	6.50	6.60
<i>X. spp.</i> RACCS-5	541.20	13.33	08.17	63.37	06.93	4.13	24.80
<i>X. spp.</i> CH-4	146.40	11.56	04.53	51.60	08.17	3.36	15.20

Las accesiones fueron similares en peso y número de estolones. *X. spp.* RACCN-2, *X. spp.* RACCS-4, *X. spp.* RACCS-6 fueron superiores en el tamaño y grosor de estolones. *X. spp.* RACCS-2 obtuvo también estolones de tamaño superior.

4.4.3 Acervo genético 3

Las accesiones registraron cormos similares en tamaño y de peso y anchos diferentes (Cuadro 7). *X. w.* RSJ-4 y *X. w.* CH-2 registraron los mayores valores de los tres descriptores. Ninguna accesión registró minicormelos en sus estructuras subterráneas.

Cuadro 7. Promedio de largo (cm), ancho (cm) y peso (g) de corno del acervo genético 3 establecidas en el CNIA-INTA, 2016.

Accesiones	Corno		
	Peso	Largo	Ancho
<i>X. w.</i> RSJ-4	96.00	4.12	6.25
<i>X. w.</i> CH-2	32.00	2.83	3.65
<i>X. m.</i> RSJ 2	16.00	3.72	2.92
<i>X. a.</i> MY-3	12.00	4.23	2.62

4.5. Análisis multivariado

El análisis multivariado determinó la conformación de dos conglomerados. Los acervos genéticos 1 y 2 fueron ubicados en un mismo conglomerado. Las accesiones del acervo 3 junto con la accesión *X. spp.* CH-4 se ubicaron en otro conglomerado. Las accesiones del acervo genético 2 conforman un subgrupo y las accesiones del acervo genético 1 conforman otro subgrupo del primer conglomerado (Figura 4).

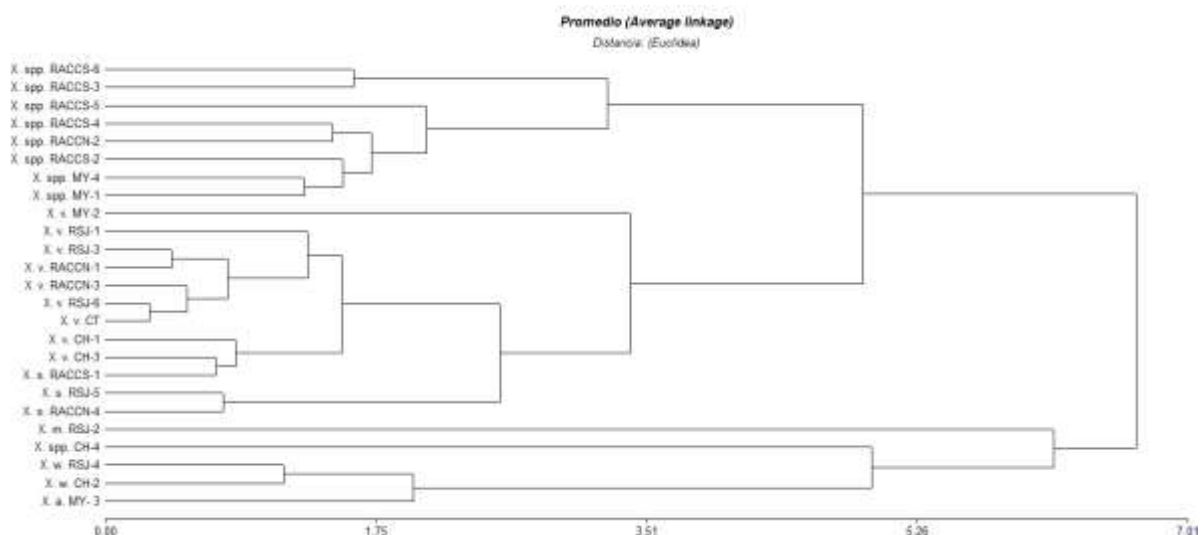


Figura 4. Dendrograma originado a partir del análisis multivariado de 11 caracteres morfológicos cualitativos y cuantitativos de las 25 accesiones del género *Xanthosoma* colectados en Nicaragua y establecidos en el CNIA-INTA, 2016.

Los resultados refuerzan el planteamiento de la existencia de los tres acervos genéticos. Todas las accesiones tienen crecimiento acaulescente. El acervo genético 1 presenta plantas de altura moderada (31-130 cm), hojas de forma sagitada, enteras, lisas, de color verde olivo-verde claro y la especie *X. sagittifolium* hojas con lóbulos traslapados. Además desarrollan cormelos comestibles alargados o redondos. El acervo genético 2 producen plantas vigorosas y de 131-180 cm de altura, hojas de forma hastada, enteras, lisas, de color verde olivo-verde claro y desarrollan estolones. Las plantas del acervo genético 3 son de pequeña altura (10-29 cm), con hojas de formas diferentes, en el caso de *X. atrovirens* las hojas termina en puntas enrolladas, en *X. wendlandii* las hojas son lobuladas y *X. mexicanum* tiene hojas sagitadas. Presentan hojas de colores verde, verde-oscuro, amarillas y variegadas. *X. wendlandii* y *X. mexicanum* producen muchos minicormelos redondos. Las plantas de *X. mexicanum* presentan pubescencia en toda la planta.

El quequisque es la única especie arácea nativa del continente americano que es utilizada mundialmente en alimentación (Bown, 2000) y domesticada y cultivada en tiempos precolombinos (Wilson, 1984; Montaldo, 1991). El quequisque es uno de los primeros cultivos domesticados y utilizados por las poblaciones originales de Nicaragua. De acuerdo MARENA (1999) el quequisque junto al maíz, frijol, yuca, tabaco y cacao eran cultivados por los nativos antes del siglo XVI. Según Wheelock (1998) el quequisque era ya consumido intensivamente por los misquitos y mayagnas de la costa Caribe nicaragüense. El quequisque

es conocido como “duswa” por los misquitos y “wilis” por los mayagnas. Lacayo (2015) plantea que los primeros pobladores indígenas descendientes de las tribus los Matagalpa poseían grandes extensiones de tierras o montañas vírgenes, sus principales cultivos fueron el frijol, cacao, yuca, quequisque y especies como la pimienta de olor.

Las 12 accesiones comestibles verificadas y colectadas (*X. violaceum* y *X. sagittifolium*) posiblemente han sido cultivadas y mantenidas en el tiempo por agricultores de las zonas de colecta, con excepción de las accesiones colectadas y verificadas en Nueva Guinea que fueron introducidos desde Costa Rica. Las zonas de Masaya-Ticuantepé, San Benito-Chinandega, San Fernando-Nueva Segovia, Rosita, Siuna-RACCN y Kukra Hill-RACCS coinciden en ser localidades donde se asentaron poblaciones de nicaragüenses aborígenes. Es muy probable que los genotipos de quequisque colectados en estos lugares hayan sido domesticados por poblaciones de agricultores originales. Según Rodríguez *et al.* (1985) la diversidad de condiciones climáticas de temperatura, humedad y suelo, característica de las zonas tropicales y subtropicales es donde se asientan los centros de origen de las especies, García (2007) Reportó 63 accesiones de siete especies (*X. mexicanum*, *X. wendlandii*, *X. robustum*, *X. atrovirens*, *X. spp.*, *X. sagittifolium*, *X. violaceum*) distribuidas en las tres regiones edafoclimáticas del país.

La erosión genética ha sido definida como la reducción permanente de la riqueza de alelos, o de la combinación de alelos, en el tiempo en un área definida (Guarino, 1999), es decir, se trataría del proceso contrario, negativo y complementario, al proceso de creación de diversidad biológica (Soriano *et al.* 2000). Según Chahal y Gosal (2002) es la reducción en el número de variantes cultivadas por los agricultores y de hábitats silvestres debido a perturbaciones humanas en cualquier cultivo.

Los reportes de erosión genética del quequisque en Nicaragua son escasos, sin embargo no significa que no ocurra Vega-Jarquín (2008) menciona a *Xanthosoma* como una de las especies cuya sobrevivencia han sido afectada significativamente por la sustitución de variedades, el crecimiento demográfico y los desastres naturales.

Hace 10 años García (2007) realizó un estudio prospectivo de las especies *Xanthosoma* en Nicaragua y precisó las coordenadas geográficas de los lugares donde se encontraban. En el presente estudio se visitaron los mismos lugares para colectar y corroborar la existencia de las accesiones silvestres y comestibles reportadas. Algunos hechos indican que el germoplasma

del género *Xanthosoma* experimenta erosión genética. García, (2007) en Chinandega colectó una accesión *X. spp.* (12° 33' N, 86° 59' W), crecía en un cerco que divide un campo de cultivo con la carretera y cuya característica llamativa era su fuerte olor amoniacal. En la colecta realizada en el presente estudio no se encontró este genotipo. En Masaya, Ticuantepe y Chinandega los agricultores han dejado de cultivar quequisque por la disminución sostenida del período y la precipitación de las lluvias. En este estudio no fue fácil encontrar agricultores con plantaciones comerciales o para autoconsumo.

García (2007) colectó en Santa Clara-San Fernando, Nueva Segovia (13° 40' N, 86° 19' W) en la ribera del río tres accesiones: *X. mexicanum*, *X. spp.* (corno con pulpa blanca) y *X. spp.* (corno pulpa amarilla). Durante la verificación-colecta realizada en este estudio no se encontró la variante de corno de pulpa amarilla (datos no incluidos en el estudio). Durante la colecta realizada en este estudio el caudal del río había disminuido significativamente después de varios años de sequía.

De acuerdo con Ruíz (2014) el problema de la erosión genética de las variedades locales se ve agravado por la desaparición de especies y formas silvestres de las plantas cultivadas debida a procesos como la deforestación masiva o la degradación y contaminación de los hábitats naturales que son resultados de la explotación abusiva de los recursos del planeta. La pérdida de variabilidad genética supone una limitación de la capacidad de responder a nuevas necesidades y un incremento de la vulnerabilidad de nuestros cultivos frente a cambios ambientales o aparición de nuevas plagas o enfermedades.

El presente estudio verificó la existencia de tres acervos genéticos *Xanthosoma* en Nicaragua. El acervo uno lo constituyen 12 accesiones comestibles (*X. violaceum* y *X. sagittifolium*). En el acervo dos se agrupan nueve accesiones emparentadas con las comestibles, llamadas con el término genérico de *Xanthosoma spp.* El tercer acervo lo forman cuatro accesiones de *X. wendlandii*, *X. mexicanum*, y *X. atrovirens*.

X. wendlandii es una especie ubicua en Nicaragua, se colectó una sola accesión, sin embargo se encuentra creciendo en la mayoría de los agro-ecosistemas involucrados en este estudio. *X. mexicanum* se encontró en Río San Juan, El Rama, Nueva Guinea y Nueva Segovia.

Croat y Stiebel (2001) en su trabajo Flora de Nicaragua, reportan únicamente 4 especies *Xanthosoma*: *X. violaceum*, *X. mexicanum*, *X. wendlandii* y *X. robustum*. Los trabajos de

García (2007) y el presente estudio coinciden en que existen al menos dos especies más, y que debe aclararse la clasificación botánica del grupo de accesiones *X. spp.*

De acuerdo con Chahal y Gosal (2002) los recursos genéticos reflejan un conjunto complejo de genes divergentes que le han permitido a los cultivos adaptarse a los cambios ambientales desde su origen. El fitomejoramiento tiene no sólo que mejorar el potencial de productividad de la planta existente, sino también debe mantener el actual nivel de producción debido a ruptura de la resistencia o tolerancia a enfermedades o plagas de insectos. La sobrevivencia de la población mundial en crecimiento exige el desarrollo de cultivos todavía con mayor productividad, adaptación a una más amplia gama de medio ambientes, de alto valor nutritivo e industrial, además añadido múltiple niveles de resistencia o tolerancia a los estreses bióticos y abióticos existentes y eventuales. Con este fin, actualmente se necesitaría una gama mucho más amplia de germoplasma que la utilizada en el pasado. Las especies silvestres y materiales criollos primitivos aún existentes en diversas situaciones tendrán que ser conservadas y explotadas.

Para iniciar un programa de mejoramiento genético del quequisque habrá que realizar estudios básicos en el banco de germoplasma colectado, además del realizado por Acebedo y Navarro (2010). Por ejemplo determinar la ploidía de los genotipos del banco, evaluar el comportamiento de las accesiones silvestres con respecto al mal seco y determinar la relación de parentesco genético de las accesiones del banco.

El establecimiento del banco de germoplasma del género *Xanthosoma* en Nicaragua puede contribuir al esclarecimiento internacional de la taxonomía de este género. Según Reyes (2006) existen claras discrepancias e incertidumbres con respecto a la taxonomía en el nivel de la especie dentro del género *Xanthosoma*.

En la década de los ochenta del siglo pasado el incremento de la demanda internacional de quequisque motivó a los productores del trópico húmedo sembrar pequeñas áreas para exportación. En los años subsiguientes las áreas de producción se incrementaron hasta llegar al máximo de 30 mil hectáreas sembradas en 2001 (Saavedra y Reyes, 2014). Los agricultores utilizaron semilla proveniente de zonas de Costa Rica afectadas por el mal seco. Se introdujo la enfermedad y se contaminaron los suelos con el agente causal, el Oomicete *Pythium myriotylum* (Reyes y Aguilar, 2005). El hongo destruye el sistema radical de la planta y le causa la muerte. Establecido en el suelo es prácticamente imposible su erradicación. La

búsqueda de áreas libres del patógeno ha incrementado la agricultura migratoria. Actualmente la producción de quequisque se ha trasladado a la frontera agrícola del trópico húmedo donde se obtienen buenos rendimientos por no más de dos ciclos seguidos, encareciendo la producción y contaminando los suelos sanos.

Según Reyes *et al.* (2013) no existen hasta el momento genotipos resistentes al mal seco. Acebedo y Navarro (2010) en su estudio determinaron que *P. myriotylum* afectó severamente las 15 accesiones cultivadas establecidas en suelo con antecedentes de mal seco en Nueva Guinea. La enfermedad causó 90-100% de pérdidas en el rendimiento. La variabilidad y diversidad de *Xanthosoma* verificadas y colectadas en el presente estudio pueden ser aprovechadas para definir la respuesta de los acervos dos y tres al ataque del mal seco, para evaluar potenciales cruzamientos dentro de las accesiones cultivadas, entre accesiones de los acervos uno y dos, y el empleo de mutaciones y métodos de mejoramiento especiales en las accesiones comestibles.

V. CONCLUSIONES

- Las accesiones *Xanthosoma* difirieron en características morfológicas y de rendimiento entre y dentro de los acervos genéticos.
- La reducción de las precipitaciones en Masaya y Chinandega y el mal seco en el trópico húmedo y la zona norte provocan indicios de erosión genética en el género *Xanthosoma* en Nicaragua.
- Se identificaron y describen tres acervos genéticos del género *Xanthosoma* colectados en Nicaragua. El acervo genético 1: *Xanthosoma* comestibles; el acervo genético 2: *Xanthosoma* silvestres emparentadas con las comestibles y el acervo genético 3; *Xanthosoma* silvestres.
- Se colectaron y establecieron en el banco de germoplasma 25 accesiones de seis especies *Xanthosoma* en Nicaragua (3 *X. sagittifolium*, 9 *X. violaceum*, 9 *X. spp.*, 2 *X. wendlandii*, 1 *X. mexicanum* y 1 *X. atrovirens*).

VI. RECOMENDACIONES

- Impulsar trabajos para determinar el nivel de ploidía de las accesiones del germoplasma de *Xanthosoma* colectado en el presente estudio con énfasis en los tres acervos genéticos.
- Estudiar la respuesta de los tres acervos genéticos del género *Xanthosoma* al mal seco.
- Esclarecer la clasificación taxonómica de los miembros de los tres acervos genéticos registrados en el presente estudio.
- Considerar las accesiones del banco de germoplasma en futuros estudios de mejoramiento genético de las accesiones comestibles con miras a afrontar el cambio climático, las actuales y potenciales plagas y enfermedades.

VII. BIBLIOGRAFÍA CITADA

- Acebedo Rivera, J. A.; Navarro Matute, E. R. 2010. Efecto del mal seco (*Pythium myriotylum* Drechs) en campo y sombreadero sobre la agromorfología de 15 accesiones de quequisque (*Xanthosoma* spp.), desarrollo de síntomas y detección microbiológica.
- Alfaro Gutiérrez, J. V. 2010. Comportamiento agromorfológico y plagas asociadas de dieciocho accesiones cultivadas del banco de germoplasma de quequisque (*Xanthosoma* spp.) de Nicaragua, CNIAB-INTA-Managua. Tesis de grado. Universidad Nacional Agraria. Managua, Nicaragua.
- Bown, D. 2000. *Aroids. Plants of the Arum Family*. 2nd Edition. Timber Press. Portland, Oregon, USA. 392 pp.
- Centeno Guevara, B. R.; Orozco Cisneros, C. M. 2009. Caracterización morfológica de 18 accesiones del banco de germoplasma del género *Xanthosoma* en condiciones del CENIAB-INTA, Managua, 2008. Universidad Nacional Agraria. Managua, Nicaragua.
- Chahal, G. S.; Gosal, S. S. 2002. Principles and procedures of plant breeding: Biotechnological and conventional approaches. Punjab Agricultural University. India. 591 p.
- Cooper, H.D.; Spillane, C.; & Hodgkin T. 2001. Broadening the Genetic Base of Crops: an Overview. In: Broadening the Genetic Base of Crop Production. Pp. 1-24.
- Croat, B.; Stiebel, T. 2001. Araceae Juss. In: Flora de Nicaragua. Introducción, Gimnospermas y Angiospermas (Acanthaceae-Euphorbiaceae). (Eds. Stevens, W. D; Ulloa, C; Pool, A. y Montiel, O.M.) Missouri Botanical Garden Press. St. Louis, Missouri, USA. p. 186-188.
- FAO (Food and Agricultural Organization). 2008. El cambio climático y la producción de alimentos. Recuperado de <ftp://ftp.fao.org/docrep/fao/010/i0112s/i0112s03.pdf>
- García Vado, M. C. 2007. Colecta y establecimiento de banco de germoplasma en colección viva e *in vitro* del género *Xanthosoma* en Nicaragua. Tesis de grado. Universidad Nacional Agraria. Managua, Nicaragua.
- Guarino, L. 1999. Approaches to measuring genetic erosion. International Plant Genetic Resources Institute (IPGRI). Proceedings of the Technical Meeting on the Methodology of the FAO World Information and Early Warning System on Plant Genetic Resources, Research Institute of Crop Production Prague (Czech Republic), 21-23 Jun 1999. <http://apps3.fao.org/wiews/Prague/Paper5.jsp>. [Consulta 19 de enero de 2011].
- Harlan, J.; Wet, J. 1971. Toward a rational classification of cultivated plants. Agronomy Department, University of Illinois. USA. Pg 509-517. Disponible en <https://www.cwrdiversity.org/acerca-de/que-es-un-acervo-genetico/?lang=es>
- IBPGR (International Board for Plant Genetic Resource). 1989. Descriptors for *Xanthosoma*. International Board for plant Genetic Resources, Rome ISBN 92-9043-132-6. p. 1-30.

- IFPRI (International Food Policy Research Institute). 2009. Cambio Climático: El impacto en la agricultura y los costos de adaptación. Recuperado de http://www.fao.org/fileadmin/user_upload/AGRO_Noticias/docs/costo%20adaptacion.pdf
- International Agency for Atomic Energy (IAEA). 2004. Genetic improvement of underutilized and neglected crops in low-income food deficit countries through irradiation and related techniques. Proceedings of a final Research Coordination Meeting organized by the Joint FAO/IAEA Division of Nuclear Techniques in Food and Agriculture and held in Pretoria, South Africa, 19–23 May 2003.
- Lacayo Mejía.; J. 2015. Temas nicaragüenses: Una revista dedicada a documentar asuntos referentes a Nicaragua. Revista de temas nicaragüenses No. 83. 345 p. Disponible en <http://sajurin.enriquebolanos.org/vega/docs/RevistaTemasNicaraguenses83marzo2015.pdf>
- MARENA (Ministerio del Ambiente y Recursos Naturales). 1999. Biodiversidad en Nicaragua. Usos de la tierra y producción. Programa ambiental Nicaragua-Finlandia. Managua, Nicaragua. 271 p.
- Montaldo, A. 1991. *Cultivo de raíces y tubérculos tropicales*. IICA, 2da Edición. San José, Costa Rica. 407 pp.
- Moreno Moreno, D. I.; Suárez Calderón, A. C. 2009. Caracterización morfológica de veinte accesiones del banco de germoplasma del género *Xanthosoma* en condiciones de campo de la UNA 2008. Tesis de grado. Universidad Nacional Agraria. Managua, Nicaragua.
- Rao, R; Matthews P, Eyzaguirre P; y Hunter D. 2010. The Global Diversity of Taro: Ethnobotany and Conservation. Bioersivity International, Rome, Italy. ISBN 978-92-9043-867-0.
- Reyes Castro, G.; Aguilar, M. 2010. Manual de producción de semilla de plátanos, quequisque y yuca. ACTED-UNA, Litografía El Renacimiento.
- Reyes Castro, G. C. 2006. Studies on cocoyam (*Xanthosoma* spp.) in Nicaragua, with emphasis on Dasheen mosaic virus. Tesis de doctorado. Faculty of Natural Resources and Agricultural Sciences. Acta Universitatis Agriculturae Sueciae.
- Reyes Castro, G. C.; Corea Narváez, H. G.; Guatemala Ortega, T. V. 2013. Guía de manejo agronómico del quequisque en Nicaragua. 24 p.
- Rodríguez Fuentes, C. Pérez Ponce, J. Fuchs, A. 1985. Genética y mejoramiento de las plantas. Ciudad de La Habana, Cuba.
- Ruiz Sánchez, A. H. 2014. Recursos genéticos para la agricultura y la alimentación. Centro de biotecnología. Universidad Nacional de Loja. Recuperado de http://unl.edu.ec/sites/default/files/investigacion/revistas/2014-9-6/2_articulo_de_revision_6_-_13_b1.pdf
- Saavedra Montano, D.; Reyes Castro, G. C. 2014. Prospección tecnológica para el manejo de mal seco en quequisque. 5 pp. Managua, Nicaragua.

- Soriano J. J. Fernández J, Toledo A. 2000. Biodiversidad agrícola, agricultores y erosión genética. Discursos y disposiciones legales que la condicionan. Actas del IV Congreso de la Sociedad Española de Agricultura Ecológica: Armonía entre Ecología y Economía. Córdoba.
- Vega Jarquín, C.; 2008. Conservación y utilización sostenible para la agricultura y alimentación. El estado de los recursos fitogenéticos. Nicaragua. 118 pp.
- Wheelock, J. 1998. *La comida nicaragüense*. Editorial Hispamer. Impreandes Presencia, S.A. Colombia. 168 pp.
- Wilson, J.E. 1984. Cocoyam. In: *The Physiology of Tropical Field Crop*. (Eds. P.R. Goldsworthy. & N. M. Fisher). John Wiley and Sons Ltd. New York, London, pp. 589-605

VIII. ANEXOS

Anexo 1. Altura de plantas (cm) a los 174, 263 y 339 dds de accesiones del acervo genético 1 colectadas en Nicaragua, establecidas en el CNIA-INTA, 2016.

Genotipos	Días después de la siembra		
	174	263	339
X. s. RSJ-5	59.20	78.00	142.00
X. s. RACCN-4	57.60	91.20	148.00
X. v. RACCN-3	52.67	67.67	84.67
X. v. RACCN-1	46.60	60.60	86.20
X. v. RSJ-6	42.20	66.20	98.60
X. v. CH-1	41.60	54.20	76.60
X. v. CH-3	41.00	40.20	66.40
X. v. RSJ-3	39.80	56.80	90.20
X. v. CT	38.80	66.80	95.00
X. s. RACCS-1	34.40	45.20	62.40
X. v. MY-2	15.80	30.25	89.00
X. v. RSJ-1	15.13	43.60	165.80

Anexo 2. Diámetro del pseudotallo (cm) a los 174, 263 y 339 dds de accesiones del acervo genético 1 colectadas en Nicaragua, establecidas en el CNIA-INTA, 2016.

Genotipos	Días después de la siembra		
	174	263	339
X. s. RACCN-4	6.60	8.80	15.00
X. v. RACCN-3	6.00	7.67	09.00
X. s. RSJ-5	5.10	8.60	11.60
X. v. RSJ-6	4.16	6.80	09.00
X. v. RACCN-1	4.00	5.80	10.60
X. v. CH-1	3.94	6.20	06.70
X. v. CH-3	3.60	4.80	06.20
X. v. RSJ 3	3.20	6.00	09.20
X. s. RACCS-1	3.20	5.00	07.30
X. v. CT	3.00	6.80	10.40
X. v. RSJ-1	1.50	5.60	14.20
X. v. MY-2	1.40	2.00	08.00

Anexo 3. Área foliar de plantas (cm²) a los 174, 263 y 339 dds de accesiones del acervo genético 1 colectadas en Nicaragua, establecidas en el CNIA-INTA, 2016.

Genotipos	Días después de la siembra		
	174	263	339
<i>X. s.</i> RACCN-4	1016.46	2123.21	4536.50
<i>X. v.</i> RACCN-3	905.02	1232.84	1375.41
<i>X. s.</i> RSJ-5	876.38	2061.05	4214.74
<i>X. v.</i> RACCN-1	599.47	1036.30	2528.73
<i>X. v.</i> CT	587.86	1300.62	2787.14
<i>X. v.</i> RSJ-6	476.71	1218.34	2219.70
<i>X. s.</i> RACCS-1	466.79	753.62	1644.28
<i>X. v.</i> RSJ-3	455.62	1152.33	1791.98
<i>X. v.</i> CH-1	448.62	813.70	1401.86
<i>X. v.</i> CH-3	350.46	576.02	1050.50
<i>X. v.</i> MY-2	92.44	276.76	2255.52
<i>X. v.</i> RSJ-1	65.86	1819.51	9352.42

Anexo 4. Número de hijos de plantas a los 174, 263 y 339 dds de accesiones del acervo genético 1 colectadas en Nicaragua, establecidas en el CNIA-INTA, 2016.

Genotipos	Días después de la siembra		
	174	263	339
<i>X. s.</i> RACCN-4	0.80	2.40	6.40
<i>X. v.</i> RSJ-3	0.20	0.00	1.00
<i>X. v.</i> CT	0.20	0.20	0.80
<i>X. v.</i> RACCN-1	0.00	0.60	1.00
<i>X. v.</i> RACCN-3	0.00	0.00	0.00
<i>X. s.</i> RACCS-1	0.00	0.00	0.00
<i>X. s.</i> RSJ-5	0.00	1.40	3.20
<i>X. v.</i> MY-2	0.00	0.00	0.00
<i>X. v.</i> CH-1	0.00	0.20	0.20
<i>X. v.</i> CH-3	0.00	0.00	0.00
<i>X. v.</i> RSJ-6	0.00	0.40	0.60
<i>X. v.</i> RSJ-1	0.00	0.20	6.20

Anexo 5. Número de hojas de plantas a los 174, 263 y 339 dds de accesiones del acervo genético 1 colectadas en Nicaragua, establecidas en el CNIA-INTA, 2016.

Genotipos	Días después de la siembra		
	174	263	339
<i>X. v.</i> RACCN-1	4.40	5.20	5.60
<i>X. v.</i> CT	4.20	5.60	6.40
<i>X. s.</i> RACCS-1	4.20	4.60	5.20
<i>X. v.</i> RSJ 3	4.20	5.00	5.40
<i>X. s.</i> RACCN-4	4.00	5.40	7.40
<i>X. s.</i> RSJ-5	4.00	5.40	4.40
<i>X. v.</i> RSJ-6	3.80	5.40	5.20
<i>X. v.</i> RACCN-3	3.67	6.00	5.33
<i>X. v.</i> CH-1	3.60	4.20	5.40
<i>X. v.</i> CH-3	3.60	4.00	5.40
<i>X. v.</i> MY-2	2.20	2.75	6.50
<i>X. v.</i> RSJ 1	1.75	4.60	6.00

Anexo 6. Altura de plantas (cm) a los 174, 263 y 339 dds de accesiones del acervo genético 2 colectadas en Nicaragua, establecidas en el CNIA-INTA, 2016.

Genotipos	Días después de la siembra		
	174	263	339
<i>X. spp.</i> RACCN-2	65.20	91.20	134.40
<i>X. spp.</i> RACCS-5	54.80	78.40	111.20
<i>X. spp.</i> RACCS-2	50.10	72.00	148.00
<i>X. spp.</i> MY-1	50.00	70.33	94.33
<i>X. spp.</i> CH-4	49.20	28.00	57.40
<i>X. spp.</i> RACCS-6	48.20	84.40	125.40
<i>X. spp.</i> RACCS-4	47.60	73.80	102.20
<i>X. spp.</i> RACCS-3	41.80	77.80	121.60
<i>X. spp.</i> MY-4	23.00	67.00	95.00

Anexo 7. Diámetro del pseudotallo (cm) a los 174, 263 y 339 dds de accesiones del acervo genético 2 colectadas en Nicaragua, establecidas en el CNIA-INTA, 2016.

Genotipos	Días después de la siembra		
	174	263	339
X. spp. RACCN-2	7.40	9.80	12.40
X. spp. MY-1	6.00	5.67	9.67
X. spp. RACCS-2	5.20	7.50	15.30
X. spp. RACCS-6	4.70	8.00	11.20
X. spp. RACCS-5	4.50	7.40	09.20
X. spp. RACCS-4	4.40	9.80	12.40
X. spp. RACCS-3	4.20	8.80	12.20
X. spp. CH-4	3.48	3.00	04.50
X. spp. MY-4	2.00	7.00	12.00

Anexo 8. Área foliar de plantas (cm²) a los 174, 263 y 339 dds de accesiones del acervo genético 2 colectadas en Nicaragua, establecidas en el CNIA-INTA, 2016.

Genotipos	Días después de la siembra		
	174	263	339
X. spp. RACCS-2	1454.84	2866.39	9020.60
X. spp. RACCN-2	1359.82	2347.28	4820.66
X. spp. RACCS-6	1152.11	3237.65	4131.27
X. spp. MY-1	1077.44	1992.08	2888.96
X. spp. RACCS-3	1070.93	3757.42	7477.55
X. spp. CH-4	1026.23	299.85	787.66
X. spp. RACCS-5	856.18	1546.01	2404.70
X. spp. RACCS-4	751.32	1713.25	2542.94
X. spp. MY-4	290.08	1968.40	3131.68

Anexo 9. Número de hijos de plantas a los 174, 263 y 339 dds de accesiones del acervo genético 2 colectadas en Nicaragua, establecidas en el CNIA-INTA, 2016.

Genotipos	Días después de la siembra		
	174	263	339
X. spp. RACCS-6	5.00	7.40	7.20
X. spp. RACCS-5	1.00	4.00	6.60
X. spp. RACCN-2	1.00	2.20	4.60
X. spp. MY-1	1.00	2.33	4.00
X. spp. RACCS-4	0.60	0.60	0.40
X. spp. RACCS-2	0.20	0.75	6.00
X. spp. CH-4	0.20	5.00	5.80
X. spp. MY-4	0.00	0.00	3.00
X. spp. RACCS-3	0.00	4.60	3.00

Anexo 10. Número de hojas de las plantas a los 174, 263 y 339 dds de accesiones del acervo genético 2 colectadas en Nicaragua, establecidas en el CNIA-INTA, 2016.

Genotipos	Días después de la siembra		
	174	263	339
<i>X. spp.</i> RACCS-2	5.00	6.00	6.80
<i>X. spp.</i> MY-1	5.00	5.00	6.00
<i>X. spp.</i> CH-4	4.80	3.40	5.40
<i>X. spp.</i> RACCS-6	4.60	6.20	4.00
<i>X. spp.</i> RACCS-4	4.40	6.00	5.60
<i>X. spp.</i> RACCN-2	4.20	5.60	6.40
<i>X. spp.</i> RACCS-3	4.20	6.00	6.80
<i>X. spp.</i> MY-4	4.00	5.00	6.00
<i>X. spp.</i> RACCS-5	3.60	4.60	4.00

Anexo 11. Altura de plantas (cm) a los 263 y 339 dds de accesiones del acervo genético 3 colectadas en Nicaragua, establecidas en el CNIA-INTA, 2016.

Genotipos	Días después de la siembra	
	263	339
<i>X. w.</i> RSJ 4	23.33	44.60
<i>X. a.</i> MY-3	14.00	34.00
<i>X. w.</i> CH-2	09.50	12.67
<i>X. m.</i> RSJ-2	08.40	20.60

Anexo 12. Diámetro del pseudotallo (cm) a los 263 y 339 dds de accesiones del acervo genético 3 colectadas en Nicaragua, establecidas en el CNIA-INTA, 2016.

Genotipos	Días después de la siembra	
	263	339
<i>X. a.</i> MY-3	2.00	3.00
<i>X. w.</i> RSJ 4	1.67	3.60
<i>X. m.</i> RSJ 2	1.00	1.90
<i>X. w.</i> CH-2	0.50	1.33

Anexo 13. Área foliar de plantas (cm²) a los 263 y 339 dds de accesiones del acervo genético 3 colectadas en Nicaragua, establecidas en el CNIA-INTA, 2016.

Genotipos	Días después de la siembra	
	263	339
<i>X. m.</i> RSJ-2	157.32	332.11
<i>X. w.</i> RSJ-4	135.17	1608.76
<i>X. a.</i> MY-3	72.52	293.04
<i>X. w.</i> CH-2	46.62	511.09

Anexo 14. Número de hijos de plantas a los 263 y 339 dds de accesiones del acervo genético 3 colectadas en Nicaragua, establecidas en el CNIA-INTA, 2016.

Genotipos	Días después de la siembra	
	263	339
<i>X. w.</i> RSJ 4	0.67	0.80
<i>X. m.</i> RSJ 2	0.20	0.20
<i>X. a.</i> MY-3	0.00	0.00
<i>X. w.</i> CH-2	0.00	0.00

Anexo 15. Número de hojas de las plantas a los 263 y 339 dds de accesiones del acervo genético 3 colectadas en Nicaragua, establecidas en el CNIA-INTA, 2016.

Genotipos	Días después de la siembra	
	263	339
<i>X. a.</i> MY-3	3.00	4.00
<i>X. m.</i> RSJ 2	2.80	4.00
<i>X. w.</i> RSJ 4	1.67	3.40
<i>X. w.</i> CH-2	1.50	3.33

Anexo 16: Ficha de colecta del germoplasma.

PROGRAMA DE RECURSOS GENÉTICOS NICARAGUENSES

FICHA DE COLECTA DE GERMOPLASMA

FECHA DE COLECTA:
NÚMERO DE FICHA:

ACCESIÓN NÚMERO:
NOMBRE DE LA COLECTA:

TARJETA: I

I. TAXONOMÍA

FAMILIA
GÉNERO
ESPECIE
SUB-ESPECIE
VARIEDAD
NOMBRE COMÚN
NOMBRE LOCAL

TARJETA: II

II. GEOGRAFÍA

LUGAR DE COLECTA
MUNICIPIO
DEPARTAMENTO
REGIÓN O ZONA
PAIS DE COLECTA
LATITUD
LONGITUD
ALTITUD (msnm)

III. ECOLOGÍA

15) OROGRAFÍA
SUELO

1- Nivel
2- clima
3- Escarpado
4- Clima redondeada
5- Pendiente escarpada
6- Pendiente media
7- Terraza
8- Pendiente ligera
9-Depresión abierta
10- Otros

16) TIPOLOGIA DE SITIO

1- Campo
2- Borde de camino
3- Pantano
4- Playa
5- Desierto
6- Pastizal
7- Bosque caducifolio
8- Bosque perennifolio
9- Selva tropical baja
10- borde con agua dulce

17) TIPO DE

1- Arenoso
2- Limoso
3- Arcilloso
4- Franco
5- Pedregoso
6-Franco arcilloso
7- Otros
18) INSOLACIÓN
1- Soleado
2- Medio sombreado
3- Sombreado
4- Otros

III. CARACTERISTICAS DEL MATERIAL VEGETAL

19) CONDICIONES DEL CRECIMIENTO
CRECIMIENTO

1- Silvestres
2- Fomentado

21) ABUNDANCIA

1- Rastrero
2- Herbáceo
3- Arbóreo

20) HÁBITOS DEL

1- Muy escaso
2- Escaso
3- Poco frecuente
4- Frecuente
5- Muy frecuente

22) VARIABILIDAD DE LA POBLACIÓN

1- Homogéneo.
2- Poco homogéneo
3- Heterogéneo
4- Muy heterogéneo
5- No determinable

4- Acuático
5- Otros

23) CICLO BIOLÓGICO

1- Anual primaveral
2- Bianual
3- Perenne

24) MECANISMO DE REPRODUCCIÓN

1- Vegetativa
2- Por semilla
3- Ambas

25) TIPO DE MATERIAL

1- Especie nativa en estado silvestre.
2- Variedad nativa

3- Material especial no cultivado
4- Variedad mejorada

5- Otra variedad
6- Desconocido

Nº DE FICHA
Nº 4865

Nº DE FICHA
Nº 4865

Nº DE FICHA
Nº 4865