

CARACTERIZACIÓN MORFOLÓGICA DE LA DIVERSIDAD GENÉTICA DE LA COLECCIÓN DE *Lupinus spp.* DEL BANCO DE GERMOPLASMA DEL INIAP

Ing. Agr. M.Sc. César Tapia B.
Biól. Eduardo Morillo V.
Ing. Agr. M.C. Eduardo Peralta I.
Ing. Agr. M. Sc. Carlos Caicedo V

RESUMEN

Para la caracterización morfoagronómica se utilizó una matriz de distancias entre 275 entradas para un total de 19 caracteres cualitativos y cuantitativos, la cual sirvió para el análisis de agrupamiento jerárquico de Ward (1963) Las distancias entre grupos se analizaron para los caracteres de mayor valor discriminante "D". Así, la colección se clasificó en seis grupos; los cuatro primeros grupos correspondieron a germoplasma de *L. mutabilis* originario de Bielorusia, Bolivia, Ecuador y Perú. El quinto grupo estuvo integrado por accesiones de Bielorrusia de las especies *L. mutabilis* y *L. hybridus*. Por último, el sexto grupo correspondió a entradas de la especie *L. albus*. Se identificaron entre grupos cuatro caracteres cualitativos y dos cuantitativos con mayor poder discriminante, los cuales son la distribución del color secundario de la semilla, color predominante de la semilla, color secundario de la semilla, color del botón floral, número de vainas por planta y rendimiento en gramos por planta. Estos se identificaron como los caracteres más útiles para utilizarse en los procesos de premejoramiento (potenciación genética)

SUMMARY

For the morphologic characterization of *Lupinus* germplasma, a total of 19 qualitative and quantitative characters were included to design

Caracterización morfológica de *Lupinus spp.*

a distance matrix among 275 samples. This matrix was used to analyze Ward's hierarchic grouping (1963). The distances between groups were analyzed for the characters of greater discriminating value " D ". The collection was classified into six main groups; the first four clusters included *L. mutabilis* germoplasma from Byelorussia, Bolivia, Ecuador and Perú, while a fifth cluster included accessions of *L. mutabilis* and *L. hybridus* from Byelorussia. Furthermore, a sixth cluster was composed of *L. albus* accessions. Four qualitative and two quantitative characters with greater discriminating power were used to identify groups. These characters were: secondary seed color distribution, predominant seed color, secondary seed color, floral buds color, number of pods per plant and plant weight (g). These characters proved to be most valuable for use in pre-breeding activities.



INTRODUCCIÓN

El chocho o tarwi (*Lupinus mutabilis* Sweet) es una leguminosa de origen andino, de importancia estratégica en la alimentación por su alto contenido de proteína (40%) y por sus características agronómicas, como rusticidad, capacidad de fijación de nitrógeno y adaptabilidad a medios ecológicos más secos, ubicados entre 2800 y 3600 m s.n.m. (Rivera *et al*, 1998)

Desde el punto de vista botánico, el chocho es una especie autógama y de polinización cruzada, pudiendo alcanzar hasta el 40% de alogamia. Tiene hojas digitadas, compuestas, pecioladas de cinco o más folíolos; el tallo es semileñoso, cilíndrico cuya altura oscila entre 50 y 280 cm. Las flores tienen la típica forma de las papilionáceas; la corola está formada por cinco pétalos y la quilla envuelve al pistilo y a los 10 estambres (Tapia, 1990; Cerrate y Camarena, 1981)

Caracterización morfológica de *Lupinus* spp.

La caracterización de la variabilidad genética de *Lupinus* spp. Constituye un factor de peso decisivo en la solución de los problemas actuales y futuros relacionados con la productividad del cultivo, la adaptación a los cambios climáticos y el desarrollo de nuevas alternativas en la obtención de variedades mediante la utilización de métodos tradicionales o biotecnológicos (IPGRI, 1995; Karp *et al.* , 1997)

El fruto es una vaina alargada de 5 a 12 cm, pubescente y contiene de 3 a 8 semillas. Las semillas son ovaladas, comprimidas en la superficie y con una amplia variabilidad en cuanto a color, el mismo que va desde blanco puro hasta el negro (Ortega y Palacios, 1995)

Velásquez (1993) realizó una caracterización morfológica y evaluación agronómica de 283 accesiones de la colección de *Lupinus* spp. del Banco de Germoplasma del INIAP - Ecuador, para la que utilizó principalmente los siguientes caracteres cuantitativos: vigor de la planta, altura de planta, largo promedio de la inflorescencia, largo del pedúnculo, largo de la vaina, ancho de la vaina, número de vainas por planta, número de granos por vaina, largo de la semilla, ancho de la semilla, tamaño del cotiledón, días a la emergencia, días a la floración, días a la madurez, rendimiento, porcentaje de proteínas y porcentaje de alcaloides. Los caracteres cualitativos fueron: pubescencia en la hoja, formación del tallo, color del botón floral, color de la flor, pubescencia de la vaina, dehiscencia de la vaina, forma de la semilla, color de la semilla y color del cotiledón. En esta investigación se pudo observar que los caracteres del tallo y de la semilla son importantes en la clasificación taxonómica de este género.

En la misma investigación se identificaron cinco grupos jerárquicos. El primer grupo se caracterizó por contener accesiones de *Lupinus mutabilis*; el segundo grupo lo conformaron entradas de *Lupinus albus*. El tercer grupo se conformó por entradas provenientes de Rusia, existiendo también especies de *L. mutabilis* y *L. hybridus*. El cuarto grupo estuvo integrado por una sola accesión también de *L. angustifolius*. Por último, el quinto grupo estuvo conformado por una entrada de *L. luteus*.

En el presente estudio se caracterizaron morfológicamente 275 entradas de *Lupinus spp.* originarias de América, el Mediterráneo y Rusia.

MATERIALES Y MÉTODOS

El ensayo fue sembrado en la Estación Experimental Santa Catalina (INIAP - Ecuador) ubicada a 3050 m. snm. Durante un ciclo del cultivo, se evaluaron 19 descriptores cualitativos y cuantitativos en 275 accesiones de *Lupinus spp.* (Velásquez, 1993)

Métodos estadísticos

La estimación del parecido taxonómico de los caracteres morfológicos se realizó mediante el coeficiente de distancia de Gower (1967) del software SAS, versión 6.12. La estructura taxonómica de las accesiones se analizó por medio del agrupamiento jerárquico de Ward (1963) La elección del número de grupos de accesiones se hizo con los criterios de Pseudo F y Pseudo t^2 utilizando el procedimiento CLUSTER.

La determinación del valor discriminante entre grupos para caracteres cuantitativos se determinó a través del índice "D" de Engels (1983) utilizando las medias de los grupos en las comparaciones múltiples de Duncan (Duncan, 1975) Para los caracteres cualitativos, el valor discriminante para separar grupos se estimó con base en el análisis de frecuencias y las estadísticas de Cramer (V) (Kendall y Stuart, 1979), contingencia (P) y Chi cuadrado (X^2)

RESULTADOS

Agrupamiento de las entradas

El resultado del agrupamiento detectó seis grupos de entradas cuya distribución se indica en el Cuadro 1. Los cuatro primeros grupos corresponden a germoplasma de *L. mutabilis* originario de

Caracterización morfológica de *Lupinus spp.*

Bielorrusia, Bolivia, Ecuador y Perú. El quinto grupo está integrado por accesiones de Bielorrusia de las especies *L. mutabilis* y *L. hybridus*. Por último, el sexto grupo corresponde a entradas de la especie *L. albus*.

Valor discriminante de los caracteres para separar grupos

Caracteres cualitativos

De los ocho caracteres analizados mediante la prueba de χ^2 (Cochran, 1954), todos presentaron valores con alta significación (1%). Estos resultados indican que los caracteres cualitativos al presentar además altos coeficientes de asociación (P) tienen un importante aporte para separar los seis diferentes grupos genéticos. En el Cuadro 2 se indican cuatro caracteres elegidos por su mayor valor discriminante, que pueden utilizarse para establecer diferencias entre grupos genéticos.

La distribución del color secundario y el color predominante de la semilla fueron los caracteres con el mayor valor discriminante (814,6 y 677,2 respectivamente) y con los más altos coeficientes de asociación. Además, el color predominante de la semilla presentó el mayor valor según la prueba de Cramer (0,70), por lo tanto, tiene una alta contribución para discriminar entre grupos genéticos consolidándolo como un carácter fundamental para separar grupos.

0.2

0.1

0

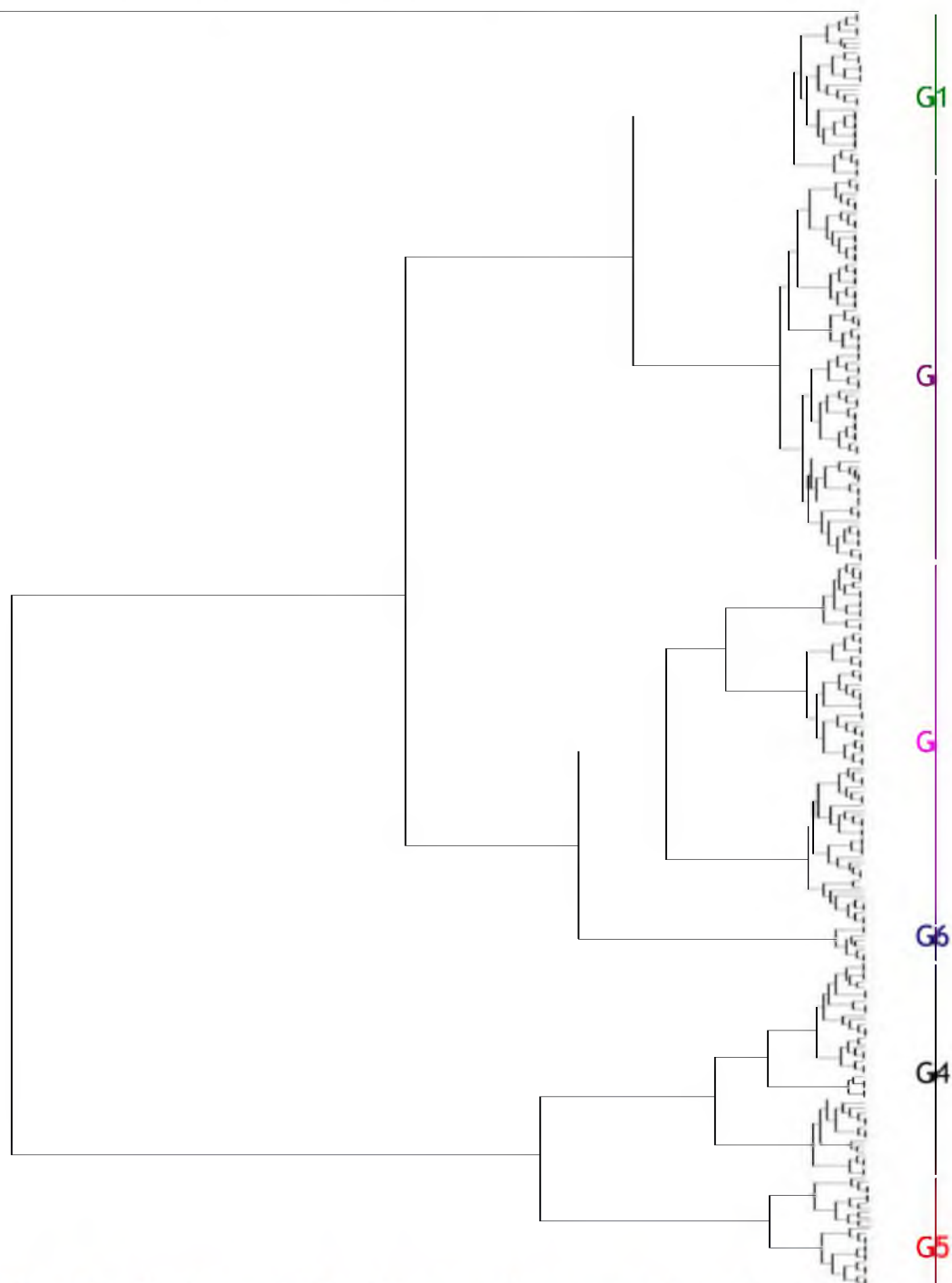


Figura 1. Dendrograma obtenido con el agrupamiento jerárquico de Ward que muestra la estructura genética de 275 entradas de chocho (*Lupinus spp.*) con base a datos agro morfológicos.

Código para entradas: __ = Grupo 1; __ = Grupo 2; __ = Grupo 3; __ = Grupo 4; __ = Grupo 5; __ = Grupo 6.

Caracterización morfológica de *Lupinus* spp.

Cuadro 1. Distribución de las entradas de *Lupinus* por grupo, según el análisis de agrupamiento jerárquico de Ward.

Conformación de grupos*					
Grupo 1				Grupo 4	Grupo 5
ECU-647 <i>muta E</i>	ECU-684 <i>muta E</i>	ECU-2713 <i>muta P</i>	ECU-2663 <i>muta P</i>	ECU-646 <i>muta E</i>	ECU-730 <i>muta E</i>
ECU-650 <i>muta E</i>	ECU-685 <i>muta E</i>	ECU-2716 <i>muta P</i>	ECU-2665 <i>muta P</i>	ECU-662 <i>muta E</i>	ECU-754 <i>angu A</i>
ECU-659 <i>muta E</i>	ECU-687 <i>muta E</i>	ECU-2724 <i>muta P</i>	ECU-2666 <i>muta P</i>	ECU-667 <i>muta E</i>	ECU-2695 <i>lute</i>
ECU-661 <i>muta E</i>	ECU-688 <i>muta E</i>	ECU-2725 <i>muta P</i>	ECU-2667 <i>muta P</i>	ECU-670 <i>muta E</i>	ECU-5906 <i>muta By</i>
ECU-674 <i>muta E</i>	ECU-689 <i>muta E</i>	ECU-2730 <i>muta P</i>	ECU-2669 <i>muta P</i>	ECU-672 <i>muta E</i>	ECU-5907 <i>muta By</i>
ECU-683 <i>muta E</i>	ECU-690 <i>muta E</i>	ECU-2734 <i>muta P</i>	ECU-2670 <i>muta P</i>	ECU-673 <i>muta E</i>	ECU-5910 <i>muta By</i>
ECU-686 <i>muta E</i>	ECU-695 <i>muta E</i>	ECU-2735 <i>muta E</i>	ECU-2686 <i>muta B</i>	ECU-682 <i>muta E</i>	ECU-5911 <i>muta By</i>
ECU-691 <i>muta E</i>	ECU-696 <i>muta E</i>	ECU-2736 <i>muta E</i>	ECU-2689 <i>muta B</i>	ECU-693 <i>muta E</i>	ECU-5912 <i>muta By</i>
ECU-692 <i>muta E</i>	ECU-697 <i>muta E</i>	ECU-2745 <i>spp. B</i>	ECU-2690 <i>muta B</i>	ECU-704 <i>muta E</i>	ECU-5913 <i>muta By</i>
ECU-701 <i>muta E</i>	ECU-698 <i>muta E</i>	ECU-2756 <i>muta B</i>	ECU-2691 <i>muta B</i>	ECU-706 <i>muta P</i>	ECU-5914 <i>muta By</i>
ECU-711 <i>muta P</i>	ECU-699 <i>muta E</i>	ECU-2757 <i>muta E</i>	ECU-2692 <i>muta B</i>	ECU-709 <i>muta P</i>	ECU-5915 <i>muta By</i>
ECU-721 <i>muta P</i>	ECU-700 <i>muta E</i>	ECU-2759 <i>muta E</i>	ECU-2697 <i>muta B</i>	ECU-712 <i>muta P</i>	ECU-5917 <i>muta By</i>
ECU-725 <i>spp. E</i>	ECU-702 <i>muta E</i>	ECU-2763 <i>muta B</i>	ECU-2698 <i>muta B</i>	ECU-719 <i>muta P</i>	ECU-5918 <i>muta By</i>
ECU-745 <i>muta E</i>	ECU-703 <i>muta E</i>	ECU-3047 <i>muta E</i>	ECU-2700 <i>muta B</i>	ECU-720 <i>muta P</i>	ECU-5919 <i>muta By</i>
ECU-755 <i>muta E</i>	ECU-705 <i>muta P</i>	ECU-3049 <i>muta E</i>	ECU-2703 <i>muta B</i>	ECU-722 <i>muta P</i>	ECU-5921 <i>muta By</i>
ECU-2318 <i>muta E</i>	ECU-713 <i>muta P</i>	ECU-3056 <i>muta E</i>	ECU-2704 <i>muta B</i>	ECU-724 <i>muta P</i>	ECU-5922 <i>muta By</i>
ECU-2650 <i>muta E</i>	ECU-714 <i>muta P</i>	ECU-3059 <i>muta E</i>	ECU-2708 <i>muta P</i>	ECU-727 <i>muta E</i>	ECU-5923 <i>muta By</i>
ECU-2651 <i>muta E</i>	ECU-715 <i>muta P</i>	ECU-3065 <i>muta E</i>	ECU-2709 <i>muta P</i>	ECU-729 <i>muta E</i>	ECU-5925 <i>Hybr By</i>
ECU-2656 <i>muta E</i>	ECU-716 <i>muta P</i>	ECU-3719 <i>muta E</i>	ECU-2710 <i>muta P</i>	ECU-734 <i>muta E</i>	ECU-5928 <i>Hybr By</i>
ECU-2660 <i>muta P</i>	ECU-717 <i>muta P</i>		ECU-2713 <i>muta P</i>	ECU-739 <i>muta E</i>	ECU-5929 <i>Hybr By</i>
ECU-2673 <i>muta P</i>	ECU-718 <i>muta P</i>	Grupo 3	ECU-2714 <i>muta P</i>	ECU-740 <i>muta P</i>	ECU-5930 <i>Hybr By</i>
ECU-2674 <i>muta E</i>	ECU-723 <i>muta P</i>	ECU-645 <i>muta E</i>	ECU-2715 <i>muta P</i>	ECU-741 <i>muta P</i>	ECU-5931 <i>Hybr By</i>
ECU-2677 <i>muta E</i>	ECU-731 <i>muta E</i>	ECU-649 <i>muta E</i>	ECU-2717 <i>muta P</i>	ECU-748 <i>muta E</i>	ECU-5932 <i>Hybr By</i>
ECU-2678 <i>muta E</i>	ECU-732 <i>muta E</i>	ECU-652 <i>muta E</i>	ECU-2718 <i>muta P</i>	ECU-749 <i>muta E</i>	ECU-5933 <i>Hybr By</i>
ECU-2680 <i>muta E</i>	ECU-737 <i>muta E</i>	ECU-653 <i>muta E</i>	ECU-2719 <i>muta P</i>	ECU-751 <i>muta E</i>	ECU-5934 <i>Hybr By</i>
ECU-2682 <i>muta E</i>	ECU-743 <i>muta E</i>	ECU-655 <i>muta E</i>	ECU-2720 <i>muta P</i>	ECU-2662 <i>muta P</i>	ECU-5935 <i>Hybr By</i>
ECU-2705 <i>spp. E</i>	ECU-746 <i>muta E</i>	ECU-657 <i>muta E</i>	ECU-2722 <i>muta P</i>	ECU-2668 <i>muta P</i>	
ECU-2746 <i>muta E</i>	ECU-747 <i>muta E</i>	ECU-658 <i>muta E</i>	ECU-2723 <i>muta P</i>	ECU-2685 <i>muta P</i>	
ECU-2760 <i>muta E</i>	ECU-750 <i>muta E</i>	ECU-664 <i>muta E</i>	ECU-2726 <i>muta P</i>	ECU-2687 <i>muta B</i>	Grupo 6
ECU-3048 <i>muta E</i>	ECU-2648 <i>muta E</i>	ECU-666 <i>muta E</i>	ECU-2727 <i>muta P</i>	ECU-2693 <i>muta B</i>	ECU-736 <i>spp. P</i>
ECU-3050 <i>muta E</i>	ECU-2649 <i>muta E</i>	ECU-671 <i>muta E</i>	ECU-2728 <i>muta P</i>	ECU-2729 <i>muta P</i>	ECU-2742 <i>albu Es</i>
ECU-3052 <i>muta E</i>	ECU-2655 <i>muta E</i>	ECU-694 <i>muta E</i>	ECU-2731 <i>muta P</i>	ECU-2733 <i>muta P</i>	ECU-3045 <i>albu E</i>
ECU-3055 <i>muta E</i>	ECU-2657 <i>muta P</i>	ECU-707 <i>muta P</i>	ECU-2732 <i>muta P</i>	ECU-2740 <i>muta P</i>	ECU-3046 <i>albu E</i>
ECU-3060 <i>muta E</i>	ECU-2664 <i>muta P</i>	ECU-708 <i>muta P</i>	ECU-2737 <i>muta P</i>	ECU-2743 <i>muta E</i>	ECU-5902 <i>albu Po</i>
ECU-3062 <i>muta E</i>	ECU-2671 <i>muta P</i>	ECU-710 <i>muta P</i>	ECU-2739 <i>muta P</i>	ECU-2758 <i>muta P</i>	ECU-5903 <i>albu ER</i>
	ECU-2672 <i>muta P</i>	ECU-723 <i>muta P</i>	ECU-2741 <i>muta P</i>	ECU-2764 <i>muta B</i>	ECU-5904 <i>albu H</i>
Grupo 2	ECU-2675 <i>muta E</i>	ECU-733 <i>muta E</i>	ECU-2744 <i>muta P</i>	ECU-2766 <i>muta P</i>	ECU-5905 <i>albu Po</i>
ECU-644 <i>muta E</i>	ECU-2676 <i>muta E</i>	ECU-735 <i>muta E</i>	ECU-2755 <i>muta E</i>	ECU-2767 <i>muta P</i>	
ECU-648 <i>muta E</i>	ECU-2679 <i>muta E</i>	ECU-738 <i>muta E</i>	ECU-2761 <i>muta B</i>	ECU-2768 <i>muta P</i>	
ECU-651 <i>muta E</i>	ECU-2681 <i>muta E</i>	ECU-742 <i>muta P</i>	ECU-2762 <i>muta B</i>	ECU-2769 <i>muta P</i>	
ECU-654 <i>muta E</i>	ECU-2683 <i>muta E</i>	ECU-744 <i>muta E</i>	ECU-2765 <i>muta P</i>	ECU-3054 <i>muta E</i>	
ECU-656 <i>muta E</i>	ECU-2684 <i>muta E</i>	ECU-752 <i>muta E</i>	ECU-3051 <i>muta E</i>	ECU-5908 <i>muta By</i>	
ECU-660 <i>muta E</i>	ECU-2688 <i>muta B</i>	ECU-753 <i>muta E</i>	ECU-3053 <i>muta E</i>	ECU-5909 <i>muta By</i>	

Caracterización morfológica de Lupinus spp.

ECU-663 <i>muta E</i>	ECU-2699 <i>muta B</i>	ECU-2332 <i>muta E</i>	ECU-3057 <i>muta E</i>	ECU-5916 <i>muta By</i>
ECU-665 <i>muta E</i>	ECU-2701 <i>muta B</i>	ECU-2652 <i>muta E</i>	ECU-3058 <i>muta E</i>	ECU-5920 <i>muta By</i>
ECU-668 <i>muta E</i>	ECU-2702 <i>muta B</i>	ECU-2653 <i>muta E</i>	ECU-3061 <i>muta E</i>	ECU-5927 <i>Hybr By</i>
ECU-669 <i>muta E</i>	ECU-2706 <i>muta E</i>	ECU-2654 <i>muta B</i>	ECU-3063 <i>muta E</i>	
ECU-675 <i>muta E</i>	ECU-2707 <i>muta P</i>	ECU-2658 <i>muta P</i>	ECU-3064 <i>muta E</i>	
ECU-679 <i>muta E</i>	ECU-2711 <i>muta P</i>	ECU-2659 <i>muta P</i>		
ECU-681 <i>muta E</i>	ECU-2712 <i>muta P</i>	ECU-2661 <i>muta P</i>		

* Códigos:

ECU = Código Banco; *E* = Ecuador; *P* = Perú; *B* = Bolivia; *By* = Bielorrusia; *Po* = Polonia; *H* = Hungría;
ER = ExRusia; *A* = Australia; *Es* = España; *muta* = *L. mutabilis*; *hybr* = *L. hybridus*; *albu* = *L. albus*;
angu = *L. angustifolius*; *lute* = *L. luteus*

Cuadro 2. Caracteres cualitativos de mayor valor discriminante entre grupos de entradas de la colección de chocho (*Lupinus mutabilis* S.)

Carácter	X ²	Coefic. (P)	Cramer (V)
Distribución del color secundario de la semilla	814,6**	1,72	0,54
Color predominante de la semilla	677,2**	1,57	0,70
Color secundario de la semilla	657,1**	1,55	0,58
Color del botón floral	602,6**	1,48	0,66

** = Significativo al 1% de probabilidad.

Caracteres cuantitativos

Según Engels (1983), un carácter para el cual los seis grupos tengan valores marcadamente distintos, tendrá un valor “D” máximo de 1, por cuanto todas las comparaciones posibles serán significativas. En el Cuadro 3 se observa al número de vainas por planta y al rendimiento en gramos por planta con mayor valor discriminante (0,88 y 0,85, respectivamente) las mismas que permitieron diferenciar los seis grupos. Además, se detectó que las entradas dentro de los grupos no mantienen una relación estrecha, es decir, existe mucha variación ya que presentan altos valores de desviación estándar.

Cuadro 3. Caracteres cuantitativos de mayor valor discriminante entre grupos de entradas de la colección de chocho.

Carácter	Valor discriminante "D"
Número de vainas por planta	0,88
Rendimiento en gramos por planta	0,85
Altura de la planta	0,79
Peso de 100 semillas (g)	0,75
Número de granos por vaina	0,70
Días a la floración	0,65
Días a la cosecha	0,65
Incidencia y severidad de antracnosis	0,52
Rendimiento (ha)	0,34
Incidencia y severidad de marchitamiento	0,24

Estructura de los agrupamientos

La estructura taxonómica obtenida por la matriz de distancia con el agrupamiento jerárquico de Ward (1963), se representa gráficamente por medio de un dendrograma (Figura 1) que demuestra la relación en grado de disimilitud entre entradas o grupo de las mismas. Esta relación determina en cierta medida el parentesco genético entre entradas y la variabilidad observada en cada agrupamiento. El dendrograma muestra seis grupos de individuos.

El agrupamiento 1 representa principalmente a las entradas de *L. mutabilis* que se cultivan principalmente en Ecuador. Los agrupamientos 2 y 3 contienen entradas de *L. mutabilis* originarias de Ecuador, Perú y Bolivia. El agrupamiento 4 corresponde al igual que los anteriores a *L. mutabilis* con excepción de un material de *L. hybridus*, además de incluirse accesiones de Bielorrusia. El agrupamiento 5 está conformado por entradas de *L. mutabilis*, *L. hybridus*, *L. luteus* y *L. angustifolius*, predominando las dos primeras especies. Estas entradas provienen de Bielorrusia con excepción de una accesión de Ecuador. El agrupamiento 6 está integrado

Caracterización morfológica de *Lupinus spp.*

exclusivamente por entradas de *L. albus* originarias de Polonia, ExRusia España y Hungría

La Figura 2 representa la ubicación espacial de los individuos de acuerdo a las ecuaciones construidas a partir del coeficiente de Gower (1967) en cada una de las 275 entradas mediante el análisis discriminante canónico. La variable canónica CAN1 explica el 37% de la variabilidad total y separa los grupos 1 y 6 de los demás grupos, mientras que la variable canónica CAN2 (que explica el 27% de la variabilidad) separa los grupos 2 y 3, de los otros dos. Además, se observa que la mayor distancia se presentó entre los grupos 1 (*L. mutabilis* - Ecuador) y 5 (*L. mutabilis* y *L. hybridus* - Bielorrusia) con 69,3. Por el contrario, los grupos más relacionados fueron el 2, 3, y 4, con entradas originarias de Ecuador, Perú y Bolivia pertenecientes a *L. mutabilis* con distancias de 14,4 (2 y 3), 27,1 (2 y 4) y; 26,4 (3 y 4)

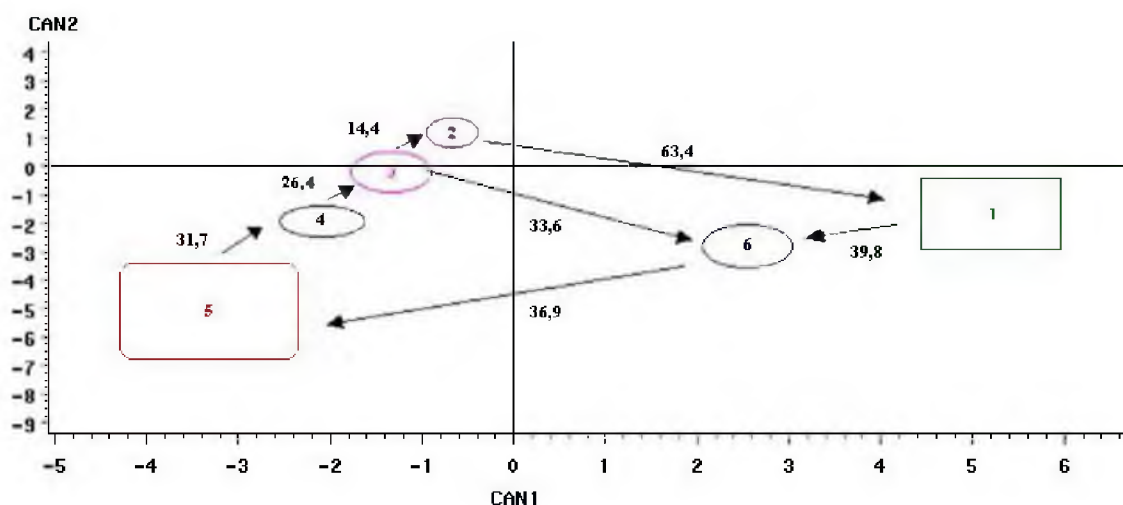


Figura 2. Distribución de las entradas en función de las variables canónicas CAN1 y CAN2, procedentes del análisis de resultados del coeficiente de Gower (1967)

DISCUSIÓN

Caracterización morfológica de *Lupinus spp.*

El análisis morfológico permitió identificar los niveles de variabilidad del material estudiado y con esta información se podría determinar en el futuro la respuesta a la selección y sus antecedentes genéticos; además, las correlaciones genéticas y las fuerzas de selección pueden ser inferidas (Wolff, 1988) Además, la caracterización de este grupo de genotipos, permitió ampliar los conocimientos de la variabilidad genética del género, facilitando así la identificación de materiales con características útiles para los programas de mejoramiento.

Según la caracterización morfológica, existen seis diferentes grupos genéticos. Los caracteres cualitativos que mejor discriminan entre grupos fueron: la distribución del color secundario y el color predominante de la semilla, variables con las cuales se evidencia que existe una parte de la planta exclusiva para diferenciar grupos. Además, este tipo de caracteres no son muy influenciados por el medio ambiente; esto concuerda con las investigaciones de Leakey (1988) en otra leguminosa como frijol, en donde se resalta la importancia de usar descriptores fenotípicos de herencia simple (cualitativos) para la caracterización y futuros trabajos de mejoramiento.

Los caracteres cuantitativos que mejor separan entre grupos fueron: número de vainas por plantas y el rendimiento en gramos por planta. Esto sugiere que los caracteres de la vaina que están relacionados con el rendimiento son los que más discriminan para separar grupos, a pesar de estar muy influenciados por el medio ambiente. En consecuencia, dichos caracteres son también de importancia para futuros estudios de evaluación agronómica y premejoramiento.

Los resultados indican que en la región andina existen dos morfotipos de *L. mutabilis* bien diferenciados. El primer morfotipo comprende al grupo 1, conformado por entradas originarias de Ecuador, cuya morfología se diferencia notablemente del segundo morfotipo. Este, que comprende a los grupos 2, 3 y 4, presenta caracteres cualitativos y cuantitativos muy similares entre ellos, y una amplia distribución geográfica, ya que consta de materiales de Ecuador, Bolivia y Perú. Por otro lado, el grupo 5, incluye materiales de *L. mutabilis* y *L. hybridus* originarias de Bielorrusia, debido probablemente a que

Caracterización morfológica de *Lupinus spp.*

materiales de *L. mutabilis* se introdujeran de América a esta zona, en donde dado el interés proteico por esta especie (NRC, 1989), se haya comenzado a seleccionar y posiblemente a cruzar entre las dos especies originando un nuevo “*pool genético*” (Tapia 1990, Cerrate y Camarena, 1981) Esta hipótesis concuerda con los resultados obtenidos por Velásquez (1993), cuyo análisis estadístico detectó también similitudes morfológicas entre ambas especies. Por último, las entradas de *L. albus* ubicadas en el grupo 6 muestran también diferencias respecto a los demás grupos, con caracteres propios de la especie.

Por lo tanto, en la región andina existe un morfotipo que está ampliamente distribuido en Perú, Ecuador y Bolivia mientras que otro se encuentra principalmente en Ecuador. Los materiales de Bielorrusia posiblemente corresponden al primer morfotipo dada la distancia genética que se observa entre ellos (figura 2) Es necesario realizar una caracterización molecular para poder corroborar los resultados obtenidos en esta investigación.

AGRADECIMIENTOS

Los autores expresan su agradecimiento al Programa Nacional de Leguminosas (PRONALEG) del Instituto Nacional Autónomo de Investigaciones Agropecuarias (INIAP), Proyecto P-BID-206 por su aporte a la caracterización morfológica de este grano andino de importancia nacional y regional, en pro de la seguridad alimentaria.

REFERENCIAS

- CERRATE, A. & CAMARENA, F. 1981. Agronomía, mejoramiento genético, semillas e informe de avances de investigación en tarwi (*Lupinus mutabilis* Sweet) en Lima. Universidad Agraria La Molina. Lima, Perú. 114 p.
- COCHRAN, W. 1954. Some methods for strengthening the common X^2 tests. Biometrics 10:417-451.

Caracterización morfológica de *Lupinus spp.*

- DUNCAN, D. 1975. T-tests and intervals for comparisons suggested by the data. *Biometrics* 31:339-359.
- ENGELS, J.M.M. 1983. A systematic description of cacao clones. 1. The discriminative value of quantitative characteristics. *Euphytica* 32:377-385.
- GOWER, J. 1967. A comparison of some methods of cluster analysis. *Biometrics* 23:623-637.
- IPGRI. 1995. Molecular genetic techniques for plant genetic resources. Report of IPGRI Workshop, Roma Italy, 9-11 October. Eds. W. Ayad; T. Hodgkin; A. Janadat; V. Rao. 137 p.
- KARP, A.; SKRESOVICH; BHAT, K.; AYAD, W.; HODGKIN, T. 1997. Molecular tools in plant genetic resources conservation: a guide to the technologies. IPGRI Technical Bulletin, No. 2. 47 p.
- KENDALL, M. & STUART, A. 1979. The advanced theory of statistics. Volumen 2, New York: Macmillan Publishing Company, Inc. s.n.t.
- LEAKEY, C.L. 1988. Genotypic and phenotypic markers in common bean. Genetic resources of *Phaseolus* beans. *In:* Paul Gets Ed. Dordrecht, Holland. Kluwer Academic Publishers. pp. 245-327
- NATIONAL RESEARCH COUNCIL (NRC), 1989. Lost crops of the Incas. National Academy Press. Washington, USA. Pp. 181-190
- ORTEGA, R. & PALACIOS, J. 1995. Efecto del tiempo de remojo, cocción y lavado sobre el contenido de alcaloides y proteína en chocho (*Lupinus mutabilis* Sweet). Tesis de Grado Ingeniero Agrónomo. Universidad Técnica de Ambato. Ambato, Ecuador. 66 p.

Caracterización morfológica de *Lupinus spp.*

- RIVERA, M.; PINZÓN, J; CAICEDO, C.; MURILLO, A.; MAZÓN, N. Y PERALTA, E. 1998. Catálogo del banco de germoplasma de chocho (*Lupinus mutabilis* Sweet) y otras especies de lupinus. INIAP. Quito, Ecuador. 47 p.
- TAPIA, M. 1990. Cultivos andinos subexplotados y su aporte a la alimentación. FAO. Oficina Regional para América Latina y el Caribe. Pp.77-87.
- VELÁSQUEZ, J. 1993. Evaluación agronómica y morfológica de 283 entradas de lupinos (*Lupinus spp.*) del Banco de Germoplasma del INIAP-Ecuador. Tesis de Grado Ingeniero Agrónomo. Universidad de Cuenca. Cuenca, Ecuador. 109 p.
- WARD, Jr. J.H. 1963. Hierarchical grouping to optimize an objective function. Journal of the American Statistical Association 58:236-244.
- WOLFF, K. 1988. Natural selection in *Plantago* species: a genetical analysis of ecologically relevant morphological variability. Dissertation thesis. University of Groningen. The Netherlands. s.n.t.