



CAPÍTULO I
ORIGEN Y DIVERSIDAD DEL MAÍZ



*Ángel Kato, Rafael Ortega Paczka, Eckart Boege,
Ana Wegier, José Antonio Serratos Hernández, Valeria Alavez,
Lev Jardón-Barbolla, Leticia Moyers y Diego Ortega Del Vecchyo*

La definición de centros de origen y diversidad genética de las plantas cultivadas tiene gran importancia para su manejo y conservación. Por ello, la determinación de sus componentes geográficos, biológicos y culturales es un proceso complejo que debe ser abordado con una visión interdisciplinaria.

Aunque el concepto propuesto por Vavilov caracteriza los centros de origen de las especies cultivadas como aquellos en donde se encuentra su mayor diversidad, se ha demostrado que un centro de diversidad genética no necesariamente es el centro de origen de una especie domesticada (Harlan, 1971) o de una especie silvestre (Walter y Epperson, 2001). Es importante hacer énfasis en esto porque implica que es necesario utilizar distintas metodologías para la correcta identificación de los centros de origen y los de diversidad genética.

Los conceptos de “centro de origen” y “centro de domesticación”

“Centro de origen” y “centro de domesticación” son conceptos diferentes que no pueden usarse indistintamente. La evolución de las plantas cultivadas involucra dos aspectos por separado: 1) el origen del taxón (silvestre) previo a la domesticación, resultado de procesos evolutivos

como la selección natural en hábitats sin intervención humana, y 2) su origen como cultivo, o dicho de otra manera, la historia de su domesticación moldeada por la influencia humana y la selección artificial. Para los organismos silvestres únicamente aplicaría el primer aspecto evolutivo, en las plantas cultivadas se cumple el segundo aspecto por medio de la selección dirigida por el ser humano.

La domesticación puede ser vista como el resultado final de un proceso que va del manejo de una especie silvestre hasta la fijación de caracteres morfológicos y genéticos, los cuales varían dentro y entre especies, dependiendo de su grado de domesticación, por lo que es posible encontrar plantas semidomesticadas que se encuentran tanto en cultivo como silvestres y pertenecen a la misma especie —por ejemplo, el tomate verde (*Physalis philadelphica*) y el algodón (*Gossypium hirsutum*) (Pickersgill, 2007).

Vavilov y el concepto de centro de origen de las plantas cultivadas

Con base en sus estudios biogeográficos, Nikolai Vavilov introdujo el concepto de “centro de origen de las plantas cultivadas” o, como anteriormente se definió, “centro de domesticación”. De acuerdo a este autor, el “centro de origen de plantas cultivadas” es una zona geográfica en donde se encuentra el máximo de diversidad del cultivo y coexisten o coexistieron sus parientes silvestres. En particular, Vavilov consideró una serie de aspectos clave para determinar la localización geográfica del origen de una planta cultivada: 1) se trata de áreas geográficas en donde la planta se sigue cultivando; 2) se asocian a considerables extensiones de territorio; 3) “los focos primarios del origen de los cultivos se encuentran en las regiones montañosas”; 4) son áreas de concentración de diversidad de las especies; y 5) las áreas de diversidad de las especies y variedades silvestres que están cercanamente emparentadas con la especie en cuestión deben ser empleadas para corregir y complementar el área definida como original (Serratos, 2009; Vavilov, 1926). Asimismo, Vavilov sostenía que los centros de domesticación con frecuencia incluyen un gran número de especies endémicas; en los casos en que el endemismo de un grupo dado es antiguo, éste puede abarcar no solamente variedades de una especie o algunas especies endémicas, sino que se puede ser elevado en los géneros completos de plantas cultivadas. Vavilov también anotó que los

centros de origen de plantas cultivadas son antiguos centros culturales (Vavilov, 1927, 1994 [1931]).

Herramientas para la determinación de los centros de domesticación

Desde la época de Vavilov, hasta los estudios más recientes, ha sido fehaciente la utilidad de los registros arqueológicos, antropológicos y lingüísticos en la comprensión del proceso de domesticación (Vavilov, 1926, 1994 [1931]; Doebley, 2006; Casas *et al.*, 2007; Pickersgill, 2007). Para el estudio y determinación de los Centros de domesticación es necesario un trabajo complementario e interdisciplinario de distintas ramas de la biología, la antropología, la historia y la arqueología (Gómez-Campo, 1999).

Hay tres fenómenos que pueden hacer del estudio de los centros de domesticación una historia más compleja. La domesticación puede ocurrir en periodos de tiempo muy largos y es común que las plantas y los animales tengan una domesticación múltiple, simultánea o continua. Los rasgos relacionados directamente con la domesticación no están condicionados generalmente por mutaciones que conlleven la pérdida de funciones y, por lo tanto, no hay una dependencia completa con el humano (Zeder, 2006; Fuller, 2007; Burger *et al.*, 2008). Éstas son características comunes a los dos centros de domesticación americanos, en los que se ha domesticado el maíz (*Zea mays* L.), el chile (*Capsicum annuum* L.), el frijol (*Phaseolus vulgaris* L.), la calabaza (*Cucurbita pepo* L.), el aguacate (*Persea americana* Mill.), el cacao (*Theobroma cacao* L.), y el algodón (*Gossypium hirsutum* L.) (Pickersgill, 2007). Además es común que los grupos humanos continúen el proceso en jardines de las casas, áreas comunales, en cultivos tradicionales y en varias escalas (Aguilar-Meléndez, *et al.*, 2009).

El uso de las evidencias moleculares

El concepto de centros de origen de las especies domesticadas (De Candolle, 1883; Vavilov, 1926), establece una clara fusión entre la diversidad genética, la distribución geográfica y el origen de una nueva especie cultivada (Engels *et al.*, 2005). Los centros de origen y los centros de domesticación de las especies suelen concentrar y conservar

la mayor parte de la diversidad de un *pool* genético determinado, por ello su conservación tiene un papel fundamental para la subsistencia de la especie (Engels *et al.*, 2005). Sin embargo, ya que la selección no necesariamente comienza con la población más diversa, es posible que reduzca la variación en la población, o bien pueda aumentar la variación de la población en los casos en donde durante el proceso se recolectan variedades de otras poblaciones y se trasladan al sitio donde se realiza la domesticación. Por estas razones las evidencias moleculares no suelen ser suficientes para la determinación de un centro de domesticación.

La domesticación se conoce como el proceso de selección genética que, por medio de la alteración de algún atributo clave, transforma las formas silvestres en variedades domesticadas de cultivos (Salamini *et al.*, 2002). Para reunir evidencias moleculares del proceso de domesticación se hacen comparaciones entre las poblaciones del cultivo, calculando la similitud o distancia genética que existe entre éstas (fracción de alelos distintos). Esto se logra mediante el uso de marcadores moleculares (por ejemplo: microsatélites; *Single Nucleotide Polymorphisms*, SNPs; *Amplified Fragment Length Polymorphisms*, AFLPs), que permiten medir la variabilidad genética de una población, hacer inferencias sobre su distribución, evolución y origen (Hancock, 2004) y establecer las probables relaciones genealógicas entre los haplotipos de la especie (Wu *et al.*, 1998).

Cuando se utilizan marcadores moleculares en conjunción con datos arqueológicos e históricos, el enfoque filogeográfico permite responder preguntas sobre la historia del complejo silvestre-cultivado y distinguir la historia del origen y la domesticación de una especie (Muller *et al.*, 2003). Cada región de distribución presenta un arreglo de frecuencias haplotípicas características, y las diferencias que presenten éstas respecto al de la variedad silvestre permiten rastrear la historia de la domesticación de un cultivo. La presencia de la variedad silvestre brinda la condición necesaria para considerar una región como centro de origen (Li *et al.*, 2004; Martínez-Castillo *et al.*, 2007).

Las aproximaciones de los autores y los marcadores moleculares utilizados son muy variables en este tema, sin embargo, la mayoría de los trabajos analizan los datos de tres formas generales: árboles filogenéticos, redes de haplotipos y algoritmos de asignación genética para probar estructura —como STRUCTURE y STRUCTURAMA (ver Tabla 2.1).

Tabla 2.1. Algunos estudios moleculares en que se ha logrado ubicar el centro de origen o domesticación de algunos cultivos.

Especie	Marcador	Análisis	Resultados	Referencia
Chile <i>Capsicum annuum</i> var. <i>Annuum</i>	Genes nucleares: <i>Dht</i> , <i>G3pdh</i> y <i>Waxy</i> .	Red de Haplotipos Algoritmos de asignación genética para probar estructura Estimadores de diversidad genética	Domesticación múltiple de <i>Capsicum annuum</i> var. <i>annuum</i> en Mesoamérica a partir de poblaciones silvestres de <i>C. annuum</i> var. <i>glabrescens</i> distribuidas ampliamente en México. También se encontró que la Península de Yucatán, anteriormente excluida, es otra región importante de diversidad genética y otro posible centro de domesticación.	Aguilar-Méndez <i>et al.</i> , 2009
Uva <i>Vitis vinifera</i> ssp. <i>Sativa</i>	Microsatélites de cloroplasto	Red de Haplotipos Árbol filogenético (Neighbour joining) Cálculo de distancias genéticas (Gst, Fst)	Sugiere la existencia de al menos dos centros de domesticación europeos: uno en el extremo europeo Oriental y otro en la zona del Mediterráneo Occidental.	Arroyo-García <i>et al.</i> , 2006
Aguacate <i>Persea americana</i> var. <i>guatemalensis</i> , <i>P. americana</i> var. <i>drymiifolia</i> y <i>P. americana</i> var. <i>americana</i>	Genes nucleares: endo-1,4-D-glucanasa (Celulasa), chalcona sintasa (CHS), flavanona-3-hidroxiylasa (F3H), y serina-threonina-ctinasa (STK)	Algoritmos de asignación genética para probar estructura.	Sur de México y Guatemala (<i>Persea americana</i> var. <i>guatemalensis</i>), México central (<i>P. americana</i> var. <i>drymiifolia</i>) y las Indias Occidentales (Antillas) (<i>P. americana</i> var. <i>americana</i>). Las poblaciones del sur de México/Guatemala y las Indias Occidentales están más cercanamente emparentadas entre ellas que con las poblaciones del Centro de México, o cual sugiere que los aguacates de las Indias Orientales se originaron en Guatemala. La hibridación también juega un papel importante en el origen de las razas, por ejemplo, el aguacate Hass es un híbrido entre las razas guatemaltecas y mexicanas.	Chen <i>et al.</i> , 2008
Trigo <i>Triticum monococcum</i> subsp. <i>monococcum</i>	AFLPs (Amplified fragment length polymorphisms)	Árbol Filogenético Cálculo de distancias genéticas	Un grupo silvestre de la especie <i>Triticum monococcum</i> subsp. <i>boeotizum</i> , proveniente de las montañas Karadag (sureste de Turquía), parece ser el progenitor de las variedades cultivadas de trigo <i>Triticum monococcum</i> subsp. <i>monococcum</i> . Se sugiere que en esta región se inició la domesticación del trigo.	Heun <i>et al.</i> , 1997

Especie	Marcador	Análisis	Resultados	Referencia
Maíz <i>Zea mays</i> ssp. <i>mays</i>	Microsatélites	Filogenético Análisis de Componentes Principales. Algoritmos de asignación genética para probar estructura	Se sugiere un único origen de domesticación del maíz en México, hace aproximadamente 9000 años, las variedades más antiguas, cercanas a ssp. <i>parviglumis</i> se encuentran en las tierras altas del sur de México (Oaxaca).	Matsuoka <i>et al.</i> , 2002
Papa <i>Solanum tuberosum</i>	AFLPs. (Amplified fragment length polymorphisms)	Árbol Filogenético (Parsimonia y Neighbour joining)	Origen monofilético de los cultivos de papa a partir del complejo silvestre <i>Solanum brevicaule</i> noroccidental en Perú.	Spooner <i>et al.</i> , 2005
Manzana <i>Malus domestica</i>	Gen de Cloroplasto (MatK) y espaciador transcritor interno ribosomal del núcleo	Árbol Filogenético	Se presume que las manzanas silvestres de Asia central están más cercanamente emparentadas con las domesticadas. <i>Malus domestica</i> está más cercanamente emparentada con las manzanas pertenecientes a la serie <i>Malus</i> dentro de la sección <i>Malus</i> del género con el mismo nombre.	Harris <i>et al.</i> , 2002
Calabaza <i>Cucurbita</i> spp.	Intrón del gen mitocondrial (nad1)	Árbol Filogenético (Parsimonia, Máxima verosimilitud)	Se sugieren al menos 6 eventos de domesticación independientes: <i>Cucurbita argyrosperma</i> probablemente fue domesticada de una calabaza silvestre mexicana <i>Cucurbita sororia</i> , en la misma región del suroeste de México que el maíz. El ancestro silvestre de <i>Cucurbita moschata</i> se desconoce, pero su domesticación probablemente ocurrió al norte de América del Sur. <i>Cucurbita andreaana</i> es el progenitor silvestre de <i>Cucurbita maxima</i> , domesticada posiblemente en Bolivia. Se encontraron dos eventos de domesticación separados para el complejo de Cucurbita pepo: el este de EUA y el noroeste de México para <i>C. pepo</i> subsp. <i>ovifera</i> , y probablemente el sur de México para <i>C. pepo</i> subsp. <i>pepo</i> cuyo ancestro silvestre se desconoce pero está cercanamente emparentada con <i>C. pepo</i> subsp. <i>fraterna</i> .	Sanjurjo <i>et al.</i> , 2002

Los centros de diversidad genética

El fenotipo de un individuo depende de tres factores: 1) su genotipo, 2) el ambiente (Gillespie, 2004) y 3) los efectos paternales, que dependen de las características ambientales y genéticas de la madre y el padre, (Santure y Spencer, 2006; Wade, 1998; Bayer *et al.*, 2009). La diversidad morfológica presente en un lugar puede servir como indicador de la diversidad genética; de hecho, históricamente fue usada así en la determinación de los centros de origen de la agricultura (Vavilov, 1994 [1931]). La diversidad morfológica presente en un cultivo es relevante también porque el proceso de selección artificial (como todo proceso de selección biológica) ocurre sobre el fenotipo y funge como un indicador fehaciente del proceso de domesticación. Desde muy temprano (Darwin, 1859; Vavilov, 1994 [1931]) se observó que las plantas domesticadas suelen presentar un intervalo de variación morfológica mayor al de las plantas silvestres y alteraciones fenotípicas diversas, como gigantismo en las partes útiles, y alteraciones en la historia de vida, como la pérdida de la capacidad de dormancia en las semillas y una menor capacidad de dispersión por mecanismos naturales (Casas *et al.*, 1996; Zohary, 1999; Casas *et al.*, 2006). De hecho, esas observaciones constituyen el primer capítulo de *El origen de las especies* (1859), en el que Darwin sustenta sus ideas acerca de la selección artificial, dirigida por los humanos.

Todo el proceso de domesticación por medio de la selección artificial está relacionado y mediado por la reproducción cultural de los pueblos que han heredado y continuado la domesticación de las diferentes plantas cultivadas. De esta manera, en los lugares donde el proceso de selección artificial ha operado a partir de una mayor variación morfológica inicial en las poblaciones silvestres y/o durante más tiempo (es decir, en los lugares donde una planta ha sido domesticada) es razonable esperar un mayor grado de variación morfológica en los cultivos, en particular al compararlos con las poblaciones silvestres de la misma planta.

Los centros de diversidad genética pueden homologarse en muchos sentidos con el concepto de "unidades de conservación", utilizado en genética de la conservación, que tiene como objetivo la preservación de la diversidad genética de poblaciones o grupos de poblaciones (Geist y Kuehn, 2005).

La diversidad genética se define como la variedad de alelos y genotipos presentes en un grupo bajo estudio, el cual puede ser una

población, una especie o un grupo de especies (Frankham, 2002). El establecimiento de las unidades de conservación puede ayudarnos a tomar mejores decisiones para la conservación de la misma. Las unidades de conservación son: "unidades evolutivamente significativas, unidades de manejo o cualquier unidad geográfica que los investigadores consideren importante conservar" (Manel *et al.*, 2003). Las "unidades evolutivamente significativas" (ESU, *evolutionary significant unit*) sirven para establecer grupos de poblaciones que han divergido desde hace bastante tiempo y están diseñadas para ayudar a la conservación de los procesos ecológicos y evolutivos de una especie (Moritz, 1999), para los cuales no hay una definición metodológica única, ya que se han generado críticas y polémica alrededor de ellas (Crandall *et al.*, 2000; Fraser y Bernatchez, 2001; Hey *et al.*, 2003). Una forma de definir una ESU es utilizando el concepto de especie filogenética (Vogler y De Salle, 1994), a partir de un conjunto de individuos o poblaciones que tienen caracteres hereditarios que pueden ser unidos en un *agrupamiento*. Crandall y colaboradores (2000) propusieron otro enfoque para determinar la conservación de las poblaciones, basándose en el intercambio genético y ecológico, tanto reciente como antiguo. Fraser y Bernatchez (2001) agregan que se deben usar varias de estas metodologías cuando sea posible.

Una vez determinadas las ESU, existe otro reto: delimitar las unidades de manejo para la conservación (MU). Básicamente la divergencia y el flujo génico entre las poblaciones es lo que determina que deban manejarse como unidades independientes cuando están suficientemente aisladas para que merezcan ser delimitadas, monitoreadas y manejadas por separado (Palsbøll *et al.*, 2007).

Para inferir las MU se ha propuesto el uso de pruebas de asignación (Pearse y Crandall, 2004, Pritchard *et al.*, 2000, Corander y Tang, 2007) a fin de establecer los *agrupamientos* de poblaciones y la tasa de dispersión y flujo entre éstas (Palsbøll *et al.*, 2007). Después de que se establecen las unidades de conservación, es necesario hacer un monitoreo y análisis de la diversidad genética en cada población por medio de parámetros como la riqueza alélica, la heterocigosis y el coeficiente de consanguinidad, *F*, lo cual permitirá empezar a tomar decisiones sobre su preservación. La identificación y el mantenimiento de los centros de diversidad genética es importante porque la diversidad genética está relacionada con la adecuación de una población (Reed y Frankham, 2003) y también está ligada al potencial evolutivo de una especie (England *et al.*, 2003).

Origen del maíz y su diversificación inicial

El tema del origen del maíz tiene más de 100 años de controversia y a lo largo de todos estos años se han propuesto varias hipótesis, siendo la de Ascherson de 1895 (en Kato *et al.*, 2009) la más antigua, y en la que se propone que el teocintle es el ancestro directo del maíz. Hacia finales de la década de los treinta del siglo pasado se propuso la hipótesis denominada "tripartita", desarrollada por Mangelsdorf y Reeves (1939), que tuvo una gran influencia en el medio científico durante más de tres décadas. Hay otras dos hipótesis desarrolladas en las décadas de los ochentas y noventas: a) mediante la teoría de la "transmutación sexual catastrófica" (Iltis, 1983), y b) la de Eubanks (1995), en la cual postula que el maíz fue originado por el cruzamiento de *Zea diploperennis* y *Tripsacum dactyloides*; pero ninguna de ellas ha logrado prevalecer como una teoría aceptada por la mayoría de la comunidad científica.

Por otra parte, con relación a la ubicación de los centros de origen y diversificación, una hipótesis desarrollada por McClintock (1978) y Kato (1984) con base en patrones de distribución de nudos cromosómicos específicos en 5,316 plantas correspondientes a 1,346 colecciones de maíz y 354 plantas de 61 muestras de teocintle de toda América, propone que el maíz fue domesticado en cinco regiones (centro-sur de México y Guatemala en Centroamérica) dentro de lo que se conoce como Mesoamérica. Esta teoría, conocida como multicéntrica, determinó mediante un estudio citológico cinco posibles centros de domesticación (pudieran ser también centros de origen) cuyo germoplasma, por medio de migraciones, hibridaciones y posterior selección en los lugares en que convergen más de dos rutas de esas migraciones, dio origen a un gran número de nuevos tipos raciales, es decir, se diversificaron los maíces domesticados y cultivados en diferentes regiones. De este último proceso se han localizado tres grandes regiones: en el sur de México (Oaxaca-Chiapas-Guatemala), en el occidente (Jalisco-Michoacán-Colima-Guanajuato), y en el norte (Chihuahua-Durango). El origen del maíz fue entonces gradual, formándose primero los precursores más simples por medio de mutaciones puntuales adecuadas para la estructuración del maíz; la combinación progresiva de esas mutaciones llegó a producir, con mayor frecuencia, plantas intermedias de maíz y teocintle que pudieron haber sido identificadas y seleccionadas por los cazadores-recolectores prehistóricos para su domesticación. Con esta información se puede explicar qué

planta dio origen al maíz y en dónde y cómo se pudo haber domesticado y diversificado. Empero, todavía existen aspectos aún desconocidos que será necesario analizar a la luz de las nuevas tecnologías y el estudio de más sitios arqueológicos y etnobotánicos en todo el país.

En 2002, con base en un análisis de 99 *loci* de microsatélites de maíz provenientes de toda América y de plantas de teocintle mexicanas y guatemaltecas, Matsuoka y sus colaboradores postularon que el maíz pudo haber tenido un origen único o monofilético. En esta teoría, conocida como unicéntrica, el teocintle raza Balsas, *Zea mays ssp. parviglumis*, es basal en los dendrogramas filogenéticos que publican, y se sugiere que de las poblaciones de esta raza se domesticó el maíz y que no necesariamente fue un solo evento de domesticación. Los estudios de Fukunaga y sus colaboradores (2005) convergen con el anterior, pero utilizan una muestra mayor de teocintle y *Tripsacum* (un género cercano a *Zea*), y concluyen que el maíz y *Zea mays ssp. parviglumis* comparten 48% de su genoma, coincidiendo así con la hipótesis anterior. Aún quedan dudas acerca de las relaciones filogenéticas y su discordancia con algunos de los datos morfológicos y arqueológicos; por lo tanto son necesarios más estudios acerca del proceso de domesticación.

No sabemos si las posibles mutaciones en el teocintle fueron las que llamaron la atención de los recolectores de semillas y después ocurrió la domesticación o si el teocintle ya era utilizado por los humanos y fueron éstos quienes seleccionaron artificialmente las variaciones en la cubierta de las semillas y en el desarrollo del olote, hasta conjuntar las características del maíz que hoy conocemos.

En la actualidad el maíz se mueve constantemente de región en región en todo el territorio mexicano (muchas veces a grandes distancias) y aun fuera de él, de tal forma que la constante selección de las semillas para la siembra en ciclos subsecuentes y las migraciones de los granos por medio del intercambio comunitario y comercial de las semillas mantienen la diversidad de la especie y sus variedades. No es de extrañar que muchas veces la variación genética al interior de las razas sea igual o mayor a la que existe entre ellas.

Por los estudios recientes que se han llevado a cabo bajo los auspicios de CONABIO podemos concluir que prácticamente todo el país es un continuo de diversidad. En todas las regiones del país hay una actividad constante de generación de variación genética en las poblaciones de maíz que se cultivan, y aunque hay regiones de las cuales no se tienen muestras

recolectadas, esto podría deberse a que las comunicaciones hacia y desde esas regiones aún son muy malas y no ha sido posible llevarlas a cabo, y no a la falta de maíz en esos lugares, o bien porque son regiones desérticas en las que no existe o es muy escaso el cultivo de esta planta.

Diversidad cultural y razas de maíz

La Comisión Nacional para el Desarrollo de los Pueblos Indígenas (CDI-PNUD 2006) reconoce, a partir del Censo General de Población y Vivienda (INEGI 2000), las regiones indígenas como aquellas que se conforman por municipios con 40% o más de población indígena, y describe a los municipios con "presencia indígena" cuando presentan menos de 40%. Así, tenemos 25 regiones con un total de 655 municipios, en donde viven más de 6 millones de indígenas. En estas regiones además se encuentran 190 municipios que tienen "presencia indígena", es decir una población de más de 5,000 habitantes indígenas por unidad, que en su conjunto representan 3.2 millones de habitantes que viven en esas comunidades, esto es 32% de la población indígena del país. Las 25 regiones constituidas por municipios indígenas y aquellas con "presencia" contienen espacios de mayor densidad de población indígena e indudablemente conforman *territorios* de los pueblos indígenas más allá de los límites municipales y estatales (Boege 2008).

El Censo General de Población y Vivienda realizado en el año 2000 (INEGI 2000) considera 48,196 localidades que presentan un hablante o más de lengua indígena. Si tomamos en cuenta los hogares en donde uno de los cónyuges o sus ascendientes habla lengua indígena, tenemos 23,084 localidades que tienen 40% y más de presencia de población indígena (Serrano *et al.*, 2002). Los territorios actuales de los pueblos indígenas se configuraron con base en esta información y tomando en cuenta las siguientes variables: 1) la contigüidad de las localidades que comparten la condición de tener 40% y más de hogares indígenas; 2) su ubicación dentro de las poligonales de los núcleos agrarios sin importar su carácter ejidal o comunal, que corresponden a 21,080,248 hectáreas, y el resto es propiedad privada. Con esta metodología se logró ubicar de manera general los límites de los territorios de cada pueblo indígena, los cuales tienen una extensión total de 28,033,093 hectáreas, lo que representa 14.3 % del territorio nacional (ver Mapa 2.1 y Tabla 2.2).

Tabla 2.2. Los territorios actuales de los pueblos indígenas (Boege 2008)

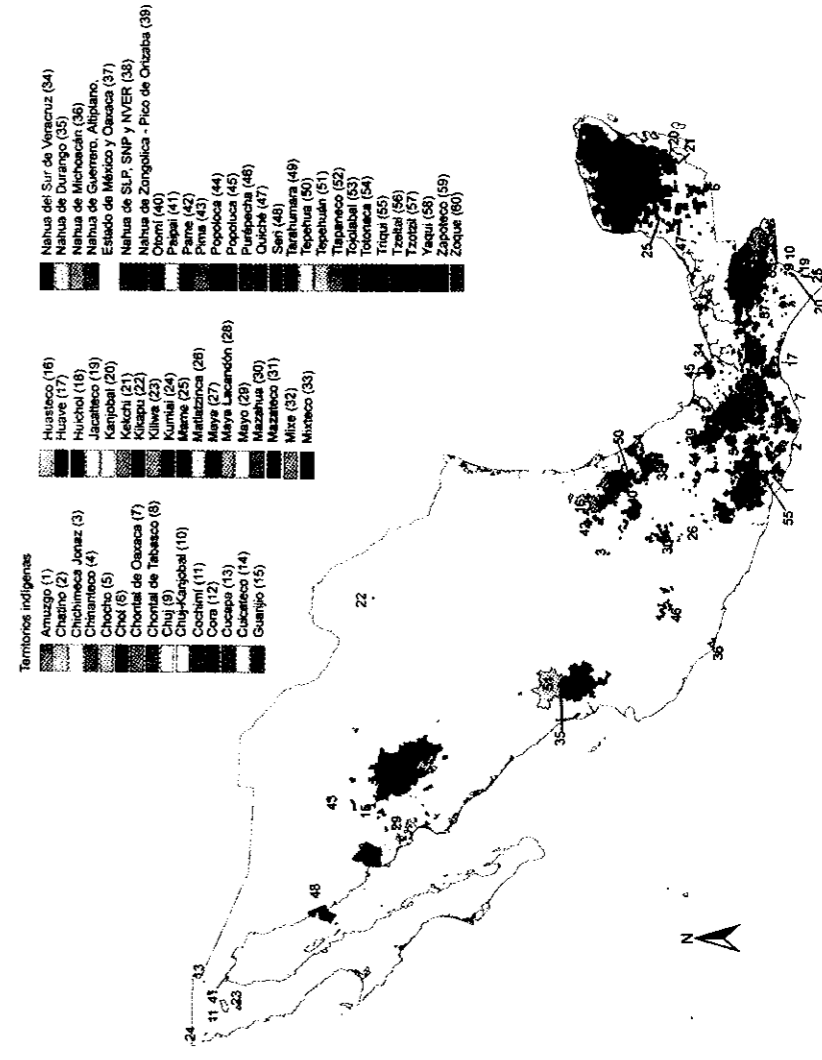
Pueblo indígena	Numero de ejidos y bienes comunales completos	Superficie de ejidos o bienes comunales (ha)	Superficie no ejidal y/o fracción de ejido o bienes comunales (ha)	Superficie total de territorios indígenas (ha)
Maya	1,019	5,343,576	2,097,278	7,440,854
Tarahumara	147	2,296,183	351,189	2,647,372
Mixteco	351	1,433,276	267,520	1,700,796
Zapoteco	276	1,302,777	471,053	1,773,830
Tepehuán	28	1,043,235	139,301	1,182,536
Tzeltal	309	690,080	234,694	924,774
Huichol	48	633,621	199,330	832,951
Zoque	106	621,857	56,808	678,665
Chol	316	564,518	227,816	792,334
Mixe	103	541,162	139,883	681,045
Nahua gro, altiplano, edomex, Oax	160	517,769	146,044	663,813
Nahua slp, snp, nver	865	499,624	448,079	947,703
Maya lacandón	24	488,704	1,370	490,074
Tzotzil	345	489,748	284,575	774,323
Chinanteco	269	462,390	189,090	651,480
Yaqui	2	430,223	19,097	449,320
Cora	13	352,286	14,761	367,047
Tlapaneco	51	281,176	13,253	294,429
Otomí	262	254,485	234,142	488,627
Mayo	81	224,228	96,896	321,124
Chatino	19	202,546	20,531	223,077

Tabla 2.2. Los territorios actuales de los pueblos indígenas (Boege 2008).

Pueblo indígena	Numero de ejidos y bienes comunales completos	Superficie de ejidos o bienes comunales (ha)	Superficie no ejidal y/o fracción de ejido o bienes comunales (ha)	Superficie total de territorios indígenas (ha)
Tojolabal	114	184,810	45,824	230,634
Huasteco	245	170,395	80,317	250,712
Nahua zongolica-pico de Orizaba	108	148,430	200,558	348,988
Cucapa	8	146,521	8,811	155,332
Amuzgo	22	131,093	25,053	156,146
Purhépecha	47	128,548	87,496	216,044
Chontal de oaxaca	16	126,644	9,289	135,933
Seri	1	118,656	93,566	212,222
Mazateco	112	112,748	202,506	315,254
Totonaca	136	99,902	214,046	313,948
Cuicateco	31	94,212	10,102	104,314
Pame	11	93,367	11,112	104,479
Popoluca	81	91,772	18,047	109,819
Mazahua	129	86,285	39,606	125,891
Paipai	1	68,326	-	68,326
Huave	5	67,184	39,695	106,879
Nahua del sur de veracruz	45	64,806	31,487	96,293
Nahua de michoacán	1	56,159	20,059	76,218
Guarijio	8	52,250	30,764	83,014
Triqui	20	51,734	4,556	56,290

Pueblo indígena	Numero de ejidos y bienes comunales completos	Superficie de ejidos o bienes comunales (ha)	Superficie no ejidal y/o fracción de ejido o bienes comunales (ha)	Superficie total de territorios indígenas (ha)
Pima	3	43,064	10,703	53,767
Chontal de tabasco	39	40,364	39,042	79,406
Quiché	3	31,369	1,045	32,414
Popoloca	19	29,692	12,580	42,272
Nahua de durango	4	29,529	7,053	36,582
Kiliwa	1	27,546	11	27,557
Kanjobal	25	23,401	7,631	31,032
Pápago	1	16,660	-	16,660
Mame	10	14,644	21,152	35,796
Ixil	3	14,444	-	14,444
Chocho	5	8,136	3,610	11,746
Kikapu	1	6,937	103	7,040
Cochimi	1	6,466	1,133	7,599
Tepehua	11	4,115	4,912	9,027
Jacalteco	1	3,777	-	3,777
Chichimeca jonaz	3	3,654	742	4,396
Nahua	8	3,539	10	3,549
Kumiai	1	1,774	5,829	7,603
Matlatzinca	2	1,675	2,396	4,071
Chuj	2	1,216	5,877	7,093
Chuj-kanjobal	1	683	-	683
Kekchi	2	257	3,412	3,669
	6,081	21,080,248	6,952,845	28,033,093

Figura 2.1 Mapa de los territorios de los pueblos indígenas actuales de México.



El INEGI reconoce 62 lenguas indígenas en la República Mexicana (De la Vega, 2001). Para clasificar desde el punto de vista lingüístico a los pueblos indígenas, el Instituto Nacional de Lenguas Indígenas (INALI) ha realizado un trabajo minucioso con los siguientes criterios: 1) once familias lingüísticas; 2) 68 agrupaciones lingüísticas, y; 3) 364 variantes lingüísticas que deberían denominarse lenguas (INALI, 2007). Esta información nos muestra una riqueza cultural extraordinaria que coloca a México entre los 10 países con mayor diversidad lingüística del mundo. Para el nivel de análisis propuesto en este capítulo el criterio de lengua que usa el INEGI es insuficiente.

Como país de origen de 15.4% de las especies que compone el sistema alimentario mundial (CONABIO 2006), México tiene la responsabilidad específica de ser depositario y custodio *in situ* de las líneas genéticas originales de esta agrobiodiversidad, mismas que se cultivan y preservan en los territorios de los pueblos indígenas y en las comunidades agrarias (la tabla 2.2, muestra las especies de importancia económica domesticadas en Mesoamérica).

Los "centros Vavilov", reconocidos como laboratorios vivos, fueron definidos por el propio Vavilov (1927) como refugios irremplazables de biodiversidad y esenciales para los sistemas alimentarios humanos; no sólo se refieren a un hecho histórico, el paso de las plantas silvestres a las domesticadas, sino a la constante interacción de éstas con sus pares silvestres, semisilvestres y con los ecosistemas, así como al proceso de diversificación y variación fenotípica que está presente ininterrumpidamente, como ocurre en el caso del maíz en México.

En cada territorio de los pueblos indígenas y en las comunidades campesinas encontramos razas de maíz y distintas variedades adaptadas a las condiciones ecológicas específicas. Se considera que esta diferenciación morfológica entre distintas razas de maíces está relacionada con la variación ecológica (Hernández X., 1987) y la cultura de los pueblos indígenas.

Es importante señalar que las estimaciones realizadas a partir de los datos del INEGI son conservadoras con respecto de la población indígena de México y la superficie territorial en la que se desarrollan como pueblos indígenas. Esto se debe a que el criterio lingüístico para definir a los pueblos indígenas es limitado. El Acuerdo 169 de la Organización Internacional del Trabajo (OIT), retomado en los Acuerdos de San Andrés Sakamch'en, establece como criterio para definir a los

pueblos indígenas la propia reivindicación de tal identidad,¹ criterio respaldado en 1996, 1999 y 2001 por los propios pueblos indígenas en diferentes ejercicios de consulta directa. De lo anterior se desprende una definición de pueblos indígenas más amplia, una población numéricamente mayor y una extensión territorial mayor a la que el solo criterio lingüístico permite reconocer. Esto es importante porque para efectos de ubicar el área geográfica en la que se da el proceso de selección y creación de diversidad en los cultivos, la extensión delimitada a partir de los datos del INEGI representaría un *área mínima* en la que se encuentran estos laboratorios vivos. Sin embargo, el área en la que el proceso de diversificación de los cultivos y en particular del maíz ocurre es mayor. Existen regiones del país en las que, aun cuando un porcentaje reducido de la población habla una lengua indígena, pueden llevarse a cabo prácticas y costumbres agrícolas propias de un pueblo indígena, o bien en la que un grupo de hablantes del castellano se reconoce como parte de un pueblo indígena. Para efectos del proceso de creación de diversidad de un cultivo, el criterio del Convenio 169 de la OIT puede resultar tan significativo como la presencia mayoritaria de la lengua. En consecuencia, se debe discutir el significado de esta *área mínima* en la que las variedades de maíz de México se desarrollan y se conservan en un proceso dinámico.

¹ Convenio 169 de la OIT:

Artículo 1

1. El presente Convenio se aplica:

- a) a los pueblos tribales en países independientes, cuyas condiciones sociales, culturales y económicas les distinguen de otros sectores de la colectividad nacional, y que estén regidos total o parcialmente por sus propias costumbres o tradiciones o por una legislación especial;
- b) a los pueblos en países independientes, considerados indígenas por el hecho de descender de poblaciones que habitaban en el país o en una región geográfica a la que pertenece el país en la época de la conquista o la colonización o del establecimiento de las actuales fronteras estatales y que, cualquiera que sea su situación jurídica, conservan todas sus propias instituciones sociales, económicas, culturales y políticas, o parte de ellas.

2. La conciencia de su identidad indígena o tribal deberá considerarse un criterio fundamental para determinar los grupos a los que se aplican las disposiciones del presente Convenio.

Las cursivas son nuestras.

Fuente: Comisión Nacional para el desarrollo de los Pueblos Indígenas, 2003. Convenio 169 de la OIT sobre Pueblos Indígenas y Tribales en Países Independientes. *Cuadernos de Legislación Indígena*. México, D.F. 2003.

Como cultivo universal y emblemático para México, el maíz es uno de los cereales más importantes para la alimentación humana, y es considerado como "el gran regalo de Mesoamérica para el mundo" (Taba, 1995). Según datos del Centro Internacional de Mejoramiento del Maíz y Trigo (CIMMYT), en México y el resto de América Latina los maíces indígenas son cultivados en 54 % de la superficie destinada a este cereal.

Los sistemas agrícolas indígenas abarcan alrededor de 3 millones de hectáreas, son la abrumadora mayoría agricultura de temporal, y 40% de sus suelos presentan una inclinación mayor a los 10 grados (ver Tabla 2.3).

En México existe aún esta gran riqueza genética del maíz gracias a que cientos de variedades nativas o indígenas se siguen sembrando por razones culturales, sociales, técnicas y económicas. En la medida que se van depurando las técnicas para identificar las razas de maíz y sistematizando las colectas, se ha ido consolidando la lista de razas de maíz mexicano (Tabla 2.4), y consensuando nombres para razas similares de regiones diferentes (Mijangos, 2005).

El fitomejoramiento campesino e indígena es un proceso colectivo que incorpora varios elementos que tal vez no se dan en una parcela pero sí en otra. El intercambio regional o extra regional del germoplasma es una constante: el campesino indígena prueba, ensaya y adopta o descarta el germoplasma nuevo. Sabe separar muy bien las variedades de germoplasma de una misma especie, de tal manera que puede mantener las variedades sin que se crucen o viceversa, fomentando su cruzamiento. Es así como se genera un grupo de variedades de una misma especie adaptadas a cada uno de los problemas ambientales. En el caso del maíz en muchas de las regiones del país existen variedades precoces para aprovechar al máximo la humedad allí donde se presentan tiempos de sequía alternados con mucha lluvia, o bien para evitar las heladas o para acomodarse a secuencia de cultivos. Asimismo, existen variedades de ciclo largo de mejor productividad, que se cultivan para asegurar buenas cosechas cuando el ciclo de cultivo es favorable.

El proceso de diversificación sigue vivo, lo cual es muestra de la importancia de una estrategia nacional para conservar la diversidad del maíz *in situ*, ya que no sólo es importante el germoplasma sino también la preservación de los ecosistemas con sus interacciones bióticas y abióticas y la gente que les da sustento.

Tabla 2.3. Importancia económica de las especies anuales y perennes domesticadas principalmente en Mesoamérica por los pueblos indígenas de México (Molina y Córdova 2006)

Cultivo Nombre común	Nombre científico	Superficie cosechada (ha)	Producción (Ton)	Valor de la producción en miles de pesos
Anuales				
Algodón Hueso	<i>Gossypium hirsutum</i> L.	60,634	209,360	1 230,959
Amaranto	<i>Amaranthus hypochoeriacus</i> L.	1,435	2,321	13,052
Cacahuete	<i>Arachis hypogaea</i> L.	50,222	91,916	428,076
Calabaza 1	<i>Curcubita pepo</i>	30,841	461,967	1,466,394
Calabaza 2	<i>Curcubita pepo</i> L.	16,992	85,792	335,349
Camote	<i>Ipomoea batata</i> L.	2,602	61,739	171,168
Chayote	<i>Sechium edule</i> (Jacq.)	1,532	95,957	172,103
Chia	<i>Salvia hispanica</i> L.	300	900	2,430
Chilacayote	<i>Cucurbita ficifolia</i> B.	301	4,706	14,200
Chile verde	<i>Capsicum frutescens</i>	86,719	1,368,259	5,243,732
Chile seco	<i>Capsicum frutescens</i>	56,173	82,022	2,166,075
Epazote	<i>Chenopodium ambrosioides</i> L.	139	1,230	3,993
Frijol	<i>Phaseolus vulgaris</i>	1,904,100	1,414,903	7,183,875
Frijol en ejote	<i>Phaseolus vulgaris</i>	9,664	96,387	336,136
Girasol	<i>Helianthus annuus</i>	232	203	12,377
Guaje verdura	<i>Leucaena leucocephala</i>	30	750	450
Huauzontle	<i>Chenopodium berlandieri</i> Moq.	170	2,007	5,017
Jícama	<i>Pachyrhizus erosus</i> (L.)	6,175	166,880	314,367
Maíz en elote	<i>Zea mays</i> (L.)	43,227	503,407	618,180

Tabla 2.3. Importancia económica de las especies anuales y perennes domesticadas principalmente en Mesoamérica por los pueblos indígenas de México (Molina y Córdoba 2006)

Cultivo Nombre común	Nombre científico	Superficie cosechada (ha)	Producción (Ton)	Valor de la producción en miles de pesos
Maíz Forrajero verde	<i>Zea mays</i> (L.)	290,419	8,880,267	2,473,668
Maíz grano	<i>Zea mays</i> (L.)	7,522,055	20,703,161	33,499,849
Noche buena (plantas)	<i>Euphorbia pulcherrima</i>	13	650,000	19,500
Pápalo	<i>Parophallium macrocephalum</i>	440	5,362	13,554
Quelite	<i>Amaranthus cruentus</i> L.	71	570	1,324
Romerito	<i>Suaeda torreyana</i> Wats	586	5,011	24,189
Tabaco	<i>Nicotiana rustica</i> L.	12,217	22,437	411,164
Tomate verde	<i>Physalis philadelphica</i> Lam	54,044	726,218	2,059,331
Verdolaga	<i>Portulaca oleracea</i> L.	682	8,352	28,527
Yuca alimenticia	<i>Manihot esculenta</i> Crantz	991	13,008	28,678
Cempoxuchil (flor)	<i>Tagetes erecta</i> L.	1,999	22,243	38,586
Perennes				
Achiote	<i>Bixa orellana</i> L.	958	667	5,950
Agave mezcal	<i>Agave angustifolia</i>	4,720	302,060	955,720
Agave tequilero	<i>Agave tequilaza</i> Wever	3,943	435,779	3,254,408
Aguate Hass	<i>Persea americana</i> Hill	84,483	831,238	5,020,954
Anona	<i>Annona reticulata</i> L.	13	48	38
Arrayan	<i>Psidium sartorianum</i>	10	35	105
Cacao	<i>Theobroma cacao</i> L.	80,903	49,965	845,412
Capulín	<i>Prunus serotina</i> Eheh.	78	293	774

Cultivo Nombre común	Nombre científico	Superficie cosechada (ha)	Producción (Ton)	Valor de la producción en miles de pesos
Chirimoya	<i>Annona chirimoya</i> Mill	68	4,433	1,728
Cirueta tropical	<i>Spondias purpurea</i> , <i>S. Bombin</i>	12,407	56,535	162,058
Guaje	<i>Leucaena leucocephala</i>	381	3,947	10,714
Guanábana	<i>Annona muricata</i> L.	1,672	11,386	47,868
Henequén	<i>Agave foucroyedes</i> Lam.	16,461	107,106	311,722
Jojoba	<i>Simmondsia chinensis</i>	310	279	5,022
Maguey pulquero	<i>Agave spp</i>	2,233	229,015	487,907
Mamey	<i>Pouteria zapota</i>	742	6,670	28,961
Nanche	<i>Birsonima crassifolia</i> L. HBK	1,848	9,457	29,301
Nopal forrajero	<i>Opuntia spp</i>	2,244	46,557	15,993
Nopalitos	<i>Opuntia ficus indica</i> L. Mill	9,579	563,443	1,272,805
Papaya	<i>Carica papaya</i>	18,656	729,080	2,093,788
Pitahaya	<i>Stenocereus queretronensis</i>	944	1,680	12,095
Tejocote	<i>Crotaegus pubescens</i>	655	3,734	8,657
Tomate (jitomate)	<i>Lycopersicon esculentum</i>	48,317	1,498,572	5,917,197
Tuna	<i>Opuntia Picus indica</i>	38,365	332,168	458,583
Vainilla	<i>Vanilla planifolia</i>	575	177	21,760
Zapote chicozapote	<i>Manilkara zapota</i> L.	1,547	14,366	30,766
Zapote Negro	<i>Diospyros dgyua</i>	97	588	842
Totales anuales		10487214	10,487,214	40,926,613

Fuente: Servicio de Información y Estadística Agroalimentaria y Pesquera. SAGARPA 2005

Tabla 2.4. Inventario de razas de maíz en México, según diversos investigadores (Boege 2008)

Autor	Razas identificadas
Wellhausen <i>et al.</i> , (1951)	25 razas y siete por definir
Hernández y Alanis (1970)	Agregan cinco más
Proyecto LAMP (1991)	65 razas
Tába (1995)	41 razas
Sánchez <i>et al.</i> , (2000)	59 razas
CONABIO (2006)	62 razas
Ortega <i>et al.</i> , (1991)	41 razas

En México se localizan los centros de origen del maíz y en todo el país se siguen llevando a cabo procesos de diversificación, en procesos dinámicos actuales de desarrollo *de facto*. El germoplasma de maíz es mantenido por 80% de los productores, y puede considerarse como reserva genética de la especie; las parcelas en que crece ese germoplasma son los laboratorios genéticos de larga duración. Los pueblos indígenas y campesinos de México tienen casi 100% de todas las razas de maíz que se han colectado en el país (Tabla 2.4).

Conservación *ex situ* e *in situ* de maíces nativos de México

Ortega Paczka (2003b) hace la siguiente síntesis del proceso de recolección y sistematización de los maíces indígenas de México. Desde la década de los treinta y hasta 1950, la Secretaría de Agricultura, por medio de la Dirección de Campos Experimentales y el Instituto de Investigaciones Agrícolas, llevó a cabo colectas de poblaciones nativas que se constituyeron en los antecedentes directos de muchos maíces mejorados mexicanos. Esta experiencia no fue documentada y las colecciones se perdieron. No fue sino hasta la década de los cuarentas, con la intervención de la Academia Nacional de Ciencias de Estados Unidos y la Oficina de Estudios Especiales en México, cuando se formaron las valiosas colecciones que ahora se encuentran depositadas en el INIFAP y el CIMMYT. Esta colecta dio origen a la obra clásica "Las Razas de Maíz en México" (Wellhausen *et al.*, 1951).

Después de una intensa actividad de colecta se fue perdiendo el interés porque se consideraba que había suficientes muestras que conservaban lo esencial de la diversidad. Sin embargo, en los años setentas se produjo un serio revés a la agricultura industrializada en los Estados Unidos, ya que los híbridos en Texas desarrollaron una gran susceptibilidad al hongo *Helminthosporium maydis raza T*, que puso en grave riesgo la producción de maíz en ese país. Como consecuencia del ataque del *Helminthosporium*, la Academia Nacional de Ciencias de Estados Unidos estableció un comité para el estudio de la vulnerabilidad genética del cultivo, que llevó a decidir que se debía elaborar un programa de conservación de la diversidad de plantas cultivadas. El comité encontró además que la diversidad genética de muchos de los cultivos importantes en ese país era peligrosamente estrecha, por lo que se retomó el tema de la erosión genética y la vulnerabilidad de los cultivos, renovando así el interés hacia los maíces nativos y la experiencia acumulada durante siglos de los fitomejoradores indígenas y campesinos, que enfrentaron las situaciones climáticas y de suelo extremas en que se encuentra la mayoría de la agricultura de temporal mexicana (Muñoz, 2003). La agricultura campesina e indígena especializa su germoplasma en las pequeñas diferencias de suelo, clima y ubicación de la parcela, mientras que el fitomejoramiento comercial no atiende más que las grandes extensiones de terreros altamente rentables.

Podemos estimar que la distribución de las variedades indígenas de maíz en toda la república se mantuvo intacta como conservación *in situ*, hasta la introducción de semilla híbrida producida por los programas nacionales de mejoramiento, influidos por la trayectoria tecnológica de la agricultura industrial que se consolidó en Estados Unidos en la década de los años sesentas del siglo pasado. Bajo ese esquema se generaron variedades híbridas muy productivas y uniformes para satisfacer las necesidades de una producción a gran escala en forma de monocultivo en las mejores tierras. Los rendimientos se incrementaron a partir de una inversión intensiva de energía fósil e insumos externos, y en esa fase la investigación fitogenética comenzó a cobrar interés público y privado. En consecuencia, la gran mayoría de los maíces nativos quedó marginada del fitomejoramiento nacional, prevaleciendo en los campos de cultivo de los pueblos indígenas y campesinos como conservación *in situ*, esto es, en más de 75% del territorio nacional.

Son cuatro factores los que han contribuido a la amplia diversidad de maíces en México: 1) las razas nativas que en otros países se encuen-

tran disminuidas, en México existen como variedades vivas, interactuando con todo tipo de maíz; 2) desde tiempos prehistóricos, las variedades de maíz se vieron enriquecidas con las de América del Sur y viceversa; 3) los teocintles se cruzan con el maíz, y por medio de introgresión se han introducido nuevas características al maíz, incluso hay reportes de que algunos pueblos indígenas han sembrado teocintle en la milpa para mejorar su maíz (Lumholtz, 1918); y 4) el aislamiento geográfico y las distintas culturas de México favorecen la rápida diferenciación, pues poseen varias clases de factores aislantes (Wellhausen *et al.*, 1987).

Las ventajas que tienen los maíces indígenas, después de un tiempo considerable de adaptación a diferentes alturas sobre el nivel del mar, a los distintos regímenes climáticos y sus variantes —precipitación y temperatura—, son las siguientes: a) rusticidad, que se refiere al manejo campesino que no requiere procesos complejos de hibridación y que además es tolerante a diversas situaciones ambientales adversas; b) rendimiento en condiciones adversas (véase más abajo la tabla de adaptación a la altitud y a los distintos regímenes de lluvia); c) desarrollo de múltiples variedades para usos específicos; d) tolerancia a plagas y enfermedades; e) tolerancia al acame de algunas variedades de maíz; f) variedades con alta calidad de proteína, alto contenido de aceite en el germen, resistencia a plagas de postcosecha y a enfermedades del follaje, raíz y mazorca, adaptación a hiperacidez e hiperacalinidad del suelo; g) relaciones asociativas con microorganismos para la fijación de nitrógeno y accesibilidad del fósforo (Antonio Turrent, comunicación personal).

Considerando que en los territorios de los pueblos indígenas y en las comunidades campesinas no indígenas sigue existiendo una gran riqueza genética de maíz, que los pueblos indígenas y las comunidades campesinas con sus agroecosistemas tradicionales tienen los reservorios de germoplasma mesoamericano más importantes del país y del mundo, cuyo valor no es reconocido por la sociedad en su conjunto, y que este patrimonio representa los recursos biológicos colectivos de los pueblos indígenas clave para la conservación *in situ* y el desarrollo del país, se desprenden tres conclusiones de importancia vital para México:

- 1) La conservación *in situ* de los maíces indígenas no sólo responde a la necesidad de enfrentar con este acervo genético situaciones adversas actuales y futuras para el sistema alimentario nacional y mundial (por ejemplo: la generación de nuevas plagas y la resistencia de las existentes), sino que los maíces están adap-

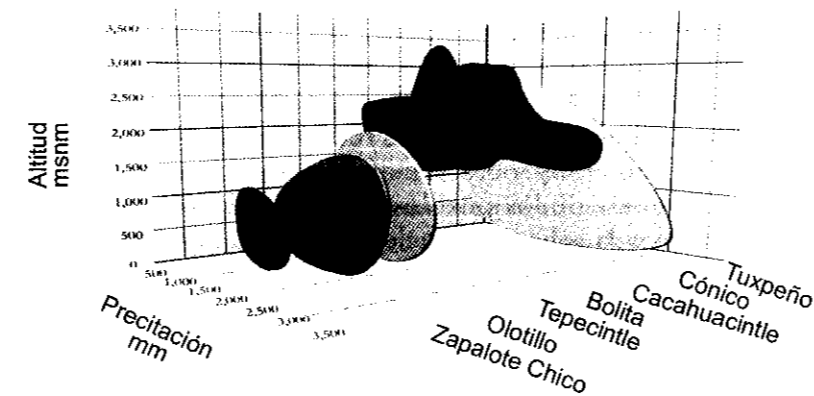
tados a condiciones ambientales desfavorables que se podrían intensificar con el cambio climático global.

- 2) Las tradiciones y el conocimiento de los pueblos indígenas radican principalmente en la cultura del maíz. La diversidad de las variedades de los maíces indígenas se refleja en el gusto culinario popular (colores, textura, sabor, usos, etcétera).
- 3) Es fundamental reconocer los recursos genéticos, los saberes y los conocimientos sobre el maíz y la agrobiodiversidad para la supervivencia de los pueblos indígenas, la autosuficiencia alimentaria, y la soberanía nacional (Ortega, 2003b).

Gran parte de los acervos de germoplasma han sido evaluados desde el punto de vista agronómico, sin embargo, por la estructura y diseño de las investigaciones no se cuenta con catálogos descriptivos de las muestras individuales (Muñoz, 2003). Los fitomejoradores indígenas tienen otros criterios de selección como el cultural o el ceremonial, diferentes a los que utilizan las empresas semilleras o los centros de investigación, empeñados en mejorar el rendimiento y la dependencia comercial hacia ellos. La superioridad de las variedades nativas se debe a los siguientes criterios: a) es más probable encontrar estas variedades adaptadas a las condiciones de “nicho”; b) han tenido lugar en largos periodos de selección y bajo la acción de varias generaciones de fitomejoradores tradicionales (son estables); c) la selección es concordante con la problemática del “nicho”, las necesidades y cultura de los productores; d) se ejerce la selección en amplias poblaciones de plantas y sus mazorcas (mantiene la variación); e) la selección se basa en caracteres de heredabilidad amplia; f) la valoración visual es simple y confiable; g) los colores de la semilla son indicadores adecuados del grado de madurez de la planta (precoces o tardíos); h) la selección se lleva a cabo por medio de varios criterios simultáneamente; i) los caracteres asociados a los criterios de selección conllevan un ajuste constante de los genes modificadores; j) la selección incluye preferencias de género con la participación activa de las mujeres, destacando las preferencias culinarias. La eficiencia de los métodos enlistados resulta muy impactante si se consideran las situaciones adversas bajo las cuales han desarrollado el maíz (ver Figura 2.2).

Ortega (2010) destaca la necesidad de tener claridad en la naturaleza del tema que se aborda, por lo que su contribución se inicia con un capítulo sobre conceptos que consideraron conveniente describir. Si

Figura 2.2. Adaptación de las variedades de maíces indígenas a condiciones climáticas y alturas contrastantes.



Fuente: Boege, 2008.

bien la conservación *in situ* de los maíces nativos de México es resultado de las decisiones y acciones de los agricultores de este grano básico, los curadores de los bancos de germoplasma, los fitomejoradores, etnobotánicos y otros profesionistas deben desempeñar un papel proactivo en los proyectos de este tipo. Se destaca que en la conservación *in situ* lo importante es mantener los procesos de selección de semilla por parte de los agricultores, ya que ellos pueden cambiar los maíces que cultivan. En consecuencia, los proyectos de conservación *in situ* deben formar parte de programas de desarrollo rural, pues no se trata de congelar el desarrollo de las comunidades rurales para conservar los recursos fitogenéticos que poseen, sino de integrarlos a las actividades comunitarias. Es necesario asegurar la correspondencia con los objetivos del Convenio de Diversidad Biológica y del Tratado Internacional de Recursos Fitogenéticos (aunque este último no está suscrito por México), y apoyar los proyectos de este tipo considerando en forma equilibrada la conservación de los recursos fitogenéticos, su uso sostenible y el reparto equitativo de beneficios derivados de su uso.

Asimismo, Ortega (2010) abordan lo relativo a la elección de regiones, comunidades y agricultores para iniciar o continuar trabajos de investigación, ya que es de suma importancia contar con criterios adecuados para su correcta selección. Se dan a conocer otras expe-

riencias en diversos temas que son prioritarios para la conservación de germoplasma, entre ellos la organización de ferias de semillas, la exploración y colecta etnobotánica de la diversidad de maíz y especies útiles en la milpa, estudios de flujo de semillas y caracterización morfológica. Al tratar otros aspectos de la diversidad encontrada, se analizan las evaluaciones por parte de agricultores en experimentos formales y en lotes demostrativos de diversidad, así como la promoción del uso de poblaciones superiores que incluye la producción y distribución de semillas, la promoción del uso de mejoras en el manejo agronómico de los cultivos de maíz y su manejo postcosecha, y la organización y el funcionamiento de bancos locales de semilla. Por otra parte, se ilustra la utilización de varias técnicas en pruebas para el mejoramiento participativo, la identificación de los problemas en la conservación *in situ* originados por el mercado, factores ambientales y culturales y la necesidad de agregar valor a la producción campesina e incentivar la cultura del maíz nativo y su desarrollo.

Los bancos de germoplasma (conservación *ex situ*) juegan un papel fundamental en la conservación de la diversidad de maíces nativos colectados en los proyectos de esta naturaleza, ya que hacen posible devolver la diversidad que han perdido las regiones o comunidades en el transcurso del tiempo y que se encuentra en éstos. En los bancos de germoplasma se pueden encontrar poblaciones nativas sobresalientes en cuanto a rendimiento, caracteres agronómicos y calidad del grano. También hacen posible enriquecer la diversidad en uso en las comunidades y regiones con materiales provenientes de otros lados, y conservar las poblaciones sobresalientes producto del mejoramiento participativo en otras regiones, con lo que se intensifica el intercambio de semillas entre muy diferentes pueblos y comunidades del país.

La Ley de Bioseguridad de Organismos Genéticamente Modificados

La Ley de Bioseguridad de Organismos Genéticamente Modificados (Artículo 3, 2005) define que el centro de origen corresponde a "aquella área geográfica del territorio nacional en donde se llevó a cabo el proceso de domesticación de una especie determinada", de manera que no hace distinción alguna sobre el centro de origen y el centro de domesticación. Como ya se vio, distinguir ambos conceptos e incluir su definición es

importante para incorporar la historia evolutiva y el contexto biológico de las especies cultivadas.

La LBGOM (Art. 87, 2005) también menciona que los criterios para determinar los centros de origen y de diversidad genética son los siguientes: 1) que se consideren centros de diversidad genética las regiones que actualmente albergan poblaciones de los parientes silvestres del OGM de que se trate, incluyendo diferentes razas o variedades del mismo, las cuales constituyen una reserva genética del material; y 2) en el caso de cultivos, las regiones geográficas en donde el organismo de que se trate fue domesticado, siempre y cuando estas regiones sean centros de diversidad genética. Estos dos criterios limitan el reconocimiento de las regiones geográficas importantes en cuanto a bioseguridad se refiere: los verdaderos centros de origen, domesticación y diversidad, porque como hemos discutido hasta ahora, estos tres no siempre convergen en un único punto. Visto de esta manera, la Ley exige la convergencia de 3 características para poder identificar centros de origen y diversidad de las especies cultivadas: 1) presencia de diversidad morfogénica; 2) presencia de poblaciones de parientes silvestres y; 3) la clasificación como reserva genética, (Kato *et al.*, 2009) lo cual no es la regla para todas las especies y lamentablemente provoca la reducción a su mínima expresión del área geográfica en que se distribuyen (Kato *et al.*, 2009).

Cabe mencionar que el Protocolo de Cartagena no maneja en ninguna sección de su contenido la definición de centro de origen o centro de diversidad genética, pero sí hace mención de ambos conceptos de manera importante.

Dada tal situación de los instrumentos legales que en nuestro país regulan las actividades con OGM es fundamental y urgente plantear definiciones actualizadas e integrales de los centros de origen, domesticación y diversidad genética. En este sentido, Kato y sus colaboradores (2009) concluyen que las definiciones y los artículos relacionados con los centros de origen y diversidad, y de manera particular el régimen de protección especial del maíz, deberían ser reformados sustancialmente en la actual Ley de Bioseguridad de Organismos Genéticamente Modificados, ya que no se ajustan a las evidencias científicas desarrolladas a lo largo de más de cien años de investigación, y no cumplen con el propósito de proteger y resguardar el germoplasma nativo del maíz y sus parientes silvestres en México. La información científica analizada por Kato y sus colaboradores (2009) permite un análisis más riguroso de

la Ley de Bioseguridad en cuanto a las definiciones de centro de origen y diversidad contenidas en la misma, así como de los artículos 86 y 87 que están directamente involucrados en estas definiciones.

Finalmente, Kato y sus colaboradores (2009) recomiendan reinstalar y mantener la moratoria a la introducción de maíz transgénico en el territorio mexicano, revisar el artículo 2 fracción XI sobre el régimen de protección especial del maíz y fomentar el mejoramiento del maíz nativo mexicano para poder rescatarlo de los potenciales efectos negativos del maíz transgénico. Asimismo, para proteger la diversidad genética del maíz se debe proteger a los más de dos millones de agricultores de pequeña escala o marginados que existen en el país. Ellos son los guardianes del germoplasma nativo de maíz, ya que conservan, mantienen e incluso modifican la diversidad genética presente en sus territorios mediante el intercambio, flujo genético y experimentación de nuevas semillas. Se les debe atender con subsidios, asesoría técnica y programas de desarrollo rural porque el maíz, especie modelo de centro de origen, domesticación y diversificación en México, debe ser ejemplo para la protección de las demás especies de las que México es centro de origen.

Referencias

- Aguilar-Meléndez, A., Morrell, P. L., Roose, M. L., & Klim, S. (2009). Genetic diversity and Structure in Semiwild and Domesticated Chiles (*Capsicum annum*; Solanaceae) from México. *American Journal of Botany*, 96, 1190-1202.
- Bayer, M., Nawy, T., Giglione, C., Galli, M., Meinel, T., & Lukowitz, W. (2009). Paternal control of embryonic patterning in *Arabidopsis thaliana*. *Science*, 232, 1485-1488.
- Bellón, M. (n.d.). *Plural poverty mapping in Mexico*. CIMMYT. Retrieved from <http://www.cimmyt/gis/povertymexico>
- Boege, E. (2008). *El patrimonio biocultural de los pueblos indígenas de México, hacia la conservación in situ de la biodiversidad y agrobiodiversidad en los territorios indígenas*. México: Instituto Nacional de Antropología e Historia: Comisión Nacional para el Desarrollo de los Pueblos Indígenas.
- Burger, J. C., Chapman, M., & Burque, J. M. (2008). Molecular insights into the evolution of crop plants. *American Journal of Botany*, 95, 113-122.

- Casas, A., Otero-Arnaiz, A., Pérez-Negrón, E., & Valiente-Banuet, A. (2007). In situ management and domestication of plants in Mesoamerica. *Annals of Botany*, 100, 1101-1115.
- Casas, A., Vázquez, M. C., Viveros, J., & Caballero, J. (1996). Plant management among the Nahua and the Mixtec from the Balsas River Basin: and ethnobotanical approach to the study of plant domestication. *Human Ecology*, 24, 455-478.
- CDI-PNUD. (2006). *Sistema de Indicadores sobre la Población Indígena con base Instituto Nacional de Estadística Geografía e Informática 2005. II Conteo de Población y Vivienda*. México.
- CDI-PNUD. (2002). *Sistema de Indicadores sobre la Población Indígena con base Instituto Nacional de Estadística Geografía e Informática 2000. XII Censo General de Población y Vivienda 2000*. México.
- Chen, H., Morrell, P., Ashworth, V., De La Cruz, M., & M.T. C. (2009). Tracing the geographic origins of major avocado cultivars. *Journal of Heredity*, 100, 56-65.
- CONABIO. (2006). *Documento base sobre centros de origen y diversidad en el caso de maíz en México*. México.
- CONABIO. (2006). *México como centro de origen de plantas cultivadas. Coordinación de Análisis de Riesgo y Bioseguridad*. Obtenido de Capital natural y bienestar social. Comisión Nacional para el Conocimiento y Uso de la Biodiversidad: www.conabio.gob.mx/conocimiento/bioseguridad/doctos/Doc_CdeOCdeDG.pdf
- Corander, J., & Tang, J. (2007). Bayesian analysis of population structure based on linked molecular information. *Mathematical Biosciences*, 205, 19-31.
- Crandall, K., Bininda-Emonds, O., Mace, G., & Wayne, R. (2000). Considering evolutionary processes in conservation biology. *Trends in Ecology and Evolution*, 15, 290-295.
- Darwin, C. (1859). *On the Origin of Species*. Harvard University Press.
- De Candolle, A. (1883). *L'origine des plantes cultivées*. Baillière. Paris: G. Baillière et cie .
- De la Vega, S. (2001). *Índice de desarrollo social de los pueblos indígenas. México: INI-PNUD*.
- Doebley, J., Gaut, B., & Smith, B. (2006). The Molecular Genetics of Crop Domestication. *Cell*, 127, 1309-1321.
- Engels, J., Ebert, A., Thormann, I., & De Vicente, M. (2005). Centres of crop diversity and/or origin, genetically modified crops and impli-

- cations for plant genetic resources conservation. *Genetic Resources and Crop Evolution*(53), 1675-1688.
- England, P., Osler, G., Woodworth, L., Montgomery, M., Briscoe, D., & Frankham, R. (2003). Effects of intense versus diffuse population bottlenecks on microsatellite genetic diversity and evolutionary potential. *Conservation Genetics*, 4, 595-604.
- Eubanks, M. (1995). A cross between two maize relatives: *Tripsacum dactyloides* and *Zea diploperennis* (Poaceae). *Econ*(49(2)), 172-182.
- Excoffier, L., & Hackel, G. (2006). Computer programs for population genetics data analysis: a survival guide. *Nature Reviews Genetics*(7), 745-748.
- Frankham, R. (2002). *Introduction to conservation genetics*. England: University Press.
- Frankham, R., Ballou, J., & Briscoe, D. (2002). *Introduction to conservation genetics*. England: Cambridge University Press.
- Fukunaga, K., Hill, J., Vigoroux, Y., Matsuoka, Y., Sanchez J, L. K., Buckler, E., & Doebley, J. (2005). Genetic diversity and population structure of teocintle. *Genetics*, 169, 2241-2254.
- Fuller, D. Q. (2007). Contrasting patterns in crop domestication rates: Recent archaeobotanical insights from the old world. *Annals of Botany*, 100, 903-924.
- Geist, J., & Kuehn, R. (2005). Genetic diversity and differentiation of central European freshwater pearl mussel (*Margaritifera margaritifera* L.) populations: implications for conservation and management. *Molecular Ecology*, 14, 425-439.
- Gillespie, J. (2004). *Population genetics: a concise guide*. Maryland: John Hopkins University.
- Gómez-Campo, C. (Ed.). (1999). *Biology of Brassica Coenospecies, Volume 4 (Developments in Plant Genetics and Breeding)*. Elsevier.
- Hancock, J. (2004). *Plant Evolution and the Origin of Crop Species* (2nd ed.). Wallington Ox. U.K.: CABI Publishing.
- Harlan, J. (1971). Agricultural origins: centers and noncenters. *Science*, 174, 468-474.
- Harris, S., Robinson, J., & Juniper, B. (2002). Genetic clues to the origin of the apple. *Trends Genet*, 18(8), 426-430.
- Hernández, X. E. (1987). Xolocotzia. Obras de Efraím Hernández Xolocotzi. Tomo II. *Revista de Geografía Agrícola. Universidad Autónoma de Chapingo*.

- Hernández, X. E., & F. G. A. (1970). Estudio Morfológico de cinco nuevas razas de maíz de la Sierra Madre Occidental de México: Implicaciones filogenéticas y fitogeográficas. *Agrociencia*, 1, 3-30.
- Heun, M. R., Schaefer-Pregl, D., Klawan, R., Castagna, M., Accerbi, B., Borghi, & Salamini, F. (1997). Site of einkorn wheat domestication identified by DNA fingerprinting. *Science*, 278, 1312-1314.
- Hey, J., Waples, R., Arnold, M., Butlin, R., & R.G., H. (2003). Understanding and confronting species uncertainty in biology and conservation. *Trends in Ecology and Evolution*, 18, 597-603.
- Iltis, H. (1983). From teosinte to maize: the catastrophic sexual transmutation. *Science*, 222, 886-894.
- INALI. (2007). *1ª Reunión Extraordinaria del Comité de Información del Instituto Nacional de Lenguas Indígenas*. Obtenido de www.inali.gob.mx/pdf/acuerdos_comite.pdf
- INEGI. (2000). *XII Censo General de Población y Vivienda. Instituto Nacional de Estadística, Geografía e Informática*. México, D.F.
- Kato Y., T. (1984). Chromosome morphology and the origin of maize and its races. *Evol. Biol.*, 17, 219-253.
- Kato, T., Mapes, C., Mera, L., Serratos, J., & Bye, R. (2009). *Origen y diversificación del maíz: una revisión analítica*. México, D.F.: Universidad Nacional Autónoma de México, Comisión Nacional para el Conocimiento y Uso de la Biodiversidad.
- Li, X., Xu, C., & Zhang, Q. (2004). Ribosomal DNA space-length polymorphisms in three samples of wild and cultivated barleys and their relevance to the origin of cultivated barley. *Plant Breeding*, 123, 30-34.
- Lumholtz, C. (1902). *Unknown Mexico*. New York, USA: Charles Scribners & Sons.
- Manel, S. S. (2003). Landscape genetics: combining landscape ecology and population genetics. *Trends in Ecology and Evolution*, 18, 189-197.
- Mangelsdorf, P., & Reeves, R. (1939). The Origin of Indian Corn and its Relatives. *Texas Agric. Expt. Sta., Bulletin 574*.
- Martínez-Castillo, J., Zizumbo-Villareal, D., Gepts, P., & Colunga-García-Martín, P. (2007). Gene Flow and Genetic Structure in the Wild-Weedy-Domesticated Complex of *Phaseolus lunatus* L. in the Mesoamerican Center of Domestication and Diversity. *Crop Science*, 47, 58-66.
- Matsuoka, Y., Vigouroux, Y., Goodman, M., J. Sanchez, J., Buckler, E., & Doebley, J. (2002). A single domestication for maize shown by multilocus microsatellite genotyping. *PNAS*, 99, 6080-6084.

- McClintock, B. (1978). Significance of chromosome constitutions in tracing the origin and migration of races of maize in the Americas. In D. B. Walden (Ed.), *Maize Breeding and Genetics* (pp. 159-184). New York: John Wiley and Sons.
- Mijangos, C. (2005). *Estudio de la diversidad genética y relaciones filogenéticas en poblaciones de maíz de la Sierra Tarasca de Michoacán*. Tesis de Doctorado, Recursos Genéticos y Productividad Genética. Colegio de Posgraduados.
- Molina M., J. C., & Córdova T., L. (Edits.). (2006). *Recursos Fitogenéticos de México para la Alimentación y la Agricultura: Informe Nacional 2006*. Chapingo, México: Secretaría de Agricultura, Ganadería, Desarrollo Rural, Pesca y Alimentación y Sociedad Mexicana de Fitogenética, A.C. .
- Moritz, C. (1999). Conservation units and translocations: strategies for conserving evolutionary processes. *Heredity*, 130, 217-228.
- Muller, M., Proserpi, J., Santoni, S., & Ronfort, J. (2003). Inferences from mitochondrial DNA patterns on the domestication history of alfalfa (*Medicago sativa*). *Molecular Ecology*, 12, 2187-2199.
- Muñoz, A. (2003). *Centli-Maíz. Prehistoria, historia, diversidad, potencial, origen genético y geográfico*. México: Colegio de Posgraduados-SAGARPA.
- Ortega P., R., Sánchez G., J. J., Castillo G., F. & Hernández C., J. M. (1991). Estado Actual de los estudios sobre maíces nativos de México. En R. Ortega P. (Ed.), *Avances en el estudio de los recursos fitogenéticos* (págs. 161-185). Chapingo, Estado de México: SOMEFI.
- Ortega P., R. (2003). La diversidad del Maíz en México. En G. Esteva, & C. Marielle (Edits.), *Sin maíz no hay país*. Culturas Populares de México.
- Ortega P., R. (2010). Hacia la conservación y mejoramiento in situ de la diversidad del maíz de México. En *Agricultura, Ciencia y Sociedad Rural: 1810-2010. Volumen I: Recursos Naturales y Sociedad Sustentable* (págs. 223-253). Universidad Autónoma Chapingo.
- Ortega P., R., Palomino H., G., Castillo G., F., González H., V. M. & Livera M., M. (1991). *Avances en el estudio de los Recursos Fitogenéticos de México*. México: Sociedad Mexicana de Citogenética A.C.-CONACYT-IBPGR-Jardín Botánico UNAM.
- Palsboll, P. B., & Allendorf, F. (2007). Identification of management units using population genetic data. *Trends in Ecology and Evolution*, 22, 11-16.

- Pearse, D., & Crandall, K. (2007). Beyond Fst : Analysis of population genetic data for conservation. *Conservation genetics*, 5, 582-602.
- Pickersgill, B. (2007). Domestication of Plants in the Americas: Insights from Mendelian and Molecular Genetics. *Annals of Botany*, 100, 925-940.
- Pritchard, J. S., & Donnelly, P. (2000). Inference of population structure using multilocus genotype data. *Genetics*, 155, 945-959.
- Reed, D., & Frankham, R. (2003). Correlation between fitness and genetic diversity. *Conservation Biology*, 17, 230-237.
- Salamini, F. H.-P., & Martin, W. (2002). Genetics and Geography of Wild Cereal Domestication in the Near East. *Nature Reviews Genetics*, 3, 429-441.
- Sánchez, J. M. (2000). Isozymatic and morphological diversity in the races of maize of Mexico. *Economic Botany*, 54, 43-59.
- Sanjur, O. D.-B. (2002). Phylogenetic relationships among domesticated and wild species of Cucurbita (Cucurbitaceae) inferred from a mitochondrial gene: Implications for crop plant evolution and areas of origin. *Proceedings of the National Academy of Sciences*, 99(1), 535-540.
- Santure, A. W. (2006). Influence of mom and dad: quantitative genetic models for maternal effects and genomic imprinting. *Genetics*, 173, 2297-2361.
- Serrano, E. A. (2002). *Indicadores socioeconómicos de los Pueblos Indígenas de México*. INI, UNDP, CONAPO.
- Serratos Hernández, J. (2009). *El origen y la diversidad del maíz en el continente Americano*. Greenpeace 4-5. Obtenido de <http://www.greenpeace.org/mexico/Global/mexico/report/2009/3/el-origen-y-la-diversidad-del.pdf>
- Spooner, D. M., & Bryan, G. J. (2005). A single domestication for potato based on multilocus AFLP genotyping. *Proc. Natl. Acad. Sci. USA*, 102:14,694-14,699.
- Taba, S. (Ed.). (1995). *Maize Genetic Resources. Maize program special report: Latin America Maiz Germoplasm Regeneration and Conservation*. México: CIMMYT.
- Terán, S., & Rasmussen, C. (1994). *La milpa de los Mayas Prehispánicos y actuales*. Danida.
- Toledo Llancaqueo, V. (2007). El nuevo régimen internacional de derechos de propiedad intelectual y los derechos de los pueblos indígenas. En C. L. López, *Biodiversidad y Conocimiento tradicional en la sociedad rural. Entre el común la propiedad privada*. Colección

- Estudios e Investigaciones. Centro de Estudios para el Desarrollo Rural Sustentable y la Soberanía Alimentaria*. México: Cámara de Diputados, IX Legislatura.
- Toledo, V. e. (1985). *Ecología y autosuficiencia alimentaria*. México: Siglo XXI Editores.
- Toledo, V. e. (2001). Atlas etnoecológico de México y Centro América; Fundamentos, métodos y resultados. *Etnoecológica*, 6(8), 7-41.
- Toledo, V. M., & P. Alarcón-Chaires, P. M.-A. (2002). Biodiversidad y pueblos indios en México y Centroamérica. *Biodiversitas*, 43, 1-8.
- Vavilov, N. (1927(1992)). *Origin and Geography of Cultivated Plants*. Cambridge: Cambridge University Press.
- Vavilov, N. (1994[1931]). México y Centroamérica como centro básico de origen de las plantas del nuevo mundo. *Revista de Geografía Agrícola*, 20, 15-34.
- Vogler, A., & R., D. (1994). Diagnosing units of conservation management. *Conservation Biology*, 8, 354-363.
- Wade, M. (1998). *The evolutionary genetics of maternal effects" en Maternal effects as adaptations (Mousseau, T.A. y Fox C.W.)*. U.K.: Oxford University Press.
- Walter, R., & Epperson, B. (2001). Geographic pattern of genetic variation in Pinus resinosa: area of greatest diversity is not the origin of postglacial populations. *Molecular Ecology*, 10, 103-111.
- Wellhausen, E. J., & Mangelsdorf, e. c. (1987). Razas de maíz en México, Su origen, características y distribución. *Revista de Geografía Agrícola*.
- Wellhausen, E. J., & X., E. H. (1951). Razas de maíz en México. *Folleto Técnico No. 5. Oficina de Estudios Especiales, Secretaría de Agricultura y Ganadería*.
- Wu, J. K. (1998). Abundant mitochondrial genome diversity, population differentiation and convergent evolution in pines. *Genetics*, 1605-1614.
- Zeder, M. (2006). Central questions in domestication of plants and animals. *Evolutionary Anthropology: Issues, News and Reviews*, 15, 105-117.
- Zohary, D. (1999). Monophyletic vs. polyphyletic origin of the crops on which agriculture was founded in the Near East. *Genetic Resources and Crop Evolution*, 46, 133-142.