



UNIVERSIDAD AUTÓNOMA CHAPINGO

DEPARTAMENTO DE ENSEÑANZA, INVESTIGACIÓN Y
SERVICIO EN FITOTECNIA

INSTITUTO DE HORTICULTURA

COLECTA Y CARACTERIZACIÓN DE *Rubus* spp. SILVESTRE

TESIS

Que como requisito parcial
para obtener el grado de:

MAESTRO EN CIENCIAS EN HORTICULTURA

Presenta:

CLAUDIA REYES QUIROZ



DIRECCIÓN GENERAL ACADÉMICA
DEPTO. DE SERVICIOS ESCOLARES
REGISTRO DE EXÁMENES PROFESIONALES

Bajo la supervisión de: ALEJANDRO F. BARRIENTOS PRIEGO, Dr.



Chapingo, Estado de México, junio de 2019.

COLECTA Y CARACTERIZACIÓN DE *Rubus* spp. SILVESTRE

Tesis realizada por **CLAUDIA REYES QUIROZ**, bajo la supervisión del Comité Asesor indicado, aprobada por el mismo y aceptada como requisito parcial para obtener el grado de:

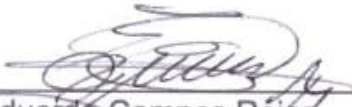
MAESTRO EN CIENCIAS EN HORTICULTURA

DIRECTOR:



Dr. Alejandro F. Barrientos Priego

CODIRECTOR:



Dr. Eduardo Campos Rojas

ASESOR:



Dr. Raúl Nieto Ángel

CONTENIDO

CONTENIDO	ii
LISTA DE CUADROS	i
LISTA DE FIGURAS	ii
ABREVIATURAS USADAS	i
DEDICATORIAS	i
AGRADECIMIENTOS	ii
DATOS BIOGRÁFICOS	iii
RESUMEN GENERAL	i
GENERAL ABSTRACT	ii
1. INTRODUCCIÓN GENERAL	1
2. REVISIÓN DE LITERATURA	4
2.1. <i>Rubus</i> (Rosaceae: Rubeae)	4
2.1.1. Taxonomía y clasificación	4
2.1.2. Origen y distribución	6
2.1.3. Diversidad morfológica	7
2.1.4. Recursos genéticos	8
2.1.5. Usos e importancia	17
2.1.6. Especies de <i>Rubus</i> reportadas en México	20
2.2. Recursos fitogenéticos	28
2.3. Caracterización morfológica de germoplasma	30
2.3.1. Métodos estadísticos en la caracterización morfológica	31
2.3.2. Estadísticos simples	32

2.3.3. Métodos multivariados	32
2.4. Literatura citada	32
3. DISTRIBUCIÓN DEL GÉNERO <i>Rubus</i> L. (Rosaceae: Rubeae) EN MÉXICO.....	40
3.1. Resumen.....	40
3.2. Abstract.....	41
3.3. Introducción.....	42
3.4. Materiales y métodos	43
3.4.1. Datos de ocurrencia.....	43
3.4.2. Datos climáticos y variables ambientales	44
3.4.3. Modelos de distribución de <i>Rubus</i> L.	45
3.5. Resultados y discusión	46
3.5.1. Distribución general del género <i>Rubus</i> L. en México.....	46
3.5.2. Análisis de agrupación.....	47
3.5.3. Modelos de distribución	50
3.5.4. Distribución potencial actual pronosticada.....	55
3.6. Conclusiones.....	62
3.7. Literatura citada	62
4. CARACTERIZACIÓN MORFOLÓGICA DE UNA COLECCIÓN DE <i>Rubus</i> spp. MEDIANTE DESCRIPTORES VEGETATIVOS.....	69
4.1. Resumen.....	69
4.2. Abstract.....	70
4.3. Introducción.....	71
4.4. Materiales y métodos	73
4.4.1. Material vegetal	73
4.4.2. Evaluación morfológica.....	74
4.4.3. Análisis estadístico	77
4.5. Resultados y discusión	78
4.5.1. Estadísticos descriptivos.....	78
4.5.2. Análisis de correlación simple.....	81
4.5.3. Análisis de componentes principales	83

4.5.4. Análisis de agrupación.....	89
4.6. Conclusiones.....	92
4.7. Liteatura citada.....	92

LISTA DE CUADROS

Cuadro 1. Subgéneros de <i>Rubus</i> L. (Jennings <i>et al.</i> , 1990).	5
Cuadro 2. Fuentes importantes de germoplasma en el mejoramiento genético de frambuesa y zarzamora (Fuentes: Finn & Hancock, 2008; Hummer & Hall, 2013).....	11
Cuadro 3. Especies de <i>Rubus</i> reportadas en México (Fuente: www.gbif.org)..	21
Cuadro 4. Clasificación de métodos estadísticos de análisis multivariados.....	32
Cuadro 5. Descripción de las 19 primeras variables bioclimáticas de la base mundial de datos WorldClim (www.worldclim.org).	44
Cuadro 6. Variables ambientales usadas en este estudio y su porcentaje de contribución al modelo de distribución de <i>Rubus</i> L. en México.....	53
Cuadro 7. Valores de las variables climáticas que presentaron la mayor contribución a los modelos de distribución potencial de <i>Rubus</i> L. en México.....	55
Cuadro 8. Especies de <i>Rubus</i> L. con ocurrencias registradas en México y su clasificación acorde al análisis de agrupación climática.....	61
Cuadro 9. Datos geográficos de las accesiones de <i>Rubus</i> L. colectadas.....	73
Cuadro 10. Descriptores morfológicos cuantitativos evaluados para 23 accesiones de <i>Rubus</i> L.....	75
Cuadro 11. Descripción de los rasgos cualitativos utilizados para la caracterización morfológica de accesiones de <i>Rubus</i> L.	76
Cuadro 12. Descriptores morfológicos cualitativos evaluados para 23 accesiones de <i>Rubus</i> L.....	77
Cuadro 13. Valores mínimos, máximos, medios, desviaciones estándar y coeficientes de variación de los rasgos morfológicos en las accesiones estudiados en 23 accesiones de <i>Rubus</i> L.....	79
Cuadro 14. Coeficientes de correlación simple altamente significativas en la caracterización de 23 accesiones de germoplasma de <i>Rubus</i> L. colectadas en México.....	82
Cuadro 15. Valores propios y proporción de la varianza explicada en el análisis de los componentes principales en la caracterización de 23 accesiones de <i>Rubus</i> L. colectadas en México.	84
Cuadro 16. Correlación entre los descriptores morfológicos y los primeros tres componentes principales en la caracterización de 23 accesiones de germoplasma de <i>Rubus</i> L.	85
Cuadro 17. Grupos de accesiones de <i>Rubus</i> L. colectadas en México.	90

LISTA DE FIGURAS

Figura 1. Ocurrencias de <i>Rubus</i> señaladas por la Red de Infraestructura Mundial de Información en Biodiversidad (GBIF) (GBIF Secretariat, 2017). ...	6
Figura 2. Incremento de la superficie de producción de zarzamora y frambuesa en México. Fuente: Servicio de Información Agroalimentaria y Pesquera (SIAP), 2019.	19
Figura 3. Datos de pasaporte de 1589 ejemplares de <i>Rubus</i> L., ubicados en México.....	46
Figura 4. Porcentaje de ocurrencias de <i>Rubus</i> L. reportadas en México por provincia fisiográfica.....	47
Figura 5. Dendrograma mediante el método de Ward de 1589 datos de ocurrencia del género <i>Rubus</i> L. en México formado por 67 variables climáticas.	48
Figura 6. Diagramas climáticos de los tres grupos de distribución de <i>Rubus</i> L. en México.....	49
Figura 7. Distribución de <i>Rubus</i> L. en México en función del análisis de agrupación de 1589 puntos de ocurrencia reportados.	51
Figura 8. Curvas características operadas por el receptor (ROC) para los datos de entrenamiento y de prueba de cuatro modelos de distribución de <i>Rubus</i> L. en México y sus respectivos valores de área bajo la curva (AUC).	52
Figura 9. Diagramas de dispersión de las tres variables ambientales con mayor contribución porcentual al modelo de distribución pronosticada de <i>Rubus</i> L. en México.	54
Figura 10. Distribución actual pronosticada para el modelo general de distribución generado por MaxEnt para <i>Rubus</i> L. en México. Provincias fisiográficas de México.	56
Figura 11. Distribución actual pronosticada para el modelo de distribución generado por MaxEnt para el grupo 1 de <i>Rubus</i> L. en México. Provincias fisiográficas de México.	57
Figura 12. Distribución actual pronosticada para el modelo de distribución generado por MaxEnt para el grupo 2 de <i>Rubus</i> L. en México. Provincias fisiográficas de México.	58
Figura 13. Distribución actual pronosticada para el modelo de distribución generado por MaxEnt para el grupo 3 de <i>Rubus</i> L. en México.	59
Figura 14. Distribución de los descriptores morfológicos empleados para la caracterización de 23 accesiones de <i>Rubus</i> L. sobre el primero y segundo componentes principales.....	86

Figura 15. Distribución de las accesiones de <i>Rubus</i> L. sobre el primero y segundo componente principal.	88
Figura 16. Distribución de las accesiones de <i>Rubus</i> L. sobre el primero, segundo y tercer componente principal.	88
Figura 17. Dendrograma de distancia entre descriptores morfológicos cuantitativos de 23 accesiones de <i>Rubus</i> spp.	89
Figura 18. Tipo de hoja y tallo representativos obtenidos mediante el análisis morfológico de 23 accesiones de <i>Rubus</i> L. en México.	91
Figura 19. Dendrograma de distancias entre 23 accesiones de <i>Rubus</i> L. colectadas en los estados de Chiapas, Hidalgo, Veracruz y México. Las accesiones del mismo color corresponden al mismo grupo usando el agrupamiento de SAHN.	91

ABREVIATURAS USADAS

Abreviatura	Palabra/Significado
ACP	Análisis de componentes principales
AUC	Área bajo la curva
CONABIO	Comisión Nacional para el Conocimiento y Uso de la Biodiversidad
Coord.	Coordinador, coordinadores
CP	Componentes principales
CV	Coeficiente de variación
Entrenudos_L	Longitud de entrenudos
Esp_F	Forma de las espinas del tallo
Espinas_Ang	Ángulo de inserción de las espinas
Espinas_L	Longitud de espinas
Espinas_LB	Longitud de la base de las espinas
Espinas_N	Número de espinas por entrenudo
Espinas_P	Pigmentación de las espinas
Estípulas_L	Longitud de las estípulas
<i>et al.</i>	y otros
FAO	Organización de las Naciones Unidas para la Alimentación y la Agricultura
FolíoloC_A	Anchura del folíolo central
FolíoloC_L	Longitud del folíolo central
FolíoloC_Ne	Número de nervaduras primarias del folíolo central
FolíoloL_A	Anchura del folíolo lateral
FolíoloL_L	Longitud del folíolo lateral
FolíoloL_Ne	Número de nervaduras primarias del folíolo lateral
FolíoloT_F	Forma general de la lámina del folíolo terminal
GBIF	Red de Infraestructura Mundial de Información en Biodiversidad
Hoja_A	Anchura de la hoja
Hoja_Ang	Ángulo de inserción de la hoja
Hoja_Ap	Forma del ápice
Hoja_Es	Número de espinas en la nervadura del envés de la hoja
Hoja_L	Longitud de la hoja
Hoja_L/A	Relación largo/ancho de la hoja
Hoja_Mar	Margen

Abreviatura	Palabra/Significado
Hoja_Mar	Margen
Hoja_Pe	Pubescencia en el envés
Hoja_Ph	Pubescencia en el haz
Hoja_Po	Posición relativa de los folíolos
Hoja_Rel	Relieve de la venación de la superficie
Hoja_Rug	Rugosidad
Hoja_Tex	Textura de la hoja
Hoja_Tip	Tipo de la hoja
Hoja_Tor	Torsión de hoja
INEGI	Instituto Nacional de Estadística y Geografía
m	metros
mm	milímetros
p.	página
Pecíolo_Es	Número de espinas en el pecíolo
Pecíolo_L	Longitud del pecíolo
Pecíolo_P	Pigmentación de la base del pecíolo
Peciólulo_Es	Número de espinas en el peciólulo
Peciólulo_L	Longitud del peciólulo central
pp.	páginas
REMIB	Red Mundial de Información Sobre Biodiversidad
ROC	Curva operada por el receptor
SD	desviación estándar
Serosidad_T	Serosidad del tallo
spp.	La abreviatura plural que se utiliza para referirse a múltiples especies individuales dentro de un género
Tallo_D	Diámetro del tallo
Tallo_E	Número de entrenudos del tallo
Tallo_F	Forma del tallo
Tallo_L	Longitud del tallo
Tallo_P	Pigmentación antociánica del tallo
Tallo_Pa	Pigmentación antociánica del ápice
Tallo_Pu	Pubescencia del tallo
Tallo_Tr	Tipo de tricomas del tallo
Yemas_L	Longitud de las yemas de madera
YemasM_L	Longitud de las yemas de madera

DEDICATORIAS

A mis padres Rodolfo Luis Reyes Martínez y Feliciano Juliana Quiroz de la Cruz, quienes han entregado con tanto amor su esfuerzo, su esperanza y confianza en mis sueños, su apoyo infinito lo llevo en mi corazón.

A mis tíos Ernesto Cruz Soto e Inés Juana Quiroz de la Cruz, por apoyarme, motivarme, y amarme siempre como a una hija, mismo amor que es gran y fielmente correspondido.

A mis pequeños sobrinos Chufia, Nomys, y Fernandito quienes con su luz iluminaron mi vida. Siempre estaré para amarlos mucho como hasta ahora, cuidarlos y apoyarlos.

A mi Chuch, por enseñarme muchas de las cosas hermosas que enriquecen la existencia de cualquier ser humano, motivándome cada día en todos los sentidos. Cada momento a tu lado, cada palabra, cada acción son la razón de creer fervientemente que he encontrado a la persona con la que anhelo pasar toda mi vida.

A mis queridos amigos del invernadero, que son indiscutiblemente la prueba de que la familia por elección existe.

AGRADECIMIENTOS

Al Consejo Nacional de Ciencia y Tecnología (CONACyT) por el apoyo económico que me fue otorgado durante la realización de mis estudios de posgrado.

A la Universidad Autónoma Chapingo y al Instituto de Horticultura del Departamento de Enseñanza, Investigación y Servicio en Fitotecnia por permitirme continuar con mi formación profesional, brindándome las herramientas necesarias para cumplir cada una de las metas y expectativas académicas en la Maestría en Ciencias en Horticultura.

A mi comité asesor, Dr. Alejandro F. Barrientos Priego, Eduardo Campos Rojas y Dr. Raúl Nieto Ángel, por todo su apoyo y todas las aportaciones al presente trabajo de investigación, agradezco la oportunidad de ser su alumna, aprendí mucho de ustedes personal y profesionalmente.

Al Dr. Alejandro F. Barrientos, la M.C. Mercedes Martínez Villagómez, al C. Eusebio Moreno Silva y a mi gran amigo el Dr. Erik Acuayte Valdés por guiarme y compartir sus conocimientos desde el planteamiento del proyecto y la realización del trabajo de investigación hasta la presentación oficial del mismo, de manera general gracias por su ayuda incondicional.

Al grupo de alumnos de la materia Métodos en la Genotecnia de Frutales del Instituto de Horticultura por su apoyo en la colecta de ejemplares del género *Rubus* en Chiapas y al MC. Abelardo Barrientos por su apoyo en el mantenimiento de las colectas en el campo agrícola.

Gracias a todos y cada uno de ustedes que hicieron posible alcanzar esta meta.

DATOS BIOGRÁFICOS

Datos personales

Nombre:	Claudia Reyes Quiroz
Fecha de nacimiento:	11 de marzo de 1992.
Lugar de nacimiento:	Temascalcingo, Estado de México.
CURP:	REQC920311MMCYRL00
Profesión:	Ingeniero Agrónomo Especialista en Zootecnia
Cédula profesional:	10588320

Desarrollo académico

	Técnico en Informática. CBT No. 1 Lic. Adolfo López Mateos, Temascalcingo, Estado de México.
Preparatoria:2007-2010	
	Ingeniero Agrónomo Especialista en Zootecnia Departamento de Enseñanza, Investigación y Servicio en Zootecnia, Universidad Autónoma Chapingo.
Licenciatura:2012-2016	
	Maestro en Ciencias en Horticultura. Instituto de Horticultura, Departamento de Enseñanza, Investigación y Servicio en Fitotecnia, Universidad Autónoma Chapingo.
Maestría: 2017-2018	

RESUMEN GENERAL

COLECTA Y CARACTERIZACIÓN DE *Rubus* spp. SILVESTRE

La presente investigación estableció la distribución potencial del género *Rubus* en México mediante el modelo de máxima entropía (MaxEnt versión 3.3.3). El estudio incluyó 1589 datos de ocurrencia georreferenciados de *Rubus* L. Para la información ambiental, se utilizaron 19 variables climáticas de la base de datos WorldClim con una resolución espacial de 2.5 arcminutos. Los datos de ocurrencia de 53 especies de *Rubus* en México se agruparon en tres grupos climáticos. Los hábitats con mayor probabilidad de distribución actual pronosticada del género *Rubus* L. se ubicaron en las zonas montañosas del país en los Estados de Veracruz, Hidalgo, Puebla, México, Michoacán, Guerrero, Oaxaca y Chiapas. Se identificó la temperatura media del trimestre más cálido (Bio10), como la variable ambiental con mayor contribución a la modelación de la distribución general de *Rubus* L. Además, se realizó la caracterización morfológica de 23 accesiones de frambuesas y zarzamoras silvestres que fueron colectadas en los estados de Chiapas, Hidalgo, México y Veracruz. Las accesiones fueron evaluadas utilizando 44 caracteres morfológicos. La mayoría de los rasgos mostraron un alto grado de variabilidad. Se encontró una considerable variabilidad entre las accesiones para longitud del folíolo lateral (FolíoloL_L), anchura del folíolo lateral (FolíoloL_A), longitud del folíolo central (FolíoloC_L), longitud del peciólulo (Peciólulo_L), número de espinas por entrenudo (Espinass_N), longitud del tallo (Tallo_L), y número de espinas en el peciolo (Peciolo_Es). Sobre la base del análisis de componentes principales (ACP), se obtuvieron tres componentes significativos que explicaron el 68.12 % de la variación total entre las accesiones.

Palabras clave: MaxEnt, distribución potencial, WorldClim, recursos fitogenéticos.

GENERAL ABSTRACT

COLLECTION AND CHARACTERIZATION OF WILD *Rubus* spp.

The present research established the potential distribution of the *Rubus* genus in Mexico using the maximum entropy model (MaxEnt version 3.3.3). The study included 1589 georeferenced occurrence data from *Rubus* L. For environmental information, 19 climatic variables were used from the WorldClim database with a spatial resolution of 2.5 arcminutes. The occurrence data of 53 *Rubus* species in Mexico were grouped into three climatic groups. The habitats with the highest probability of current predicted distribution of the *Rubus* L. genus were in the mountainous areas of Veracruz, Hidalgo, Puebla, Mexico, Michoacán, Guerrero, Oaxaca and Chiapas States. The average temperature of the warmest quarter (Bio10) was identified, as the environmental variable with the most significant contribution to the modeling of the general distribution of *Rubus* L. In addition, the morphological characterization of 23 accessions of wild raspberries and blackberries were collected in the states of Chiapas, Hidalgo, Mexico, and Veracruz. The accessions were evaluated using 44 morphological characters. Most of the traits showed a high degree of variability. A considerable variability was found between the accessions for lateral leaflet length (FolíoloL_L), width of lateral leaflet (FolíoloL_A), length of central leaflet (FolíoloC_L), length of the petiole (Pecíolulo_L), number of thorns per internode (Espinas_N), length of the stem (Tallo_L), and number of spines on the petiole (Pecíolo_Es). Based on the principal components analysis (PCA), three significant components were obtained that explained the 68.12 % of the total variation between the accessions.

Keywords: MaxEnt, potential distribution, WorldClim, plant genetic resources.

1. INTRODUCCIÓN GENERAL

En México, actualmente hay 762 especies de frutales con diferentes grados de domesticación, que se distribuyen en 288 géneros pertenecientes a 87 familias botánicas. De esta diversidad de especies frutícolas, 113 son cultivadas, de las cuales 53 son nativas y 60 han sido introducidas; las 649 especies restantes no son cultivadas o están subutilizadas, 88 fueron introducidas al país y 554 son nativas (Segura *et al.*, 2018). La familia con mayor cantidad de especies frutícolas en México es la Rosaceae (Segura *et al.*, 2018) y tiene una gran importancia económica en virtud de la producción agrícola de muchos de sus componentes, como es el caso de *Prunus armeniaca* L. (“chabacano”), *P. domestica* L. (“ciruelo”), *P. persica* (L.) Sieb. & Zucc. (“durazno”), *P. serotina* ssp. *capuli* (Cav.) McVaugh (“capulín”), *Crataegus mexicana* DC. (“tejocote”), *Fragaria x ananassa* (Weston) Duchesne (“fresa”), *Pyrus communis* L. (“peral”), *Malus x domestica* (“manzano”) (Rzedowski & Calderón, 2005), *Rubus* subg. *Idaeobatus* Focke (“frambuesa”) (Reveal, 2014) y *R.* subg. *Rubus* Watson (“zarzamora”) (Brennan *et al.*, 2014).

La frambuesa y zarzamora son miembros del género *Rubus* L. uno de los más diversos en el reino vegetal (Brennan *et al.*, 2014), se estima que agrupa a más de 700 especies (Graham & Brennan, 2018), que se pueden encontrar en todos los continentes (excepto en la Antártida), principalmente en ambientes templados con representantes que se extienden desde regiones casi árticas hasta subtropicales (Reveal, 2014). Es probable que el consumo de los frutos de zarzas haya ocurrido desde hace miles de años, ya que múltiples tipos nativos a menudo son comunes y abundantes en muchas regiones del mundo (Jennings, 1988).

Estudios arqueológicos han encontrado evidencias de que *Rubus* fue fuente de alimento en Norteamérica desde aproximadamente 8,000 a. C. (Hummer & Janick, 2007), sin embargo; las primeras formas cultivadas de frambuesa ocurrió en Europa a mediados del siglo XVI (Jennings, 1988) y la primera producción comercial a gran escala comenzó en la costa del Pacífico de los Estados Unidos a principios de 1900 (Brennan *et al.*, 2014) y desde entonces, a nivel mundial, la demanda y producción de frambuesa y zarzamora ha aumentado significativamente, en parte debido a los beneficios de salud percibidos derivados de su consumo y también debido a los cambios en las técnicas agronómicas que han ampliado su disponibilidad y distribución (Brennan *et al.*, 2014).

En México, la producción de zarzamora y frambuesa ha aumentado principalmente debido a las oportunidades para exportar y extender la temporada de producción (Graham & Brennan, 2018). En 2017 se registró una superficie de producción de 12,815.55 y 6,649.4 hectáreas para zarzamora y frambuesa, respectivamente; el volumen producido en estas superficies fue de 270,399.37 y 120,184.24 toneladas; siendo Michoacán y Jalisco los principales estados productores de estos cultivos (SIAP, 2019).

La demanda de frutos zarzamora y frambuesa aumenta en un momento en que los desafíos para su producción también están aumentando. El cambio climático, el estrés por plagas y enfermedades, la falta de compuestos para la protección de cultivos y la demanda de los consumidores de una producción sostenible de alimentos, desafían a los mejoradores a desarrollar variedades resistentes a factores bióticos y abióticos, y estables en una amplia gama de entornos en crecimiento. Existe una gran preocupación de que dentro de la próxima década estén autorizados pocos productos químicos para la protección de las plantas, situación que, conjuntada con los desafíos climáticos, harían que el estrés biótico y abiótico vuelva a ocupar un lugar prioritario en la agenda de los programas de mejoramiento genético, sin dejar de garantizar que el rendimiento y las expectativas de calidad se cumplan (Jennings, 2018).

Para afrontar estos desafíos el incremento de la diversidad genética del género *Rubus* es una necesidad prioritaria (Hall & Klemper, 2011) y esencial para que los genetistas puedan responder a los desafíos ambientales futuros, las condiciones de crecimiento cambiantes (Graham & Brennan, 2018).

El uso de germoplasma para promover la seguridad alimentaria es un desafío obvio (Wilkes, 1989). En México, se reporta la presencia de al menos 50 especies de *Rubus* (GBIF Secretariat, 2017) que necesitan de una profunda revaloración (Rzedowski & Calderón, 2005) y estudio por su importancia medicinal, alimenticia y ecológica (Alanís *et al.*, 2003; Jiménez-Arellanez *et al.*, 2012; Rzedowski & Calderón, 2005).

Para prevenir la vulnerabilidad genética de zarzamora y frambuesa es preciso recolectar, preservar y examinar su germoplasma silvestre, de tal modo que el estudio de la distribución actual y potencial de las especies de *Rubus* reportadas en México, para explorar y entender los factores climáticos o ambientales que influyen en su localización en diferentes hábitats es necesario como una herramienta para coleccionar, conservar y registrar los datos sobre las características importantes que distinguen las accesiones para llevar a cabo la recuperación de germoplasma valioso para programas de mejoramiento genético y aprovechamiento futuros.

El presente documento contiene tres partes principales para abordar el tema; en la primera se presenta una revisión de literatura que apoya el entendimiento de la taxonomía, origen, distribución, diversidad morfológica e importancia del género *Rubus* importancia, así como las especies de este género con cualidades de interés para su incorporación y aprovechamiento en programas de mejoramiento genético a nivel mundial y la importancia de la colecta y caracterización morfológica de los recursos fitogenéticos de zarzamora y frambuesa presentes en México.

En la segunda parte se aborda el análisis de distribución geográfica de los puntos de ocurrencia georreferenciados de *Rubus* L. reportados en México en función de múltiples variables climáticas, las regiones fisiográficas con los hábitats, tipos de climas y regímenes de humedad para adecuados para el desarrollo del germoplasma, además de las principales variables climáticas que contribuyen a la distribución espacial actual y potencial de *Rubus* L. en México; en la tercera parte se presenta el análisis de la diversidad morfológica de 23 accesiones de germoplasma silvestre colectado en Chiapas, Hidalgo, Estado de México y Veracruz, los estadísticos descriptivos, análisis de componentes principales y análisis de agrupación en función de 47 descriptores morfológicos.

2. REVISIÓN DE LITERATURA

2.1. *Rubus* (Rosaceae: Rubeae)

2.1.1. Taxonomía y clasificación

El género *Rubus* L. (Rosaceae Juss., Rosoideae Arn., Rubeae Dumort.) está compuesto por una serie altamente heterocigótica de más de 700 especies (Graham & Brennan, 2018), con amplios niveles de ploidía desde diploide ($2x=2n=14$) hasta duodecaploide ($12x=2n=84$) (Meng & Finn, 2002). Las variaciones en los niveles de ploidía se reflejan parcialmente en la versatilidad del modo de reproducción a partir de semillas: las especies diploides son usualmente sexuales, mientras que entre los poliploides hay especies sexuales, facultativas y apomícticas (Hall, 1990).

La taxonomía de *Rubus* L. es complicada y sus individuos son difíciles de clasificar en distintas especies (Stirton, 1981; Skirvin *et al.*, 2005), por la poliploidía, la agamospermia y la hibridación frecuente (Graham & Brennan, 2018). *Rubus* es posiblemente el género más notorio en las Roseaceae por su complejidad taxonómica que resulta de la evolución reticulada que involucra la apomixis gametofítica y la poliploidización (Dickinson, 2018). En *Rubus* L. la apomixis es facultativa y generalmente se produce por la formación de sacos embrionarios no reducidos a partir de células esporógenas (diplosporia) u otras células somáticas de la nucela (aposporia), lo que hace que la reproducción en *Rubus* sea extremadamente versátil (Nybom, 1988).

La clasificación global más reciente de *Rubus* se realizó hace más de 104 años por Focke (1910-1914), quien reconoció alrededor de 429 especies en 12 subgéneros (Cuadro 1) (Jennings *et al.*, 1990). Estos subgéneros se definieron por rasgos morfológicos similares que han demostrado ser polifilogénicos en el análisis molecular (Alice & Campbell, 1999).

Cuadro 1. Subgéneros de *Rubus* L. (Jennings *et al.*, 1990).

Subgénero	Número de especies	
<i>Chamaemorus</i>	1 especie	<i>R. chamaemorus</i> L.
<i>Dalibarda</i>	5 especies	Sin valor pomológico
<i>Chamaebatus</i>	5 especies	Sin valor pomológico
<i>Comaropsis</i>	2 especies	Sin valor pomológico
<i>Cylactis</i>	14 especies	Berries árticas incluyendo <i>R. arcticus stellatus</i> Sm. Probablemente relacionado con
<i>Orobatus</i>	19 especies	<i>Chamaemorus</i>
<i>Dalibardastrum</i>	4 especies	Sin valor pomológico (Asia) Sin valor pomológico, algunas
<i>Malachobatus</i>	114 especies	ornamentales
<i>Anoplobatus</i>	6 especies	(Frambuesas florecientes)
<i>Idaeobatus</i>	200 especies	Frambuesas
<i>Lampobatus</i>	10 especies	Sin valor pomológico
<i>Eubatus</i>	Un gran número de especies	Zarzamoras

De los cientos de especies que componen *Rubus* L., solo algunas han sido domesticadas (Antonius-Klemola, 1999). Las frambuesas rojas (*R. idaeus* L.; *Idaeobatus*), las frambuesas negras (*R. occidentalis* L.; *Idaeobatus*) y las zarzamoras son las *Rubus* más cultivadas comercialmente (Finn & Clark, 2012). Dado que la mayoría de los tipos cultivados de zarzamoras se derivaron de dos o más especies, ninguno de ellos tiene un epitafio de especie (Clark & Finn, 2011).

Estudios filogenéticos recientes sugieren la necesidad de revisiones taxonómicas moderadas de *Rubus* utilizando enfoques modernos para explorar mejor la compleja historia evolutiva de *Rubus* L., especialmente en taxones poliploides (Wang *et al.*, 2016).

2.1.2. Origen y distribución

El género *Rubus* incluye aproximadamente 750 especies, es morfológicamente diverso (Alice, 2002) y se encuentra en todos los continentes cultivables (Figura 1) (Alice & Campbell, 1999), principalmente en ambientes templados (Reveal, 2014), sin embargo, las especies dentro del género se adaptan a una amplia gama de ambientes, desde baja a gran altitud, desde suelos ácidos a alcalinos, desde climas muy húmedos a muy secos, y desde zonas totalmente sombreadas hasta condiciones de campo totalmente abierto (Hall, 1990).

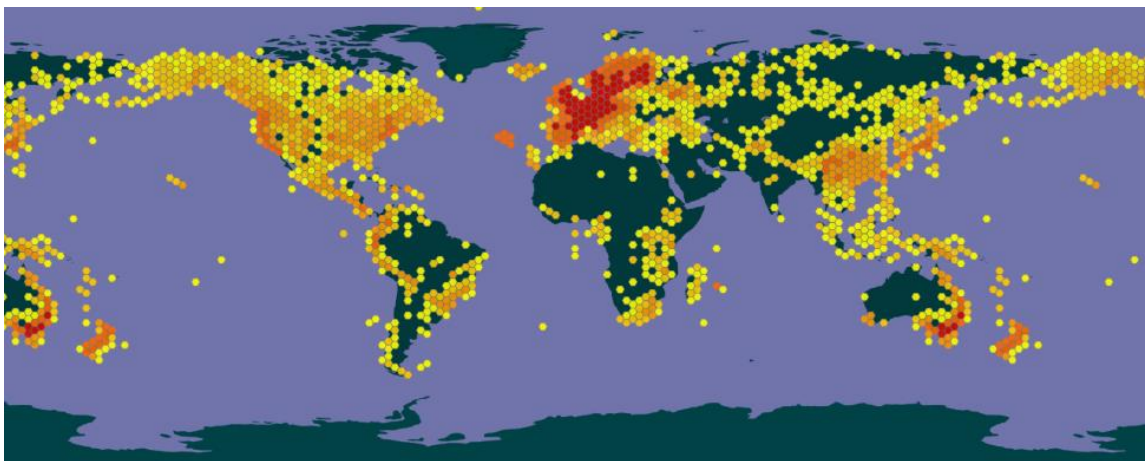


Figura 1. Ocurrencias de *Rubus* señaladas por la Red de Infraestructura Mundial de Información en Biodiversidad (GBIF) (GBIF Secretariat, 2017).

Basándose en una serie de investigaciones sobre la distribución de las especies de *Rubus* L. especialmente de las categorías primitivas, Lu (1983) sugirió que Norteamérica es el centro de distribución actual de *Rubus* L. mientras que el suroeste de China al ser geológicamente arcaico y no haber sido cubierto completamente por glaciares durante el Cuaternario, podría ser el centro de origen y el centro de la diversidad del género (Gu *et al.*, 1993).

El subgénero *Ideaobatus*, contiene alrededor de 200 especies que son nativas en el sur de China principalmente, pero también se encuentran en el este y el sur de África, Europa y América del Norte. El subgénero *Rubus* (*Eubatus*), contiene al menos 100 especies que son nativas de Europa, América del Sur y América del Norte. *Malachobatus* contiene 114 especies y se presenta principalmente en el sudeste asiático, Japón, Malaya, Australia y Madagascar (Jennings, 1988). Otros subgéneros asiáticos, como *Dalibardastrum*, *Lampobatus* y *Chamaebatus*, contienen algunas especies adicionales. El resto de los subgéneros se distribuyen desde el Ártico (por ejemplo, *Cylactis*) hasta Sudamérica (por ejemplo, *Orobatus*). Se cree que *Orobatus* se deriva de los subgéneros norteamericanos *Rubus* y *Anoplobatus* (Jennings, 1988).

2.1.3. Diversidad morfológica

Un alto grado de diversidad morfológica es evidente en el género *Rubus* incluyendo especies grandes, leñosas, con crecimiento vertical; especies delicadas, semi herbáceas, postradas, desarmadas; y especies trepadoras con láminas foliares altamente reducidas (Alice & Campbell, 1999).

Todas las especies de *Rubus* tienen raíces perennes (Finn, 2008a). La mayoría son arbustos perennes que producen tallos llamados “cañas” (Graham & Woodhead, 2011). Algunas especies producen cañas perennes o anuales. Las cañas crecen un año y fructifican durante el segundo año, aunque hay algunas especies que producen primocañas que fructifican durante el primer año de crecimiento (Jennings, 1988). El hábito de la planta varía de erecto a rastrero. Algunas plantas son trepadoras, otras son formas enanas que se propagan por estolones subterráneos (Hummer, 1996). La mayoría de las especies tienen espinas que pueden ser pequeñas y parecidas a pelos o incluso grandes y fuertes. Algunas especies son de tallo liso y hay algunas que tienen espinas solo en la base del tallo e incluso que carecen de espinas (Jennings, 1988). El diámetro del tallo varía de 2 a 7 cm (Hummer, 1996).

Las hojas en el tallo tienen una distribución alterna, con estípulas a menudo unidas a la base del pecíolo o al tallo, láminas trifolioladas o palmaticompuestas con 5 a 7 folíolos, con menos frecuencia pinnaticompuestas o simples (Rzedowski & Calderón, 2005).

Las flores de *Rubus* varían desde pequeñas y discretas con pétalos blancos hasta grandes y brillantes de color rosado o rojizo (Kraft *et al.*, 1995), son flores hermafroditas o rara vez unisexuales, dispuestas en racimos, corimbos, cimas o panículas, en ocasiones solitarias, bracteolas ausentes; hipantio corto, comúnmente cinco segmentos de cáliz, de prefloración imbricada, persistentes (Rzedowski & Calderón, 2005). El color de la fruta madura incluye blanco, amarillo, naranja, rojo, púrpura y negro (Hummer, 1996). Los frutos que producen consisten en un número de drupeolas carnosas agrupadas alrededor del receptáculo, cada drupeola contiene una semilla (Clark *et al.* 2007), las especies que producen frutos cuyas drupeolas maduras se separan del receptáculo floral se denominan comúnmente frambuesas; mientras que aquellas cuyas drupeolas permanecen adheridas al receptáculo se denominan zarzamoras (Hummer, 1996). El tamaño de la drupeola es muy pequeño en muchas especies silvestres, pero es grande en algunas, como el tipo silvestre tetraploide "Fengmanhong" (especie no confirmada, pero que tiene la apariencia de una variante 4x de *R. parvifolius*) encontrado en el norte de China (Hall *et al.*, 2009). Las semillas de *Rubus* también exhiben un complejo y alto nivel de diversidad morfológica y micromorfológica, con especies que tienen un patrón visible de relieve superficial reticular y rugoso en contraste con semillas que tienen aristas redondeadas bastante suaves (Wada & Reed, 2006).

2.1.4. Recursos genéticos

El desarrollo de las primeras formas cultivadas de frambuesa ocurrió en Europa a mediados del siglo XVI, aunque no se informaron variedades distintas hasta fines del siglo XVIII (Jennings, 1988). El mejoramiento genético controlado de la frambuesa comenzó en la década de 1920's y aumentó hasta el punto en que se liberaron más de 100 cultivares entre 1981 y 2001 (Moore, 2008). En el caso de

la zarzamora, las formas cultivadas aparecieron alrededor de 1830, y el desarrollo de 'Loganberry' en 1890 se considera el primer esfuerzo de mejoramiento en este cultivo (Swanson *et al.*, 2011).

A pesar de la diversidad que existe entre las frambuesas, las plantas cultivadas se derivan casi exclusivamente de solo dos especies. *R. idaeus* y *R. occidentalis* las frambuesas rojas y negras, respectivamente. De estas se han mejorado los rendimientos y el tamaño de la fruta en comparación con sus parientes silvestres, desarrollándose cultivares de frambuesas rojas, negras, amarillas y moradas. El tipo morado se originó del cruce entre la frambuesa negra y roja. Las frambuesas amarillas son producidas por plantas de frambuesas rojas mutantes (Pritts, 1997). Tan solo cinco cultivares progenitores dominan la ascendencia de la frambuesa roja: 'Lloyd George', 'Pynes Royal', 'Preussen', 'Cuthbert' y 'Newburgh' (Badjakov *et al.*, 2006).

Las zarzamoras domesticadas se encuentran en el subgénero *Rubus* L., que se divide en 12 secciones. Los tipos cultivados se derivan predominantemente de representantes de las secciones *Allegheniensis*, *Arguti*, *Rubus* y *Ursini*, a pesar de que la zarzamora andina (*R. glaucus* Benth) y muchos genotipos en los pedigríes de las zarzamoras cultivadas están en el subgénero *Idaeobatus*. Los cultivares de zarzamora generalmente tienen antecedentes complejos y, a menudo, se componen de especies en varios niveles de ploidía (Finn, 2008a).

Los cultivares modernos de frambuesa y zarzamora se separan de sus progenitores silvestres solo unas pocas generaciones y su domesticación ha resultado en una reducción de la diversidad tanto morfológica como genética (Haskell, 1960), con cultivares modernos relativamente homocigotos y genéticamente similares entre sí en comparación con las accesiones silvestres (Dale *et al.*, 1993). La falta de diversidad genética es una preocupación importante para la futura reproducción de *Rubus* L., especialmente cuando se busca una resistencia duradera del hospedador a las plagas y enfermedades (Hall & Klemper, 2011).

El incremento de la base genética de *Rubus* es esencial para que los genetistas puedan responder a los desafíos ambientales futuros, las condiciones de crecimiento cambiantes y los problemas de plagas y enfermedades emergentes. Sin embargo, el tiempo requerido para producir cultivares terminados a partir de material silvestre no seleccionado puede ser considerable, particularmente si se requieren varias generaciones de retrocruzamiento para eliminar rasgos indeseables (Graham & Brennan, 2018). Muchos de los programas de mejoramiento de *Rubus* en todo el mundo han tenido un uso muy limitado o nulo de accesiones silvestres en sus programas de desarrollo de cultivares, al usar cruces dentro del limitado espacio genético en el que se encuentran la mayoría de los cultivares (Dale *et al.*, 1993). Sin embargo, en la mayoría de los programas se ha iniciado la inclusión de nuevas fuentes genéticas en el desarrollo de nuevos cultivares (Clark & Finn, 2011).

Los cultivares de frambuesa y zarzamora deben poseer cualidades satisfactorias para el productor, comercializador, procesador y consumidor. Sus atributos deseables incluyen adaptación al medio ambiente, resistencia a plagas y enfermedades, características agronómicas adecuadas, alto rendimiento y calidad superior de la fruta (Hall, 1990). La vida útil de la mayoría de las plantaciones de *Rubus* está limitada por una serie de restricciones vinculadas predominantemente a las presiones de plagas, enfermedades y la propia biología de los cultivos. Las características arquitectónicas de la planta, por lo tanto, pueden jugar un papel en la viabilidad de las plantaciones mediante la explotación de estructuras morfológicas o características biomecánicas que interfieren con el movimiento de plagas o patógenos, el reconocimiento del huésped, la nutrición o la reproducción en la planta (Hanley *et al.*, 2007). Muchas de las características deseables que debe poseer un cultivar se pueden encontrar en poblaciones de especies silvestres, si bien, las especies utilizadas en el desarrollo de los tipos cultivados de *Rubus* son en gran parte de origen americano o europeo; Asia, específicamente China, tiene una gran diversidad que debería ser útil en la reproducción para la tolerancia ambiental y a enfermedades (Jennings *et al.*, 1992).

Se ha identificado una amplia gama de especies de frambuesas y zarzamoras como portadoras de genes valiosos (Cuadro 2) con potencial para ser incorporados a nuevos cultivares, generalmente existe una alta fertilidad entre los homoploides de los mismos subgéneros, y muchos híbridos pueden formarse entre diferentes ploides dentro de los subgéneros e incluso entre subgéneros (Finn, 2008a).

Cuadro 2. Fuentes importantes de germoplasma en el mejoramiento genético de frambuesa y zarzamora (Fuentes: Finn & Hancock, 2008; Hummer & Hall, 2013).

Especie	Características de interés
<i>R. allegheniensis</i> Porter	Fruto alargado, grande y erecto.
<i>R. argutus</i> Link	Resistencia a bajas temperaturas; adaptación a suelos pesados; hábito erecto; fruta grande; sin de espinas.
<i>R. arcticus</i> L.	Fructificación temprana en primocaña; buen sabor; aroma; resistencia a bajas temperaturas.
<i>R. biflorus</i> Buch.-Ham. Ex Sm.	Bajo requerimiento de frío; resistencia a la sequía; tolerancia a altas temperaturas; resistencia a la mancha de la caña.
<i>R. frondosus</i> Bigel	Bajo requerimiento de frío; adaptación a altas temperaturas; hábito erecto.
<i>R. caesius</i> L.	Resistencia a bajas temperaturas; fructificación en primocañas; fruta glauca.
<i>R. canadensis</i> L.	Resistencia a bajas temperaturas; pocas espinas; hábito erecto; calidad de fruta.
<i>R. chingii</i> Hu	Uso medicinal.
<i>R. cockburnianus</i> Hemsley	Muy alta cantidad de frutos por brote lateral; maduración tardía.
<i>R. corchorifolius</i> L.	Maduración temprana; hábito erecto.

...Continuación Cuadro 2.

Especie	Características de interés
<i>R. coreanus</i> Miq.	Productividad; vigor; excelentes formas para cruces con frambuesa negra y amarilla.
<i>R. cuneifolius</i> Pursh.	Bajo requerimiento de frío; hábito erecto; tamaño de semilla pequeño; maduración tardía.
<i>R. crataegifolius</i> Bunge	Fruto rojo brillante; resistencia a plagas y enfermedades; idoneidad para la cosecha con máquina; maduración temprana.
<i>R. baileyanus</i> Britt.	Buena calidad de fruta.
<i>R. flagellaris</i> Willd.	Sabor; maduración temprana; tolerante a la sequía.
<i>R. flosculosus</i> Focke	Vigor; resistencia a virus; variaciones de color.
<i>R. armeniacus</i> Focke	Resistencia al marchitamiento por <i>Verticillium</i> sp.
<i>R. bartonii</i> Newton syn. 'Ashton Cross'	Precocidad.
<i>R. echinatus</i> Lindl.	Resistencia a la roya de la caña y la hoja.
<i>R. geoides</i> Sm.	Ornamental de bajo crecimiento.
<i>R. laciniatus</i> Willd.	Resistencia a la sequía; resistencia a la antracnosis; alto rendimiento.
<i>R. lasiocarpus</i> Focke	Resistencia a enfermedades
<i>R. lasiostylus</i> Focke	Fruto de gran tamaño; facilidad de cosecha; cohesividad de la fruta.
<i>R. leucodermis</i> Doug ex Torrey & A. Gray	Vigor; tolerancia a enfermedades; particularmente virus y <i>Verticillium</i> sp.
<i>R. mesogaeus</i> Focke	Resistencia a la botrytis de la caña; tizón de la caña.

...Continuación Cuadro 2.

Especie	Características de interés
<i>R. nitidioides</i> Wats.	Maduración temprana; fruta grande con buena calidad.
<i>R. multibracteatus</i> H. Lev. & Vaniot	Crecimiento vertical; fruta roja brillante.
<i>R. niveus</i> Thunb.	Resistencia a la pudrición de la fruta; calidad de la fruta; bajo requerimiento de frío; firmeza de la fruta; fructificación en primocañas.
<i>R. praecox</i> Bertol. <i>armeniacus</i>	Vigor; resistencia a marchitamiento por <i>Verticillium</i> sp.
<i>R. ulmifolius</i> Schott	Sin espinas; maduración tardía.
<i>R. ulmifolius</i> Schott.	Vigor; amplia adaptación.
<i>R. ursinus</i> Cham. et Schlecht	Buena calidad de la fruta; maduración temprana; resistencia al marchitamiento por <i>Verticillium</i> sp.; roya y pudrición de la raíz por <i>Phytophthora</i> sp.
<i>R. trivialis</i> Michx	Bajo requerimiento de frío; adaptación a altas temperaturas; humedad y sequía; maduración temprana.
<i>R. biflorus</i> Buch.-Ham ex Sm.	Bajo requerimiento de frío; resistencia a la sequía; altas temperaturas; manchas foliares y de la caña.
<i>R. chingii</i> Hu	Alto rendimiento; vigor; calidad de la fruta para consumo fresco y procesamiento.
<i>R. cockburnianus</i> Hemsl.	Alto número de frutos por lateral; facilidad de cosecha y maduración tardía.
<i>R. corchorifolius</i> L.	Precocidad; resistencia a enfermedades; buen sabor.

...Continuación Cuadro 2.

Especie	Características de interés
<i>R. coreanus</i> Miq.	Precocidad; vigor; gama de colores frutales (naranja-negro); resistente a los áfidos; el escarabajo europeo de la frambuesa; el tizón de la caña; la <i>Botrytis</i> de caña; la antracnosis; el mildiú polvoriento; la mancha foliar y la pudrición de la raíz.
<i>R. crataegifolius</i> Bunge	Fruto firme con un color rojo brillante; no oscurecido; maduración temprana; resistente a la pudrición de la fruta; resistencia a <i>Botrytis</i> de la caña; escarabajo de la caña y nematodo de lesión de la raíz; laterales fuertes y tolerancia a bajas temperaturas.
<i>R. ellipticus</i> Sm	Vigor, bajo requerimiento de frío.
<i>R. eustephanos</i> Focke ex Diles	Alto número de drupeolas y vigor.
<i>R. flosculosus</i> Focke	Alto número de frutos por lateral, maduración condensada de los frutos, hábito erecto vigoroso, resistencia a las enfermedades de la caña.
<i>R. glaucus</i> Benth.	Bajo requerimiento de frío, vigor, excelente calidad frutal particularmente aroma; gran tamaño de la fruta, semillas y drupeolas pequeñas, temporada de producción extendida, resistencia a la pudrición de la raíz.
<i>R. rosifolius</i> Sm.	Alto conteo de drupeolas, tolerante a altas temperaturas y humedad.

...Continuación Cuadro 2.

Especie	Características de interés
<i>R. idaeus</i> L.	Fructificación tardía; resistencia a la podredumbre de las raíces; vigor; resistencia a bajas temperaturas; sabor; resistencia a las enfermedades de la caña; resistencia a los ácaros; contenido de ácido elágico.
<i>R. innominatus</i> var. <i>kuntzeanus</i> (Hemsl.) L.H. Bailey (= <i>R. kuntzeanus</i>)	Productividad; alto número de fruta por lateral; bajo requerimiento de frío; resistencia a la sequía y altas temperaturas; mancha foliar; mancha de la caña y escarabajo de la caña.
<i>R. hirsutus</i> Thunb	De gran tamaño y color rojo brillante; tolerancia al calor y alta humedad; tolerante a las fluctuaciones de las temperaturas invernales.
<i>R. pileatus</i> Focke	Sabor de la fruta; resistente al tizón de la caña; pudrición de la fruta; pudrición de la raíz y <i>Botrytis</i> de la caña; bajo requerimiento de frío.
<i>R. pungens</i> Cambess.	Maduración temprana del fruto de floricañas; resistencia a bajas temperaturas; resistente al tizón.
<i>R. sachalinensis</i> Leveille	Dureza; sabor; vigor; tamaño de drupeola.
<i>R. spectabilis</i> Pursh.	Producción temprana en verano; tipos de producción en primocaña; fruta roja brillante; resistencia a <i>Phytophthora</i> ; <i>Botrytis</i> y <i>Didymella applanata</i> y a los áfidos.

...Continuación Cuadro 2.

Especie	Características de interés
<i>R. pileatus</i> Focke	Resistencia al tizón de la caña; <i>Botrytis</i> de la caña; podredumbre de la raíz; buen sabor de la fruta.
<i>R. pungens</i> Cambess.	Posible resistencia a enfermedades; maduración temprana; resistencia a bajas temperaturas.
<i>R. sumatranus</i> Miq	Gran número de drupeolas.
<i>R. trifidus</i> Thunb.	Resistencia a las enfermedades foliares; color de fruta negra.
<i>R. deliciosus</i> Torr	Hábito de crecimiento vertical; tolerancia a la sequía; resistencia al frío.
<i>R. odoratus</i> L.	Fructificación temprana en primocañas; potencial ornamental; resistencia a manchas de hojas y tallos; resistencia a los pulgones.
<i>R. occidentalis</i> L.	Resistencia a <i>Phytophthora</i> sp.; firmeza; maduración tardía
<i>R. parviflorus</i> Nutt.	Resistencia a la pudrición radical y áfidos.
<i>R. parvivoliis</i> L.	Vigor; productividad; fructificación en primocañas.
<i>R. phoenicolasius</i> Maxim.	Posible resistencia a enfermedades; resistencia al escarabajo de la caña; oídio y pudrición de la raíz.
<i>R. chamaemorus</i> . L.	Alto contenido en ácido ascórbico; resistencia a bajas temperaturas.
<i>R. ursinus</i> Cham. et Schlecht	Buena calidad de la fruta; maduración temprana; resistente al marchitamiento por <i>Verticillium</i> sp. y la pudrición de la raíz por <i>Phytophthora</i> sp.

2.1.5. Usos e importancia

Varias especies de *Rubus* representan un valioso producto hortícola, por el aprovechamiento que se hace de sus frutos. Los frutos comestibles de *Rubus* son un fruto agregado que se desarrolla a partir de una flor con múltiples pistilos unidos a un solo receptáculo. Cada pistilo se convierte en una drupeola, y cada fruta tiene múltiples drupeolas (Skirving *et al.*, 2005).

El cultivo de estos frutos representa una fuente de ingresos para los productores y son un cultivo con una alta demanda de mano de obra, ya que la mayoría de las frutas para el mercado de productos frescos de alto valor se cosechan a mano. Después de la fruta fresca, la fruta destinada a congelación es la siguiente más valiosa y puede cosecharse a mano o en máquina (Moore, 2008). Los tipos cultivados de *Rubus* también se producen para los mercados de procesamiento, incluidos los jugos de bayas de alto valor por su sabor y beneficios para la salud (Graham & Brennan, 2018).

La producción de zarzas para el mercado de productos frescos se ha transformado, ya que gran parte de la producción proviene ahora de sistemas protegidos en los que el vidrio o los túneles de polietileno mantienen la calidad de la fruta incluso en condiciones climáticas difíciles. La fruta producida en túneles o invernaderos es de mayor calidad y no sufre las pudriciones postcosecha de la misma manera que la fruta producida en el exterior, incluso en buenas condiciones climáticas. Una consecuencia de la calidad mejorada entregada a los vendedores y consumidores ha sido la demanda de disponibilidad durante todo el año. Esto, a su vez, llevó al desarrollo de la producción fuera de temporada, primero en el hemisferio sur y luego en regiones templadas cálidas y subtropicales. En América del Norte, la producción ha aumentado en California y se ha extendido a México y otros países de América Central. La producción fuera de temporada se ha desarrollado en el sur de Europa, especialmente en España y Portugal y en el norte de África (Hall & Kempler, 2011).

Los cultivos de *Rubus* tienen importancia a nivel mundial en su producción y valor. Para la frambuesa roja, la mayor producción se encuentra en Europa, donde la mayor producción proviene de Serbia, Rusia y Polonia, seguida por el Reino Unido, España y Portugal, especialmente para el mercado de productos frescos. Fuera de Europa, los mayores productores de frambuesa son Estados Unidos y Chile. Las frambuesas negras se cultivan predominantemente en América del Norte, tanto para los mercados de productos frescos como para los de procesamiento, siendo Oregón la principal área de producción, aunque también hay una producción significativa en el este de los Estados Unidos de América y también en Corea. En los últimos años, la demanda ha aumentado considerablemente, especialmente en Europa, que ahora tiene la mayor superficie de producción (Graham & Brennan, 2018).

En México la producción de zarzas se ha incrementado significativamente en los últimos años (Figura 2), debido principalmente a las oportunidades para la exportación, la factibilidad climática, el desarrollo de innovadoras tecnologías de producción para obtener cosechas de calidad fuera de temporada y el buen manejo fitosanitario ha permitido que la zarzamora y frambuesa se consoliden en los mercados internacionales; donde varias compañías comercializadoras que exportan estos cultivos se han establecido y afianzado en territorio mexicano (Zavala, 2006). Actualmente los estados que destacan en la producción de zarzamora son Michoacán y Jalisco, ambos tienen el 98 % de la superficie total en producción con 12,033.75 y 536.5 hectáreas, respectivamente. En la producción de frambuesa destacan Michoacán, Jalisco y Baja California con una superficie de cultivo correspondiente de 1,289; 4,482 y 825 hectáreas. En 2017 el valor de la producción de ambos cultivos alcanzó una cifra de \$15,054,553,900.00 (SIAP, 2019).

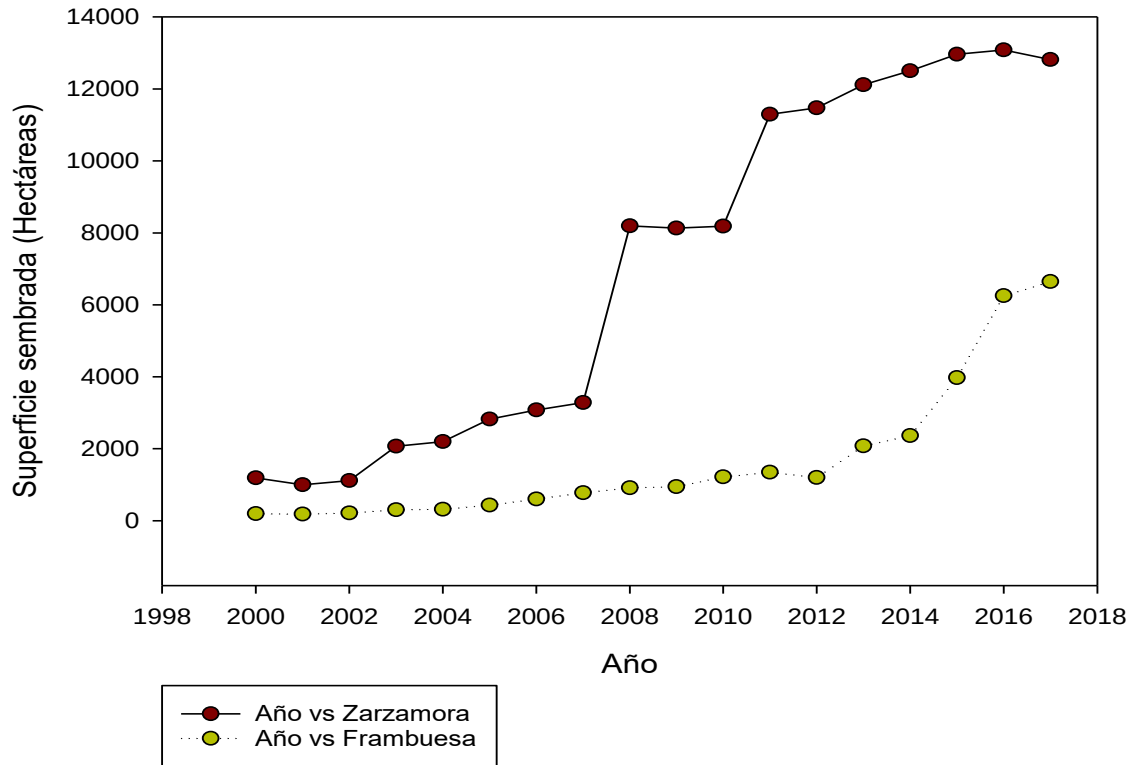


Figura 2. Incremento de la superficie de producción de zarzamora y frambuesa en México. Fuente: Servicio de Información Agroalimentaria y Pesquera (SIAP), 2019.

Las zarzas también se producen en América Central (Costa Rica y Guatemala) (Cruz-Castillo *et al.*, 2006) y en América del Sur (predominantemente de Ecuador y Chile). En Asia, China ha experimentado una rápida expansión de la producción en varias provincias. La producción en Oceanía se realiza principalmente en Nueva Zelanda y en zonas templadas de Australia, aunque las áreas plantadas son relativamente pequeñas. La producción africana se encuentra en Sudáfrica, Marruecos, Argelia y Kenia (Graham & Brennan, 2018). Existe un interés localizado en otras especies de *Rubus L.* especialmente en áreas subárticas, *R. chamaemorus* en el subgénero *Chamaemorus*, es una fruta muy apreciada en Escandinavia y el norte de Rusia, con potencial de domesticación (Korpelainen *et al.*, 1999). De manera similar, la zarza ártica *R. arcticus* se cultiva tanto para fines de procesamiento como frescos en Finlandia y las latitudes del norte en Escandinavia y América del Norte (Ryynänen, 1972).

En los últimos años, el mejoramiento genético de la frambuesa ha cambiado su enfoque de los rasgos asociados con el rendimiento agronómico a los asociados con la calidad sensorial de la fruta (Jennings *et al.*, 2016) y los posibles beneficios para la salud (Mazzoni *et al.*, 2015). Simultáneamente, se han logrado avances significativos en la genética y la genómica de la frambuesa. Estas nuevas herramientas están generando conocimientos que tienen la capacidad de acelerar significativamente el desarrollo de nuevas variedades que satisfacen las expectativas de los consumidores en términos de experiencia sensorial y beneficios para la salud (Graham & Brennan, 2018). Existe evidencia considerable de que los componentes de los frutos de *Rubus* pueden influir en la salud humana por su alto contenido de fibra, un suministro adecuado de calorías y una buena fuente de vitamina C (Moreno-Medina *et al.*, 2018), su actividad antioxidante (Liu *et al.*, 2002; Wada & Ou, 2002), antiviral (Yang *et al.*, 2007), antiinflamatoria (Mace *et al.*, 2014), anticancerígena (Spagnuolo *et al.*, 2012; Han *et al.*, 2005; Baby *et al.*, 2017), protectora neuronal (Im *et al.*, 2013), moduladora en el control de la diabetes (Hanhineva *et al.*, 2010) y del metabolismo de los lípidos (Prior *et al.*, 2010). Existe un gran potencial agroindustrial para el uso de varios frutos de las especies de *Rubus* por sus altas cantidades de polifenoles, elagitaninos y antocianinas (Moreno-Medina *et al.*, 2018).

2.1.6. Especies de *Rubus* reportadas en México

Algunas iniciativas a escala global, como la Red de Infraestructura Mundial de Información en Biodiversidad (Global Biodiversity Information Facility, GBIF) (www.gbif.org), han facilitado la compilación de millones de registros sobre presencia de especies procedentes fundamentalmente de colecciones de museos y herbarios (Yesson *et al.*, 2007). Esta base de datos tiene entre sus registros más de 50 especies de *Rubus* en México. En el Cuadro 3 se presentan las especies de *Rubus* reportadas en México, con la respectiva estandarización nomenclatural utilizando como referencia The Plant List (<http://theplantlist.org/>) (The Plant List, 2013).

Cuadro 3. Especies de *Rubus* reportadas en México (Fuente: www.gbif.org).

Especie	Estado del nombre	Sinónimos
<i>R. aboriginum</i> Rydb.	Válido	<i>R. almus</i> (Bailey) Bailey <i>R. austrinus</i> L. H. Bailey <i>R. bollianus</i> L. H. Bailey <i>R. clairbrownii</i> L. H. Bailey <i>R. decor</i> L. H. Bailey <i>R. flagellaris</i> var. <i>almus</i> L.H.Bailey <i>R. foliaceus</i> L. H. Bailey <i>R. ignarus</i> L. H. Bailey <i>R. ricei</i> L. H. Bailey
<i>R. adenotrichos</i> Schltldl.	Válido	
<i>R. apogaeus</i> L. H. Bailey	Válido	<i>R. exlex</i> L. H. Bailey <i>R. lassus</i> L. H. Bailey <i>R. lundelliorum</i> L. H. Bailey <i>R. uncus</i> L. H. Bailey
<i>R. arizonensis</i> Focke	Válido	<i>R. scolocaulon</i> Brandegees
<i>R. caudatisepalus</i> Calderón	Irresoluto	
<i>R. coriifolius</i> Liebm.	Válido	
<i>R. corylifolius</i> Sm.	Irresoluto	
<i>R. costaricanus</i> Liebm.	Irresoluto	
<i>R. cymosus</i> Rydb.	Válido	
<i>R. deliciosus</i> Torr.	Válido	<i>Bossekia deliciosa</i> A.Nelson <i>Oreobatus deliciosus</i> (Torr.) Rydb. <i>R. odoratus</i> var. <i>deliciosus</i> (Torr.) Kuntze <i>R. roezlii</i> Regel

...Continuación Cuadro 3.

Espece	Estado del nombre	Sinónimos
<i>R. eriocarpus</i> Liebm.	Válido	
<i>R. fagifolius</i> Cham. & Schtdl.	Irresoluto	
		<i>R. alacer</i> Bailey
		<i>R. arundelanus</i> Blanchard
		<i>R. ashei</i> L. H. Bailey
		<i>R. bonus</i> L. H. Bailey
		<i>R. camurus</i> L. H. Bailey
		<i>R. connixus</i> L. H. Bailey
		<i>R. cordialis</i> L. H. Bailey
		<i>R. dissitiflorus</i> Fern.
		<i>R. enslenii</i> Tratt.
		<i>R. exemptus</i> L. H. Bailey
		<i>R. frustratus</i> L. H. Bailey
		<i>R. geophilus</i> Blanchard
<i>R. flagellaris</i> Willd.	Válido	<i>R. jaysmithii</i> var. <i>angustior</i> L.H.Bailey
		<i>R. longipes</i> Fern.
		<i>R. maltei</i> L. H. Bailey
		<i>R. neonefrens</i> L. H. Bailey
		<i>R. occultus</i> L. H. Bailey
		<i>R. procumbens</i> Muhl.
		<i>R. sailorii</i> L. H. Bailey
		<i>R. serenus</i> L. H. Bailey
		<i>R. subuniflorus</i> Rydb.
		<i>R. tetricus</i> L. H. Bailey
		<i>R. tracyi</i> L. H. Bailey
		<i>R. urbanianus</i> A. Berger
		<i>R. villosus</i> Aiton

...Continuación Cuadro 3.

Especie	Estado del nombre	Sinónimos
<i>R. floribundus</i> Weihe	Irresoluto	<i>R. robustus</i> var. <i>robustus</i>
<i>R. fruticosus</i> L.	Válido	
<i>R. glaucus</i> Benth.	Irresoluto	
<i>R. hadrocarpus</i> Standl. & Steyerm.	Irresoluto	
<i>R. hispidus</i> L.	Válido	<i>R. hispidus</i> var. <i>cupulifer</i> L.H.Bailey <i>R. hispidus</i> var. <i>obovalis</i> (Michx.) Fernald <i>R. obovalis</i> Michx. <i>R. obovatus</i> Ell. <i>R. prostratus</i> Seidel ex Steud. <i>R. sempervirens</i> Bigelow <i>Selnorition obovalis</i> Rafin.
<i>R. humistratus</i> Steud.	Irresoluto	
<i>R. idaeus</i> L.	Válido	<i>Batidaea idea</i> (L.) Nieuwl. <i>B. strigosa</i> subsp. <i>itascica</i> Greene <i>R. fragrans</i> Salisb. <i>R. frambaesianus</i> Lam. <i>R. glaber</i> Mill. ex Simonk. <i>R. greeneanus</i> L.H.Bailey <i>R. leesii</i> Bab. <i>R. obtusifolius</i> Willd. <i>R. sericeus</i> Gilib. <i>R. vulgatus</i> Rozanova

...Continuación Cuadro 3.

Especie	Estado del nombre	Sinónimos
<i>R. leucodermis</i> Douglas ex Torr. & A.Gray	Irresoluto	<i>R. leucodermis</i> var. <i>bernardinus</i> (Greene) Jeps. <i>R. leucodermis</i> var. <i>leucodermis</i> <i>R. leucodermis</i> var. <i>trinitatis</i> A.Berger
<i>R. liebmannii</i> Focke	Irresoluto	
<i>R. macvaughianus</i> Rzed. & Calderón	Irresoluto	
<i>Rubus malvaceus</i> Focke	Irresoluto	
<i>Rubus miser</i> Liebm.	Irresoluto	
<i>Rubus niveus</i> Thunb.	Válido	<i>Dyctisperma lasiocarpus</i> (Sm.) Raf. ex B.D.Jacks. <i>R. albescens</i> Roxb. <i>R. bonatii</i> H.L.v. <i>R. distans</i> D.Don <i>R. donianus</i> Spreng. <i>R. folíolosus</i> D.Don <i>R. godongensis</i> Y.Gu & W.L.Li <i>R. incanus</i> Sasaki ex T.S.Liu & T.Y.Yang <i>R. lasiocarpus</i> Sm. <i>R. longistylus</i> H.L.v. <i>R. micranthus</i> D.Don <i>R. mysorensis</i> B.Heyne <i>R. pinnatus</i> D.Don

...Continuación Cuadro 3.

Especie	Estado del nombre	Sinónimos
<i>Rubus nelsonii</i> Rydb.	Irresoluto	
<i>Rubus occidentalis</i> L.	Válido	<i>Melanobatus occidentalis</i> (L.) Greene <i>R. idaeus</i> var. <i>americanus</i> Torr. <i>R. occidentalis</i> subsp. <i>eu-occidentalis</i> Focke <i>R. occidentalis</i> var. <i>occidentalis</i> <i>R. occidentalis</i> var. <i>pallidus</i> L.H.Bailey
<i>Rubus oligospermus</i> Thornber ex Rydb.	Irresoluto	
<i>Rubus palmeri</i> Rydb.	Irresoluto	
<i>Rubus parviflorus</i> Nutt.	Válido	<i>Bossekia nutkana</i> Greene <i>B. parviflora</i> (Nutt.) Greene <i>Rubacer parviflorum</i> (Nutt.) Rydb. <i>R. lacer</i> Kuntze <i>Rubus nutkanus</i> (Greene) Moc. ex Ser. <i>R. parviflorus</i> var. <i>bifarius</i> Fernald <i>R. parviflorus</i> var. <i>heteradenius</i> Fernald <i>R. velutinus</i> Hook. & Arn.

...Continuación Cuadro 3.

Especie	Estado del nombre	Sinónimos
<i>R. pedatus</i> Sm.	Válido	<i>Ametron pedatum</i> Rafin. <i>Comaropsis pedata</i> Ser. <i>Dalibarda pedata</i> Steph. <i>Psychrobatia pedata</i> Greene
<i>R. philyrophyllus</i> Rydb.	Irresoluto	
<i>R. pringlei</i> Rydb.	Irresoluto	
<i>R. pumilus</i> Focke	Irresoluto	
<i>R. sachalinensis</i> H. Lév.	Sinónimo	<i>R. idaeus</i> subsp. <i>melanolasius</i> Dieck ex Focke
<i>R. sapidus</i> Schltdl.	Irresoluto	
<i>R. sapindus</i> Schltdl.	Irresoluto	
<i>R. scandens</i> Liebm.	Irresoluto	
<i>R. schiedeanus</i> Steud.	Válido	
<i>R. scolocaulon</i> T. S. Brandege	Sinónimo	<i>Rubus arizonensis</i> Focke
<i>R. spectabilis</i> Pursh	Válido	<i>Parmena spectabilis</i> (Pursh) Greene <i>R. franciscanus</i> Rydb. <i>R. spectabilis</i> var. <i>menziesii</i> (Hook.) S.Watson <i>R. spectabilis</i> var. <i>spectabilis</i> <i>R. stenopetalus</i> Cham.

...Continuación Cuadro 3.

Especie	Estado del nombre	Sinónimos
<i>R. trilobus</i> Ser.	Válido	<i>Oreobatus trilobus</i> Rydb. <i>R. trifidus</i> Steud. <i>R. trilobus</i> var. <i>guatemalensis</i> Focke
<i>R. trivialis</i> Michx.	Válido	<i>R. carpinifolius</i> Rydb. <i>R. continentalis</i> (Focke) L.H. Bailey <i>R. flagellaris</i> Hook. <i>R. mississippianus</i> L. H. Bailey <i>R. okeechobeus</i> L. H. Bailey <i>R. rubrisetus</i> Rydb. <i>R. tallahasseeanus</i> L. H. Bailey <i>R. trivialis</i> var. <i>seorsus</i> L.H.Bailey
<i>R. uhdeanus</i> Focke	Irresoluto	
<i>R. ursinus</i> Cham. & Schltdl.	Válido	
<i>R. urticifolius</i> Poir.	Válido	<i>Dyctisperma urticifolius</i> (Poir.) Rafin.
<i>R. veraecrucis</i> Rydb.	Válido	
<i>R. vitifolius</i> Cham. & Schltdl.	Válido	

Estas especies tienen importancia medicinal, alimenticia y ecológica, por ejemplo, *R. coriifolius*, es usada por las comunidades mayas en el sur de México con fines medicinales (Alanís *et al.*, 2003), *R. liebmannii* es una especie endémica de México utilizada en medicina tradicional principalmente para tratar la disentería y la tos (Jiménez-Arellanes *et al.*, 2012), *R. liebmannii*, *R. adenotrichus* y *R. glaucus* son especies que emplean para la producción de frutos que se caracterizan por una mayor acidez y un sabor distintivo, que se utilizan principalmente en las industrias de jugos (Acosta-Montoya *et al.*, 2010), para la elaboración de mermeladas, tamales y dulces (Rzedowski & Calderón, 2005). *R. strigosus*, *R. parviflorus* y *R. spectabilis* son competidores importantes de las plántulas de coníferas y pueden reducir significativamente el establecimiento y crecimiento exitosos de coníferas jóvenes en sitios de renovación de bosques plantados o regenerados naturalmente. Estas especies de *Rubus* son invasoras agresivas de las áreas taladas, incendiadas y deforestadas (Oleskevich *et al.*, 1996). *R. adenotrichus*, *R. humistratus*., *R. cymosus*, *R. pringlei*, *R. pumilus* y *R. sapidus* han sido identificadas como especies con potencial para la mejora genética de resistencia de zarzamora a mildiú vellosa causado por *Peronospora sparsa* (Segura *et al.*, 2011).

2.2. Recursos fitogenéticos

Los recursos fitogenéticos comprenden la diversidad genética correspondiente al reino vegetal que se considera poseedora de un valor para el presente o el futuro. Bajo esta definición se incluyen normalmente variedades de especies cultivadas, tanto tradicionales como comerciales; especies silvestres o asilvestradas afines a las cultivadas o con un valor actual o potencial, y materiales obtenidos en trabajos de mejora genética (Esquinas-Alcázar, 1993; Rao, 2004; Gepts, 2006).

Se espera que la población mundial alcance los 8,000 millones de personas para el año 2020. Para satisfacer la necesidad de más alimentos de la población en crecimiento, será necesario hacer un mejor uso de una gama más amplia de la diversidad genética de plantas del mundo. Sin embargo, los recursos genéticos están desapareciendo a tasas sin precedentes.

Las razones de esta pérdida son muchas e incluyen la deforestación, las actividades de desarrollo como los proyectos hidroeléctricos, la construcción de caminos, la urbanización, los cambios en las prácticas agrícolas, la agricultura moderna y la introducción de nuevas variedades uniformes. El pastoreo excesivo y los cambios en el patrón de uso de la tierra están afectando gravemente la diversidad disponible en las especies silvestres. La urbanización y los cambios en los estilos de vida, la globalización y las economías de mercado también contribuyen indirectamente a la pérdida de diversidad, en particular de cultivos menores y abandonados. Tales reducciones tienen graves implicaciones para la seguridad alimentaria a largo plazo (Rao, 2004). La diversidad genética de los principales cultivos ha ido disminuyendo a través de la domesticación y la introducción del fitomejoramiento moderno (Hyten *et al.*, 2006). Es por esto que los recursos fitogenéticos constituyen un patrimonio de la humanidad de valor incalculable y su pérdida es un proceso irreversible que supone una grave amenaza para la estabilidad de los ecosistemas, el desarrollo agrícola y la seguridad alimentaria del mundo (Martínez, 2001).

Los recursos fitogenéticos, como componente integral de la biodiversidad, son esenciales para la producción agrícola sostenible (Salgotra & Gupta, 2015). Desde 1960 la FAO ha concientizado a las instituciones sobre la necesidad de preservar los recursos genéticos para tener herramientas con el fin de aliviar la escasez de alimentos y salvar la variabilidad de aquellas especies cultivadas que se encuentran en peligro de erosión en los centros de origen y de diversidad (FAO, 1996).

Para prevenir la vulnerabilidad genética de los cultivos y preservar los recursos genéticos, es preciso recolectar, preservar, examinar y utilizar el germoplasma de manera efectiva (van Hintum, 1999). La recolección consiste en la obtención de muestras de una especie en poblaciones que se encuentran en hábitats naturales para su conservación y posterior uso (Rao, 2004). Las unidades de recolección pueden ser semillas botánicas o propágulos vegetativos, dependiendo del sistema de reproducción de la especie (Rao, 2014).

Existen dos enfoques para la conservación de los recursos fitogenéticos, *in situ* y *ex situ*. La conservación *in situ* implica el mantenimiento de los recursos genéticos en los hábitats naturales donde se producen, ya sea como comunidades de plantas silvestres y no cultivadas o como cultivares en los campos de los agricultores como componentes de los sistemas agrícolas tradicionales. La conservación *ex situ*, por otro lado, implica la conservación fuera del hábitat nativo y generalmente se utiliza para proteger a las poblaciones en peligro de destrucción, reemplazo o deterioro (Rao, 2004).

2.3. Caracterización morfológica de germoplasma

La capacidad de identificar la variación genética es indispensable para el manejo y uso efectivo de los recursos fitogenéticos. Tradicionalmente, la diversidad se evalúa midiendo la variación en rasgos fenotípicos como el color de la flor, el hábito de crecimiento o los rasgos cuantitativos agronómicos como el potencial de rendimiento, la tolerancia al estrés, etc., que son de interés directo para los usuarios (Rao, 2004).

El objetivo principal de la caracterización de recursos fitogenéticos es medir la variabilidad genética de una colección mediante el uso de descriptores definidos (Hernández-Villarreal, 2013). Un descriptor es una característica o un atributo que es fácil de medir, un registro que evalúa y que hace referencia a la forma, la estructura o el comportamiento de una accesión. Los descriptores son aplicados en la caracterización y evaluación de las accesiones gracias a que permiten su diferenciación, la respuesta de manera precisa y uniforme, la simplificación de la clasificación, el almacenamiento, la recuperación y el uso de los datos (Franco & Hidalgo, 2003). La caracterización del germoplasma es esencial para proporcionar información sobre los rasgos de las accesiones que aseguren la máxima utilización de la colección de germoplasma para los usuarios finales. El registro y la compilación de datos sobre las características importantes que distinguen las accesiones dentro de una especie, además de una discriminación fácil y rápida entre los fenotipos permite la agrupación simple de accesiones, el desarrollo de colecciones núcleo y la recuperación de germoplasma valioso para

los programas de mejoramiento, lo que resulta en una mejor comprensión de la composición de la colección y su diversidad genética (Hodgkin *et al.*, 1999). La descripción de las plantas es una de las formas más importantes en que los usuarios de los recursos fitogenéticos pueden contribuir a la utilización del germoplasma y los esfuerzos de conservación (Bioversity International, 2007).

Los descriptores son observaciones sobre las características de las plantas que pueden utilizarse con fines de diagnóstico para describir los individuos de una accesión y diferenciarlos de los que pertenecen a otra accesión. Proporcionan información sobre el tipo de plantas que están en una colección, e información potencialmente útil en el desarrollo de cultivos. Los descriptores incluidos en la caracterización pueden considerarse como la base para la clasificación taxonómica, ya que están relacionados principalmente con las características botánicas. Sin embargo, algunos de ellos también tienen un significado agroeconómico, por ejemplo, el color de la fruta. Los descriptores empleados en la caracterización de recursos fitogenéticos son aquellos rasgos que tienden a ser altamente hereditarios, son visibles a simple vista, permiten una rápida y fácil discriminación entre las accesiones (Bioversity International, 2007).

2.3.1. Métodos estadísticos en la caracterización morfológica

Los datos obtenidos de la caracterización morfológica se pueden analizar mediante el uso de los métodos simples o complejos, que van desde el uso de los gráficos y los estadísticos de tendencia central y dispersión hasta los multivariados. El análisis tiene el propósito de reducir el volumen de información característico en los trabajos de esta naturaleza. Mediante la aplicación de estos métodos es posible obtener conclusiones acerca de la variabilidad y la utilidad del germoplasma, por tanto, los datos deben ser fielmente las características y el comportamiento de las accesiones (Franco & Hidalgo, 2003).

2.3.2. Estadísticos simples

Permiten estimar y describir el comportamiento de las diferentes accesiones en relación con cada carácter. Los más comunes son la media aritmética, el rango de variación, la desviación estándar (SD) y el coeficiente de variación (CV), que se utilizan en el análisis de datos cuantitativos, ya que proporcionan una idea general de la variabilidad del germoplasma y permiten inmediatamente detectar datos no esperados y errores de medición en el ingreso de datos, entre otros se deben realizar antes de cualquier análisis multivariado (Franco & Hidalgo, 2003).

2.3.3. Métodos multivariados

En la caracterización de recursos fitogenéticos el análisis multivariado se puede definir como un conjunto de métodos de análisis de datos que tratan un gran número de mediciones sobre cada accesión del germoplasma. Su virtud principal consiste en permitir la descripción de las accesiones tomando en cuenta simultáneamente varias características, sin dejar de considerar la relación existente entre ellas (Franco & Hidalgo, 2003) Los métodos multivariados se clasifican en dos grupos (Cuadro 4): (1) los de dependencia, que son aquellos en los cuales una variable o conjunto de variables es identificado como dependiente de otro conjunto conocidas como independiente o predictor; y (2) los de interdependencia, o aquellos en que ninguna variable o grupo de variables es definido como independiente o dependiente y, más bien, el procedimiento implica el análisis simultáneo de todo el conjunto de variables (Hair *et al.*, 1992).

Cuadro 4. Clasificación de métodos estadísticos de análisis multivariados.

Métodos de dependencia	Métodos de interdependencia
Descremación múltiple	Componentes principales
Correlación canónica	Factorial
Regresión múltiple	Conglomerados
Multivariante de la varianza	Multidimensional
Conjunto	Correspondencia

Fuente: Franco & Hidalgo (2003).

2.4. Literatura citada

- Acosta-Montoya, Ó., Vaillant, F., Cozzano, S., Mertz, C., Pérez, A. M., & Castro, M. V. (2010). Phenolic content and antioxidant capacity of tropical highland blackberry (*Rubus adenotrichus* Schltdl.) during three edible maturity stages. *Food Chemistry*, 119(4), 1497–1501.
- Alanís, A. D., Calzada, F., Cedillo-Rivera, R., & Meckes, M. (2003). Antiprotozoal activity of the constituents of *Rubus coriifolius*. *Phytotherapy Research*, 17(6), 681–682. doi:10.1002/ptr.1150
- Alice, L. A., & Campbell, C. S. (1999). Phylogeny of *Rubus* (Rosaceae) based on nuclear ribosomal DNA internal transcribed spacer region sequences. *American Journal of Botany*, 86(1), 81–97. doi: 10.2307/2656957
- Alice, L. A. (2002). Evolutionary relationships in *Rubus* (Rosaceae) based on molecular data. *Acta Horticulturae*, 585, 79–83. doi: 10.17660/ActaHortic.2002.585.9
- Antonius-Klemola, K. (1999). Molecular markers in *Rubus* (Rosaceae) research and breeding. *Journal of Horticultural Science and Biotechnology*, 74(2), 149–160. doi: 10.1080/14620316.1999.11511088
- Badjakov, I., Todorovska, E., Kondakova, V., Boicheva, R., & Atanasov, A. (2006). Assessment the genetic diversity of Bulgarian raspberry germplasm collection by microsatellite and RAPD markers. *Journal of Fruit and Ornamental Plant Research*, 14, 61.
- Baby, B., Antony, P., & Vijayan, R. (2017). Antioxidant and anticancer properties of berries. *Critical Reviews in Food Science and Nutrition*, 1–17. doi:10.1080/10408398.2017.1329198
- Bioversity International. (2007). Guidelines for the development of crop descriptor lists. *Bioversity Technical Bulletin Series*. Bioversity International. 72 p.
- Brennan, R. M., Caligari, P. D. S., Clark, J. R., Brás de Oliveira, P. N., Finn, C. E., Hancock, J. F., ... Simpson, D. (2014). *Berry Crops. Horticulture: Plants for People and Places*, 1, 301–325. doi:10.1007/978-94-017-8578-5_9
- Clark, J. R. & Finn, C. E. (2011). Blackberry Breeding and Genetics. *Fruit, Vegetable and Cereal Science and Biotechnology* 5 (1), 27–43.
- Clark, J. R., Stafne, E. T., Hall, H. K., & Finn, C. E. (2007). Blackberry Breeding and Genetics. *Plant Breeding Reviews*, 29, 19–144.
- Cruz-Castillo, J. G., Camontes, F. R., Vásquez-Santizo, J., & Torres-Lima, P. (2006). Temperate fruit production in Guatemala. *New Zealand Journal of Crop and Horticultural Science*, 34(4), 341–348. doi:10.1080/01140671.2006.9514424

- Dale, A., Moore, P. P., McNicol, R. J., Sjulín, T. M., & Burmistrov, L. A. (1993). Genetic diversity of red raspberry varieties throughout the-world. *Journal of the American Society for Horticultural Science*, 118(1), 119–129. doi:10.21273/JASHS.118.1.119
- Dickinson, T. A. (2018). Sex and Rosaceae apomicts. *Taxon*, 67(6), 1093–1107. doi:10.12705/676.7
- Esquinas-Alcázar, J.T. (1993). La diversidad genética como material básico para el desarrollo agrícola. In J.I. Cubero & M.T. Moreno (Coord.). *La Agricultura del Siglo XXI* (pp. 79-102). Madrid: Mundi-Prensa.
- Finn, C. E. (2008a). Blackberries. In *Temperate fruit crop breeding* (pp. 83–114). Dordrecht: Springer. doi:10.1007/978-1-4020-6907-9_3
- Finn, C. E., & Hancock, J. F. (2008). Raspberries. In *Temperate Fruit Crop Breeding* (pp. 359-392). Dordrecht: Springer. doi:10.1007/978-1-4020-6907-9_12
- Finn, C. E., & Clark, J. R. (2012). Blackberry. In M. L. Badenes & D. H. Byrne (Eds.). *Fruit Breeding* (pp. 151–190). Boston: Springer. doi:10.1007/978-1-4419-0763-9_5
- Franco, T. L. & Hidalgo, R. (2003). Análisis Estadístico de Datos de Caracterización Morfológica de Recursos Fitogenéticos. *Boletín Técnico IPGRI* (No. 8). Rome: Bioversity International.
- Food and Agriculture Organization (FAO). (1996). Informe sobre el estado de los recursos fitogenéticos en el mundo. In *Conferencia Técnica Internacional Sobre los Recursos Fitogenéticos* (pp. 17-23).
- Global Biodiversity Information Facility (GBIF Secretariat). (2017). *Rubus* L. GBIF Backbone Taxonomy. doi:10.15468/39omei
- Gepts, P. (2006). Plant genetic resources conservation and utilization. *Crop Science*, 46(5), 2278-2292. doi: 10.2135/cropsci2006.03.0169gas
- Gu, Y., Zhao, C. M., Jin, W., & Li, W. L. (1993). Evaluation of *Rubus* germplasm resources in China. *Acta Horticulturae*, 352, 317-324. doi:10.17660/ActaHortic.1993.352.45
- Graham, J., & Brennan, R. (2018). Introduction to the *Rubus* genus. In J. Graham & R. Brennan (Eds.) *Raspberry* (pp. 1–16). Basel: Springer Cham. doi:10.1007/978-3-319-99031-6
- Graham, J., & Woodhead, M. (2011). *Rubus*. In Kole C. (Ed.) *Wild Crop Relatives: Genomic and Breeding Resources*. (pp. 179–196). Berlin: Springer, Berlin, Heidelberg. doi:10.1007/978-3-642-16057-8_9
- Hair, J. F., Anderson, R. E., Tatham, R. L., & Black, W. C. (1992). *Multivariate data analysis*. Nueva York: MacMillan Publ. Co. 544 p.
- Hall, H. K. (1990). Blackberry breeding. *Plant Breeding Reviews*, 8, 249–312.

- Hall, H., & Kempler, C. (2011). Raspberry Breeding. *Fruit, Vegetable and Cereal Science and Biotechnology*, 5(1), 44–62.
- Hall, H., Hummer, K. E., Jamieson, A., Jennings, S., & Weber, C. (2009). Raspberry breeding and genetics. *Plant Breeding Reviews: Raspberry Breeding and Genetics*, 32, 39-353.
- Han, C., Ding, H., Casto, B., Stoner, G. D., & D'Ambrosio, S. M. (2005). Inhibition of the growth of premalignant and malignant human oral cell lines by extracts and components of black raspberries. *Nutrition and Cancer*, 51(2), 207-217. doi:10.1207/s15327914nc5102_11
- Hanley, M. E., Lamont, B. B., Fairbanks, M. M., & Rafferty, C. M. (2007). Plant structural traits and their role in anti-herbivore defense. *Perspectives in Plant Ecology, Evolution and Systematics*, 8(4), 157–178. doi:10.1016/j.ppees.2007.01.001
- Hanhineva, K., Törrönen, R., Bondia-Pons, I., Pekkinen, J., Kolehmainen, M., Mykkänen, H., & Poutanen, K. (2010). Impact of dietary polyphenols on carbohydrate metabolism. *International Journal of Molecular Sciences*, 11(4), 1365-1402. doi:10.3390/ijms11041365
- Haskell, G. (1960). The raspberry wild in Britain. *Watsonia*, 4, 238-55.
- Hernández-Villareal, A. E. (2013). Caracterización morfológica de recursos fitogenéticos. *Revista Bio Ciencias*, 2(3), 113–118. doi:10.15741/revbio.02.03.05
- Hodgkin, T., Guo, Qingyuan., Zhang, X., Zhao Y., Feng, X., Gautam P. L., Mahajan, R. K., Bisht, I.S., Loknathan, T.R., Mathur, P. N. & Zhou, M. D. (1999). Developing sesame core collections in China and India. In R. C. Johnson & T. Hodgkin (Eds.). *Core Collections for Today and Tomorrow* (pp 74–81). Rome: CSA/IPGRI.
- Hummer, K. E. (1996). *Rubus* diversity. *Hort-Science*, 31(2), 182–183.
- Hummer, K., & Hall, H. K. (2013). Raspberries. In R. C. Funt & H. K. Hall (Eds.). *Raspberries* (pp. 1-20). United Kingdom: CAB International.
- Hummer, K. E., & Janick, J. (2006). *Rubus* iconography: antiquity to the Renaissance. *Acta Horticulturae* 759:89–106 doi:10.17660/ActaHortic.2007.759.6
- Hyten, D. L., Song, Q., Zhu, Y., Choi, I. Y., Nelson, R. L., Costa, J. M., ... & Cregan, P. B. (2006). Impacts of genetic bottlenecks on soybean genome diversity. *Proceedings of the National Academy of Sciences*, 103(45), 16666-16671. doi:10.1073/pnas.0604379103
- Hyten, D. L., Song, Q., Choi, I. Y., Yoon, M. S., Specht, J. E., Matukumalli, L. K., ... & Cregan, P. B. (2008). High-throughput genotyping with the GoldenGate assay in the complex genome of soybean. *Theoretical and Applied Genetics*, 116(7), 945–952. doi:10.1007/s00122-008-0726-2

- Im, S. E., Nam, T. G., Lee, H., Han, M. W., Heo, H. J., Koo, S. I., ... & Kim, D. O. (2013). Anthocyanins in the ripe fruits of *Rubus coreanus* Miquel and their protective effect on neuronal PC-12 cells. *Food Chemistry*, 139(1-4), 604–610. doi:10.1016/j.foodchem.2012.12.057
- Jennings D. L. (1988). *Raspberries and blackberries: their breeding, diseases and growth*. London: Academic Press.
- Jennings, D. L., Daubeney, H. A., & Moore, J. N. (1990). Blackberries and raspberries (*Rubus* spp.). *Acta Horticulturae*, 290, 331–392. doi:10.17660/ActaHortic.1991.290.8
- Jennings, N., Graham, J., Ferguson, L. & Young, V. (2016). New developments in raspberry breeding in Scotland. *Acta Horticulturae*, 1133, 23–28. doi:10.17660/ActaHortic.2016.1133.4
- Jennings, S. N. (2018). *Advances in Rubus Breeding*. In J. Graham & R. Brennan (Eds.) *Raspberry* (pp. 1–16). Basel: Springer Cham. doi:10.1007/978-3-319-99031-6_2
- Jiménez-Arellanes, A., Cornejo-Garrido, J., Rojas-Bribiesca, G., Nicasio-Torres, M. D. P., Said-Fernández, S., Mata-Cárdenas, B. D., ... & Meckes-Fischer, M. (2012). Microbiological and pharmacological evaluation of the micropropagated *Rubus liebmannii* medicinal plant. *Evidence-Based Complementary and Alternative Medicine*, 2012. doi.org/10.1155/2012/503031
- Korpelainen, H. Antonius-Klemola, K. Werlemark, G. (1999). Clonal structure of *Rubus chamaemorus* populations: comparison of different molecular methods. *Plant Ecology*, 143, 123–128. doi:10.1023/A:1009898209220
- Kraft, T., Nybom, H., & Werlemark, G. (1995). *Rubus vestervicensis* (Rosaceae) — its hybrid origin revealed by DNA fingerprinting. *Nordic Journal of Botany*, 15(3), 237–242. doi:10.1111/j.1756-1051.1995.tb00148.x
- Liu, M., Li, X. Q., Weber, C., Lee, C. Y., Brown, J., & Liu, R. H. (2002). Antioxidant and antiproliferative activities of raspberries. *Journal of agricultural and food chemistry*, 50(10), 2926-2930. doi:10.1021/jf0111209
- Lu, L.T. (1983). A study on the genus *Rubus* of China. *Acta Phytotaxonomica Sinica*, 21, 13–25.
- Mace, T. A., King, S. A., Ameen, Z., Elnaggar, O., Young, G., Riedl, K. M., ... & Lesinski, G. B. (2014). Bioactive compounds or metabolites from black raspberries modulate T lymphocyte proliferation, myeloid cell differentiation and Jak/STAT signaling. *Cancer Immunology, Immunotherapy*, 63(9), 889–900. doi:10.1007/s00262-014-1564-5
- Martínez, I. M. (2001). Conservación de recursos fitogenéticos. Centro de recursos filogenéticos (CRF), Instituto Nacional de Investigación y Tecnología Agraria y Alimentación (INIA). Madrid: Secretaría de Pesca y Alimentación. 9 p.

- Mazzoni, L., Perez-Lopez, P., Giampieri, F., Alvarez-Suarez, J. M., Gasparrini, M., Forbes-Hernandez, T. Y., ... Battino, M. (2015). *The genetic aspects of berries: from field to health. Journal of the Science of Food and Agriculture*, 96(2), 365–371. doi:10.1002/jsfa.7216
- Meng, R., & Finn, C. (2002). Determining ploidy level and nuclear DNA content in *Rubus* by flow cytometry. *Journal of the American Society for Horticultural Science*, 127(5), 767–775.
- Moore, P. P. (2008). *Rubus* spp. – red and black raspberry. In J. Janick & R. E. Paull (Eds.). *The Encyclopedia of Fruit and Nuts* (pp 751–757). Cambridge: CABI.
- Moreno-Medina, B. L., Casierra-Posada, F., & Cutler, J. (2018). Phytochemical Composition and Potential Use of *Rubus* Species. *Gesunde Pflanzen*, 70(2), 65-74. doi:10.1007/s10343-018-0416-1
- Nybohm, H. (1988). Apomixis versus sexuality in blackberries (*Rubus* subgen. *Rubus Rosaceae*). *Plant Systematics and Evolution*, 160(3-4), 207–218. doi:10.1007/BF00936048
- Oleskevich, C., Punja, Z. K., & Shamoun, S. F. (1996). The biology of Canadian weeds. 105. *Rubus strigosus* Michx., *Rubus parviflorus* Nutt., and *Rubus spectabilis* Pursh. *Canadian Journal of Plant Science*, 76(1), 187–201. doi:10.4141/cjps96-037#.XJxODJhKjIU
- Prior, R. L., E. Wilkes, S., R. Rogers, T., Khanal, R. C., Wu, X., & Howard, L. R. (2010). Purified blueberry anthocyanins and blueberry juice alter development of obesity in mice fed an obesogenic high-fat diet. *Journal of Agricultural and Food Chemistry*, 58(7), 3970–3976.
- Pritts, M. P. (1997). Raspberries. *Journal of Small Fruit & Viticulture*, 4(3-4), 189–225. doi:10.1300/j065v04n03_02
- Rao, N. K. (2004). Plant genetic resources: Advancing conservation and use through biotechnology. *African Journal of Biotechnology*, 3(2), 136–145. doi:10.5897/AJB2004.000-2025
- Reveal, J. L. (2014). Lexicon of infrageneric names in *Rubus* (Rosaceae: Rubeae). *Kew Bulletin*, 69(3), 9524. doi:10.1007/s12225-014-9524-y
- Ryynänen, A. (1972). Arctic bramble (*Rubus arcticus* L.), a new cultivated plant. *Annales Agriculturae Fenniae*, 11, 1–76.
- Rzedowski, J. & Calderón, G. (2005). Rosaceae. *Flora del Bajío y de Regiones Adyacentes*, 1, 135–163.
- Salgotra, R. K., & Gupta, B. B. (Eds.). (2015). *Plant genetic resources and traditional knowledge for food security*. Berlin: Springer. doi:10.1007/978-981-10-0060-7

- Segura, S., Rebollar-Alviter, A., Boyzo-Marín, J., Hernández-Bello, M., & López-Medina, J. (2011). Genetic resources of blackberry wild species in Michoacán, Mexico. *Acta Horticulturae*, 946, 107–111. doi:10.17660/ActaHortic.2012.946.14
- SIAP. (2019). Anuario Estadístico de la Producción Agrícola. Servicio de Información Agroalimentaria y Pesquera. URL: <https://nube.siap.gob.mx/cierreagricola/>
- Stirton, C. H. (1981). Notes on the taxonomy of *Rubus* in southern Africa. *Bothalia* 13, (3 & 4): 331–332. doi:10.4102/abc.v13i3/4.1322
- Skirvin, R. M., Motoike, S., Coyner, M., & Norton, M. A. (2005). *Rubus* spp. cane fruit. In R. E. Litz (Ed.) *Biotechnology of Fruit and Nut Crops* (pp. 566–582). Wallingford: CABI Publishing.
- Spagnuolo, C., Russo, M., Bilotto, S., Tedesco, I., Laratta, B., & Russo, G. L. (2012). Dietary polyphenols in cancer prevention: the example of the flavonoid quercetin in leukemia. *Annals of the New York Academy of Sciences*, 1259(1), 95–103. doi:10.1111/j.1749-6632.2012.06599.x
- Swanson, J.D., Carlson, J. E., Fernandez-Fernandez, F., Finn, C., Graham, J., Weber, C., & Sargent, D. (2011). Raspberries and blackberries. In K. M. Folta & C. Kole (Eds.). *Genetics, genomics and breeding of berries* (pp 64–78). Boca Raton: CRC Press.
- The Plant List. (2013). Version 1.1. URL: <http://www.theplantlist.org>
- van Hintum, T. J. L. (1999). The general methodology for creating a core collection. In R. C. Johnsons & T. Hodgkin, (Eds.). *Core Set for Today and Tomorrow* (pp. 10–17). Rome: International Plant Genetic Resources Institute (IPGRI).
- Wada, L., & Ou, B. (2002). Antioxidant activity and phenolic content of Oregon caneberries. *Journal of Agricultural and Food Chemistry*, 50(12), 3495–3500. doi:10.1021/jf011405I
- Wada, S., & Reed, B. M. (2006). Morphological analysis of *Rubus* seed. *Acta Horticulturae*, 782, 67–74. doi:10.17660/ActaHortic.2008.782.5
- Wang, Y., Chen, Q., Chen, T., Tang, H., Liu, L., & Wang, X. (2016). Phylogenetic insights into Chinese *Rubus* (Rosaceae) from multiple chloroplast and nuclear DNAs. *Frontiers in Plant Science*, 7, 968. doi:10.3389/fpls.2016.00968
- Wilkes, G. (1989). *Germplasm preservation: objectives and needs*. *Biotic Diversity and Germplasm Preservation, Global Imperatives*, 13–41. doi:10.1007/978-94-009-2333-1_2
- Yang, H. M., Lim, S. S., Lee, Y. S., Shin, H. K., Oh, Y. S., & Kim, J. K. (2007). Comparison of the anti-inflammatory effects of the extracts from *Rubus coreanus* and *Rubus occidentalis*. *Korean Journal of Food Science and Technology*, 39(3), 342–347.

- Yesson, C., Brewer, P. W., Sutton, T., Caithness, N., Pahwa, J. S., Burgess, M., ... Culham, A. (2007). How global Is the global information facility? *PLoS ONE*, 2(11), e1124. doi:10.1371/journal.pone.0001124
- Zavala, G. C. (2006). Producción forzada de zarzamora en México. *III Simpósio nacional do morango II Encontro sobre pequenas frutas e Frutas nativas do Mercosul*, 67.

3. DISTRIBUCIÓN DEL GÉNERO *Rubus* L. (Rosaceae: Rubeae) EN MÉXICO

3.1. Resumen

La generación de modelos de distribución espacial potencial proporciona información importante para la planificación de la exploración, colecta, caracterización, y conservación de germoplasma, además de estudios de biodiversidad y biogeografía especialmente en el caso de especies poco estudiadas. La presente investigación tuvo como objetivo establecer la posible distribución del género *Rubus* en México mediante el modelo de máxima entropía (MaxEnt versión 3.3.3). El estudio incluyó 1589 datos de ocurrencia georreferenciados de *Rubus* L. Para la información ambiental, se utilizaron 19 variables climáticas de la base de datos WorldClim con una resolución espacial de 2.5 arcminutos. Los datos de ocurrencia de 53 especies de *Rubus* en México se agruparon en tres grupos climáticos. De los tres grupos, el grupo 2 tiene los mayores valores de temperatura media anual (21.46 °C) y los menores valores de precipitación anual (983.16 mm). El grupo 3 contuvo más del 54 % de la diversidad de especies. Los hábitats con mayor probabilidad de distribución actual pronosticada del género *Rubus* L. se ubicaron en las zonas montañosas de la Sierra madre oriental, el Eje neovolcánico, la Sierra madre del sur y las Sierras de Chiapas y Guatemala en los Estados de Veracruz, Hidalgo, Puebla, México, Michoacán, Guerrero, Oaxaca y Chiapas. Se identificó la temperatura media del trimestre más cálido (Bio10), como la variable ambiental con mayor contribución a la modelación de la distribución general de *Rubus* L.

Palabras clave: MaxEnt, hábitat, distribución potencial, WorldClim.

3.2. Abstract

The spatial distribution modeling provides essential information for the planning of the exploration, collection, characterization, and germplasm conservation, as well as biodiversity and biogeography studies, especially in the species that have not been well studied. The objective of this research was to establish the possible distribution of the *Rubus* genus in Mexico using the maximum entropy model (MaxEnt version 3.3.3). The study included 1589 georeferenced occurrence data from *Rubus* L. For environmental information, 19 climatic variables were used from the WorldClim database with a spatial resolution of 2.5 arcminutes. The occurrence data of 53 *Rubus* species in Mexico were grouped into three climatic groups. From the three groups, group 2 had the highest average annual temperature value (21.46 °C) and the lowest yearly precipitation value (983.16 mm). Group 3 contained more than 54 % of the diversity of species. The habitats with the highest current probability distribution predicted for *Rubus* L. genus were located in the mountainous areas of the Sierra madre oriental, the Eje neovolcánico, the Sierra madre del sur and the Sierras de Chiapas y Guatemala in the Veracruz, Hidalgo, Puebla, Mexico, Michoacan, Guerrero, Oaxaca and Chiapas States. The mean temperature of the warmest quarter (Bio10) was identified as the environmental variable with the most significant contribution to the modeling of the *Rubus* L. distribution.

Keywords: MaxEnt, habitat, potential distribution, WorldClim, genetic resources

3.3. Introducción

El género *Rubus* L. (Rosaceae Juss., Rosoideae Arn., Rubeae Dumort.) es un taxón grande y complejo de especies comúnmente llamadas zarzas que incluye más de 700 especies (Graham & Brennan, 2018) y se encuentra principalmente en ambiente templados de todos los continentes excepto en la Antártida (Reveal, 2014), en elevaciones que van desde el nivel del mar hasta 4,500 m (Hummer, 1996).

Los miembros del género pueden ser difíciles de clasificar en distintas especies por varias razones, incluida la hibridación entre especies y apomixis (Randell *et al.*, 2004; Amsellem *et al.*, 2001; Evans *et al.*, 2007). El género tiene importancia económica ya que varias especies se emplean con fines alimenticios, cosméticos y medicinales (Zia-Ul-Haq *et al.*, 2014). Los miembros de este género han sido cultivados durante siglos por sus frutos, que se consumen frescos o procesados en productos alimenticios como mermelada, vino, té, helados, postres, jaleas y productos de repostería, el pigmento extraído de las frutas se utiliza como colorante natural en productos horneados, gelatinas, chicles, vinos de frutas y bebidas (Skirving *et al.*, 2005; Baines & Seal, 2012). Otras especies tienen importancia ornamental (Wei-Lin *et al.*, 2002), como malezas invasivas (Amsellem *et al.*, 2000; Baret *et al.*, 2004; Innis *et al.*, 2011) y en la sucesión y regeneración de los bosques (Schreiner *et al.*, 2000; Harmer *et al.*, 2010). Las especies de *Rubus* L. suelen ser muy variables y los componentes mexicanos del género necesitan de una profunda revaloración (Rzedowski & Calderón, 2005) ya que solo pocas especies del género han sido evaluadas en México con la finalidad de evidenciar su potencial medicinal, nutracéutico y genético (Alanís *et al.*, 2003; Martínez-Cruz *et al.*, 2011; Segura *et al.*, 2012; Bautista *et al.*, 2018).

Recientemente, se han desarrollado métodos computacionales para crear modelos de distribución de especies para predecir su posible distribución geográfica (Elith & Leathwick, 2009; Kozak *et al.*, 2008). Estos modelos son

importantes para una variedad de aplicaciones en el estudio de los recursos fitogenéticos (Ferrier, 2002; Graham *et al.*, 2004).

El modelo de máxima entropía (MaxEnt) es un modelo ambiental de propósito general para predecir la distribución potencial de las especies, capaz de evaluar la calidad del hábitat en base a la información estadística recopilada de datos de ocurrencia o presencia georreferenciados para inferir el espacio de distribución potencial de máxima entropía (Elith *et al.*, 2011; Phillips *et al.*, 2006). El modelado de nichos ecológicos o modelado bioclimático, se ha aplicado cada vez más a esta tarea y ofrece posibilidades para estimar las probabilidades de ocurrencia de especies en respuesta a las condiciones ambientales (Guisan & Thuiller, 2005; Wisz *et al.*, 2008). Estas herramientas empíricas asumen que las especies ocurren en hábitats adecuados y están ausentes en los inadecuados (Ndlovu *et al.*, 2018). Las descripciones precisas de las distribuciones ecológicas y geográficas de las especies, son fundamentales para comprender sus patrones de biodiversidad y los procesos que las conforman (Ferrier *et al.*, 2002; Rushton *et al.*, 2004). Por lo anterior, la presente investigación tuvo como objetivo establecer la posible distribución del género *Rubus* L. en México, a partir de un Análisis de Información Geográfica como un recurso para explorar sus patrones de distribución reales y potenciales.

3.4. Materiales y métodos

3.4.1. Datos de ocurrencia

El estudio incluyó 1589 datos de ocurrencia georreferenciados de *Rubus* L., colectados de la Red Internacional de Infraestructura Mundial de Información en Biodiversidad GBIF (Global Biodiversity Information Facility, <http://www.gbif.org/>) (GBIF Secretariat, 2017) y de la Red Mundial de Información Sobre Biodiversidad (REMIB, http://www.conabio.gob.mx/remib/doctos/remib_esp.html) (CONABIO, 2015). El conjunto de datos se integró por 1289 ocurrencias de 53 especies de *Rubus* L. y 300 datos de ocurrencias sin un epíteto específico en México.

3.4.2. Datos climáticos y variables ambientales

Para la información ambiental, se utilizaron 19 variables climáticas derivadas de conjuntos de datos interpolados globalmente con una resolución espacial de 2.5 arcminutos (5 km² por cada celda), que se descargaron de la base de datos WorldClim (<http://www.worldclim.org>) (Hijmans *et al.*, 2005). El conjunto de las 19 variables bioclimáticas (Cuadro 5) se integró de 11 variables de temperatura (Bio1-Bio11) y 8 variables de precipitación (Bio12-Bio19). Las capas climáticas de WorldClim se crearon mediante la interpolación del clima observado de las estaciones climáticas de todo el mundo durante los 50 años de 1950 a 2000 (Hijmans *et al.*, 2005). Los archivos descargados en formato TIF (.tif), se convirtieron a través de ArcMap 10.2 (ESRI, 2014) al formato ASCII (.asc) para usarse en el programa MaxEnt.

Cuadro 5. Descripción de las 19 primeras variables bioclimáticas de la base mundial de datos WorldClim (www.worldclim.org).

Variable bioclimática	Descripción
Bio1	Temperatura media anual (°C)
Bio2	Intervalo de temperaturas diurnas (°C)
Bio3	Isotermalidad (Bio2/Bio7)(* 100)
Bio4	Estacionalidad en la temperatura (Coeficiente de variación, en %)
Bio5	Temperatura máxima del mes más cálido (°C)
Bio6	Temperatura mínima del mes más frío (°C)
Bio7	Intervalo anual de temperatura (Bio5-Bio6)
Bio8	Temperatura media del trimestre más lluvioso (°C)
Bio9	Temperatura media del trimestre más seco (°C)
Bio10	Temperatura media del trimestre más cálido (°C)
Bio11	Temperatura media del trimestre más frío (°C)
Bio12	Precipitación anual (mm)
Bio13	Precipitación del mes más lluvioso (mm)
Bio14	Precipitación del mes más seco (mm)
Bio15	Estacionalidad en la precipitación (Coeficiente de variación, en %)
Bio16	Precipitación del trimestre más lluvioso (mm)
Bio17	Precipitación del trimestre más seco (mm)
Bio18	Precipitación del trimestre más cálido (mm)
Bio19	Precipitación del trimestre más frío (mm)

3.4.3. Modelos de distribución de *Rubus* L.

Se utilizó el modelo de máxima entropía (MaxEnt versión 3.3.3; (Phillips *et al.*, 2006, <http://www.cs.princeton.edu/wschapire/maxent/>) que se ha demostrado que tiene un mejor desempeño en relación con otros métodos de modelado (Elith *et al.*, 2006; Kumar & Stohlgren, 2009). MaxEnt usa datos de presencia u ocurrencia de una especie para predecir su distribución basada en la teoría de la máxima entropía (Phillips *et al.*, 2006). El programa es capaz de estimar una distribución de probabilidad de la ocurrencia de especies mientras está sujeta a restricciones ambientales (Elith *et al.*, 2011).

A partir de los datos de ocurrencia de *Rubus* L. reportados en México se generó un modelo general de distribución y a partir de un análisis de agrupación, usando el método de varianzas mínimas de Ward con el programa estadístico JMP (Sall *et al.*, 2011), se analizaron 67 variables climáticas, consistentes en las 19 variables de la base de datos WorldClim y 12 variables correspondientes a los valores mensuales de temperatura mínima, máxima, media y precipitación, de cada punto de ocurrencia, de este análisis se obtuvieron tres diferentes grupos climáticos donde se desarrolla el género *Rubus* L., en México. Para cada grupo climático se generó un modelo particular de distribución. Del total de datos, el 75 % se empleó para el cálculo del modelo y el 25 % restante para su validación (Phillips, 2008). El área bajo la curva (AUC) característica operada por el receptor (ROC) se calculó para evaluar el desempeño de cada modelo. Para la visualización y el análisis posterior de los resultados de los modelos de MaxEnt que predicen la presencia de *Rubus* L. en México se utilizó el programa ArcMap 10.2 (ESRI, 2014). Con referencia a la clasificación propuesta por Yang *et al.* (2013), los mapas de distribución de potencial de cada modelo con valores de salida de 0 a 1, se reagruparon en cinco clases de hábitats potenciales, a saber, hábitat inadecuado (0–0.2); 2) hábitat apenas adecuado (0.2–0.4); 3) hábitat adecuado (0.4–0.6); 4) hábitat altamente adecuado (0.6–0.7) y 5) hábitat muy adecuado (0.7–1.0).

3.5. Resultados y discusión

3.5.1. Distribución general del género *Rubus* L. en México.

Los 1589 datos de ocurrencia georreferenciados de *Rubus* L. en México se proyectaron en un mapa. La mayor concentración de puntos se ubicó en el Eje neovolcánico, las Sierras de Chiapas y Guatemala, la Sierra madre del sur y la Sierra madre oriental (Figura 3 y Figura 4).

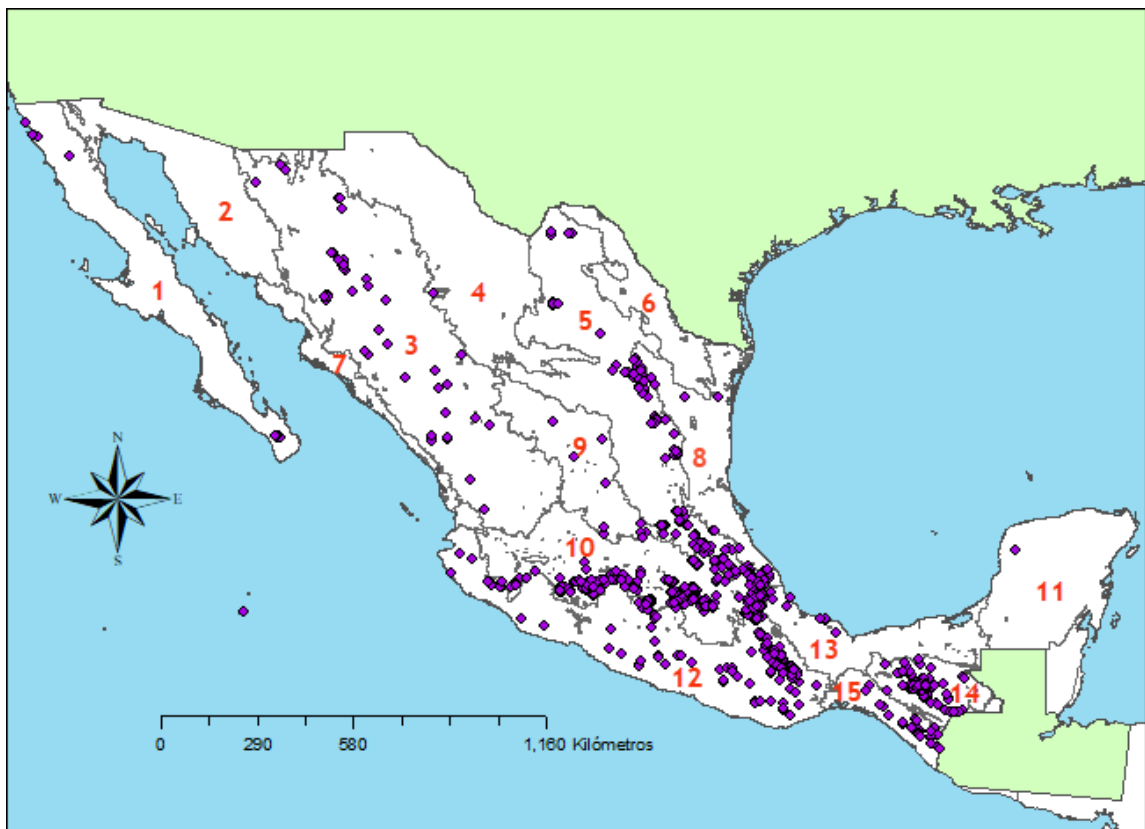


Figura 3. Datos de pasaporte de 1589 ejemplares de *Rubus* L., ubicados en México. Provincias fisiográficas de México. 1: Península de Baja California; 2: Llanura Sonorense; 3: Sierra madre occidental; 4: Sierras y llanuras del norte; 5: Sierra madre oriental; 6: Grandes llanuras de norteamérica; 7: Llanura costera del pacífico; 8: Llanura costera del golfo norte; 9: Mesa del centro; 10: Eje neovolcánico; 11: Península de Yucatán; 12: Sierra madre del sur; 13: Llanura costera del golfo sur; 14: Sierras de Chiapas y Guatemala; 15: Cordillera centroamericana.

Varias investigaciones se han enfocado en el estudio de especies nativas de *Rubus* en México, principalmente del Estado de México (Rzedowski & Calderón, 2001; Jiménez-Arellanes *et al.*, 2012), Michoacán (Cuevas-Rodríguez *et al.*, 2010a; Cuevas-Rodríguez *et al.*, 2010b; Segura *et al.*, 2012), Chiapas (Alanís *et al.*, 2003), Querétaro, Hidalgo, Veracruz, Jalisco, Oaxaca, Puebla, Guanajuato, Tlaxcala y Guerrero (Rzedowski & Calderón, 2005) que concuerdan con las provincias fisiográficas con mayores datos de ocurrencia de *Rubus* L. reportados (Figura 4).

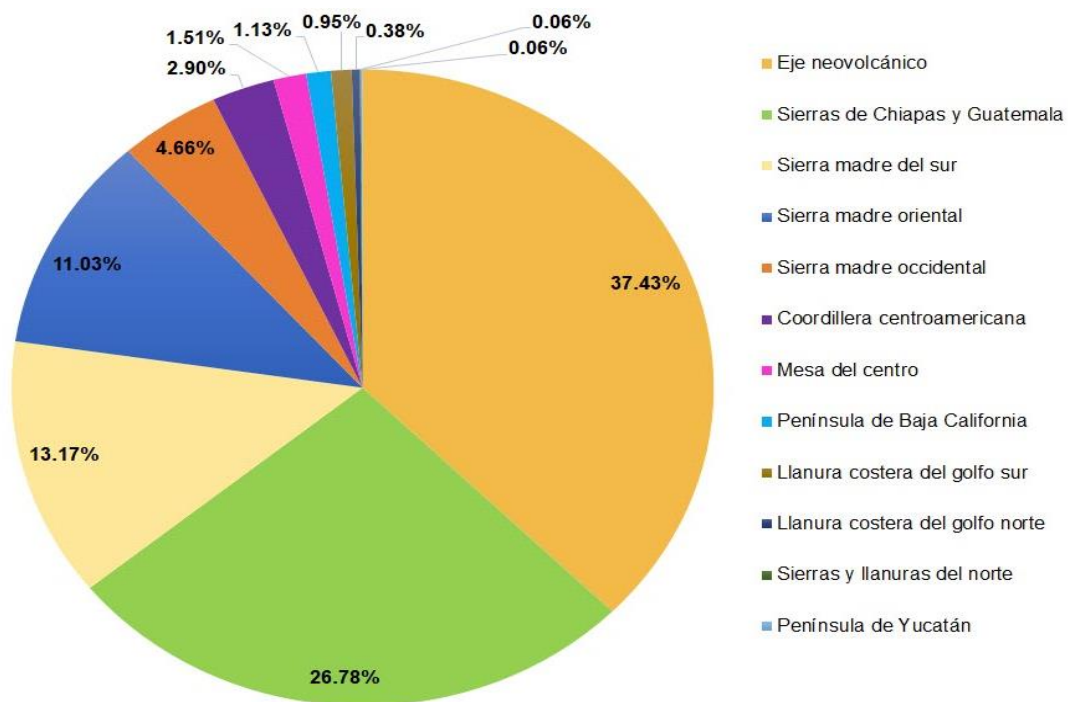


Figura 4. Porcentaje de ocurrencias de *Rubus* L. reportadas en México por provincia fisiográfica.

3.5.2. Análisis de agrupación

Los datos de ocurrencia de *Rubus* L. se sometieron a un análisis de agrupación por el método de varianzas mínimas de Ward para agrupar los que se desarrollan en condiciones climáticas similares, pero sin ser excluidos por un dato no común en el grupo.

El análisis de agrupación definió tres grupos climáticos (Figura 5); el primer grupo incluyó 671 puntos, presentando una elevación sobre el nivel del mar promedio de 1502.16 m; el segundo incluyó 129 puntos con una elevación sobre el nivel del mar promedio de 1076.17 m; y finalmente el grupo 3 que presentó 788 puntos y una elevación sobre el nivel del mar promedio de 2386.04 m.

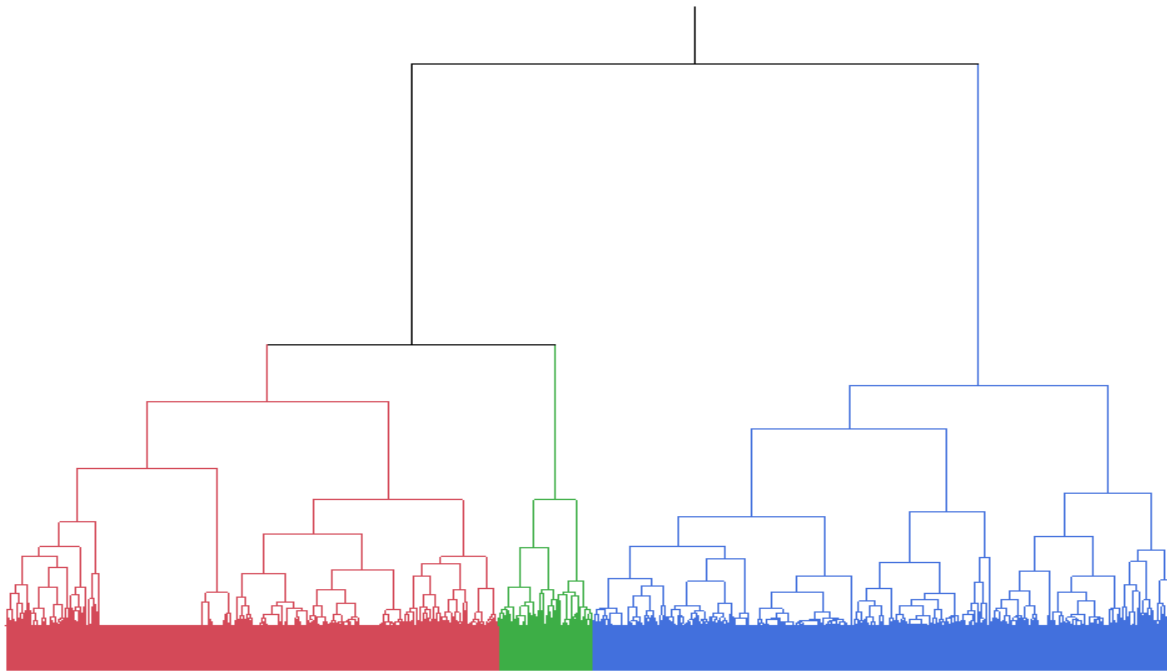


Figura 5. Dendrograma mediante el método de Ward de 1589 datos de ocurrencia del género *Rubus* L. en México formado por 67 variables climáticas.

El grupo 1 se desarrolla principalmente en climas cálidos húmedos (Am, Am(f)), cálidos subhúmedos (Aw_1 , Aw_2 , $Aw_2(x')$), semicálidos húmedos ((A)C(fm), (A)C(m), (A)C(m)(f)), semicálidos subhúmedos ((A)C(w_1), (A)C(w_2)) y templados húmedos ((C(f), C(m), C(m)(f)) y subhúmedos (C(w_2), C(w_1)) acorde a la clasificación climática propuesta por García (1990), la precipitación anual de este grupo es de 1940 mm y su temperatura media anual de 18.51 °C. El grupo 2 se desarrolla en climas cálidos subhúmedos (Aw_1), semicálidos húmedos ((A)C(m)), semicálidos subhúmedos ((A)C(w_2), (A)C(w_1), (A)C(w_0)), semiáridos cálidos (BS(h')w) semiáridos semicálidos (BS₁hw) y áridos semicálidos (BS₀hw) (García, 1990), la precipitación promedio de este grupo es de 983.16 mm y la temperatura media anual de 21.46 °C.

El grupo 3 se distribuye en ambientes con climas semicálidos húmedos ((A)C(m)), semicálidos subhúmedos ((A)C(w₁), (A)C(w₂)), semiáridos templados ((BS₁k(x')), áridos templados (BS₀kw), templados húmedos (C(f), C(m)(f)), templados subhúmedos (C(w₂), C(w₁), C(w₁)x', C(w₀)), semifríos húmedos (Cb'(m)(f)) y semifríos subhúmedos (Cb'(w₂), Cb'(w₂)x', Cb'(w₁), Cb'(w₁)x', Cb'(w₀)) (García, 1990), su precipitación promedio anual es de 1075.70 mm y su temperatura media anual de 14.05 °C. A nivel mundial las especies de *Rubus* L. se encuentran principalmente en ambientes templados (Reveal, 2014), sin embargo, dentro del género hay especies que se adaptan a una amplia gama de ambientes, de bajas a grandes elevaciones, en una amplia diversidad de tipos de suelos, desde climas muy húmedos a muy secos (Hall, 1990) y claramente en México este intervalo de adaptación ambiental del género *Rubus* L. persiste.

De los tres grupos, el grupo 2 tiene los mayores valores de temperatura (mínima, máxima y media mensuales) y los menores valores de precipitación mensual (Figura 6).

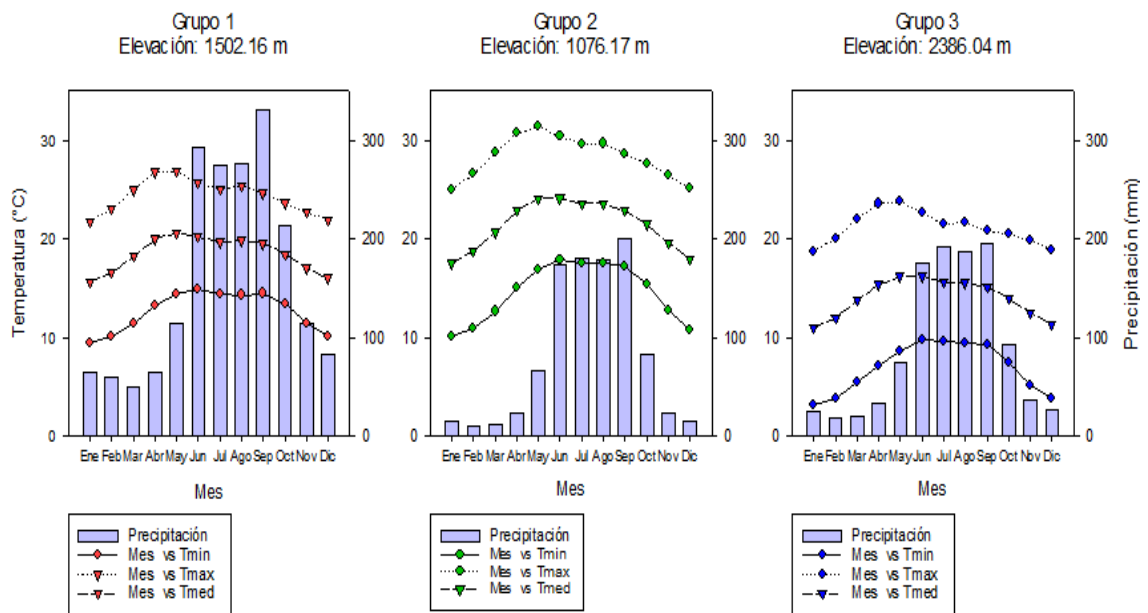


Figura 6. Diagramas climáticos de los tres grupos de distribución de *Rubus* L. en México.

El género *Rubus* L. en México se distribuye principalmente en zonas boscosas de encino, pino, pino-encino y oyamel, en bosques mesófilos de montaña y con menor frecuencia en matorrales, pastizales y selvas (INEGI, 2005). Taxones como *Rubus* L. pueden llegar a ser abundantes en los bosques en condiciones de aclareamiento o alteración (Alcántara & Luna, 2001; Ponce-Vargas *et al.*, 2006), a la orilla de caminos y en cercas (Rzedowski & Calderón, 2005), sin embargo, algunas especies como *R. macvaughianus* con un endemismo estrecho, tiene una población de pocos individuos y se encuentra fuertemente vulnerable a la extinción (Rzedowski & Calderón, 2005).

En la Figura 7 se muestra la distribución de los puntos de ocurrencia reportados para *Rubus* L. en México en función del análisis de agrupación mediante variables climáticas. El 41.98 % de los registros se agruparon en el grupo 1, el 8.08 % en el grupo 2 y el 48.74 % en el grupo 3. Haciendo evidente que la abundancia de registros de *Rubus* L. se concentra en ambientes con elevaciones superiores a 1500 m sobre el nivel del mar.

3.5.3. Modelos de distribución

Se realizaron cuatro modelos de distribución de *Rubus* L. con el programa MaxEnt, todos proporcionaron resultados satisfactorios con valores de área bajo la curva característica operada por el receptor (ROC), conocida como AUC. Los modelos construidos por MaxEnt consistieron de un modelo general a partir de la totalidad de datos de ocurrencia de *Rubus* L. en México y tres modelos de distribución adicionales construidos con los datos de ocurrencia de cada grupo climático resultante del análisis de agrupación, los valores de AUC de estos modelos fueron de 0.922 (Figura 8a), 0.975 (Figura 8b), 0.920 (Figura 8c) y 0.952 (Figura 8d), respectivamente. Mientras más cerca se encuentre la línea azul del tope superior izquierdo en la curva operada por el receptor (ROC), mejor será el modelo para predecir las presencias contenidas en la muestra de prueba de los datos (Phillips, 2005).

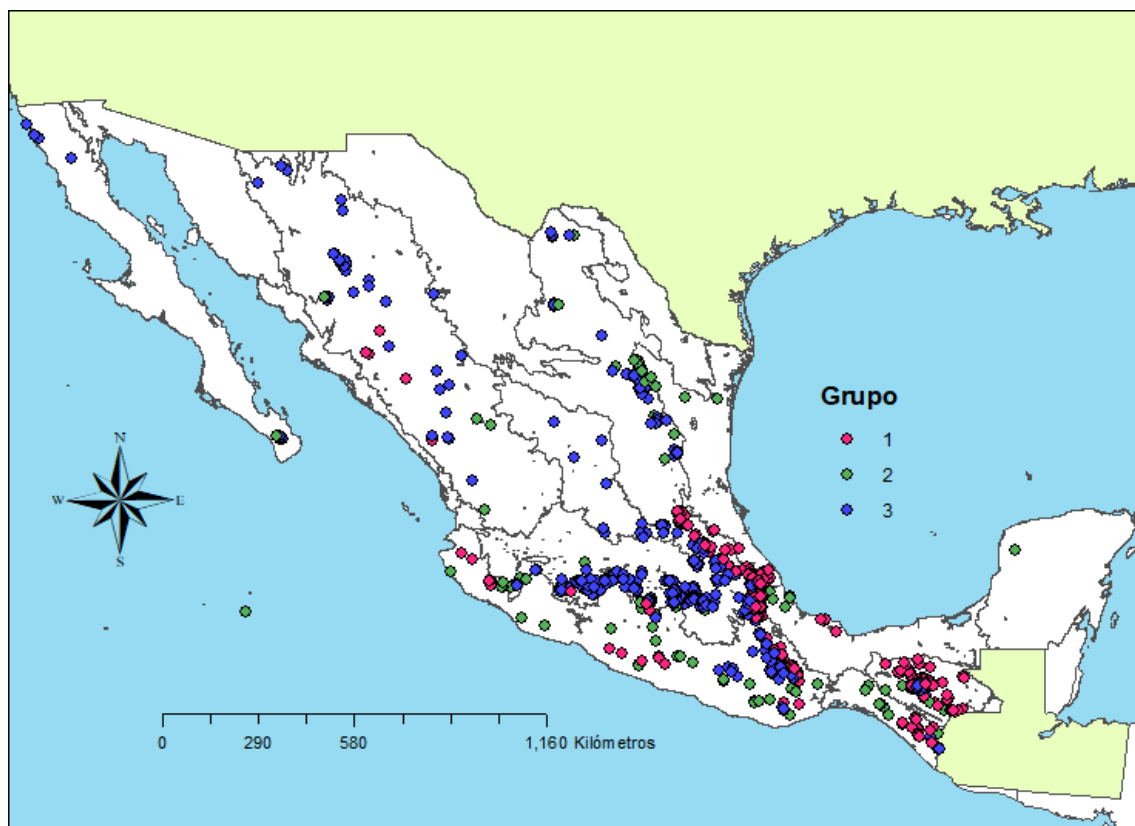


Figura 7. Distribución de *Rubus* L. en México en función del análisis de agrupación de 1589 puntos de ocurrencia reportados.

El AUC es uno de los estadísticos más comunes para evaluar el desempeño de un modelo de distribución, es una medida independiente del umbral de la precisión predictiva del modelo, basada solo en la clasificación de ubicaciones y se interpreta como la probabilidad de que una celda o ubicación de presencia tenga una probabilidad relativa predicha o clasificación más alta que un punto o celda de ausencia elegida al azar (Elith *et al.*, 2006; Merow *et al.*, 2013; Halvorsen *et al.*, 2015). El AUC se expresa en una escala de 0 a 1 (Phillips *et al.*, 2006), un valor de 0.5 muestra que el rendimiento del modelo no es mejor que uno aleatorio, valores menores a 0.5 indican que el rendimiento del modelo es peor que un modelo aleatorio; valores de 0.5–0.7 indican un desempeño deficiente; valores de a 0.7–0.9 significan que el modelo tiene un rendimiento razonable o moderado, mientras que valores de AUC superiores a 0.9, indican un alto rendimiento del modelo (Elith *et al.*, 2006; Peterson *et al.*, 2011) y un valor de 1.0 indica una

discriminación perfecta (Phillips *et al.*, 2006), por lo que los modelos de distribución generados para *Rubus* L. pueden considerarse muy precisos.

Varios estudios que se centran en el rendimiento de MaxEnt han revelado que se desempeña bien en comparación con otros modelos de distribución de especies (Elith *et al.*, 2006). MaxEnt también se desempeña bien con tamaños de muestra pequeños (Pearson *et al.*, 2007; Wisz *et al.*, 2008), especies raras (Williams *et al.*, 2009; Rebelo & Jones, 2010), especies invasoras (Rentería *et al.*, 2012; Ndlovu *et al.*, 2018), especies endémicas (Rinnhofer *et al.*, 2012), y cuando se utiliza como un índice de aptitud del hábitat (Latif *et al.*, 2015).

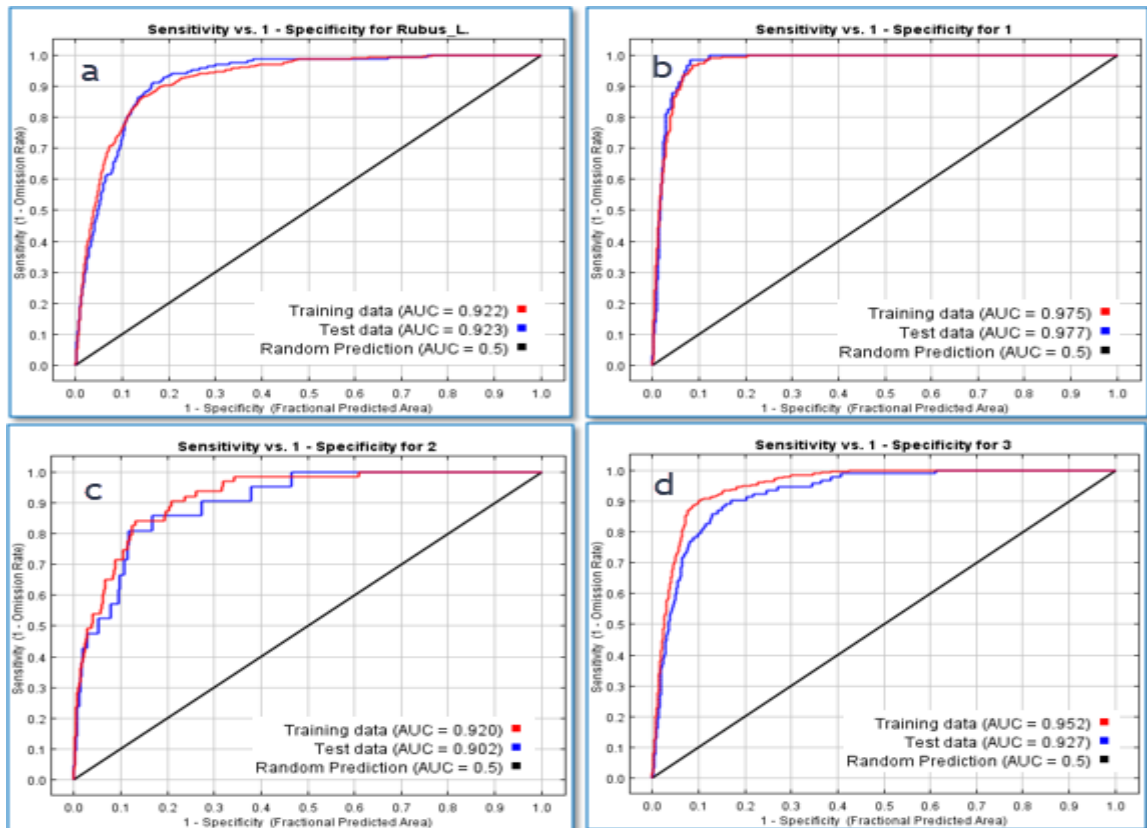


Figura 8. Curvas características operadas por el receptor (ROC) para los datos de entrenamiento y de prueba de cuatro modelos de distribución de *Rubus* L. en México y sus respectivos valores de área bajo la curva (AUC). En el eje x se presenta la especificidad frente a la sensibilidad del modelo en el eje y. a: modelo general de distribución de *Rubus* L., b: modelo de distribución del grupo 1 de *Rubus* L., c: modelo de distribución del grupo 2 de *Rubus* L., d: modelo de distribución del grupo 3 de *Rubus* L.

El buen desempeño del modelo es una indicación de que las variables ambientales clave asociadas con la idoneidad de las especies se han identificado con éxito para el análisis (Evangelista *et al.*, 2011; He *et al.*, 2015). En este estudio, se identificaron la temperatura media del trimestre más cálido (Bio10), la precipitación anual (Bio12) y la temperatura máxima del mes más cálido (Bio5) como las principales variables ambientales asociadas con la distribución general de *Rubus* L. con 35.0, 29.0 y 8.0 % de contribución promedio al modelo, respectivamente (Cuadro 6). Para los modelos de distribución de los tres grupos obtenidos del análisis de conglomerados de *Rubus* L. estas mismas variables también presentaron la mayor contribución al modelo del grupo 3 (Cuadro 6).

Cuadro 6. Variables ambientales usadas en este estudio y su porcentaje de contribución al modelo de distribución de *Rubus* L. en México

Código	Variable ambiental	Modelo general	Modelo grupo 1	Modelo grupo 2	Modelo grupo 3
Bio1	T media anual	1.7	11.4	5.9	6.3
Bio2	Intervalo de T diurna	5.3	0.0	5.4	3.1
Bio3	Isotermalidad	0.5	0.3	2.4	1.9
Bio4	Estacionalidad en la T	0.3	1.8	3.0	2.3
Bio5	T máxima del mes más cálido	8.3	1.8	0.0	15.4
Bio6	T mínima del mes más frío	1.9	5.3	11.9	2.7
Bio7	Intervalo anual de T	1.7	0.0	15.6	0.9
Bio8	T media del trimestre más lluvioso	5.5	0.7	14.5	1.3
Bio9	T media del trimestre más seco	1.1	0.5	2.2	0.9
Bio10	T media del trimestre más cálido	35.0	18.4	3.8	54.0
Bio11	T media del trimestre más frío	0.2	0.1	0.0	0.4
Bio12	P anual	29.0	41.9	0.2	7.6
Bio13	P del mes más lluvioso	0.8	0.2	13.5	0.0
Bio14	P del mes más seco	5.3	15.6	1.0	0.1
Bio15	Estacionalidad en la P	0.8	0.7	0.5	1.2
Bio16	P del trimestre más lluvioso	0.3	0.3	0.8	0.3
Bio17	P del trimestre más seco	2.0	0.0	3.6	1.4
Bio18	P del trimestre más cálido	0.2	0.1	2.3	0.2
Bio19	P del trimestre más frío	0.1	0.6	13.6	0.0

T: temperatura; P: precipitación.

El mayor contraste respecto a las variables que contribuyeron a la generación de los modelos de distribución entre los grupos de *Rubus* L. se encontró en el grupo 2, donde intervalo anual de la temperatura (Bio7), la temperatura media del trimestre más lluvioso (Bio8), la precipitación del trimestre más frío (Bio19) y la precipitación del mes más lluvioso (Bio13) fueron las variables con mayor contribución porcentual al modelo y no coinciden con las variables ambientales que contribuyeron al resto de los modelos, lo que evidenció que este grupo se encuentra en condiciones climáticas contrastantes a los grupos 1 y 3 (Figura 9).

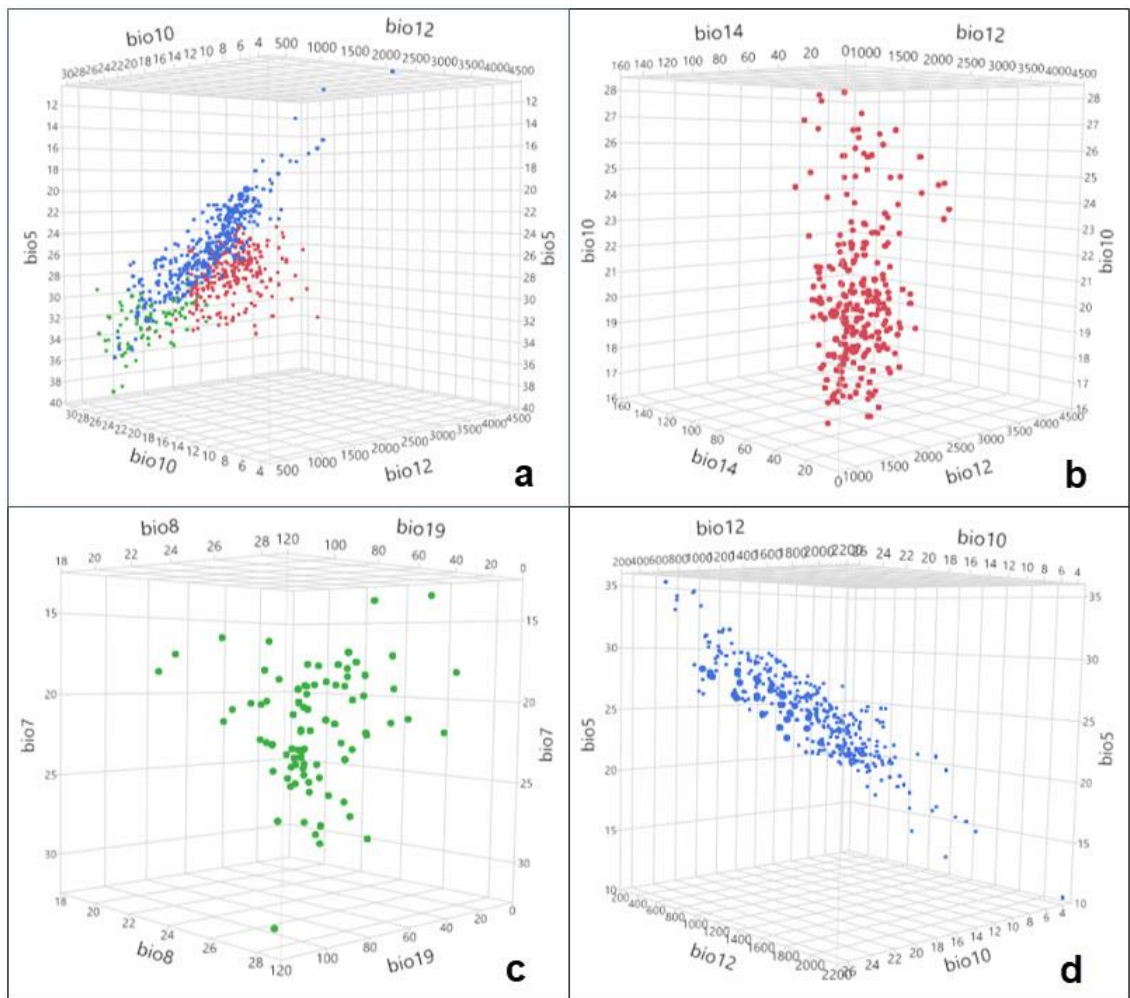


Figura 9. Diagramas de dispersión de las tres variables ambientales con mayor contribución porcentual al modelo de distribución pronosticada de *Rubus* L. en México. Los puntos en color rojo, verde y azul corresponden a los grupos 1, 2 y 3, respectivamente. a: modelo general; b: modelo del grupo 1; c: modelo del grupo 2; d: modelo del grupo 3.

Las variables climáticas como factor abiótico que explica la distribución de *Rubus* L. son muy relevantes ya que contribuyen al conocimiento del área de distribución del género en México, a pesar de que el área de distribución de una especie o grupo de especies es una expresión compleja de su ecología e historia evolutiva (Brown, 1995), determinada por diversos factores bióticos, abióticos, mecanismos de dispersión, y la capacidad evolutiva para adaptarse a nuevas condiciones (Pearson & Dawson, 2003; Soberon & Peterson, 2005), los modelos de distribución climática son una herramienta útil para conocer y ubicar los sitios con condiciones ambientales favorables donde alguna o varias especies de *Rubus* podrían desarrollarse a pesar de que no se encuentren ahí o bien podrían encontrarse pero no han sido reportadas.

3.5.4. Distribución potencial actual pronosticada

Los modelos de distribución de especies y sus mapas de aptitud de hábitat de salida se han utilizado con un éxito relativamente bueno para investigar una gran variedad de temas científicos (Guisan & Thuiller, 2005).

Cuadro 7. Valores de las variables climáticas que presentaron la mayor contribución a los modelos de distribución potencial de *Rubus* L. en México.

Modelo	Variable climática	Valores		
		Mínimo	Máximo	Óptimo
General	Bio10 (°C)	18.6	34.8	18.0 - 20.0
	Bio12 (mm)	500	2250	1200 - 1250
	Bio5 (°C)	20.0	33.9	26.9 - 26.9
Grupo 1	Bio12 (mm)	1250	2460	2000 - 2250
	Bio10 (°C)	17.5	22.0	19.5 - 20.0
	Bio14 (mm)	10.0	67.0	50 - 59
Grupo 2	Bio7 (°C)	16.3	29.0	20.2 - 22.4
	Bio8 (°C)	16.0	23.0	18.0 - 18.9
	Bio19 (°C)	13.0	25.0	18.0 - 21.9
	Bio13 (mm)	252	398	300 - 324
Grupo 3	Bio10 (°C)	10.0	21.8	14.0 - 18.0
	Bio5 (°C)	15.8	31.7	22.5 - 24.9
	Bio12 (mm)	309	1790	1200 - 1290

Bio10: temperatura media del trimestre más cálido; Bio12: precipitación anual; Bio5: temperatura máxima del mes más cálido; Bio14: precipitación del mes más seco; Bio7: amplitud anual de temperatura; Bio8: temperatura media del trimestre más lluvioso; Bio19: precipitación del trimestre más frío; Bio13: precipitación del trimestre más lluvioso.

El modelo de distribución general de *Rubus* L. ubicó los hábitats adecuados para el desarrollo de las especies del género en áreas con temperaturas medias del trimestre más cálido (Bio10) de 18.6 a 34.8 °C; precipitaciones anuales (Bio12) de 500 a 2250 mm y temperaturas máximas del mes más cálido (Bio5) de 20 a 33.9 °C (Cuadro 7). Los hábitats con estas características climáticas se encuentran en la Sierra madre oriental, el eje neovolcánico, la Sierra madre del sur y las sierras de Chiapas y Guatemala en los estados de Veracruz, Hidalgo, Puebla, Estado de México, Michoacán, Guerrero, Oaxaca y Chiapas (Figura 10).

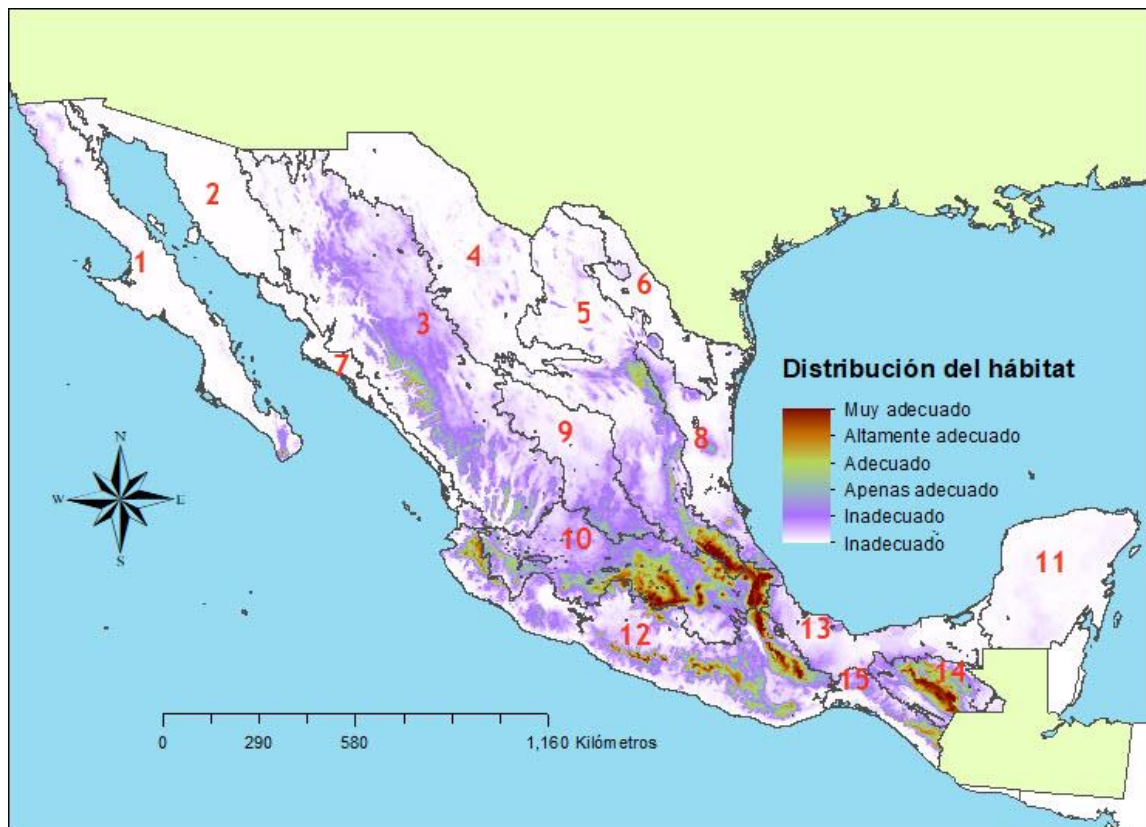


Figura 10. Distribución actual pronosticada para el modelo general de distribución generado por MaxEnt para *Rubus* L. en México. Provincias fisiográficas de México. 1: Península de Baja California; 2: Llanura Sonorense; 3: Sierra madre occidental; 4: Sierras y llanuras del norte; 5: Sierra madre oriental; 6: Grandes llanuras de norteamérica; 7: Llanura costera del pacífico; 8: Llanura costera del golfo norte; 9: Mesa del centro; 10: Eje neovolcánico; 11: Península de Yucatán; 12: Sierra madre del sur; 13: Llanura costera del golfo sur; 14: Sierras de Chiapas y Guatemala; 15: Cordillera centroamericana.

El modelo de distribución del grupo 1 de *Rubus* L. ubicó los hábitats adecuados para el desarrollo de las especies de este grupo en áreas con precipitaciones anuales (Bio12) de 1250 a 2460 mm, temperaturas medias del trimestre más cálido (Bio10) de 17.5 a 22.0 °C y precipitaciones del mes más seco (Bio14) de 10 a 67 mm (Cuadro 7). Los hábitats con estas características climáticas se encuentran en los estados de Veracruz, Hidalgo, Puebla, Oaxaca y Chiapas (Figura 11).

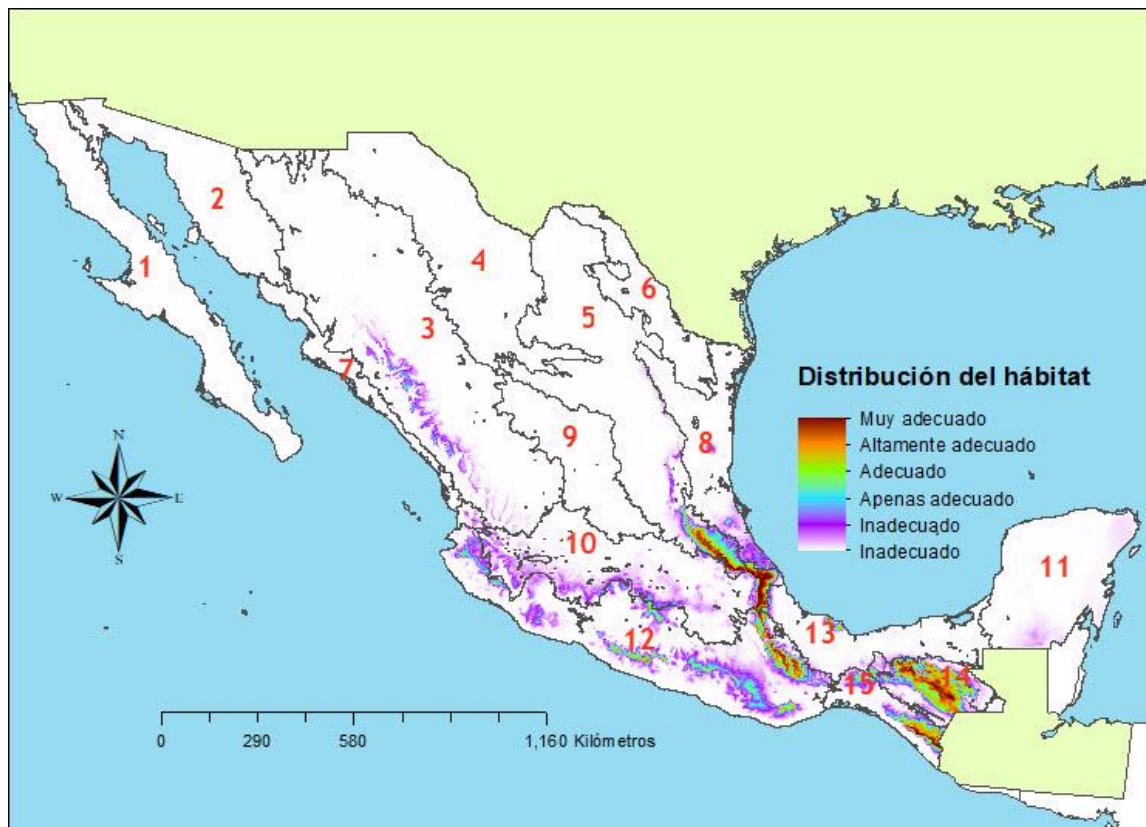


Figura 11. Distribución actual pronosticada para el modelo de distribución generado por MaxEnt para el grupo 1 de *Rubus* L. en México. Provincias fisiográficas de México. 1: Península de Baja California; 2: Llanura Sonorense; 3: Sierra madre occidental; 4: Sierras y llanuras del norte; 5: Sierra madre oriental; 6: Grandes llanuras de norteamérica; 7: Llanura costera del pacífico; 8: Llanura costera del golfo norte; 9: Mesa del centro; 10: Eje neovolcánico; 11: Península de Yucatán; 12: Sierra madre del sur; 13: Llanura costera del golfo sur; 14: Sierras de Chiapas y Guatemala; 15: Cordillera centroamericana.

El modelo de distribución potencial del grupo 2 de *Rubus* L. ubicó los hábitats adecuados para el desarrollo de las especies este grupo en áreas con una intervalo anual de temperatura de 16.3 a 29 °C (Bio7), temperaturas medias del trimestre más lluvioso de 16 a 23 °C (Bio8), precipitaciones del trimestre más frío de 13 a 25 mm (Bio19) y precipitaciones del trimestre más lluvioso de 252 a 398 mm (Bio13) (Cuadro 7). Los hábitats con estas características climáticas se encuentran en los estados de Baja California Sur, Nuevo León, Tamaulipas, San Luis Potosí, Querétaro, Hidalgo, Jalisco, Michoacán, Guerrero, Estado de México, Morelos, Puebla, Oaxaca y Chiapas (Figura 12).

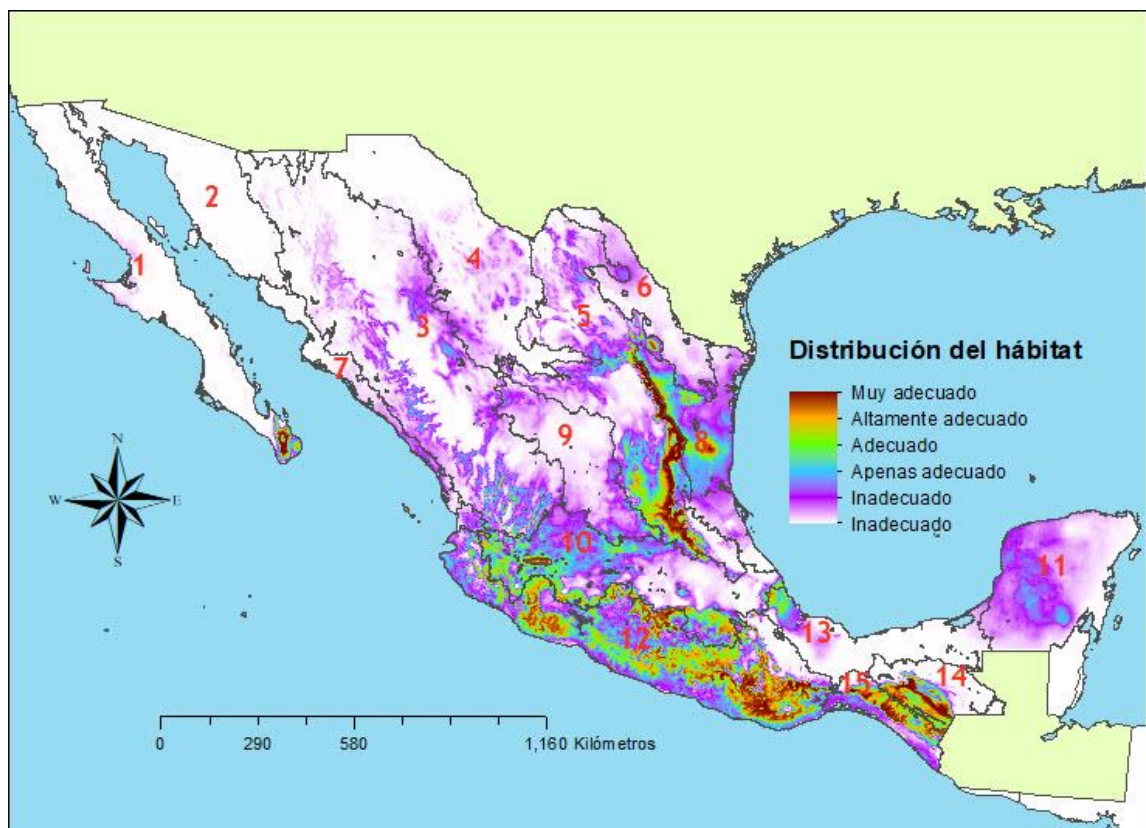


Figura 12. Distribución actual pronosticada para el modelo de distribución generado por MaxEnt para el grupo 2 de *Rubus* L. en México. Provincias fisiográficas de México. 1: Península de Baja California; 2: Llanura Sonorense; 3: Sierra madre occidental; 4: Sierras y llanuras del norte; 5: Sierra madre oriental; 6: Grandes llanuras de norteamérica; 7: Llanura costera del pacífico; 8: Llanura costera del golfo norte; 9: Mesa del centro; 10: Eje neovolcánico; 11: Península de Yucatán; 12: Sierra madre del sur; 13: Llanura costera del golfo sur; 14: Sierras de Chiapas y Guatemala; 15: Cordillera centroamericana.

Para el grupo 3 de *Rubus* L. el modelo de distribución ubicó los hábitats adecuados para el desarrollo de las especies este grupo en áreas con temperaturas medias del trimestre más cálido (Bio10) de 10.0 a 21.8 °C, temperaturas máximas del mes más cálido (Bio5) de 15.8 a 31.7 °C y precipitaciones anuales (Bio12) de 309 a 1790 mm (Cuadro 7). Los hábitats con estas características climáticas se encuentran en los estados de Nuevo León, Michoacán, Estado de México, Hidalgo, Veracruz, Oaxaca y Chiapas (Figura 13).

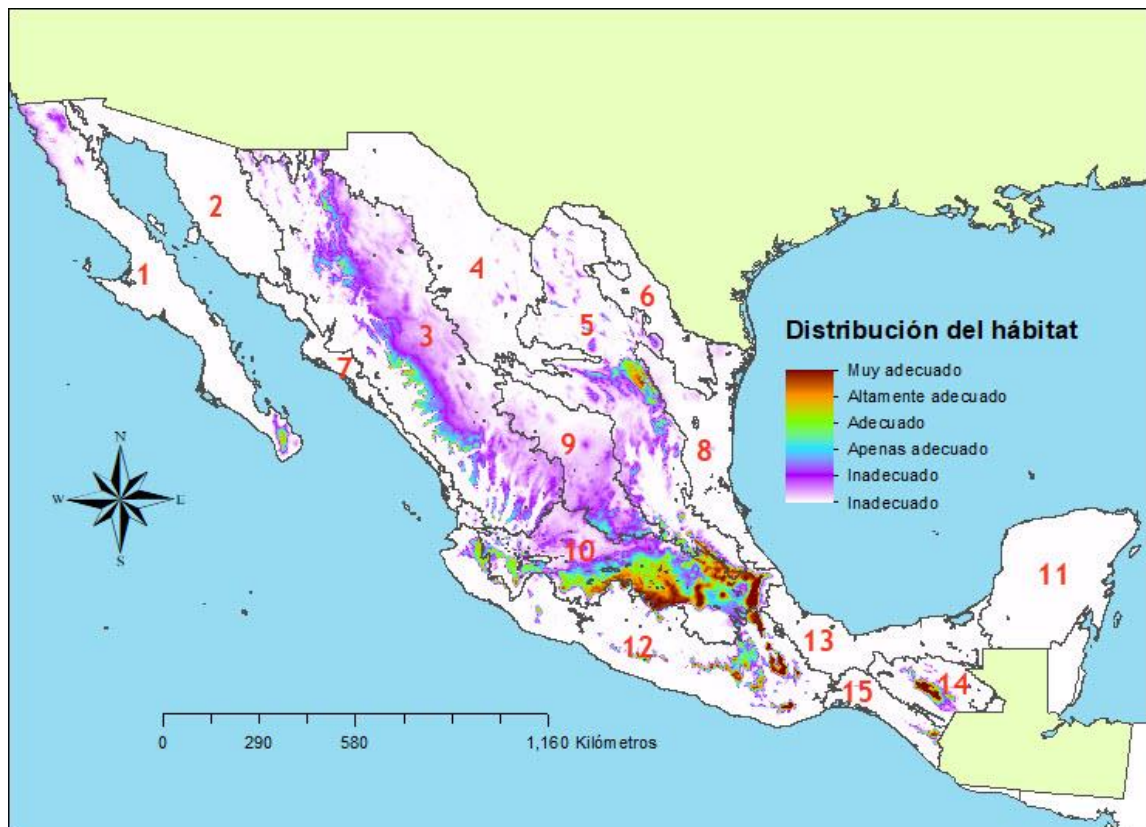


Figura 13. Distribución actual pronosticada para el modelo de distribución generado por MaxEnt para el grupo 3 de *Rubus* L. en México. Provincias fisiográficas de México. 1: Península de Baja California; 2: Llanura Sonorense; 3: Sierra madre occidental; 4: Sierras y llanuras del norte; 5: Sierra madre oriental; 6: Grandes llanuras de norteamérica; 7: Llanura costera del pacífico; 8: Llanura costera del golfo norte; 9: Mesa del centro; 10: Eje neovolcánico; 11: Península de Yucatán; 12: Sierra madre del sur; 13: Llanura costera del golfo sur; 14: Sierras de Chiapas y Guatemala; 15: Cordillera centroamericana.

Los registros de ocurrencia empleados para la modelación del espacio de distribución potencial de *Rubus* L. en México, correspondieron a 53 especies (Cuadro 8). De estas, 12 se desarrollan en los tres grupos climáticos, otras 12 se encuentran dentro de dos grupos climáticos y las 29 especies restantes solo están presentes en un grupo climático. Varias especies de *Rubus* que solo están presentes en un grupo climático se reportan únicamente en México, por lo que se sospecha que podrían ser nativas del país. Segura et al. (2018) reportaron que *R. cymosus* Rydb., *R. abundus* Rydb., *R. adenotrichus* Schlecht., *R. alnifolius* Rydb., *R. eriocarpus* Liebm., *R. fagifolius* Cham. et Schtldl., *R. glaucus* Berzth., *R. humistratus* Steud., *R. leucodermis* Douglas ex Torr. et Gray, *R. macrogongylus* Focke sinónimo de *R. coriifolius* Liebm., *R. macvaughianus* Rzed. et Calderón, *R. nelsonii* Rydb., *R. neomexicanus* Gray, *R. oligospermus* Sudre, *R. palmeri* Rydb., *R. parviflorus* Nutt., *R. philyrophyllus* Rydb., *R. scandens* Liebm., *R. schiedeanus* Steud., *R. trichomallus* Schlecht., *R. pringlei* Rydb., *R. pumilus* Focke, *R. sapidus* Schlecht., *R. strigosus* Michx., *R. trilobus* Ser., *R. uhdeanus* Focke, *R. veraecrucis* Rydb., *R. urticifolius* Poir. y *R. ursinus* Cham. et Schtldl son especies nativas de México que producen frutos comestibles, y de ellas solo se cultivan *R. glaucus* Berzth. y *R. humistratus* Steud. (Segura et al., 2018). Otras especies nativas de *Rubus* L. son *R. liebmannii* Focke (Jiménez-Arellanes et al., 2012), *R. caudatisepalus* Calderón (Rzedowski & Calderón, 2001), *R. aboriginum* Rydb., *R. arizonensis* Focke, *R. flagellaris* Willd., *R. hadrocarpus* Standl. & Steyer., *R. miser* Liebm., *R. pseudofagifolius* Huan C.Wang, *Rubus sierrae* Laferr, *R. trivialis* Michx. y *R. vulcanicola* (Donn. Sm.) Rydb. (Villaseñor, 2016). Al menos 40 especies de *Rubus* L. son nativas de México (Segura et al., 2018; Jiménez-Arellanes et al., 2012; Rzedowski & Calderón, 2001; Villaseñor, 2016), este estudio consideró 53 especies con datos de ocurrencia georreferenciados, sin embargo, existen especies reportadas que no cuentan con esta información actualmente y la predicción de nichos ecológicos podría ser una herramienta útil que ofrece mayores posibilidades de obtener poblaciones no exploradas aun en los hábitats previstos por los modelos de distribución potencial de *Rubus* L. en México.

Las modelaciones de nichos ecológicos se han empleado como herramienta para la exploración de nuevas poblaciones o especies vegetales en varios estudios (Chhetri & Badola, 2017; Yuan *et al.*, 2015), a pesar de que múltiples factores, como las barreras geográficas y las actividades humanas, afectan las distribuciones reales de las especies (Guisan & Zimmermann, 2000; Broennimann *et al.*, 2007), la necesidad de generar modelos para predecir su distribución nunca ha sido mayor, considerando los beneficios que pueden proveer para la planificación de la exploración, colecta, caracterización, y conservación de germoplasma, además de estudios de biodiversidad y biogeografía (Merow *et al.*, 2013).

Cuadro 8. Especies de *Rubus* L. con ocurrencias registradas en México y su clasificación acorde al análisis de agrupación climática.

Grupo 1	Grupo 2	Grupo 3
<i>R. × alsaticus</i> Sudre; <i>R. × oligospermus</i> Sudre; <i>R. adenotrichus</i> Schltdl.; <i>R. arizonicus</i> (Greene) Rydb.; <i>R. coriifolius</i> Liebm.; <i>R. fagifolius</i> Cham. & Schltdl.; <i>R. floribundus</i> Kunt; <i>R. glaucus</i> Benth.; <i>R. hadrocarpus</i> Standl. & Steyerf.; <i>R. humistratus</i> Steud.; <i>R. irasuensis</i> Liebm.; <i>R. liebmanni</i> Focke; <i>R. miser</i> Liebm.; <i>R. nelsonii</i> Rydb.; <i>R. palmeri</i> Rydb.; <i>R. philyrophyllus</i> Rydb.; <i>R. pringlei</i> Rydb.; <i>R. sapidus</i> Schltdl.; <i>R. scandens</i> Liebm.; <i>R. trichomallus</i> Schltdl. <i>R. trilobus</i> Ser.; <i>R. trivialis</i> Michx.; <i>R. urticifolius</i> Poir.; <i>R. veraecrucis</i> Rydb.	<i>R. × alsaticus</i> Sudre; <i>R. adenotrichus</i> Schltdl.; <i>R. arizonensis</i> Focke; <i>R. caudatisepalus</i> Calderon; <i>R. × alsaticus</i> Sudre; <i>R. coriifolius</i> Liebm.; <i>R. eriocarpus</i> Liebm.; <i>R. flagellaris</i> Willd.; <i>R. hispidus</i> L.; <i>R. humistratus</i> Steud.; <i>R. idaeus</i> L.; <i>R. idaeus</i> subsp. <i>strigosus</i> (Michx.) Focke; <i>R. indicus</i> Thunb.; <i>R. liebmanni</i> Focke; <i>R. miser</i> Liebm.; <i>R. nelsonii</i> Rydb.; <i>R. oligospermus</i> Thornber ex Rydb.; <i>R. palmeri</i> Rydb.; <i>R. pringlei</i> Rydb.; <i>R. sapidus</i> Schltdl.; <i>R. schiedeanus</i> Steud.; <i>R. trilobus</i> Ser.; <i>R. trivialis</i> Michx.; <i>R. urticifolius</i> Poir.; <i>R. veraecrucis</i> Rydb.	<i>R. × alsaticus</i> Sudre; <i>R. × oligospermus</i> Sudre; <i>R. × trilobatus</i> Kupcsok; <i>R. aboriginum</i> Rydb.; <i>R. adenotrichus</i> Schltdl.; <i>R. apogaeus</i> L.H. Bailey; <i>R. arizonensis</i> Focke; <i>R. caudatisepalus</i> Calderon; <i>R. coriifolius</i> Liebm.; <i>R. corylifolius</i> Sm.; <i>R. cymosus</i> Rydb.; <i>R. deliciosus</i> Torr.; <i>R. eriocarpus</i> Liebm.; <i>R. fagifolius</i> Cham. & Schltdl.; <i>R. flagellaris</i> Willd.; <i>R. glaucus</i> Benth.; <i>R. hadrocarpus</i> Standl. & Steyerf.; <i>R. humistratus</i> Steud.; <i>R. idaeus</i> L.; <i>R. idaeus</i> subsp. <i>strigosus</i> (Michx.) Focke; <i>R. irasuensis</i> Liebm.; <i>R. leucodermis</i> ; Douglas ex Torr. & A. Gray; <i>R. liebmanni</i> Focke; <i>R. macvaughianus</i> Rzed. & Calderon; <i>R. malvaceus</i> Focke; <i>R. nelsonii</i> Rydb.; <i>R. neomexicanus</i> A. Gray; <i>R. occidentalis</i> L.; <i>R. palmeri</i> Rydb.; <i>R. parviflorus</i> Nutt.; <i>R. pedatus</i> Sm.; <i>R. philyrophyllus</i> Rydb.; <i>R. pringlei</i> Rydb.; <i>R. pumilus</i> Focke; <i>R. rosifolius</i> Sm.; <i>R. sapidus</i> Schltdl.; <i>R. schiedeanus</i> Steud.; <i>R. sierrae</i> Laferr.; <i>R. spectabilis</i> Pursh; <i>R. trilobus</i> Ser.; <i>R. trivialis</i> Michx.; <i>R. ursinus</i> Cham. & Schltdl.; <i>R. urticifolius</i> Poir.; <i>R. veraecrucis</i> Rydb.; <i>R. vitifolius</i> Cham. & Schltdl.

3.6. Conclusiones

Los datos de ocurrencia de 53 especies de *Rubus* L. en México se agruparon en tres grupos climáticos. El grupo 3 contuvo más del 54 % de la diversidad de especies, mientras que los grupos 1 y 2 contuvieron el 22.64 % de la diversidad, respectivamente.

Los hábitats con mayor probabilidad de distribución actual pronosticada del género *Rubus* L. en México acorde el modelo de predicción de máxima entropía (MaxEnt) se localizan en las zonas montañosas de la Sierra madre oriental, el eje neovolcánico, la Sierra madre del sur y las sierras de Chiapas y Guatemala en los estados de Veracruz, Hidalgo, Puebla, México, Michoacán, Guerrero, Oaxaca y Chiapas en zonas boscosas de encino, pino, pino-encino, oyamel, bosques mesófilos de montaña y con menor frecuencia en matorrales, pastizales y selvas.

Se identificaron la temperatura media del trimestre más cálido (Bio10), la precipitación anual (Bio12) y la temperatura máxima del mes más cálido (Bio5) como las principales variables ambientales asociadas con la distribución general de *Rubus* L.

3.7. Literatura citada

- Alanís, A. D., Calzada, F., Cedillo-Rivera, R., & Meckes, M. (2003). Antiprotozoal activity of the constituents of *Rubus coriifolius*. *Phytotherapy Research*, 17(6), 681-682. doi:10.1002/ptr.1150
- Alcántara, A. O., & Luna, V. I. (2001). Análisis florístico de dos áreas con bosque mesófilo de montaña en el estado de Hidalgo, México: Eloxochitlán y Tlahuelompa. *Acta Botanica Mexicana*, 54, 51-87.
- Amsellem, L., Noyer, J. L., & Hossaert-McKey, M. (2001). Evidence for a switch in the reproductive biology of *Rubus alceifolius* (Rosaceae) towards apomixis, between its native range and its area of introduction. *American Journal of Botany*, 88(12), 2243-2251. doi:10.2307/3558386
- Amsellem, L., Noyer, J. L., Le Bourgeois, T., & Hossaert-McKey, M. (2000). Comparison of genetic diversity of the invasive weed *Rubus alceifolius* Poir. (Rosaceae) in its native range and in areas of introduction, using amplified fragment length polymorphism (AFLP) markers. *Molecular Ecology*, 9(4), 443-455. doi:10.1046/j.1365-294x.2000.00876.x

- Baines, D., & Seal, R. (2012). *Natural food additives, ingredients and flavourings*. Cambridge: Elsevier.
- Baret, S., Maurice, S., Le Bourgeois, T., & Strasberg, D. (2004). Altitudinal variation in fertility and vegetative growth in the invasive plant *Rubus alceifolius* Poiret (Rosaceae), on Réunion island. *Plant Ecology*, 172(2), 265-273. doi:10.1023/B:VEGE.0000026345.67250.d2
- Bautista R., G., Segura Ledezma, S. D., Izquierdo, S. C., Torres, T. C., Medina, J. L., Gutiérrez Espinosa, M. A., ... & Valenzuela Núñez, L. M. (2018). Poliploidía en zarzamoras silvestres (*Rubus* spp L.). *Nova Scientia*, 10(21), 1-16.
- Broennimann, O., Treier, U. A., Müller-Schärer, H., Thuiller, W., Peterson, A. T., & Guisan, A. (2007). Evidence of climatic niche shift during biological invasion. *Ecology Letters*, 10(8), 701-709. doi:10.1111/j.1461-0248.2007.01060.x
- Brown, J. H. (1995). *Macroecology*. Chicago: University of Chicago Press.
- Chhetri, B., & Badola, H. K. (2017). Predicting suitable habitats for the vulnerable species, *Rhododendron niveum* Hook. f.(Ericaceae) in eastern Himalaya. *NeBIO*, 8(3), 139-146
- CONABIO. (2015). REMIB Red mundial de información sobre biodiversidad. En línea: http://www.conabio.gob.mx/remib/doctos/remib_esp.html
- Cuevas-Rodríguez, E. O., Dia, V. P., Yousef, G. G., García-Saucedo, P. A., López-Medina, J., Paredes-López, O., ... & Lila, M. A. (2010a). Inhibition of pro-inflammatory responses and antioxidant capacity of Mexican blackberry (*Rubus* spp.) extracts. *Journal of Agricultural and Food Chemistry*, 58(17), 9542-9548. doi:10.1021/jf102590p
- Cuevas-Rodríguez, E. O., Yousef, G. G., García-Saucedo, P. A., López-Medina, J., Paredes-López, O., & Lila, M. A. (2010b). Characterization of anthocyanins and proanthocyanidins in wild and domesticated Mexican blackberries (*Rubus* spp.). *Journal of Agricultural and Food Chemistry*, 58(12), 7458-7464. doi:10.1021/jf101485r
- Elith, J., Graham, C. H., Anderson, R. P., Dudík, M., Ferrier, S., Guisan, A., ... & Li, J. (2006). Novel methods improve prediction of species' distributions from occurrence data. *Ecography*, 29(2), 129-151. doi:10.1111/j.2006.0906-7590.04596.x
- Elith, J., & Leathwick, J. R. (2009). Species distribution models: ecological explanation and prediction across space and time. *Annual Review of Ecology, Evolution, and Systematics*, 40, 677-697 doi:10.1146/annurev.ecolsys.110308.120159
- Elith, J., Phillips, S. J., Hastie, T., Dudík, M., Chee, Y. E., & Yates, C. J. (2011). A statistical explanation of MaxEnt for ecologists. *Diversity and Distributions*, 17(1), 43-57. doi:10.1111/j.1472-4642.2010.00725.x

- ESRI, E. (2014). *ArcMap 10.2*. Environmental Systems Research Institute, Inc., Redlands, California: Redlands.
- Evangelista, P. H., Kumar, S., Stohlgren, T. J., & Young, N. E. (2011). Assessing forest vulnerability and the potential distribution of pine beetles under current and future climate scenarios in the Interior West of the US. *Forest Ecology and Management*, 262(3), 307-316. doi:10.1016/j.foreco.2011.03.036
- Ferrier, S. (2002). Mapping spatial pattern in biodiversity for regional conservation planning: where to from here?. *Systematic Biology*, 51(2), 331-363. doi:10.1080/10635150252899806
- Ferrier, S., Watson, G., Pearce, J., & Drielsma, M. (2002). Extended statistical approaches to modelling spatial pattern in biodiversity in northeast New South Wales. I. Species-level modelling. *Biodiversity & Conservation*, 11(12), 2275-2307. doi:10.1023/A:1021302930424
- García, E. (1990). *Climas. Atlas Nacional de México*. Vol. II. Carta V.4.10. Distrito Federal: Instituto de Geografía, UNAM.
- Global Biodiversity Information Facility (GBIF Secretariat). (2017). *Rubus* L. GBIF Backbone Taxonomy. doi:10.15468/39omei
- Graham, J., & Brennan, R. (2018). Introduction to the *Rubus* genus. In J. Graham & R. Brennan (Eds.) *Raspberry* (pp. 1–16). Basel: Springer Cham. doi:10.1007/978-3-319-99031-6
- Graham, C. H., Ferrier, S., Huettman, F., Moritz, C., & Peterson, A. T. (2004). New developments in museum-based informatics and applications in biodiversity analysis. *Trends in Ecology & Evolution*, 19(9), 497-503. doi:10.1016/j.tree.2004.07.006
- Guisan, A., & Thuiller, W. (2005). Predicting species distribution: offering more than simple habitat models. *Ecology Letters*, 8(9), 993-1009. doi:10.1111/j.1461-0248.2005.00792.x
- Guisan, A., & Zimmermann, N. E. (2000). Predictive habitat distribution models in ecology. *Ecological Modelling*, 135(2-3), 147-186. doi:10.1016/S0304-3800(00)00354-9
- Hall, H. K. (1990). Blackberry breeding. *Plant Breeding Reviews*, 8, 249–312.
- Halvorsen, R., Mazzoni, S., Bryn, A., & Bakkestuen, V. (2015). Opportunities for improved distribution modelling practice via a strict maximum likelihood interpretation of MaxEnt. *Ecography*, 38(2), 172-183. doi:10.1111/ecog.00565 doi:10.1002/joc.1276
- Harmer, R., Kiewitt, A., Morgan, G., & Gill, R. (2010). Does the development of bramble (*Rubus fruticosus* L. agg.) facilitate the growth and establishment of tree seedlings in woodlands by reducing deer browsing damage?. *Forestry*, 83(1), 93-102. doi:10.1093/forestry/cpp032

- He, K. S., Bradley, B. A., Cord, A. F., Rocchini, D., Tuanmu, M. N., Schmidtlein, S., ... & Pettorelli, N. (2015). Will remote sensing shape the next generation of species distribution models?. *Remote Sensing in Ecology and Conservation*, 1(1), 4-18. doi:10.1002/rse2.7
- Hijmans, R. J., Cameron, S. E., Parra, J. L., Jones, P. G., & Jarvis, A. (2005). Very high resolution interpolated climate surfaces for global land areas. *International Journal of Climatology*, 25(15), 1965-1978. doi:10.1002/joc.1276
- Hummer, K. E. (1996). *Rubus* diversity. *HortScience*, 31(2), 182-183.
- INEGI (Instituto Nacional de Estadística, Geografía e Informática). (2005). Conjunto de datos vectoriales de la carta de uso del suelo y vegetación: escala 1: 250 000. Serie III. (continuo nacional). Instituto Nacional de Estadística, Geografía e Informática. México.
- Innis, A. F., Forseth, I. N., Whigham, D. F., & McCormick, M. K. (2011). Genetic diversity in the invasive *Rubus phoenicolasius* as compared to the native *Rubus argutus* using inter-simple sequence repeat (ISSR) markers. *Biological Invasions*, 13(8), 1735-1738. doi:10.1007/s10530-011-0012-0
- Jiménez-Arellanes, A., Cornejo-Garrido, J., Rojas-Bribiesca, G., Nicasio-Torres, M. D. P., Said-Fernández, S., Mata-Cárdenas, B. D., ... & Meckes-Fischer, M. (2012). Microbiological and pharmacological evaluation of the micropropagated *Rubus liebmannii* medicinal plant. *Evidence-Based Complementary and Alternative Medicine*, 2012. doi:10.1155/2012/503031
- Kozak, K. H., Graham, C. H., & Wiens, J. J. (2008). Integrating GIS-based environmental data into evolutionary biology. *Trends in Ecology & Evolution*, 23(3), 141-148. doi:10.1016/j.tree.2008.02.001
- Kumar, S., & Stohlgren, T. J. (2009). Maxent modeling for predicting suitable habitat for threatened and endangered tree *Canacomyrica monticola* in New Caledonia. *Journal of Ecology and the Natural Environment*, 1(4), 094-098.
- Latif, Q. S., Saab, V. A., Mellen-Mclean, K., & Dudley, J. G. (2015). Evaluating habitat suitability models for nesting white-headed woodpeckers in unburned forest. *The Journal of Wildlife Management*, 79(2), 263-273. doi:10.1002/jwmg.842
- Martínez-Cruz, N. D. S., Arévalo-Niño, K., Verde-Star, M. J., Rivas-Morales, C., Oranday-Cardenas, A., Núñez-González, M. A., & Morales-Rubio, M. (2011). Antocianinas y actividad anti radicales libres de *Rubus adenotrichus* Schltdl (zarzamora). *Revista Mexicana de Ciencias Farmacéuticas*, 42(4), 66-71.
- Merow, C., Smith, M. J., & Silander Jr, J. A. (2013). A practical guide to MaxEnt for modeling species' distributions: what it does, and why inputs and settings matter. *Ecography*, 36(10), 1058-1069. doi:10.1111/j.1600-0587.2013.07872.x

- Ndlovu, P., Mutanga, O., Sibanda, M., Odindi, J., & Rushworth, I. (2018). Modelling potential distribution of bramble (*Rubus cuneifolius*) using topographic, bioclimatic and remotely sensed data in the KwaZulu-Natal Drakensberg, South Africa. *Applied Geography*, 99, 54-62. doi:10.1016/j.apgeog.2018.07.025
- Ponce-Vargas, A., Luna-Vega, I., Alcántara-Ayala, O., & Ruiz-Jiménez, C. A. (2006). Florística del bosque mesófilo de montaña de Monte Grande, Lolotla, Hidalgo, México. *Revista Mexicana de Biodiversidad*, 77(2), 177-190.
- Pearson, R. G., & Dawson, T. P. (2003). Predicting the impacts of climate change on the distribution of species: are bioclimate envelope models useful?. *Global Ecology and Biogeography*, 12(5), 361-371. doi:10.1046/j.1466-822X.2003.00042.x
- Pearson, R. G., Raxworthy, C. J., Nakamura, M., & Townsend Peterson, A. (2007). Predicting species distributions from small numbers of occurrence records: a test case using cryptic geckos in Madagascar. *Journal of Biogeography*, 34(1), 102-117. doi:10.1111/j.1365-2699.2006.01594.x
- Peterson, A. T., Soberón, J., Pearson, R. G., Anderson, R. P., Martínez-Meyer, E., Nakamura, M., & Araújo, M. B. (2011). *Ecological niches and geographic distributions (MPB-49)* (Vol. 56). Princeton University Press.
- Phillips, S. J. (2005). *A brief tutorial on Maxent*. New Jersey: AT&T Research, Princeton University.
- Phillips, S. J. (2008). Transferability, sample selection bias and background data in presence-only modelling: a response to Peterson *et al.* (2007). *Ecography*, 31(2), 272-278. doi:10.1111/j.0906-7590.2008.5378.x
- Phillips, S. J., Anderson, R. P., & Schapire, R. E. (2006). Maximum entropy modeling of species geographic distributions. *Ecological Modelling*, 190(3-4), 231-259. doi:10.1016/j.ecolmodel.2005.03.026
- Randell, R. A., Howarth, D. G., & Morden, C. W. (2004). Genetic analysis of natural hybrids between endemic and alien *Rubus* (Rosaceae) species in Hawaii. *Conservation Genetics*, 5(2), 217-230. doi:10.1023/B:COGE.0000030006.30410.5d
- Rebelo, H., & Jones, G. (2010). Ground validation of presence-only modelling with rare species: a case study on barbastelles *Barbastella barbastellus* (Chiroptera: Vespertilionidae). *Journal of Applied Ecology*, 47(2), 410-420. doi:10.1111/j.1365-2664.2009.01765.x
- Rentería, J. L., Gardener, M. R., Panetta, F. D., Atkinson, R., & Crawley, M. J. (2012). Possible impacts of the invasive plant *Rubus niveus* on the native vegetation of the Scalesia forest in the Galapagos Islands. *PLoS One*, 7(10), e48106. doi:10.1371/journal.pone.0048106

- Reveal, J. L. (2014). Lexicon of infrageneric names in *Rubus* (Rosaceae: Rubeae). *Kew Bulletin*, 69(3), 9524. doi:10.1007/s12225-014-9524-y
- Rinnhofer, L. J., Roura-Pascual, N., Arthofer, W., Dejaco, T., Thaler-Knoflach, B., Wachter, G. A., ... & Schlick-Steiner, B. C. (2012). Iterative species distribution modelling and ground validation in endemism research: an Alpine jumping bristletail example. *Biodiversity and Conservation*, 21(11), 2845-2863. doi:10.1007/s10531-012-0341-z
- Rushton, S. P., S. J. Ormerod, and G. Kerby. "New paradigms for modelling species distributions?." *Journal of Applied Ecology* 41.2 (2004): 193-200. doi:10.1111/j.0021-8901.2004.00903.x
- Rzedowski, J. & Calderón, G. (2001). *Flora fanerogámica del Valle de México*. Pátzcuaro, Michoacán: Instituto de Ecología, A.C. y Comisión Nacional para el Conocimiento y Uso de la Biodiversidad. 975 pp.
- Rzedowski, J. & Calderón, G. (2005). Rosaceae. *Flora del Bajío y de Regiones Adyacentes*, 1, 135-163.
- Sall, J., Lehman, A., Stephens, M. L., & Creighton, L. (2012). *JMP start statistics: a guide to statistics and data analysis using JMP*. Cary: Sas Institute Inc.
- Schreiner, M., Bauer, E. M., & Kollmann, J. (2000). Reducing predation of conifer seeds by clear-cutting *Rubus fruticosus* agg. in two montane forest stands. *Forest Ecology and Management*, 126(3), 281-290. doi:10.1016/S0378-1127(99)00100-0
- Segura, S., Rebollar-Alviter, A., Boyzo-Marín, J., Hernández-Bello, M., & López-Medina, J. (2012). Genetic resources of blackberry wild species in Michoacán, Mexico. *Acta Horticulturae*, 946, 107-112. doi:10.1007/s10722-018-0652-3
- Segura, S., Fresnedo, J., Mathuriau, C., López, J., Andrés, J., & Muratalla, A. (2018). The edible fruit species in Mexico. *Genetic Resources and Crop Evolution*, 65(6), 1767-1793. doi:10.1007/s10722-018-0652-3
- Skirvin, R. M., Motoike, S., Coyner, M., & Norton, M. A. (2005). *Rubus* spp. cane fruit. *Biotechnology of Fruit and Nut Crops*, 29, 566–582.
- Soberon, J., & Peterson, A. T. (2005). Interpretation of models of fundamental ecological niches and species' distributional areas. *Biodiversity Informatics*, 2, 1-10. doi:10.17161/bi.v2i0.4
- Villaseñor, J. L. (2016). Checklist of the native vascular plants of Mexico. *Revista Mexicana de Biodiversidad*, 87(3), 559–902. doi:10.1016/j.rmb.2016.06.017
- Wei-Lin, L., Wen-Long, W., & Zhi-Dong, Z. (2002). The utilization value and potential of Chinese bramble (*Rubus* L.). *Acta Horticulturae*, 585, 133-138. doi: 10.17660/ActaHortic.2002.585.18

- Williams, J. N., Seo, C., Thorne, J., Nelson, J. K., Erwin, S., O'Brien, J. M., & Schwartz, M. W. (2009). Using species distribution models to predict new occurrences for rare plants. *Diversity and Distributions*, 15(4), 565-576. doi:10.1111/j.1472-4642.2009.00567.x
- Wisz, M. S., Hijmans, R. J., Li, J., Peterson, A. T., Graham, C. H., Guisan, A., & NCEAS Predicting Species Distributions Working Group. (2008). Effects of sample size on the performance of species distribution models. *Diversity and Distributions*, 14(5), 763-773. doi:10.1111/j.1472-4642.2008.00482.x
- Yang, X. Q., Kushwaha, S. P. S., Saran, S., Xu, J., & Roy, P. S. (2013). Maxent modeling for predicting the potential distribution of medicinal plant, *Justicia adhatoda* L. in Lesser Himalayan foothills. *Ecological Engineering*, 51, 83-87. doi:10.1016/j.ecoleng.2012.12.004
- Yuan, H. S., Wei, Y. L., & Wang, X. G. (2015). Maxent modeling for predicting the potential distribution of Sanghuang, an important group of medicinal fungi in China. *Fungal Ecology*, 17, 140-145. doi:10.1016/j.funeco.2015.06.001
- Zia-Ul-Haq, M., Riaz, M., De Feo, V., Jaafar, H. Z., & Moga, M. (2014). *Rubus fruticosus* L.: constituents, biological activities and health related uses. *Molecules*, 19(8), 10998-11029. doi:10.3390/molecules190810998

4. CARACTERIZACIÓN MORFOLÓGICA DE UNA COLECCIÓN DE *Rubus* spp. MEDIANTE DESCRIPTORES VEGETATIVOS

4.1. Resumen

México es un país con más de 50 especies de *Rubus* L. reportadas, aunque se tienen identificadas algunas especies de este género que producen frutos comestibles, los estudios de los recursos de fitogenéticos de frambuesas y zarzamoras silvestres mexicanas son escasos. En el presente estudio, 23 accesiones de este género fueron colectadas en los estados de Chiapas, Hidalgo, México y Veracruz. Las accesiones fueron evaluadas utilizando 44 características morfológicas. La mayoría de los rasgos mostraron un alto grado de variabilidad, el número de espinas por entrenudo (Espinass_N), el número de espinas en el peciólulo (Peciólulo_Es), el número de espinas en el pecíolo (Pecíolo_Es), la longitud de la base de las espinas (Espinass_LB), la forma general de la lámina del folíolo terminal (FolíoloT_F), el número de espinas en la vena del envés de la hoja (Hoja_Es), la longitud del peciólulo central (Peciólulo_L), y la longitud de espinas (Espinass_L) presentaron los mayores coeficientes de variación. Además, se encontró una considerable variabilidad entre accesiones para longitud del folíolo lateral (FolíoloL_L), anchura del folíolo lateral (FolíoloL_A), longitud del folíolo central (FolíoloC_L), longitud del peciólulo (Peciólulo_L), número de espinas por entrenudo (Espinass_N), longitud del tallo (Tallo_L), y número de espinas en el pecíolo (Pecíolo_Es). Sobre la base del análisis de componentes principales (ACP), se obtuvieron tres componentes significativos que explicaron el 68.12 % de la variación total entre las accesiones. El análisis agrupación mostró una gran variabilidad entre las accesiones de la colección e indicó que las plantas estudiadas pueden ser una fuente genética rica para un programa de mejoramiento.

Palabras clave: frambuesa, zarzamora, recursos fitogenéticos, variabilidad.

4.2. Abstract

Mexico is a country with more than 50 *Rubus* L. reported species, although some species of this genus that produce edible fruits have been identified, studies of the genetic resources of wild raspberries and wild blackberries are scarce. In the present study, 23 accessions of this genus were collected in the States of Chiapas, Hidalgo, Mexico, and Veracruz. The accessions were evaluated using 44 morphological characters. Most traits showed a high degree of variability, the number of spines per internode (Espinas_N), the number of spines on the petiolule (Pecíolulo_Es), the number of spines on the petiole (Pecíolo_Es), the length of the base of the thorns (Espinas_LB), the general form of the terminal leaflet (FolíoloT_F), the number of thorns in the rib of the underside of the leaf (Hoja_Es), the length of the central petiolule (Pecíolulo_L), and the length of spines (Espinas_L) presented the highest variation coefficients. In addition, a considerable variability was found between accessions for lateral leaflet length (FolíoloL_L), lateral leaflet width (FolíoloL_A), central leaflet length (FolíoloC_L), petiolule length (Pecíolulo_L), number of spines per internode (Espinas_N), length of stem (Tallo_L), and petiole number of spines (Pecíolo_Es). Based on the principal component analysis, three significant components were obtained that explained 68.12% of the total variation among the accessions. The cluster analysis showed high variability between the memberships of the collection and indicated that the plants studied could be a rich genetic source for a breeding program.

Keywords: raspberry, blackberry, genetic resources, variability.

4.3. Introducción

La Rosaceae es una familia del orden Rosales, que comprende aproximadamente 3000 especies divididas en 88 géneros y cuatro subfamilias circunscritas clásicamente (Maloideae, Amygdaloideae, Rosoideae, Spiraeoideae) que se han descrito sobre la base de la evidencia conjunta de números de cromosomas y tipos de frutos (Morgan *et al.*, 1994; Potter *et al.*, 2002; Kalkman, 2004; Potter *et al.*, 2007). Roseceae es una de las familias más importantes económicamente, con muchas especies cultivadas por sus frutos o como ornamentales (Morgan *et al.*, 1994). Las especies frutales perennes cultivadas se concentran en la subfamilia Rosoideae, además de las rosas (género *Rosa*) Rosoideae presenta especies de notable importancia económica como: fresas (*Fragaria x ananassa* y *Fragaria vesca*), frambuesa roja (*Rubus idaeus*), zarzamora (por ejemplo, *Rubus laciniatus*) e híbridos como la zarzamora roja (*Rubus x loganobaccus*) (Sobczyk, 2018).

Las frambuesas, zarzamoras e híbridos pertenecen al género *Rubus* L., un género altamente heterocigoto, con individuos que varían de diploides hasta dodecaploides entre sus al menos 700 especies (Graham & Brennan, 2018), que son taxonómicamente controvertidas debido a su diversidad morfológica, hibridación generalizada, poliploidización (60 % de las especies) y apomixis (Jennings, 1988; Meng & Finn, 2002; Vamosi & Dickinson, 2006; Evans *et al.*, 2007; Wang *et al.*, 2010). De los 12 subgéneros en los que se dividió *Rubus* en 1914 por Focke (Hummer, 1996; Jennings, 1988) solo tres contienen la mayor parte de la diversidad de especies; *Eubatus* Focke (= *Rubus* L., 132 especies), *Idaeobatus* (117 especies), *Malachobatus* (115 especies); los otros nueve subgéneros (*Anoplobatus*, *Chamaebatus*, *Chamaemorus*, *Comaropsis*, *Cylactis*, *Dalibarda*, *Dalibardastrum*, *Lampobatus* y *Orobatus*) contienen menos de 20 especies, cada uno (Alice & Campbell, 1999; Morden *et al.*, 2003; Wang *et al.*, 2016).

La riqueza en las zonas climáticas en México alberga varios ecosistemas, y se identifica a México como el quinto país de mega biodiversidad con ecosistemas únicos, y su territorio tiene muchos recursos fitogenéticos (Watanabe, 2018). En el caso específico de *Rubus* L. se reporta la presencia de al menos 50 especies en territorio mexicano (GBIF Secretariat, 2017), de las cuales solo algunas como *Rubus idaeus* L. y *Rubus smithii* Rydb. fueron introducidas para la producción de fruta, mientras que el resto son consideradas nativas, y solo se llegan a cultivar *Rubus glaucus* Berzth. y *Rubus humistratus* Steud. (Segura *et al.*, 2018), aunque la mayoría de las especies nativas de *Rubus* L. de México produce frutos comestibles (Segura *et al.*, 2018) y algunas se emplean también con fines medicinales (Alanís *et al.*, 2003; Jiménez-Arellanes *et al.*, 2012) estas no se aprovechan de manera comercial.

Al igual que en otros cultivos, la domesticación de las zarzas ha limitado la diversidad genética a genotipos útiles, adaptados a las necesidades humanas, así como a las condiciones locales de cultivo. La pérdida de las poblaciones en sus áreas de distribución implica la desaparición de la variabilidad genética en una población (Brush, 1999). Para prevenir la vulnerabilidad genética de zarzamora y frambuesa es preciso recolectar, preservar y examinar su germoplasma silvestre. Los recursos fitogenéticos proporcionan la base para el desarrollo del conocimiento en una variedad de campos científicos y son la base para el desarrollo de productos comerciales importantes (Jefferson *et al.*, 2018). La valorización de los recursos genéticos de especies frutales implica la investigación genética, la valoración eficaz del germoplasma y conservación de estas especies (Segura *et al.*, 2009).

En este estudio, se llevaron a cabo algunas exploraciones de germoplasma de *Rubus* L. en México para recolectar variantes locales de frambuesa y zarzamora presentes en el área, con el objetivo de multiplicarlas y establecerlas *ex situ* para investigar su variabilidad morfológica utilizando descriptores vegetativos.

4.4. Materiales y métodos

4.4.1. Material vegetal

Se estudiaron un total de 21 accesiones de *Rubus* L. silvestres de los estados de Chiapas, Veracruz, Hidalgo, México y 2 accesiones cultivadas, correspondientes a las variedades 'Autumn Bliss' y 'Tupy'. Las áreas estudiadas tienen una gran diversidad de plantas de *Rubus*, por lo que estas regiones se seleccionaron según la presencia y la diversidad potencial de *Rubus* L. Las accesiones se identificaron mediante claves. Los datos geográficos de los sitios de colecta de los ejemplares se muestran en el Cuadro 9.

Cuadro 9. Datos geográficos de las accesiones de *Rubus* L. colectadas.

Accesión	Sitio de colecta	Localización geográfica		Altitud (m)	Identificación
		Latitud (N)	Longitud (O)		
1	ND	ND	ND	ND	CH1
2	Zinacantán	16.743639	-92.7967889	1991	CH2
3	Zinacantán	16.743528	-92.7966667	1998	CH3
4	Zinacantán	16.742978	-92.7960750	2049	CH4
5	ND	ND	ND	ND	CH5
6	Huixtán	16.740889	-92.4844722	2395	CH6
7	Huixtán	16.714244	-92.4987590	2542	CH7
8	Huixtán	16.715082	-92.4989500	2536	CH8
9	Teopisca	16.593000	-92.5138611	2110	CH9
10	Huixtán	16.724806	-92.4851389	2386	CH10
11	Tenejapa	16.780000	-92.5100000	2389	CH11
12	Zinacantán	16.743944	-92.7967500	1997	CH12
13	ND	ND	ND	ND	CH13
14	Acambay	19.963806	-99.7772778	2801	EMX1
15	Acambay	19.965972	-99.7955833	2871	EMX2
16	Timilpan	19.872903	-99.7299083	2808	EMX3
17	San Agustín Metzquititlán	20.580500	-98.5715278	1978	H1
18	San Agustín Metzquititlán	20.580583	-98.5711108	1975	H2
19	Rafael Lucio	19.605444	-96.9811944	1740	V1
20	Xico	19.456556	-97.0632497	1860	V2
21	Rafael Lucio	19.600639	-96.9829444	1758	V3
22	Texcoco	19.490364	-98.8734590	2268	EMX4
23	Texcoco	19.490343	-98.8734700	2268	EMX5

ND = no disponible.

Las accesiones colectadas se multiplicaron mediante estacas de tallo y se establecieron cinco ejemplares de cada una durante el mes de octubre de 2017 en un lote del Campo Agrícola Experimental de la Universidad Autónoma Chapingo, localizado a 19.49995° de latitud norte y -98.879477° de longitud oeste a una altitud de 2258 m. El clima de la región es templado subhúmedo con un porcentaje de precipitación invernal inferior a 5 %, con poca oscilación térmica y marcha diaria de la temperatura tipo Ganges (García, 2005). El suelo del lote es franco arcillo limoso con pH de 7, contenido de materia orgánica de 2 %, y 0.1 % de nitrógeno total; su contenido de fósforo (Olsen) es de 13.54 mg·kg⁻¹; su conductividad eléctrica es 0.48 ds·m⁻¹; la humedad del suelo a capacidad de campo es de 22.3 % y a punto de marchitez permanente de 11.8 % (Ramos, 2000). Una vez establecidas en campo, las accesiones fueron fertilizadas con 20 g de fertilizante de liberación lenta (Plantacote® Pluss 8M), el suministro de agua durante la temporada seca se realizó mediante un sistema de riego por goteo y las malezas se controlaron de forma manual.

4.4.2. Evaluación morfológica

De cada accesión se tuvieron cinco repeticiones y de cada repetición se midieron 47 características morfológicas de tallo y hoja, que incluyeron 25 atributos cuantitativos (Cuadro 10) y 22 atributos cualitativos (Cuadro 12). Las mediciones de los rasgos morfológicos se realizaron directamente en campo e indirectamente mediante el análisis de imágenes con el programa ImageJ (<http://rsb.info.nih.gov/ij/>). De cada planta se midieron tres brotes típicos y sanos durante los meses de agosto a octubre de 2018 y de cada brote se tomaron tres mediciones u observaciones para cada descriptor que fueron promediadas para cada brote. Los descriptores cuantitativos evaluados directamente en campo se midieron con un flexómetro graduado Truper® FC-3M y un calibrador digital Steren® HER-411. Además, se evaluaron los rasgos cualitativos según la calificación, puntuación y codificación del Cuadro 11.

Cuadro 10. Descriptores morfológicos cuantitativos evaluados para 23 accesiones de *Rubus* L.

Núm.	Descriptor	Abreviatura	Medición
1	Longitud del tallo	Tallo_L	Directa
2	Diámetro del tallo	Tallo_D	Directa
3	Número de entrenudos del tallo	Tallo_E	Directa
4	Longitud de entrenudos	Entrenudos_L	Directa
5	Número de espinas por entrenudo	Espinas_N	Directa
6	Longitud de espinas	Espinas_L	Indirecta
7	Longitud de la base de las espinas	Espinas_LB	Indirecta
8	Longitud de las yemas de madera	Yemas_L	Indirecta
9	Ángulo de inserción de las espinas	Espinas_Ang	Indirecta
10	Longitud de la hoja	Hoja_L	Indirecta
11	Anchura de la hoja	Hoja_A	Indirecta
12	Relación largo/ancho de la hoja	Hoja_L/A	Indirecta
13	Ángulo de inserción de la hoja	Hoja_Ang	Indirecta
14	Número de espinas en la vena del envés de la hoja	Hoja_Es	Directa
15	Longitud del pecíolo	Pecíolo_L	Indirecta
16	Número de espinas en el pecíolo	Pecíolo_Es	Directa
17	Longitud del peciólulo central	Peciólulo_L	Indirecta
18	Número de espinas en el peciólulo	Peciólulo_Es	Directa
19	Longitud del folíolo lateral	FolíoloL_L	Indirecta
20	Anchura del folíolo lateral	FolíoloL_A	Indirecta
21	Número de nervaduras primarias del folíolo lateral	FolíoloL_Ne	Directa
22	Longitud del folíolo central	FolíoloC_L	Indirecta
23	Anchura del folíolo central	FolíoloC_A	Indirecta
24	Número de nervaduras primarias del folíolo central	FolíoloC_Ne	Directa
25	Longitud de las estípulas	Estípulas_L	Indirecta

Las mediciones indirectas se realizaron mediante el análisis de Imágenes, capturadas con una cámara digital Canon® EOS Rebel T6, para cada carácter se promediaron las observaciones de 15 mediciones u observaciones y para el caso de los caracteres de naturaleza cuantitativa por cada medición se calibró el programa ImajeJ usando una escala métrica en cm.

Cuadro 11. Descripción de los rasgos cualitativos utilizados para la caracterización morfológica de accesiones de *Rubus* L.

Núm.	Descriptor	Código y estado					
		1	2	3	4	5	6
26	Hábito	Suberecto	Arqueado	Arqueado-decumbente	Decumbente	-	-
27	Tallo_F	Redondo	Acanalado	-	-	-	-
28	Tallo_P	Presente	Ausente	-	-	-	-
29	Tallo_Pa	Presente	Ausente	-	-	-	-
30	Espinas_P	Presente	Ausente	-	-	-	-
31	YemasM_L	Corta	Media	Larga	-	-	-
32	Tallo_Pu	Presente	Ausente	-	-	-	-
33	Tallo_Tr	Sin tricomas	Simple	Con glándulas	-	-	-
34	Cerosidad_T	Presente	Ausente	-	-	-	-
35	Esp_F	Rectas e inclinadas	Moderadamente curvadas	Curvadas	Falciformes	En forma de punzón	Sin espinas
36	Hoja_Tip	Simple	Trifoliada	Pinaticompuesta	Palamaticompuesta		-
37	Pecíolo_P	Presente	Ausente	-			-
38	FolíoloT_F	Trifoliada	Ovada	Circular	Rómbica	Obovada	Elíptica
39	Hoja_Mar	Entero	Serrulado	Aserrado	Doblemente aserrado	Dentado	-
40	Hoja_Ph	Presente	Ausente	-	-	-	-
41	Hoja_Pe	Presente	Ausente	-	-	-	-
42	Hoja_Tex	Suave	Semidura	Dura	Muy dura	-	-
43	Hoja_Ap	Agudo	Acuminado	Caudado	Aristado	-	-
44	Hoja_Tor	Presente	Ausente	-	-	-	-
45	Hoja_Rug	Débil	Media	Fuerte	-	-	-
46	Hoja_Rel	Hundido	Intermedio	Elevado	-	-	-
47	Hoja_Po	Sin folíolos	Libres	En contacto	Solapados	-	-

Cuadro 12. Descriptores morfológicos cualitativos evaluados para 23 accesiones de *Rubus* L.

Núm.	Descriptor	Abreviatura	Medición
26	Hábito de crecimiento	Hábito	Directa
27	Forma del tallo	Tallo_F	Directa
28	Pigmentación antociánica del tallo	Tallo_P	Directa
29	Pigmentación antociánica del ápice	Tallo_Pa	Directa
30	Pigmentación de las espinas	Espinas_P	Directa
31	Longitud de las yemas de madera	YemasM_L	Directa
32	Pubescencia del tallo	Tallo_Pu	Directa
33	Tipo de tricomas del tallo	Tallo_Tr	Directa
34	Cerosidad del tallo	Cerosidad_T	Directa
35	Forma de las espinas del tallo	Esp_F	Directa
36	Tipo de la hoja	Hoja_Tip	Directa
37	Pigmentación de la base del pecíolo	Pecíolo_P	Directa
38	Forma general de la lámina del folíolo terminal	FolíoloT_F	Directa
39	Margen	Hoja_Mar	Directa
40	Pubescencia en el haz	Hoja_Ph	Directa
41	Pubescencia en el envés	Hoja_Pe	Directa
42	Textura de la hoja	Hoja_Tex	Directa
43	Forma del ápice	Hoja_Ap	Directa
44	Torsión	Hoja_Tor	Directa
45	Rugosidad	Hoja_Rug	Directa
46	Relieve de la venación de la superficie	Hoja_Rel	Directa
47	Posición relativa de los folíolos	Hoja_Po	Directa

4.4.3. Análisis estadístico

Para los descriptores morfológicos se evaluaron los siguientes parámetros: media, valor mínimo, valor máximo, desviación estándar (SD) y coeficiente de variación (CV, %). Los coeficientes de variación (CV) se determinaron como indicadores de variabilidad. Los datos de las accesiones fueron analizados mediante un análisis de componentes principales (ACP) utilizando el programa estadístico JMP® (Sall *et al.*, 2012). Los valores medios de cada descriptor se utilizaron para crear una matriz de correlación a partir de la cual se extrajeron las puntuaciones de los componentes principales (CP) estandarizados.

Para evitar los efectos debidos a las diferencias de escala, la media de cada descriptor se estandarizó antes de los análisis de conglomerados utilizando los valores *z*. El ACP se utilizó para identificar los patrones de variación de los descriptores morfológicos cuantitativos dentro de la colección de germoplasma de *Rubus* spp. y para estudiar la correlación entre las mediciones e interpretar las relaciones entre los genotipos como una herramienta para la caracterización del germoplasma.

Para comprender mejor los patrones de variación entre las accesiones, las matrices de distancia generadas a partir de rasgos morfológicos cuantitativos y cualitativos se utilizaron como datos de entrada para ejecutar un análisis de agrupamiento. Los coeficientes de distancia morfológica se calcularon según el método de Euclides usando el programa SIMINT y los dendrogramas se construyeron a través del programa de agrupamiento de SAHN usando el método de grupo de pares no ponderados con medias aritméticas (UPGMA) de NTSYS-pc versión 2.10 (Rohlf, 2000).

4.5. Resultados y discusión

4.5.1. Estadísticos descriptivos

El valor del coeficiente de variación (CV; %) puede indicar la capacidad de diferenciar entre genotipos basándose en los rasgos morfológicos de las accesiones. Los descriptores con un CV más bajo pueden ser más consistentes entre los genotipos, mientras que los rasgos con valores de CV superiores al 20 % pueden ser marcadores confiables para diferenciar genotipos y son más discriminatorios (Khadivi-Khub & Etemadi-Khah, 2014). En el presente estudio, 40 de 47 de las características medidas (85 % de los rasgos) en 23 accesiones de *Rubus* spp. colectadas en los estados de Chiapas, México, Hidalgo y Veracruz mostraron CV mayores al 20 %, lo que indica grandes diferencias entre los genotipos estudiados (Cuadro 13).

El número de espinas por entrenudo (Espinass_N), el número de espinas en el peciólulo (Peciólulo_Es), el número de espinas en el pecíolo (Pecíolo_Es), la longitud de la base de las espinas (Espinass_LB), la forma general de la lámina del folíolo terminal (FolíoloT_F), el número de espinas en la vena del envés de la hoja (Hoja_Es), la longitud del peciólulo central (Peciólulo_L), y la longitud de espinas (Espinass_L) mostraron la mayor variabilidad entre las accesiones de *Rubus* spp. estudiadas, mientras que en la pigmentación de las espinas (Espinass_P), pigmentación de la base del pecíolo (Pecíolo_P), pubescencia en el haz (Hoja_Ph), pubescencia en el envés (Hoja_Pe) y relieve de la venación de la superficie (Hoja_Rel), no se registró variación alguna entre las accesiones (Cuadro 13).

Cuadro 13. Valores mínimos, máximos, medios, desviaciones estándar y coeficientes de variación de los rasgos morfológicos en las accesiones estudiados en 23 accesiones de *Rubus* L.

Núm.	Descriptor	Unidad	Máx.	Min.	Media	SD	CV (%)
1	Tallo_L	cm	159.4	77.9	109.3	27.3	25.0
2	Tallo_D	cm	8.4	3.1	4.6	1.3	28.1
3	Tallo_E	Número	35.1	14.1	22.3	6.4	28.6
4	Entrenudos_L	cm	12.0	3.2	5.9	1.9	31.6
5	Espinass_N	Número	121.5	0.0	19.6	23.5	119.8
6	Espinass_L	mm	3.6	0.0	1.6	0.8	51.5
7	Espinass_LB	mm	4.6	0.0	1.6	1.1	70.1
8	Yemas_L	mm	4.7	0.5	1.9	0.9	45.4
9	Espinass_Ang	G°	128.5	0.0	114.3	25.5	22.3
10	Hoja_L	cm	26.8	9.3	14.8	4.7	31.6
11	Hoja_A	cm	22.2	7.0	12.3	4.3	34.8
12	Hoja_L/A	Proporción	1.9	1.0	1.2	0.2	15.5
13	Hoja_Ang	G°	95.5	45.3	63.0	13.3	21.2
14	Hoja_Es	Número	64.3	0.0	27.1	14.6	53.7
15	Pecíolo_L	cm	11.7	3.1	5.6	2.4	43.1
16	Pecíolo_Es	Número	62.3	0.0	15.0	11.1	74.2
17	Peciólulo_L	cm	4.3	0.0	2.0	1.0	51.9
18	Peciólulo_Es	Número	27.3	0.0	6.5	5.4	83.2
19	FolíoloL_L	cm	11.5	0.0	5.8	2.3	39.0
20	FolíoloL_A	cm	6.3	0.0	3.2	1.2	37.7
21	FolíoloL_Ne	Número	30.0	0.0	18.7	6.0	32.2
22	FolíoloC_L	cm	14.2	0.0	7.0	2.6	37.0

Continuación Cuadro 13.

Núm.	Descriptor	Unidad	Máx.	Min.	Media	SD	CV(%)
23	FolíoloC_A	cm	8.4	0.0	4.1	1.5	36.9
24	FolíoloC_Ne	Número	35.1	0.0	21.6	7.0	32.4
25	Estipulas_L	mm	15.0	3.1	7.3	2.9	40.2
26	Hábito	Código	4.0	1.0	2.6	1.0	38.7
27	Tallo_F	Código	2.0	1.0	1.4	0.5	35.3
28	Tallo_P	Código	2.0	1.0	1.1	0.3	26.5
29	Tallo_Pa	Código	2.0	1.0	1.4	0.5	35.9
30	Espinas_P	Código	1.0	1.0	1.0	0.0	0.0
31	YemasM_L	Código	3.0	1.0	2.5	0.6	23.5
32	Tallo_Pu	Código	2.0	1.0	1.5	0.5	34.6
33	Tallo_Tr	Código	3.0	1.0	1.6	0.6	37.7
34	Cerosidad_T	Código	2.0	1.0	1.4	0.5	35.3
35	Esp_F	Código	6.0	1.0	2.7	1.2	42.9
36	Hoja_Tip	Código	4.0	1.0	2.3	0.8	33.2
37	Pecíolo_P	Código	1.0	1.0	1.0	0.0	0.0
38	FolíoloT_F	Código	5.0	1.0	2.8	1.7	59.3
39	Hoja_Mar	Código	4.0	3.0	3.8	0.4	10.1
40	Hoja_Ph	Código	1.0	1.0	1.0	0.0	0.0
41	Hoja_Pe	Código	1.0	1.0	1.0	0.0	0.0
42	Hoja_Tex	Código	3.0	1.0	1.8	0.7	35.6
43	Hoja_Ap	Código	4.0	1.0	3.1	0.9	29.4
44	Hoja_Tor	Código	2.0	1.0	1.1	0.3	26.5
45	Hoja_Rug	Código	3.0	1.0	2.3	0.7	30.5
46	Hoja_Rel	Código	1.0	1.0	1.0	0.0	0.0
47	Hoja_Po	Código	4.0	1.0	2.1	0.5	24.7

Cm: centímetros; mm: milímetros; G°: grados.

En la práctica, el CV puede tomar cualquier valor por encima de 0 y tal como señalan Solanas *et al.* (2005), es habitual que no pase de 100, valores por encima pondrían de manifiesto una dispersión excepcionalmente alta en los datos. Este fenómeno ocurrió al registrar el CV del descriptor número de espinas del entrenudo (Espinas_N; 119.8 %) debido a que la accesión CH12 (Chiapas 12); no presenta espinas y la accesión T2 (Frambuesa 'Autumn Bliss') tuvo 125.5 espinas por entrenudo. En ese caso, la fuente de variabilidad de los datos se debe a la naturaleza del germoplasma y se descarta que pueda existir algún tipo de error o sesgo en la toma de los datos que diera lugar a una dispersión tan elevada.

4.5.2. Análisis de correlación simple

Los descriptores evaluados miden la cantidad de variabilidad fenotípica de las 23 accesiones de *Rubus* spp., dicha variabilidad incluye diferentes componentes genotípicos, ambientales y la interacción del genotipo por el ambiente (Jukanti *et al.*, 2015). Se construyó una matriz de correlación entre cada par de características cuantitativas, aquellas con los mayores coeficientes de correlación se presentan (Cuadro 14). Se observó que 33 coeficientes fueron altamente significativos ($P \leq 0.001$) mostrando la existencia de correlaciones significativas positivas entre los descriptores morfológicos evaluados.

Se consideró que los coeficientes >0.80 corresponden a asociaciones que representan patrones naturales de variación. La mayor correlación se observó entre la longitud del folíolo central (FolíoloC_L) y la longitud del folíolo lateral (FolíoloL_L), con un valor de $r = 0.98$. El ancho del folíolo central (FolíoloC_A) fue el descriptor con el mayor número de correlaciones con otros descriptores. Se encontró una correlación positiva de FolíoloC_A con la longitud del folíolo lateral (FolíoloL_L; $r = 0.98$), el ancho de la hoja (Hoja_A; $r = 0.89$), la longitud del peciólulo (Peciólulo_L; $r = 0.87$), y la longitud del pecíolo (Pecíolo_L; $r = 0.77$) (Cuadro 14).

La longitud de la hoja (Hoja_L) se correlacionó positivamente con el ancho de la hoja ($r = 0.93$) y la longitud del pecíolo ($r = 0.89$). Las altas correlaciones positivas entre los rasgos relacionados con la hoja indicaron que una mayor expansión de la hoja conduce a un crecimiento aéreo más fuerte (Khadivi-Khub & Anjam, 2014). Esta correlación podría considerarse como una relación adecuada para mejorar materiales para ambientes secos donde un crecimiento rápido y fuerte es necesario al comienzo de la estación de crecimiento para inducir y mantener el vigor apropiado en los brotes (Nikoumanesh *et al.*, 2011).

Cuadro 14. Coeficientes de correlación simple altamente significativas en la caracterización de 23 accesiones de germoplasma de *Rubus* L. colectadas en México.

Variable	Por variable	Coeficiente de correlación (r)	Prob. de significación
Espinas_LB	Espinas_L	0.92	<.0001***
FolíoloC_A	FolíoloC_L	0.97	<.0001***
FolíoloC_A	FolíoloL_A	0.96	<.0001***
FolíoloC_A	FolíoloL_L	0.95	<.0001***
FolíoloC_A	Pecíolulo_L	0.84	<.0001***
FolíoloC_A	Hoja_L	0.83	<.0001***
FolíoloC_A	Hoja_A	0.82	<.0001***
FolíoloC_L	FolíoloL_L	0.98	<.0001***
FolíoloC_L	FolíoloL_A	0.96	<.0001***
FolíoloC_L	Hoja_A	0.85	<.0001***
FolíoloC_L	Pecíolulo_L	0.84	<.0001***
FolíoloC_L	Hoja_L	0.83	<.0001***
FolíoloC_Ne	FolíoloL_Ne	0.98	<.0001***
FolíoloL_A	FolíoloL_L	0.98	<.0001***
FolíoloL_A	Hoja_A	0.89	<.0001***
FolíoloL_A	Pecíolulo_L	0.87	<.0001***
FolíoloL_A	Hoja_L	0.86	<.0001***
FolíoloL_A	Pecíolo_L	0.77	<.0001***
FolíoloL_L	Hoja_A	0.92	<.0001***
FolíoloL_L	Pecíolulo_L	0.88	<.0001***
FolíoloL_L	Hoja_L	0.87	<.0001***
FolíoloL_L	Pecíolo_L	0.79	<.0001***
Hoja_A	Hoja_L	0.93	<.0001***
Pecíolo_Es	Espinas_N	0.95	<.0001***
Pecíolo_Es	Hoja_Es	0.74	<.0001***
Pecíolo_L	Hoja_L	0.89	<.0001***
Pecíolo_L	Hoja_A	0.86	<.0001***
Pecíolulo_Es	Pecíolo_Es	0.90	<.0001***
Pecíolulo_Es	Espinas_N	0.79	<.0001***
Pecíolulo_L	Hoja_L	0.93	<.0001***
Pecíolulo_L	Hoja_A	0.92	<.0001***
Pecíolulo_L	Pecíolo_L	0.83	<.0001***
Yemas_L	Espinas_LB	0.73	<.0001***

La variabilidad genética es esencial para tener éxito en el fitomejoramiento (Valcárcel *et al.*, 2018) y esta diversidad se puede medir a través de los descriptores utilizados para realizar la caracterización morfológica. La incorporación de nuevas fuentes de germoplasma a los programas de mejoramiento ayuda a solucionar múltiples problemáticas, a adaptarse a los cambios en los sistemas de producción y de negocios del mercado internacional, a desarrollar cultivos completamente nuevos, como las zarzas que fructifican en primocañas, y los frutos para mercados en los que demandan alimentos de gran valor nutracéuticos (Wei-Lin *et al.*, 2002).

4.5.3. Análisis de componentes principales

El análisis de componentes principales (ACP), se utilizó para identificar los rasgos más significativos en el conjunto de datos. El objetivo del análisis de componentes principales fue determinar el número de factores principales para reducir el número de parámetros efectivos a fin de diferenciar a las accesiones. Las asociaciones entre rasgos enfatizados por este método pueden corresponder a un vínculo genético entre los loci que los controlan o a un efecto pleiotrópico (Iezzoni & Pritts, 1991; Rakonjac *et al.*, 2010).

El análisis de componentes principales basado en descriptores fenotípicos estandarizados se realizó utilizando rasgos cuantitativos. Los primeros tres componentes principales (CP) del ACP representaron el 75.63 % de la variación total observada (Cuadro 15). El primer componente (CP1) contribuyó con más del 40 % de la varianza total explicada, mientras que la distribución de coeficientes de correlación indicó que los rasgos que más contribuyeron (valores superiores a 0.70) con dicho componente fueron la longitud del folíolo lateral (FolíoloL_L), la anchura del folíolo lateral (FolíoloL_A), la longitud del folíolo central (FolíoloC_L), la longitud del peciólulo (Peciólulo_L), la anchura del folíolo central (FolíoloC_A), la anchura de la hoja (Hoja_A), la longitud de la hoja (Hoja_L), la longitud del pecíolo (Pecíolo_L) y el número de espinas del folíolo lateral (FolíoloL_Ne).

Estos resultados concuerdan con las observaciones de un estudio realizado en Colombia para caracterizar fenotípicamente 147 accesiones de *Rubus* L. (Cancino-Escalante *et al.*, 2011), quienes encontraron que los descriptores cuantitativos que permitieron diferenciar las especies y discriminarlas por grupos mediante el ACP fueron: el largo y el ancho de los folíolos tanto laterales como centrales.

Cuadro 15. Valores propios y proporción de la varianza explicada en el análisis de los componentes principales en la caracterización de 23 accesiones de *Rubus* L. colectadas en México.

Componente principal	Valor propio	Proporción de la varianza explicada	
		Absoluta (%)	Acumulada
CP1	10.5353	42.141	42.141
CP2	4.0781	16.312	58.453
CP3	2.4187	9.675	68.128
CP4	1.8765	7.506	75.634
CP5	1.5947	6.379	82.013
CP6	1.1655	4.662	86.675
CP7	0.9025	3.610	90.285
CP8	0.6739	2.696	92.981
CP9	0.5473	2.189	95.170
CP10	0.3424	1.370	96.539
CP11	0.2533	1.013	97.552
CP12	0.2301	0.920	98.473
CP13	0.1308	0.523	98.996
CP14	0.0934	0.374	99.369
CP15	0.0783	0.313	99.683
CP16	0.0312	0.125	99.808
CP17	0.0246	0.099	99.906
CP18	0.0102	0.041	99.947
CP19	0.0063	0.025	99.972
CP20	0.0033	0.013	99.986
CP21	0.0031	0.013	99.998
CP22	0.0005	0.002	100
Σ	25	100.00	-

Σ = sumatoria; CP = Componente principal.

El grado de relación entre las accesiones se puede aproximar con el ACP (Iezzoni & Pritts, 1991). En este caso, el análisis reveló dos grupos de accesiones morfológicamente similares cuando se grafican contra los primeros dos CP. Las accesiones dentro de un grupo probablemente se relacionan genéticamente (Adams, 1977), y esta información se puede utilizar además de caracterizar la colección de accesiones, en decisiones de mejoramiento para explotar el vigor híbrido o minimizar la depresión por endogamia (Isleib & Wynne, 1983).

Cuadro 16. Correlación entre los descriptores morfológicos y los primeros tres componentes principales en la caracterización de 23 accesiones de germoplasma de *Rubus* L.

Descriptores	CP1	CP2	CP3
Tallo_L	0.25	0.77**	0.41
Tallo_D	0.43	-0.01	0.70**
Tallo_E	-0.36	0.66	0.27
Entrenudos_L	0.47	-0.24	-0.22
Espinas_N	0.25	0.79**	-0.29
Espinas_L	0.54	-0.55	-0.37
Espinas_LB	0.58	-0.61	-0.16
Yemas_L	0.39	-0.44	-0.21
Espinas_Ang	0.62	0.02	-0.24
Hoja_L	0.86**	-0.10	0.39
Hoja_A	0.89**	-0.08	0.14
Hoja_L/A	-0.34	0.03	0.70**
Hoja_Ang	0.23	-0.05	-0.27
Hoja_Es	0.58	0.62	-0.14
Pecíolo_L	0.82**	-0.27	0.22
Pecíolo_Es	0.43	0.73**	-0.35
Pecíolulo_L	0.92**	-0.06	0.22
Pecíolulo_Es	0.45	0.66	-0.32
FolíoloL_L	0.96**	-0.01	0.05
FolíoloL_A	0.94**	-0.02	0.05
FolíoloL_Ne	0.77**	0.04	0.08
FolíoloC_L	0.92**	0.05	0.05
FolíoloC_A	0.89**	0.06	0.11
FolíoloC_Ne	0.71	0.10	0.15
Estípulas_L	-0.46	-0.20	0.40
Σ^2 = valor propio	10.54	4.08	2.42

** = Estadísticamente significativo a $P \leq 0.001$.

Los resultados anteriores indican que el CP1 permitió distinguir las accesiones que tienen folíolos largos y anchos y que registran igualmente valores altos de longitud del pecíolo y numerosas espigas en el folíolo lateral.

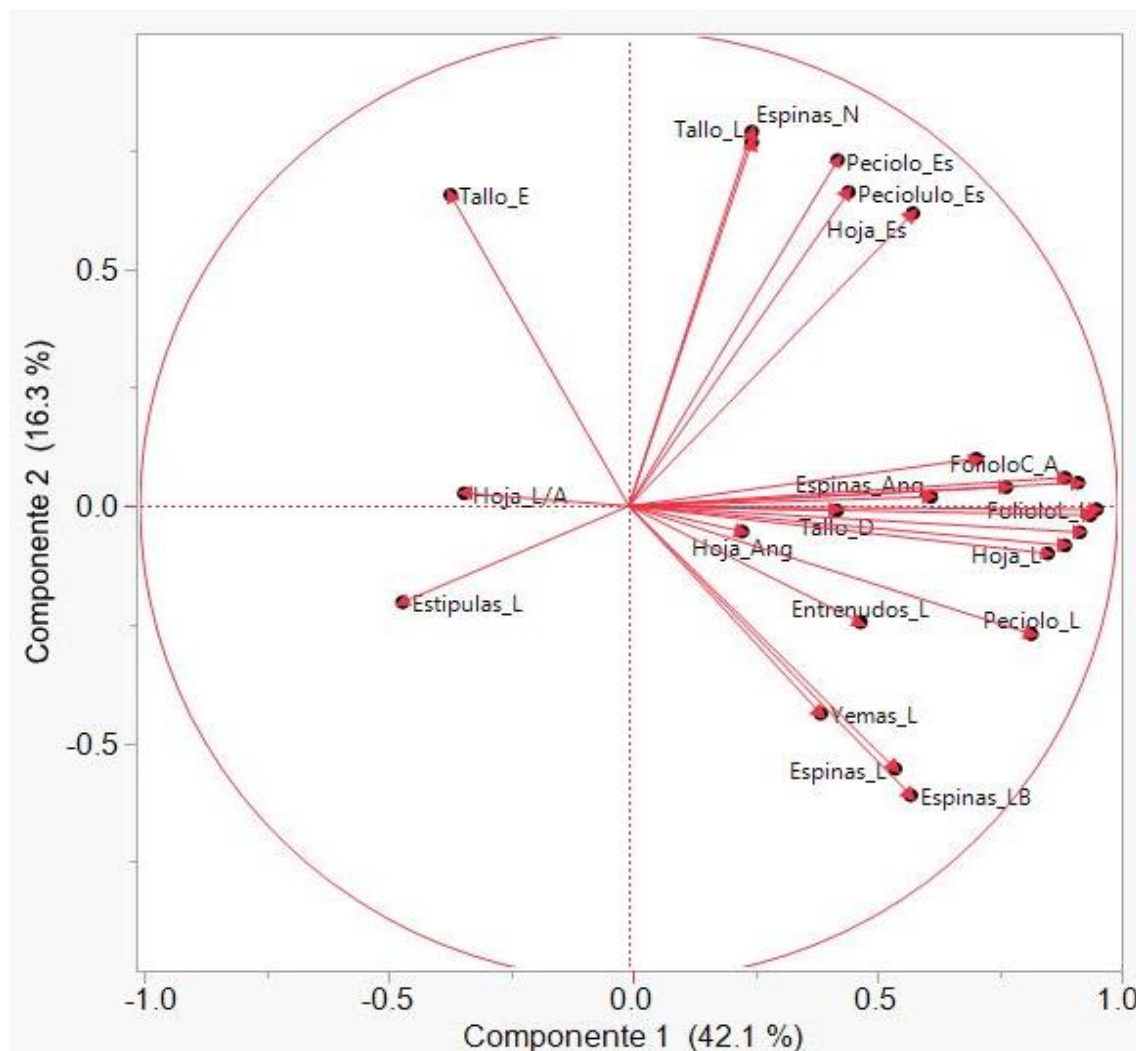


Figura 14. Distribución de los descriptores morfológicos empleados para la caracterización de 23 accesiones de *Rubus L.* sobre el primero y segundo componentes principales.

El segundo componente principal (CP2) contribuyó con más del 16 % de la varianza total explicada (Cuadro 15) y de acuerdo con los coeficientes de correlación las variables que más contribuyeron en forma positiva fueron el número de espigas por entrenudo (*Espinas_N*), la longitud del tallo (*Tallo_L*), y el número de espigas en el pecíolo (*Pecíolo_Es*) (Cuadro 16).

Con el segundo componente fue posible distinguir las accesiones de *Rubus* L. con los tallos más largos, la mayor densidad de espinas en el tallo y los pecíolos.

Por tratarse en este caso de un estudio con datos estandarizados (análisis normado), las coordenadas de las variables sobre cada componente principal son iguales a la correlación entre las variables originales y los componentes principales; por tanto, es posible representar la proyección de las variables originales sobre los dos primeros ejes principales (Franco & Hidalgo, 2013) (Figura 14).

El diagrama de dispersión de las accesiones en los dos componentes principales permitió agrupar las accesiones de acuerdo con sus similitudes fenotípicas (Figura 15). Las accesiones T2 (Frambuesa 'Autumn Bliss'), CH12 (Chiapas 12; *Rubus trilobus*), CH7 (Chiapas 7), CH13 (Chiapas 13), CH3 (Chiapas 3), y CH5 (Chiapas 5), se ubicaron por separado, principalmente debido a la longitud de sus folíolos y hojas, la longitud de sus pecíolos y su densidad de espinas en el tallo y pecíolos.

La proyección de las accesiones sobre los tres principales componentes hace evidente que T2 (Frambuesa 'Autumn Bliss'), CH12 (Chiapas 12; *Rubus trilobus*), CH9 (Chiapas 9; *Rubus niveus*), CH7 (Chiapas 7), CH13 (Chiapas 13), y CH5 (Chiapas 5) son las accesiones con diferencias muy notables en sus características morfológicas y se separan del resto de accesiones colectadas (Figura 16).

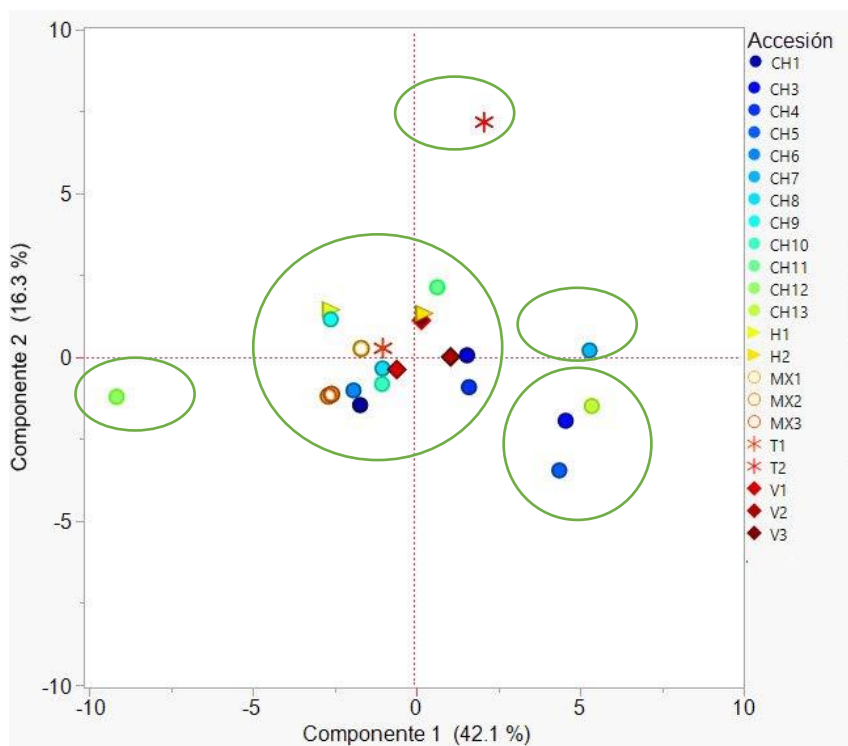


Figura 15. Distribución de las accesiones de *Rubus* L. sobre el primero y segundo componente principal.

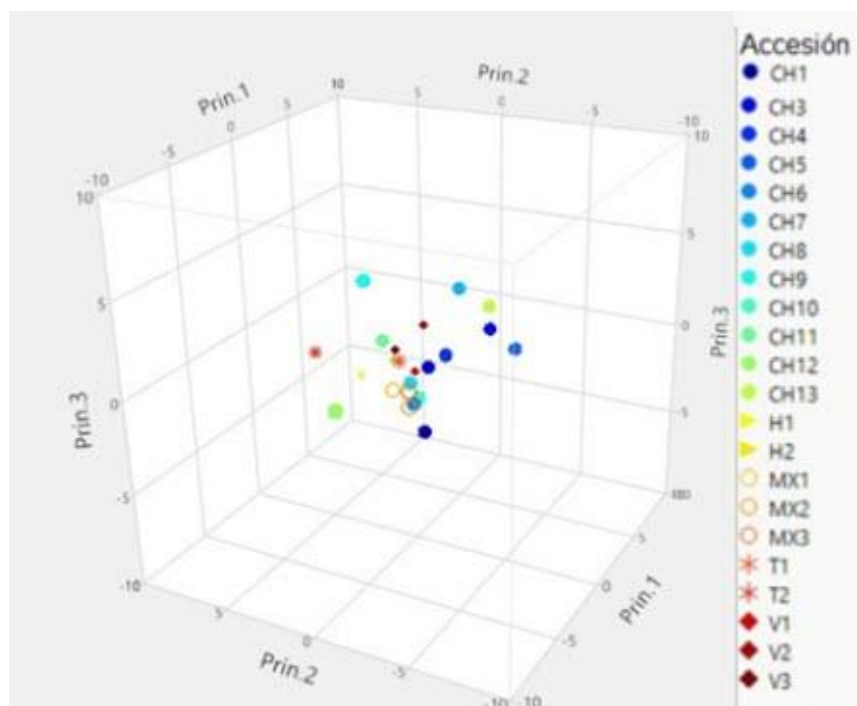


Figura 16. Distribución de las accesiones de *Rubus* L. sobre el primero, segundo y tercer componente principal.

4.5.4. Análisis de agrupación

El dendrograma obtenido a través de la distancia euclidiana muestra que las mejores asociaciones las formaron las variables longitud del folíolo lateral (Folíolo L_L), anchura del folíolo lateral (FolíoloL_A), longitud del folíolo central (FolíoloC_L) y anchura del folíolo central (FolíoloC_A) en comparación con el resto de variables (Figura 17).

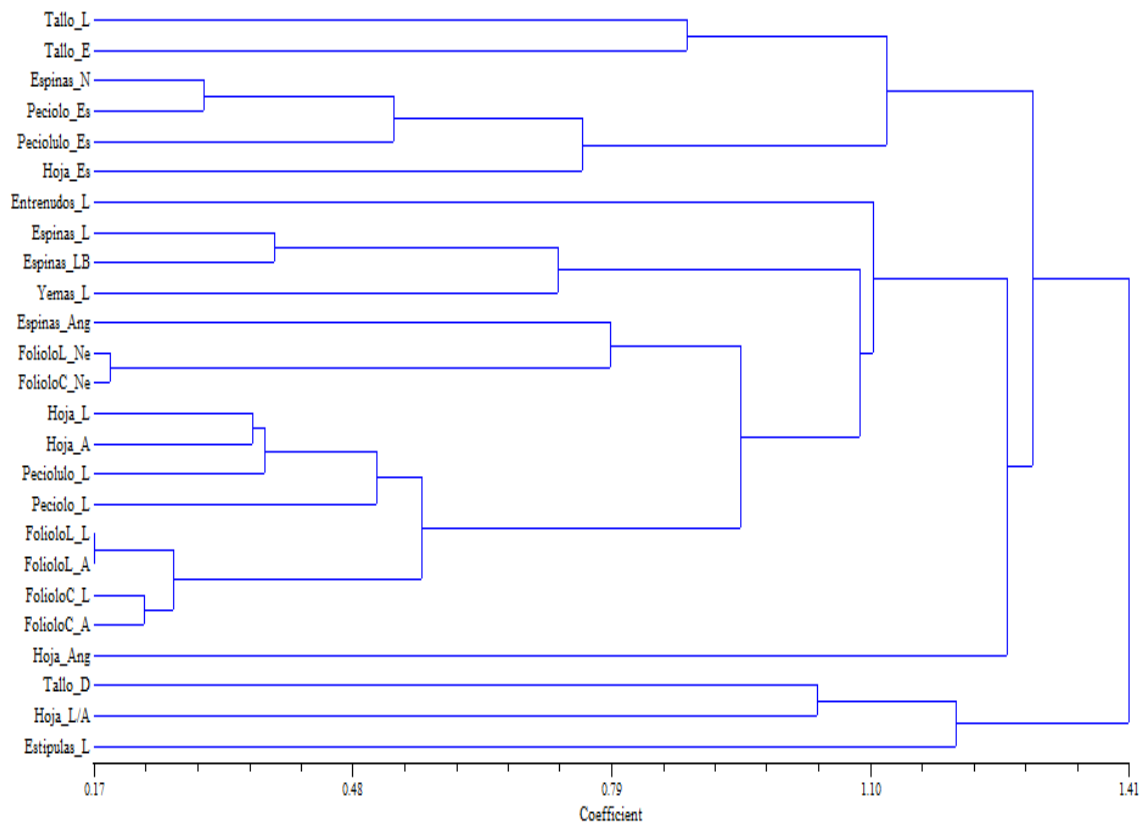


Figura 17. Dendrograma de distancia entre descriptores morfológicos cuantitativos de 23 accesiones de *Rubus* spp.

La caracterización morfológica realizada ha proporcionado información valiosa sobre las diferencias y similitudes de las accesiones estudiadas, y los diferentes tipos que se pueden agrupar. El estudio de la variación genética de las plantas es esencial para el uso adecuado de los recursos fitogenéticos (Hegde *et al.*, 2002).

Al recolectar, proteger y caracterizar el germoplasma los programas de mejoramiento pueden integrar el germoplasma local a los cultivares comerciales para producir cultivares consistentes y de alta calidad para cada región (Clark & Finn, 2011). La identificación mediante caracteres morfológicos es una forma rápida, intuitiva y fácilmente identificable. Es muy adecuada para que se identifiquen las accesiones con las características fenotípicas más sobresalientes.

Las accesiones más contrastantes morfológicamente podrían caracterizarse molecularmente en estudios posteriores y esta información, junto con la que proviene del presente estudio de caracterización, puede utilizarse para organizar y sistematizar la colección.

El dendrograma construido a partir de las características cualitativas y cuantitativas a través del programa de agrupamiento de SAHN usando el método de grupo de pares no ponderados con medias aritméticas (UPGMA) mostró 7 grupos a una distancia euclidiana de 1.28 (Cuadro 17 y Figura 19).

Cuadro 17. Grupos de accesiones de *Rubus* L. colectadas en México.

Grupo	Accesiones	Tipo
I	CH12	<i>R. trilobus</i>
II	T2	Frambuesa 'Autumn Bliss'
III	CH7	No determinado
IV	CH13, CH5	Zarzamora
V	CH9	<i>R. niveus</i>
VI	T1, H2	Zarzamora
VII	CH4, CH3, V2, V1, V3, CH8, H1, MX3, MX2, MX1, CH10, CH6, CH11, CH2, CH1	Frambuesa

El dendrograma construido para las accesiones mostró una alta variación morfológica (Figura 19 y Figura 19), lo que indicó que el germoplasma estudiado se podría considerar en los programas de mejoramiento como un buen acervo genético (Khadivi-Khub, 2014).

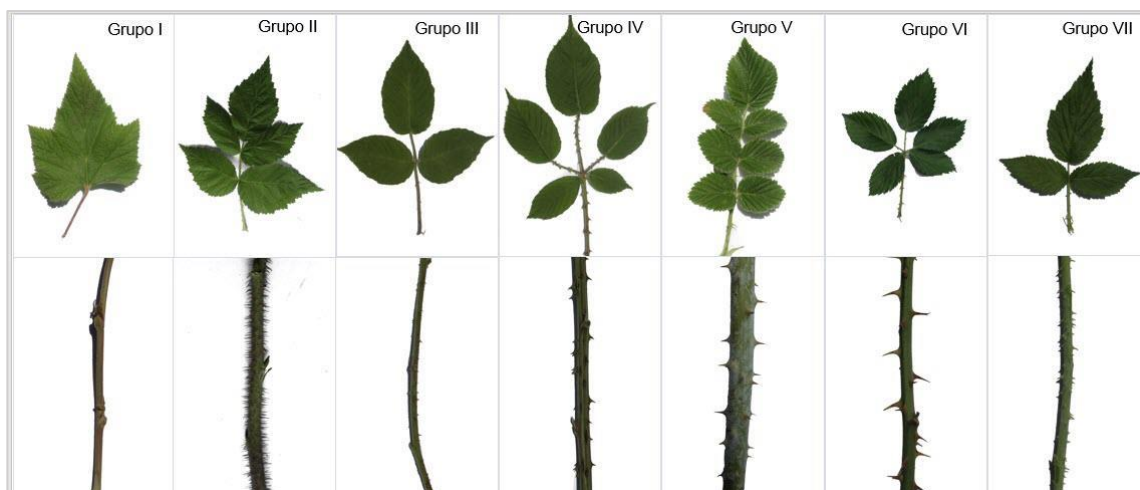


Figura 18. Tipo de hoja y tallo representativos obtenidos mediante el análisis morfológico de 23 accesiones de *Rubus* L. en México.

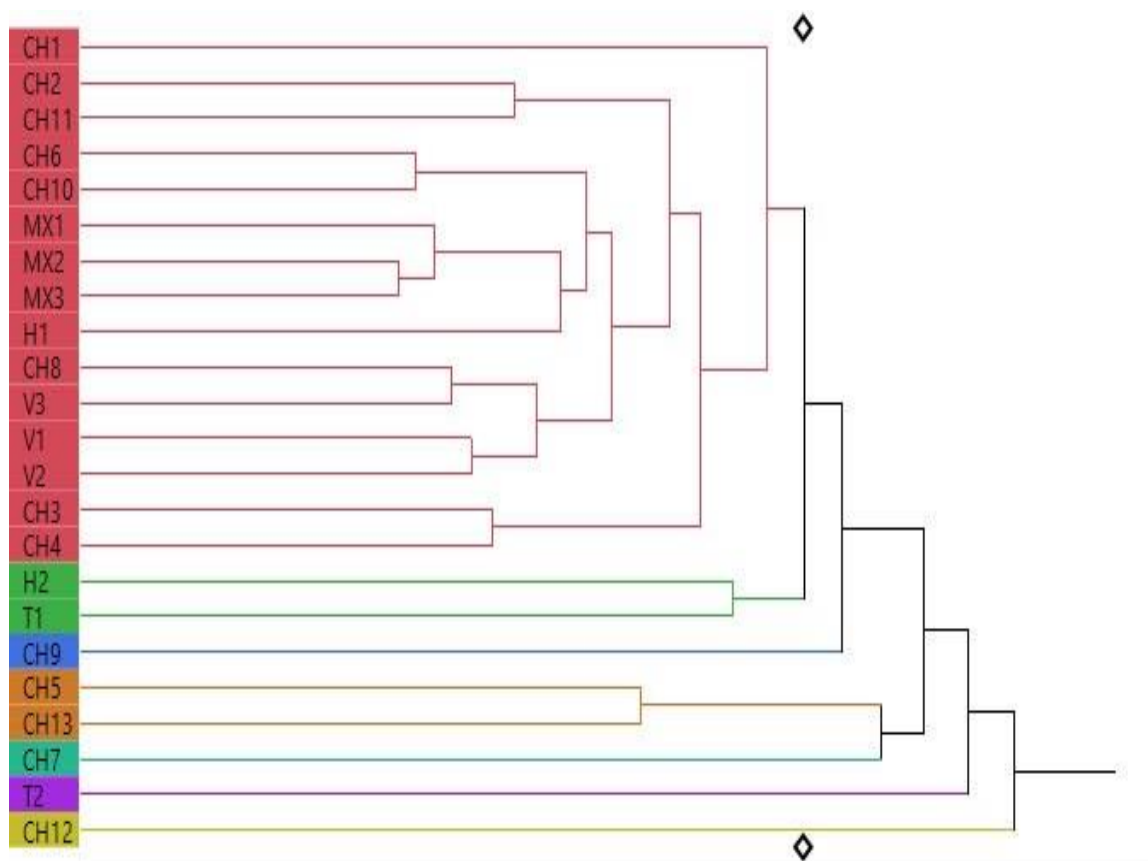


Figura 19. Dendrograma de distancias entre 23 accesiones de *Rubus* L. colectadas en los estados de Chiapas, Hidalgo, Veracruz y México. Las accesiones del mismo color corresponden al mismo grupo usando el agrupamiento de SAHN.

4.6. Conclusiones

El mantenimiento de la variabilidad genética es el principal objetivo de los programas de conservación. Aunque las 23 accesiones de *Rubus* spp. estudiadas no representan todo el germoplasma de México y tampoco se estudiaron por sus rasgos reproductivos, se observó diversidad genética considerable a nivel morfológico. El presente estudio mostró que, de las 23 accesiones colectadas en los estados de Chiapas, Hidalgo, Veracruz y México, al menos siete accesiones mostraron una gran diversidad en rasgos morfológicos de pecíolo, tallo y espinas.

Este estudio proporcionó información básica de la caracterización de germoplasma de frambuesas y zarzamoras a partir de descriptores morfológicos vegetativos y podría ser una herramienta que puede facilitar los esfuerzos de colecta y conservación *ex situ* del germoplasma del género *Rubus* L. en México. Los resultados obtenidos de esta investigación hacen evidente la diversidad de *Rubus* L. en un pequeño grupo de accesiones. Con el uso continuo de técnicas de caracterización vegetal es posible indagar en la diversidad y las características aprovechables de las especies silvestres de frambuesa y zarzamora nativas del país, generando consecuentemente la oportunidad de construir una sólida base de germoplasma con rasgos valiosos que se pueden incorporar a las variantes cultivadas del género.

4.7. Literatura citada

- Adams, M. W. (1977). An estimation of homogeneity in crop plants, with special reference to genetic vulnerability in the dry bean, *Phaseolus vulgaris* L. *Euphytica*, 26(3), 665–679. doi:10.1007/bf00021692
- Alanís, A. D., Calzada, F., Cedillo-Rivera, R., & Meckes, M. (2003). Antiprotozoal activity of the constituents of *Rubus coriifolius*. *Phytotherapy Research*, 17(6), 681-682. doi:10.1002/ptr.1150
- Alice, L. A., & Campbell, C. S. (1999). Phylogeny of *Rubus* (Rosaceae) based on nuclear ribosomal DNA internal transcribed spacer region sequences. *American Journal of Botany*, 86(1), 81–97. doi: 10.2307/2656957

- Brush, S.B. 1999. Genetic erosion of crop populations in centers of diversity: A revision. In Serwinski, J. & Faberová, I. (Eds.). *Proceedings of the Technical Meeting on the Methodology of the FAO World Information and Early Warning System on Plant Genetic Resources* (pp. 34–44). Prague, Czech Republic. 21–23 June 1999. Rome: FAO.
- Cancino-Escalante, G. O., Sánchez-Montaña, L. R., Quevedo-García, E., & Díaz-Carvajal, C. (2011). Caracterización fenotípica de accesiones de especies de *Rubus* L. de los municipios de Pamplona y Chitagá, región Nororiental de Colombia. *Universitas Scientiarum*, 16(3), 219–233. doi:10.11144/Javeriana.SC16-3.pcor
- Clark, J. R. & Finn, C. E. (2011). Blackberry Breeding and Genetics. *Fruit, Vegetable and Cereal Science and Biotechnology* 5 (1), 27–43.
- Evans, K. J., Symon, D. E., Whalen, M. A., Hosking, J. R., Barker, R. M., & Oliver, J. A. (2007). Systematics of the *Rubus fruticosus* aggregate (Rosaceae) and other exotic *Rubus* taxa in Australia. *Australian Systematic Botany*, 20(3), 187–251. doi:10.1071/SB06044
- Franco, T. L. & Hidalgo, R. (2003). Análisis estadístico de datos de caracterización morfológica de recursos fitogenéticos. *Boletín Técnico IPGRI* (No. 8). Rome: Bioversity International.
- García, E. (2005). *Modificación al sistema de clasificación climática de Köppen*. Distrito Federal: Instituto de Geografía. Universidad Autónoma de México.
- Global Biodiversity Information Facility (GBIF Secretariat). (2017). *Rubus* L. GBIF Backbone Taxonomy. doi:10.15468/39omei
- Graham, J., & Brennan, R. (2018). Introduction to the *Rubus* genus. In J. Graham & R. Brennan (Eds.) *Raspberry* (pp. 1–16). Basel: Springer. doi:10.1007/978-3-319-99031-6
- Hegde, S. G., Valkoun, J., & Waines, J. G. (2002). Genetic diversity in wild and weedy *Aegilops*, *Amblyopyrum*, and *Secale* species—a preliminary survey. *Crop Science*, 42(2), 608–614.
- Hummer, K. E. (1996). *Rubus* diversity. *HortScience*, 31(2), 182-183.
- Isleib, T. G., & Wynne, J. C. (1983). Heterosis in test crosses of 27 exotic peanut cultivars 1. *Crop science*, 23(5), 832–841.
- Iezzoni, A. F., & Pritts, M. P. (1991). Applications of principal component analysis to horticultural research. *HortScience*, 26(4), 334–338.
- Jefferson, D. J., Fraire, I. S., & Beltrán-Morales, L. F. (2018). Intellectual property and the governance of plant genetic resources in Mexico: Trends and implications for research and innovation. In *Mexican Natural Resources Management and Biodiversity Conservation* (pp. 131–148). Berlin: Springer.

- Jennings D. L. (1988). *Raspberries and blackberries: their breeding, diseases and growth*. London: Academic Press.
- Jiménez-Arellanes, A., Cornejo-Garrido, J., Rojas-Bribiesca, G., Nicasio-Torres, M. D. P., Said-Fernández, S., Mata-Cárdenas, B. D., ... & Meckes-Fischer, M. (2012). Microbiological and pharmacological evaluation of the micropropagated *Rubus liebmannii* medicinal plant. *Evidence-Based Complementary and Alternative Medicine*, 2012, 1–7. doi:10.1155/2012/503031
- Jukanti, A. K., Bhatt, R., Sharma, R., & Kalia, R. K. (2015). Morphological, agronomic, and yield characterization of cluster bean (*Cyamopsis tetragonoloba* L.) germplasm accessions. *Journal of Crop Science and Biotechnology*, 18(2), 83–88. doi:10.1007/s12892-014-0092-3
- Kalkman, C. (2004). Rosaceae. In *Flowering plants dicotyledons* (pp. 343-386). Berlin: Springer. doi:10.1007/978-3-662-07257-8_39
- Khadivi-Khub, A. (2014). Assessment of cultivated cherry germplasm in Iran by multivariate analysis. *Trees*, 28(3), 669-685. doi:10.1007/s00468-014-0980-7
- Khadivi-Khub, A., & Anjam, K. (2014). Morphological characterization of *Prunus scoparia* using multivariate analysis. *Plant Systematics and Evolution*, 300(6), 1361–1372. doi:10.1007/s00606-013-0967-7
- Meng, R., & Finn, C. (2002). Determining ploidy level and nuclear DNA content in *Rubus* by flow cytometry. *Journal of the American Society for Horticultural Science*, 127(5), 767–775. doi:10.21273/JASHS.127.5.767
- Morden, C. W., Gardner, D. E., & Weniger, D. A. (2003). Phylogeny and biogeography of Pacific *Rubus* subgenus *Idaeobatus* (Rosaceae) species: Investigating the origin of the endemic Hawaiian raspberry *R. macraei*. *Pacific Science*, 57(2), 181-197. doi: 10.1353/psc.2003.0018
- Morgan, D. R., Soltis, D. E., & Robertson, K. R. (1994). Systematic and evolutionary implications of rbcL sequence variation in Rosaceae. *American Journal of Botany*, 81(7), 890–903. doi:10.1002/j.1537-2197.1994.tb15570.x
- Nikoumanesh, K., Ebadi, A., Zeinalabedini, M., & Gogorcena, Y. (2011). Morphological and molecular variability in some Iranian almond genotypes and related *Prunus* species and their potentials for rootstock breeding. *Scientia Horticulturae*, 129(1), 108–118. doi:10.1016/j.scienta.2011.03.017
- Potter, D., Eriksson, T., Evans, R. C., Oh, S., Smedmark, J. E. E., Morgan, D. R., ... & Campbell, C. S. (2007). Phylogeny and classification of Rosaceae. *Plant Systematics and Evolution*, 266(1-2), 5–43. doi:10.1007/s00606-007-0539-9

- Potter, D., Gao, F., Bortiri, P. E., Oh, S. H., & Baggett, S. (2002). Phylogenetic relationships in Rosaceae inferred from chloroplast matK and trnL-trnF nucleotide sequence data. *Plant Systematics and Evolution*, 231(1-4), 77–89. doi: 10.1007/s006060200012
- Rakonjac, V., Akšić, M. F., Nikolić, D., Milatović, D., & Čolić, S. (2010). Morphological characterization of 'Oblačinska' sour cherry by multivariate analysis. *Scientia Horticulturae*, 125(4), 679–684. doi:10.1016/j.scienta.2010.05.029
- Ramos, M. C. (2000) *Propiedades Físicas y Químicas de los Suelos del CAE Chapingo Tablas: San Martín y Xaltepa* (129 p.). Chapingo: Departamento de Suelos, Universidad Autónoma Chapingo.
- Rohlf, F. J. (2000). *Ntsys-pc Version 2.10 s (numerical taxonomy and multivariate analysis system)*. New York: Applied Biostatistics, Inc.
- Sall, J., Lehman, A., Stephens, M. L., & Creighton, L. (2012). *JMP start statistics: a guide to statistics and data analysis using JMP*. Cary: Sas Institute Inc.
- Segura L., S., Zavala R., D., Equihua C., C., Andrés A., J., & Yopez T., E. (2009). Los recursos genéticos de frutales en Michoacán. *Revista Chapingo Serie Horticultura*, 15(3), 297–305.
- Sobczyk, M. K. (2018). Phylogenetics of *Fragaria*, *Rubus* and Related taxa. In *The Genomes of Rosaceous Berries and Their Wild Relatives* (pp. 11-23). Berlin: Springer. doi.org/10.1007/978-3-319-76020-9_2
- Solanas, A., Salafranca, L., Fauquet, J. & Núñez, M. I. (2005). *Estadística descriptiva en Ciencias del Comportamiento*. Madrid: Thompson.
- Valcárcel, J. V., Peiró, R. M., Pérez-de-Castro, A., & Díez, M. J. (2018). Morphological characterization of the cucumber (*Cucumis sativus* L.) collection of the COMAV's Genebank. *Genetic Resources and Crop Evolution*, 65(4), 1293–1306. doi:10.1007/s10722-018-0614-9
- Vamosi, J. C., & Dickinson, T. A. (2006). Polyploidy and diversification: a phylogenetic investigation in Rosaceae. *International Journal of Plant Sciences*, 167(2), 349–358. doi:10.1086/499251
- Wang, Y., Chen, Q., Chen, T., Tang, H., Liu, L., & Wang, X. (2016). Phylogenetic insights into Chinese *Rubus* (Rosaceae) from multiple chloroplast and nuclear DNAs. *Frontiers in Plant Science*, 7, 968. doi: 10.3389/fpls.2016.00968
- Watanabe, K. (2018). Bringing Stability to world food supplies with japanese technology and mexican genetic resources. In *Crop Production under Stressful Conditions* (pp. 177–193). Singapore: Springer. doi:10.1007/978-981-10-7308-3_10

Wei-Lin, L., Wen-Long, W., & Zhi-Dong, Z. (2002). The utilization value and potential of chinese bramble (*Rubus* L.). *Acta Horticulturae*, (585), 133–138.doi:10.17660/actahortic.2002.585.18