



## CARACTERIZACIÓN MORFOLÓGICA DE GERMOPLASMA DE AJONJOLÍ EN EL ESTADO DE GUERRERO, MÉXICO

### MORPHOLOGICAL CHARACTERIZATION OF SESAME GERMLASM IN THE STATE OF GUERRERO, MEXICO

Romualdo Vásquez-Ortiz<sup>1</sup>, Rocío Toledo-Aguilar<sup>2</sup>, Ignacio Benítez-Riquelme<sup>1\*</sup>, Fernando Castillo-González<sup>1</sup>, Hilda Victoria Silva-Rojas<sup>1</sup> y Ricardo Lobato-Ortiz<sup>1</sup>

<sup>1</sup>Colegio de Postgraduados, Campus Montecillo, Postgrado en Recursos Genéticos y Productividad-Genética. Montecillo, Texcoco, Estado de México, México. <sup>2</sup>Instituto Nacional de Investigaciones Forestales, Agrícolas y Pecuarias, Campo Experimental Iguala, Iguala de la Independencia, Guerrero, México.

\*Autor de correspondencia (riquelme@colpos.mx)

#### RESUMEN

A pesar de la alta demanda de ajonjolí (*Sesamum indicum* L.), tanto para el consumo nacional como para exportación, durante más de dos décadas no se han liberado nuevas variedades debido a que durante ese tiempo, en México no se han realizado trabajos de mejoramiento genético. Con el propósito de explorar la diversidad fenotípica y comportamiento del germoplasma de ajonjolí disponible en bancos, algunas variedades mejoradas y otros materiales introducidos en dos sitios que comprenden cuatro ambientes del estado de Guerrero, México fueron evaluados 50 genotipos, en los ciclos PV-2021 y PV-2022 con base en 24 descriptores morfológicos, siendo 11 cuantitativos y 13 cualitativos. Se realizaron análisis de componentes principales, de correspondencia y de conglomerados. Las variables cuantitativas que mostraron mayor relevancia para distinguir los genotipos fueron longitud y anchura del limbo, días a inicio de floración, altura de planta, número de nudos hasta la primera flor y días a inicio de madurez de cápsulas, mientras que las variables cualitativas de mayor importancia fueron grado de lobulado del limbo, relación longitud/anchura del limbo, número de ramas por planta, desarrollo de nectario extra floral y número de flores por axila foliar. El análisis de conglomerado condujo a la formación de dos grupos con base en caracteres de similitud dentro de grupos y disimilitud entre grupos. En similitud, 39 genotipos (78 %) se aglomeraron en el Grupo I, y 11 genotipos (22 %) en el Grupo II, mientras que en disimilitud, el Grupo I presentó 0.25 de distancia fenotípica y 0.38 para el Grupo II. Si bien hay un alto porcentaje de similitud fenotípica en el germoplasma evaluado, existen al menos dos grupos genéticos de variabilidad que pueden proporcionar, mediante cruzamientos y recombinación, nueva diversidad aprovechable por los programas de mejoramiento genético del ajonjolí.

**Palabras clave:** *Sesamum indicum* L., análisis multivariado, similitud fenotípica, diversidad y distancia fenotípica.

#### SUMMARY

Despite the high demand for sesame (*Sesamum indicum* L.), both for domestic consumption and for export, new varieties have not been released for more than two decades because during that time no genetic improvement has been carried out in Mexico. In order to explore the phenotypic diversity and performance of sesame germplasm available in banks, some improved varieties and other materials introduced in two sites comprising four environments in the state of Guerrero, Mexico 50 genotypes were evaluated in the Spring-Summer 2021 and 2022, based on 24 morphological descriptors, being 11 quantitative and 13 qualitative. Principal component, correspondence

and cluster analyses were carried out. The quantitative variables that showed greater relevance to distinguish genotypes were length and width of the leaf blade, days for the beginning of flowering, plant height, number of nodes to the first flower and days for the beginning of capsule maturity, while the qualitative variables of greatest importance were degree of lobulation of the leaf blade, length/width ratio of the leaf blade, number of branches per plant, development of extra floral nectarium and number of flowers per leaf axil. Cluster analysis led to the formation of two groups based on characteristics of similarity within the groups and dissimilarity between groups. In similarity, 39 genotypes (78 %) were clustered in Group I and 11 genotypes (22 %) in Group II, while in dissimilarity, Group I presented 0.25 phenotypic distance and 0.38 for Group II. Although there is a high percentage of phenotypic similarity in the germplasm evaluated, there are at least two genetic groups of variability that can provide new usable diversity for sesame genetic improvement programs through crossing and recombination.

**Index words:** *Sesamum indicum* L., multivariate analysis, phenotypic diversity and distance, phenotypic similarity.

#### INTRODUCCIÓN

El sésamo o ajonjolí (*Sesamum indicum* L.), originario de la India (Bedigian, 2010), es una especie diploide ( $2n = 26$ ), autógama, que se cultiva en zonas tropicales y subtropicales del mundo. Los españoles lo trajeron a la Nueva España para cultivarlo en las áreas tropicales, extendiéndose por su rusticidad y resistencia a la sequía (Divya et al., 2022) a varias entidades del trópico seco de México (Tavitas et al., 2021). Su producción en el estado de Guerrero es de 14 mil toneladas anuales, correspondiendo al 25 % de la producción nacional de México; el rendimiento promedio es de 818 kg ha<sup>-1</sup> (SIAP, 2022). Tiene gran diversidad de usos, en México se consume en alimentos típicos y naturistas, en la decoración de platillos, elaboración de dulces, galletas, en la industria nutracéutica y farmacéutica. En México, debido a la alta demanda de esta oleaginosa, tanto para el consumo directo como indirecto por la industria aceitera, se tienen que importar alrededor de 24 mil toneladas anuales de ajonjolí (SIAP, 2022). Para su producción en México, el número de variedades mejoradas

de esta oleaginosa disponibles para los productores es menor de siete, las cuales fueron generadas hace más de dos décadas en el estado de Guerrero (Joaquín, 2003).

En la actualidad la producción nacional de ajonjolí en México se realiza con algunas variedades mejoradas que los productores han cultivado año con año y las han convertido en criollas a través de la coevolución y diversificación, con las que atienden sus propios requerimientos y necesidades sociales y regionales. Este germoplasma, conjuntamente con las accesiones de bancos y algunos materiales introducidos, constituyen una fuente de gran importancia para la posible reactivación de la mejora genética de esta oleaginosa (Tavitas *et al.*, 2021); para ello, es necesario conocer dicha diversidad y clasificarla fenotípicamente mediante sus descriptores varietales, y de acuerdo con los resultados, proceder a agrupar núcleos de genotipos comunes y disímiles, y posteriormente planear programas de cruzamientos (Ujjainkar *et al.*, 2022). Para definir tales agrupamientos, la herramienta básica es el análisis multivariado de componentes principales (ACP), que permite resumir y visualizar la información contenida en un conjunto de datos de variables en dos o tres componentes principales que explicarán la mayor parte de la varianza provocada por las variables originales. Un posterior análisis gráfico-geométrico de correspondencia accede, por la posición de genotipos y variables, a la descripción concentrada de la variabilidad. Una segunda herramienta consiste en el análisis de conglomerados, el cual permite reducir el complejo volumen de información en pequeños grupos en función de similitudes y disimilitudes que se obtengan por la distancia de Gower entre tales grupos. Se suma el apoyo de las correlaciones cuando no sea posible tener una referencia de magnitud o patrón de comportamiento (Kassambara, 2017).

Considerando las necesidades básicas de los productores de ajonjolí que requieren variedades con mayor rendimiento, productividad, resistencia a plagas y enfermedades, buena calidad de grano y adaptables a la región agroecológica de las planicies y lomeríos del estado de Guerrero, el objetivo del presente estudio consistió en evaluar y clasificar la diversidad fenotípica de 50 genotipos de ajonjolí (variedades criollas, introducidas y mejoradas), a partir de variables cuantitativas y cualitativas, e identificar los genotipos con las características deseables y contrastantes con la finalidad de propiciar la selección y posible hibridación.

## MATERIALES Y MÉTODOS

### Ubicación del experimento

La investigación se llevó a cabo en cuatro ambientes del estado de Guerrero, México, durante los ciclos de primavera-verano (PV) 2021 y 2022. En cada ciclo se incluyeron dos sitios, el Campo Experimental Iguala del Instituto Nacional de Investigaciones Forestales, Agrícolas y Pecuarias (INIFAP) que se ubica a los 18° 20' 53" latitud N, 99° 30' 25" longitud O, con altitud de 750 msnm, clima subtropical seco (Aw), con lluvias en verano, precipitación media anual de 909.3 mm, temperatura promedio de 24.9 °C y suelo tipo Chernozem; y la localidad de Zicapa, municipio de Copalillo, Guerrero, México, que se ubica en las coordenadas 17° 58' 30" latitud N, 99° 03' 43" longitud O, con altitud de 860 msnm, clima semiárido semicálido (BS1hw), con lluvias en verano, precipitación media anual de 600 mm, temperatura promedio de 26 °C y suelo tipo Phaeozem (García, 2004; INEGI, 2021).

### Material genético y diseño experimental

Los genotipos evaluados incluyeron 23 accesiones del INIFAP (Tavitas *et al.*, 2021), 20 accesiones colectadas por el Programa Oleaginosas Anuales del INIFAP a través del Campo Experimental Iguala en las zonas productoras de ajonjolí del estado de Guerrero en 2020, cuatro variedades mejoradas del INIFAP cultivadas en esa entidad como testigos (Joaquín, 2003) y tres genotipos introducidos, dos de Corea y uno de Honduras entregados por la SAGARPA en 2018. Los genotipos se distribuyeron en un diseño alfa látice 10 × 5 (bloques × genotipos) con tres repeticiones (Montesinos *et al.*, 2019), bajo el modelo propuesto por Bonilla-Morales (2012). La parcela experimental fue de 12 m<sup>2</sup> en arreglo de tres surcos de 5 m de largo y 0.80 m de separación, 0.50 m de distancia entre matas

### Manejo del cultivo

La siembra fue manual, se realizó el 11 y 18 de junio en Zicapa e Iguala, Guerrero, respectivamente, en PV-2021 y en PV-2022, el 25 de junio en Zicapa y 2 de julio en Iguala. En cada caso, las semillas que se sujetaron con tres dedos (medio, índice y pulgar) fueron depositadas sobre el talud o costilla del surco y se cubrió con una ligera capa de tierra. A los 30 días después de la siembra (dds) se ajustó la población a dos y tres plantas por mata, de forma alternada para obtener una densidad de población de 62,500 plantas ha<sup>-1</sup>.

Después de la siembra, el manejo agronómico fue el mismo para ambas localidades y se realizó de acuerdo con Vásquez *et al.* (2014) y Joaquín (2003), modificando

únicamente la fertilización (30-20-00), que consistió en agregar sobre la base del tallo sulfato de amonio (10 kg en 200 L de agua) a los 25 y 60 dds. La cosecha fue manual, en PV-2021 inició con los genotipos precoces en la segunda semana de septiembre en Zicapa y en la tercera semana del mismo mes en Iguala, y culminó en la última semana de octubre en Zicapa y primera semana de noviembre en Iguala en los genotipos más tardíos; para PV-2022, la cosecha se realizó una semana después, en el mismo orden que el ciclo de cultivo anterior.

### Variables registradas

Con base en las directrices para ajonjolí (UPOV, 2013), se registraron 11 variables cuantitativas y 13 cualitativas. Las variables cuantitativas fueron días de inicio de la floración (DF) y a inicio de madurez de cápsulas (DM) (cuando el 50 %, equivalente a 40 plantas de la parcela experimental llegaron a esas etapas); posteriormente, en cinco plantas del surco central se registró el número de nudos hasta la primera flor (NNF), longitud (LL, cm) y ancho del limbo (AL, cm), altura de la planta (AP, m), número de cápsulas por planta (NCP), longitud de carga de la rama principal con cápsulas (LCRP, m), longitud de la cápsula (LC, cm), peso de semilla por planta (PSP, g) y se estimó el rendimiento (RHA, kg ha<sup>-1</sup>). Las variables cualitativas fueron tipo de crecimiento (TC), posición de las ramas (PR), pubescencia del tallo (PT), grado de lobulado del limbo (GL), relación longitud/anchura del limbo (RLA), desarrollo de nectario extrafloral (NEC), color principal de la corola (CC), intensidad del color rosa en la cara exterior de la corola (ICC), pubescencia de la corola (PC), color de la cápsula a la madurez (CCA), número de flores por axila foliar (NFA) registrándose como una o más de una, el número de carpelos (NCA) se registró como dos o más de dos, y el número de ramas (NR) como ninguna o muy pocas, medio y muy alto.

### Análisis estadístico

Se utilizaron las librerías del software R (R Core Team, 2023): *tidyverse* para organizar los datos de las variables cuantitativas; posteriormente y para estandarizar los datos, la librería *FactoMineR* debido a que las variables se midieron en diferentes escalas (cm, m y kg) y para obtener el número de componentes principales (ACP); la librería *factoextra* para extraer los valores propios/varianzas de los componentes principales y mediante *corrplot*, la matriz de correlaciones. Además, se generó una gráfica asimétrica para observar las variables y genotipos.

Para las variables cualitativas se realizó un análisis de correspondencia (AC) con las mismas librerías que en ACP, más la librería *gplots* para generar las coordenadas. Se utilizó la distancia euclidiana para las variables

cuantitativas y, con las funciones *get\_dist* y *fviz\_dist* se obtuvo una matriz de relación fenotípica entre los genotipos. Para relacionar las variables cuantitativas y cualitativas, y obtener la distancia y divergencia genética entre un genotipo y otro, se utilizó la distancia de Gower, mediante la función *daisy* y *as.matrix* de la librería *factoextra*, y la agrupación de genotipos y formación de subgrupos se realizó con la librería *cluster* y el método Ward.D2 (Kassambara, 2017).

## RESULTADOS Y DISCUSIÓN

### Diversidad morfológica de ajonjolí con variables cuantitativas

El análisis de diversidad con variables cuantitativas mostró que los primeros tres componentes principales (CP1 a CP3), con valores propios > 1.0 acumularon 80.56 % de la variación fenotípica total (Cuadro 1), con el primer componente se explicó 48.53 % de la variación total, 20.59 % con el segundo y 11.44 % con el tercero. La explicación del 80.56 % de la diversidad fenotípica del germoplasma de ajonjolí, que es el límite inferior que se considera apropiado para una explicación segura (Kassambara, 2017), fue diferente de lo encontrado en el análisis de germoplasma de ajonjolí en otros países: 75.1 % con tres CP en 184 genotipos y 12 variables en Israel (Sabag *et al.*, 2021), 78.85 % con ocho CP en 35 genotipos y 18 variables en Grecia (Stavridou *et al.*, 2021), 75.4 % en 300 genotipos y 24 variables en Etiopía con cinco CP (Tesfaye *et al.*, 2021) y 78.67 % en 100 genotipos y 19 variables con siete CP en Etiopía (Hassen, 2022). La alta explicación de la diversidad fenotípica encontrada en este estudio con sólo tres componentes contrasta con los resultados a las investigaciones citadas, mismas que involucraron desde tres hasta ocho CP con valores cercanos al 80 %, posiblemente se deba a que en el presente estudio fue menor número de variables y genotipos utilizados.

Al analizar las variables cuantitativas que contribuyeron mayormente a cada CP, el CP1 se conformó predominantemente por las variables LL, AL, AP, NNF, DF y DM con signo positivo (Figura 1). En el CP2 participaron de manera importante NCP, PSP y RHA con signo positivo y en el CP3 LCRP con signo positivo (Cuadro 1). De las variables mencionadas, AL, DF, AP, NNF, DM y LL se encontraron más distantes del origen, y con ellas se explica la mayor variabilidad total del germoplasma; también se podría agregar a las variables PSP, NCP y RHA más relacionadas con el CP2; por el contrario, LCRP aportó la menor variabilidad (Figura 1). Este análisis de diversidad permitió identificar seis variables con mayor contribución para expresar y explicar la variabilidad total, mismas que pueden ser consideradas para seleccionar genotipos

Cuadro 1. Valores y vectores propios de los primeros tres componentes principales a partir de 11 variables cuantitativas en la caracterización de 50 genotipos de ajonjolí en cuatro ambientes en Guerrero, México.

|                        | CP1              | CP2   | CP3   |
|------------------------|------------------|-------|-------|
| Valor propio           | 5.34             | 2.27  | 1.26  |
| Varianza (%)           | 48.53            | 20.59 | 11.44 |
| Varianza acumulada (%) | 48.53            | 69.12 | 80.56 |
| Variables              | Vectores propios |       |       |
| LL                     | 0.76             | -0.15 | 0.33  |
| AL                     | 0.95             | -0.08 | 0.06  |
| AP                     | 0.89             | 0.01  | 0.26  |
| LCRP                   | -0.41            | 0.14  | 0.79  |
| NNF                    | 0.88             | -0.16 | -0.14 |
| NCP                    | 0.03             | 0.86  | -0.28 |
| LC                     | -0.47            | -0.20 | 0.48  |
| PSP                    | 0.31             | 0.90  | 0.09  |
| RHA                    | 0.44             | 0.70  | 0.29  |
| DF                     | 0.95             | -0.09 | -0.12 |
| DM                     | 0.84             | -0.29 | 0.11  |

LL: longitud del limbo, AL: ancho del limbo, AP: altura de la planta, LCRP: longitud de carga de la rama principal con cápsulas, NNF: número de nudos hasta la primera flor, NCP: número de cápsulas por planta, LC: longitud de la cápsula, PSP: peso de semilla por planta, RHA: rendimiento por hectárea, DF: días a inicio de la floración, DM: días a inicio de madurez de las cápsulas. Las variables marcadas en negritas tuvieron mayor aportación a la variación morfológica para cada componente principal.

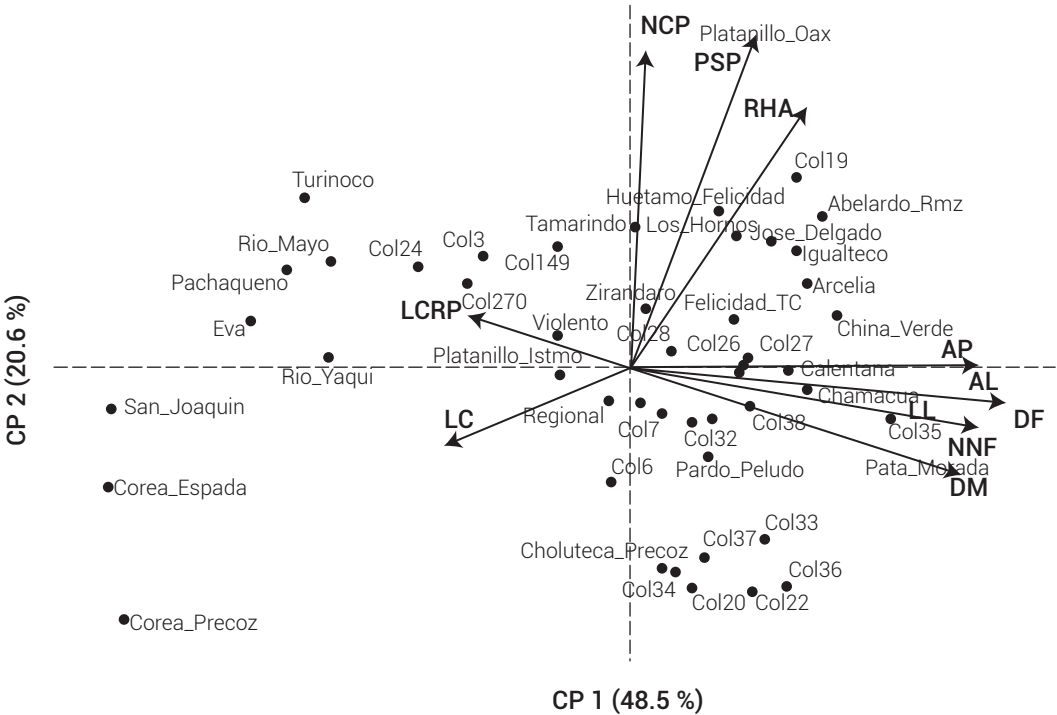


Figura 1. Dispersión de 50 genotipos de ajonjolí en los primeros dos componentes principales calculados a partir de 11 variables cuantitativas en dos sitios de Guerrero, México, durante los ciclos agrícolas PV-2021 y PV-2022. CP: componente principal.

contrastaste con propósitos de hibridación.

Las nueve variables que más contribuyeron a explicar la variabilidad entre los genotipos se encontraron en el lado derecho de la figura, considerando a genotipos como Pata\_Morada, Col35, Chamacua, Calentana, entre otros, como las tardías y de mayor altura de planta (Figura 1). Del lado contrario a Corea\_Espada, San\_Joaquín, Eva, Río\_Yaqui, Pachequero, Río\_Mayo, Turinoco, entre otros, todos ellos son genotipos precoces, bajos, pero con mayor longitud de carga. En el CP2 los genotipos presentaron mayor NCP, PSP y RHA, acentuando a Platanillo\_Oax, Col19, Huetamo\_Felicidad, Los\_Hornos, Abelardo\_Rmz, José\_Delgado, Igualteco, Arcelia, Turinoco y Tamarindo, que se comportaron en precocidad como intermedios; por lo contrario, Corea\_Precoz, Col 22, Col20, Col36, Col34, Choluteca\_Precoz, Col37 y Col33 fueron las de menor rendimiento.

Akbar *et al.* (2011), en 105 accesiones de Pakistan, en condiciones de temporal y precipitación semejante a las del presente estudio, promedio anual de 700 mm, encontraron que la altura de planta, número de cápsulas y días a inicio de floración están altamente asociados con el crecimiento y madurez de las cápsulas, todas con efecto positivo en el rendimiento de grano; similares resultados y con las mismas variables fueron encontrados por Tesfaye *et al.* (2021). Con precipitaciones más escasas, 700 mm, Garnica *et al.* (2020) observaron que los genotipos con menor altura de planta fueron los más rendidores, por lo que la altura de planta tuvo un efecto negativo sobre el rendimiento; sin embargo, los genotipos precoces generalmente son menos rendidores y viceversa (Hassen, 2022), como se registró en la Figura 1. En esta clasificación, es claro que los días a inicio de floración y tiempo de madurez de las cápsulas son características morfofisiológicas que mostraron diversidad fenotípica; igual situación se reportó para cultivares de sésamo en Grecia (Stavridou *et al.*, 2021) y Etiopía (Tesfaye *et al.*, 2021), lo que evidencia que la precocidad es importante en áreas donde la sequía es frecuente e intensa (Baraki *et al.*, 2020); por ello, Akbar *et al.* (2011) sugieren que la investigación se enfoque en las variables reproductivas

antes señaladas, para reducir el tiempo en la selección del mejor germoplasma de ajonjolí.

Los genotipos con mayor NNF mostraron una tendencia a ser tardíos y a reducir LCRP y LC. La LL y AL contribuyeron al índice de área foliar, y con ello aportaron mejoras al RHA (Figura 1). Dicha relación podría estar influenciada por las condiciones ambientales, los genotipos y la interacción de ambos factores. Al respecto, Garnica *et al.* (2020) revelaron que los genotipos con hojas más anchas mostraron menor número de cápsulas por planta, resultados similares a los de la presente investigación. Por su parte, Stavridou *et al.* (2021) y Tesfaye *et al.* (2021) encontraron que el ancho de la hoja, relación largo/ancho de la hoja, número de nudos hasta la primera flor, longitud del tallo con cápsulas y longitud de la cápsula son rasgos importantes en la diversidad fenotípica del ajonjolí.

**Diversidad morfológica de ajonjolí con variables cualitativas**

El análisis de diversidad con 13 variables cualitativas mostró que las primeras cuatro dimensiones (Dim1 a Dim4), acumularon 86.39 % de la variación fenotípica total de 50 genotipos evaluados (Cuadro 2), con el primer eje se explicó 42.32 % de la variación total, el segundo obtuvo 29.15 %, el tercero 8.53 % y el cuarto 6.40 %.

El 71.47 % de la variabilidad total en el conjunto de datos se explicó por el primer plano factorial (Dim1 y Dim22). En la Dim1, con signos positivos y mayores valores de coseno fueron para NFA (0.42) y 0.40 para RLA, además de la calidad en representación para RLA (0.80) y 0.76 para NFA, mientras que NEC presentó valor de coseno de 0.40 y calidad de representación de 0.50 pero negativo. En Dim2, GL y NR tuvieron valores positivos y NEC negativo, mientras que PT, PC e ICC influyeron en menor proporción en la diversidad fenotípica en los genotipos de ajonjolí (Figura 2). Por lo tanto, en futuras caracterizaciones en germoplasma de ajonjolí se pueden considerar sólo cinco variables cualitativas con alto grado de contribución a la variabilidad. Las variables restantes podrían obviarse y con ello reducir los tiempos y costos en la investigación.

**Cuadro 2. Valores propios de las primeras cuatro dimensiones obtenidas del análisis de correspondencia en 13 variables cualitativas en la caracterización de 50 genotipo de ajonjolí, en dos sitios del estado de Guerrero, México, durante los ciclos agrícolas PV-2021 y PV-2022.**

|                        | Dim 1 | Dim 2 | Dim 3 | Dim 4 |
|------------------------|-------|-------|-------|-------|
| Valor propio           | 0.07  | 0.05  | 0.01  | 0.01  |
| Varianza (%)           | 42.32 | 29.15 | 8.53  | 6.40  |
| Varianza acumulada (%) | 42.32 | 71.47 | 79.99 | 86.39 |



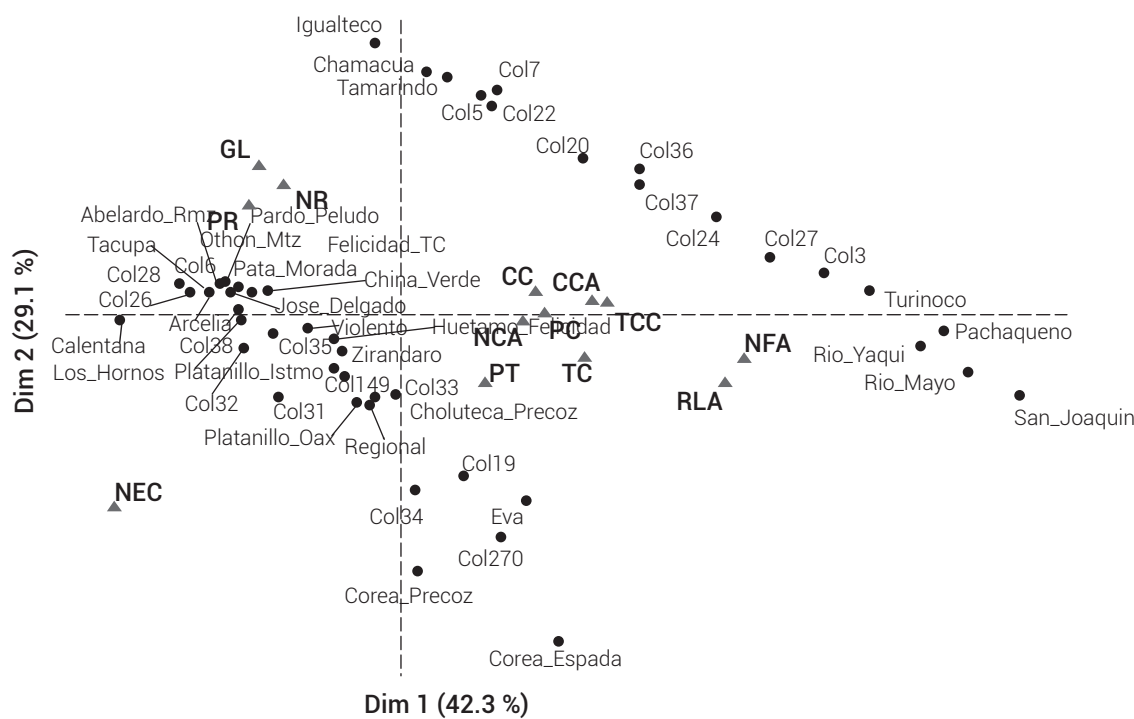


Figura 2. Dispersión de 50 genotipos de ajonjolí en las primeras dos dimensiones obtenidas del análisis de correspondencia en 13 variables cualitativas. TC: tipo de crecimiento de la planta, PR: posición de las ramas, PT: pubescencia del tallo, GL: grado de lobulado del limbo, RLA: relación longitud/ ancho del limbo, PC: pubescencia de la corola, CC: color principal de la corola, NR: número de ramas por planta, NEC: desarrollo de nectario extrafloral, NFA: número de flores por axila foliar, NCA: número de carpelos, ICC: intensidad del color rosa en la cara exterior de la corola.

Dos de las cinco variables que más contribuyeron a explicar la variabilidad entre los genotipos se encontraron del lado derecho; acentuando a San\_Joaquin, Río\_Mayo, Pachequeño, Río\_Yaqui, Turinoco, Col3, Col24, Col27 y Col37 que fueron discriminados por presentar mayor NFA, relación media en RLA y ausencia de NEC, mientras que las variables NR y GL tuvieron mayor influencia sobre los genotipos Chamacua, Igualteco, Tamarindo, Col5, Col7, Col20 y Col22, que presentaron alto número de ramas y fuerte grado de lobulado del limbo, al contrario de Col270, Corea\_Espada, San\_Joaquin, Corea\_Precoz y Eva, que no presentaron ramas o muy pocas y bajo grado de lobulado del limbo.

Recientemente, Tavitas *et al.* (2021) caracterizaron 205 accesiones del banco de germoplasma del INIFAP en Zacatepec, Morelos, con dos descriptores: tipo de ramificación (TC) y color de la corola (CC); de este banco procedieron 23 accesiones evaluadas en el presente estudio, coincidiendo con estos dos descriptores; sin embargo, para las condiciones ambientales de evaluación en el presente estudio, tanto CC como TC no contribuyeron de manera importante para explicar la variabilidad, ya que

son características que no varían con el ambiente; por tanto, no mostraron variación importante entre genotipos. Otros estudios han reafirmado que la alta variabilidad es explicada por el número de flores por axila (NFA) (Tesfaye *et al.*, 2021); es decir, la medición de NFA *per se* debe ser la prioritaria en programas de fitomejoramiento porque contribuye con aumentar la cantidad de cápsulas por planta, un rasgo que favorece de manera significativa el rendimiento de semilla en ajonjolí (Sabag *et al.*, 2021). Otros autores como Tesfaye *et al.* (2021) encontraron diversidad por la presencia de nectarios (NEC), Stavridou *et al.* (2021) lo hicieron en grado de lobulado del limbo (GL) y Ujjainkar *et al.* (2022) en ramas por planta (NR). En resumen, con variables cualitativas es posible identificar genotipos sobresalientes con base en NFA, NEC, GL y NR, y al mismo tiempo, con ellas revelar la diversidad fenotípica total del germoplasma evaluado.

**Análisis de agrupamiento jerárquico basado en caracteres de similitud**

La matriz de distancias euclidianas entre genotipos para las variables cuantitativas se presenta en la Figura 3, donde los genotipos menos similares aparecen en

color rojo (mayor distancia fenotípica) y los más similares en color azul. Los más distantes fueron los introducidos Corea\_Precoz y Corea\_Espada, con distancias de 12.08 y 10.97, respectivamente y son genotipos precoces a la floración y madurez de cápsulas, con más de una flor por axila foliar (NFA). Al buscar contrastes fenotípicos y asumir disimilitud genotípica, se pueden establecer dos núcleos fenotípicos-genotípicos con propósitos de cruzamiento, lo que facilita nuevos recombinantes transgresivos (Tesfaye *et al.*, 2021), bajo el entendido que la cruce de genotipos con menor distancia fenotípica puede dar como resultado un bajo valor heterótico en  $F_1$  y una amplitud limitada de variación en la población  $F_2$  que se espera (Hassen, 2022).

El método de agrupamiento jerárquico de Ward.D2, con distancia de Gower para las variables cuantitativas y cualitativas presentó un coeficiente de correlación aglomerativo de 0.95, del cual Kassambara (2017) señala que valores superiores a 0.75 son buenos y facilitan la construcción de interdistancias en el dendrograma; este último análisis permitió definir dos grupos (Figura 4).

El 78 % de los genotipos evaluados (39), se aglomeró en el Grupo I (color verde) con similitudes en longitud y anchura del limbo, grado de lobulado del limbo, altura de la planta, desarrollo de nectario extra floral, número de ramas por planta, número de cápsulas por planta, peso de semilla por planta y rendimiento por hectárea. El Grupo II (color rojo) se conjuntó con 11 genotipos (22 %) con similitudes en número de flores por axila foliar (más de una flor por axila), longitud de carga de la rama principal, longitud de la cápsula, días a inicio de la floración (37 a 46 dds) y de inicio a la madurez de cápsulas (72-82 dds), y sin presencia de nectarios. Es un grupo compuesto por genotipos precoces valiosos para áreas de baja precipitación pluvial. Respecto a disimilitud, los genotipos del Grupo I presentaron menor distancia fenotípica con 0.25, mientras que los del Grupo II tuvieron 0.38 (Figura 4). Esta dispersión sugiere la necesidad de enriquecer el germoplasma nacional, con evaluaciones de material exótico o introducido proveniente de colectas internacionales, en virtud de que los introducidos evaluados en este estudio abrieron más la distancia de la matriz de datos (Figura 3).

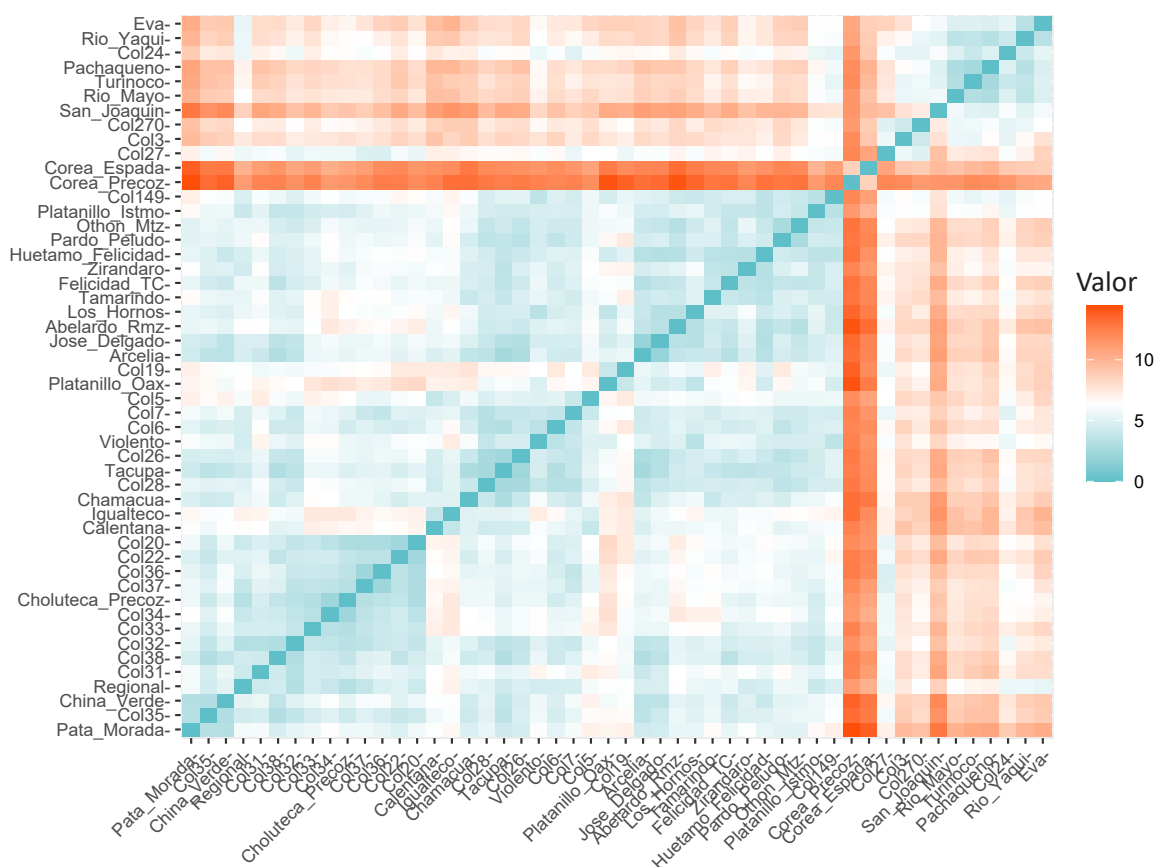


Figura 3. Mapa de calor para 50 genotipos de ajonjolí mediante matriz de relaciones fenotípicas.

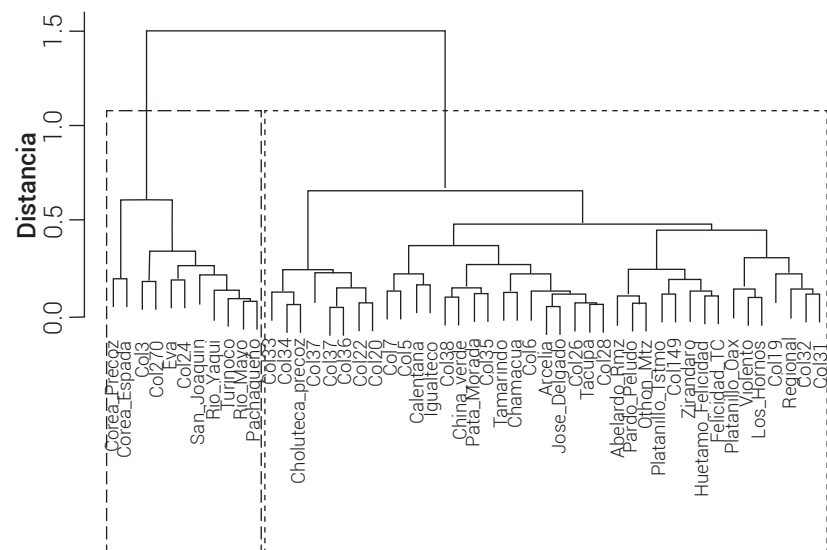


Figura 4. Dendrograma de 50 genotipos de ajonjolí obtenido con distancia de Gower y método de Ward.D2, con criterio de proximidad entre grupos, calculado con 11 variables cuantitativas y 13 cualitativas.

En una revisión general de la literatura con agrupamientos de esta naturaleza desarrollados para germoplasma de ajonjolí en otros países se encontró que en Grecia Stavridou *et al.* (2021) con 37 genotipos detectaron tres grupos, Yadav *et al.* (2022), con 50 genotipos formaron nueve grupos en la India, lugar de origen de esta especie y Hassen (2022) formó siete grupos con 100 genotipos en Etiopía.

En relación con las variables que construyen grupos de similitud en ajonjolí, Roy *et al.* (2022) identificaron altura de la planta, días al 50 % de floración, número de ramas por planta, número de cápsulas por planta, longitud de la cápsula y rendimiento de semillas por planta, que prácticamente fueron las mismas variables que permitieron el agrupamiento en la presente investigación. Respecto a disimilitud, Yadav *et al.* (2022) mencionaron al número de cápsulas por planta, número de ramas primarias y rendimiento de semillas por planta como importantes. Así, con la idea de construir a un arquetipo o modelo de planta utilizando los presentes resultados, podría resultar valioso concebir un genotipo de planta alta, con mayor cantidad de ramas, mayor número de cápsulas, y por tanto, de semillas por planta. Roy *et al.* (2022) consideran que el número de ramas por planta es altamente heredable, lo que significa que esta característica se rige por acción génica aditiva, donde la selección simple será efectiva. A este arquetipo se le puede agregar la precocidad, tanto de inicio de la floración como madurez de las capsulas; Hassen (2022) y Ujjainkar *et al.* (2022) encontraron genotipos con floración temprana a los 37 dds (50 % de plantas), Divya *et al.* (2022)

a los 43 dds, mientras Sabag *et al.* (2021) encontraron floración intermedia a los 49 dds y tardías a los 62 dds. Respecto a la madurez de las cápsulas, Ujjainkar *et al.* (2022) consideraron genotipos con madurez temprana a los 87 dds, (Hassen, 2022) encontró genotipos intermedios con 101 dds y tardíos de 124 dds en adelante. En consideración de las necesidades de los productores de ajonjolí, quienes manifiestan el requerimiento de variedades adaptadas a regiones agroecológicas de planicie y lomeríos del estado de Guerrero, puede agregarse al arquetipo citado, la variante precoz, intermedia o tardía, estratos de ciclos de cultivo que fueron detectados en el germoplasma estudiado en esta investigación; además, esto contribuiría a que se proponga la generación de materiales con base en los regímenes de lluvia de cada región.

Baraki *et al.* (2020) recomendaron realizar cruzas entre genotipos con amplia distancia fenotípica y con la media más alta para los caracteres deseados, ya que con ello se explota una mayor heterosis y con la recombinación se generarían combinaciones transgresivas de interés para la producción de grano de ajonjolí (Yadav *et al.*, 2022); además, se aprovecharían las ventajas especiales de cada subgrupo y genotipos dentro de un grupo, dependiendo de las combinaciones transgresivas requeridas (Tesfaye *et al.*, 2021). Al respecto, Divya *et al.* (2022) concluyeron que un mayor número de grupos muestra mayor diversidad, lo que favorece la selección de genotipos y características discriminantes que permitan la generación de variedades que respondan a la demanda y mercado del ajonjolí (Garnica *et al.*, 2020).



## CONCLUSIONES

La diversidad fenotípica presente en el germoplasma de ajonjolí evaluado se concentró con nueve variables cuantitativas y cinco cualitativas; con ellas, se presentó la mayor discriminación y explicación de la variabilidad entre genotipos. Si bien existe un alto grado de similitud fenotípica, existen al menos dos núcleos genéticos de variabilidad, que mediante cruzamientos y recombinación podrían proporcionar nueva diversidad aprovechable por los programas de mejoramiento genético del ajonjolí.

## AGRADECIMIENTOS

Al Consejo Nacional de Humanidades, Ciencias y Tecnologías y al Instituto Nacional de Investigaciones Forestales, Agrícolas y Pecuarias por el financiamiento del proyecto "Producción e incremento en la productividad del cultivo de ajonjolí en la región del pacífico sur de México, con número SIGI 2252335077". A la Bióloga Leticia Tavitas Fuentes, por facilitar los genotipos de ajonjolí del banco de germoplasma del INIFAP, Campo Experimental Zacatepec, Morelos, y a los productores de ajonjolí del estado de Guerrero, por facilitar las colectas de variedades criollas que cultivan en sus predios.

## BIBLIOGRAFÍA

- Akbar F., M. A. Rabbani, Z. K. Shinwari and S. J. Khan S (2011) Genetic divergence in sesame (*Sesamum indicum* L.) landraces based on qualitative and quantitative traits. *Pakistan Journal of Botany* 43:2737-2744.
- Baraki F., Z. Gebregergis, Y. Belay, M. Berhe, G. Teame, M. Hassen, ... and G. Araya (2020) Multivariate analysis for yield and yield-related traits of sesame (*Sesamum indicum* L.) genotypes. *Heliyon* 6:e05295, <https://doi.org/10.1016/j.heliyon.2020.e05295>
- Bedigian D. (2010) Characterization of sesame (*Sesamum indicum* L.) germplasm: a critique. *Genetic Resources and Crop Evolution* 57:641-647, <https://doi.org/10.1007/s10722-010-9552-x>
- Bonilla-Morales N. (2012) Análisis de estabilidad de híbridos experimentales de maíz con alta calidad de proteína en Costa Rica. *Agronomía Mesoamericana* 23:289-299, <https://doi.org/10.15517/am.v23i2.6491>
- Divya K., R. T. Shobha, D. Padmaja and B. T. Kiran (2022) Characterization (diversity analysis) in germplasm of sesame (*Sesamum indicum* L.). *Biological Forum - An International Journal* 14:204-209
- García E. (2004) Modificaciones al Sistema de Clasificación Climática de Köppen. Instituto de Geografía, UNAM. México D. F. 91 p.
- Garnica M. J. P., O. J. Rodríguez-Rodríguez, C. I. Jaramillo-Barrios, J. E. Villamil C. y J. A. Valencia M. (2020) Caracterización morfológica de 160 accesiones de ajonjolí (*Sesamum indicum* L.) del banco de germoplasma de Colombia. *Ciencia y Agricultura* 17:63-77, <https://doi.org/10.19053/01228420.v17.n3.2020.11618>
- Hassen M. (2022) Morphological characteristics of sesame (*Sesamum indicum* L.) genotypes via genetic diversity and characters association in Amibara, Ethiopia. *Ecology and Evolutionary Biology* 7:30-45, <https://doi.org/10.11648/j.eeb.20220703.11>
- INEGI, Instituto Nacional de Estadística y Geografía (2021) Aspectos Geográficos Guerrero 2021. Instituto Nacional de Estadística y Geografía. Aguascalientes, México. [https://en.www.inegi.org.mx/contenidos/app/areasgeograficas/resumen/resumen\\_12.pdf](https://en.www.inegi.org.mx/contenidos/app/areasgeograficas/resumen/resumen_12.pdf) (Febrero 2023).
- Joaquín T. I. C. (2003) Manual para producir ajonjolí en la Tierra Caliente de Guerrero y Michoacán. Folleto Técnico No. 10. Campo Experimental Iguala, Instituto Nacional de Investigaciones Forestales, Agrícolas y Pecuarias. Iguala de la Independencia, Guerrero, México. 32 p.
- Kassambara A. (2017) Multivariate Analysis II. Practical Guide to Principal Component Methods in R: PCA, M(CA), FAMD, MFA, HCPC, factoextra. STHDA. Marseille, France. 169 p.
- Montesinos L. O. A., F. J. Luna V., E. Franco P., A. Pastrana P. y R. Buenrostro M. (2019) Diseños de bloques incompletos como una alternativa para la evaluación de proyectos en organizaciones gubernamentales y no gubernamentales. *Nova Scientia* 11:433-477, <https://doi.org/10.21640/ns.v11i22.1867>
- R Core Team (2023) The R project for statistical computing. R Foundation for Statistical Computing. Vienna, Austria. <https://www.r-project.org/> (May 2023).
- Roy B., A. K. Pal and A. K. Basu (2022) The estimation of genetic variability and genetic divergence of some advance lines of sesame based on morphological traits. *Plant Science Today* 9:281-287, <https://doi.org/10.14719/pst.1407>
- Sabag I., G. Morota and Z. Peleg (2021) Genome-wide association analysis uncovers the genetic architecture of tradeoff between flowering date and yield components in sesame. *BMC Plant Biology* 21:549, <https://doi.org/10.1186/s12870-021-03328-4>
- SIAP, Servicio de Información Agroalimentaria y Pesquera (2022) Datos abiertos. Estadística de producción agrícola. Servicio de Información Agroalimentaria y Pesquera. Ciudad de México. <http://infosiap.siap.gob.mx/gobmx/datosAbiertos.php> (Enero 2024).
- Stavridou E., G. Lagiotis, P. Kalaitzidou, I. Igroriadis, I. Bosmali, E. Tsaliki, ... and P. Madesis (2021) Characterization of the genetic diversity present in a diverse sesame landrace collection based on phenotypic traits and EST-SSR markers coupled with an HRM analysis. *Plants* 10:656, <https://doi.org/10.3390/plants10040656>
- Tavitas F. L., L. Hernández A., C. Pérez M. y R. Vásquez O. (2021) Banco de germoplasma de ajonjolí (*Sesamum indicum* L.) del INIFAP. Folleto Técnico No. 117. Campo Experimental Zacatepec, INIFAP. Zacatepec, Morelos, México. 42 p.
- Tesfaye T., K. Tesfaye, G. Keneni and T. Alemu (2021) Morphological characteristics and genetic diversity of Ethiopian sesame genotypes. *African Crop Science Journal* 29:59-76, <https://doi.org/10.4314/acsj.v29i1.5>
- Ujjainkar V. V., E. R. Vaidya, S. M. Shinde and G. G. Kale (2022) Characterization of sesame (*Sesamum indicum* L.) germplasm. *International Journal of Innovative Science and Research Technology* 7:414-417, <https://doi.org/10.5281/zenodo.6945002>
- UPOV, Unión Internacional para la Protección de las Obtenciones Vegetales (2013) Directrices para la ejecución del examen de la distinción, la homogeneidad y la estabilidad para sésamo. Código UPOV: (sesam\_ind. *Sesamum indicum* L.) TG/292/1. Unión Internacional para la Protección de las Obtenciones Vegetales. Ginebra, Suiza. 25 p.
- Vásquez O. R., Z. M. Flores y F. L. Tavitas (2014) Producción orgánica del ajonjolí en Guerrero. Desplegable para Productores No. 23. Centro de Investigación Regional Pacífico Sur. Instituto Nacional de Investigaciones Forestales, Agrícolas y Pecuarias. Iguala, Guerrero. 2 p.
- Yadav B. P. S., V. Thiruvengadam, R. Sasikala and L. Rajendran (2022) Analysis of genetic diversity in sesame (*Sesamum indicum* L.) germplasm for yield and its attributing traits. *Electronic Journal of Plant Breeding* 13:927-931, <https://doi.org/10.37992/2022.1303.121>