

# ¿Qué se sabe sobre la diversidad genética del cempoalxóchitl?

*What is known about the genetic diversity of cempoalxóchitl?*

**María Dolores Burgos-González**

Laboratorio de Etnobiología, Universidad Autónoma del Estado de Hidalgo

✉ [bu296005@uaeh.edu.mx](mailto:bu296005@uaeh.edu.mx)

id <https://orcid.org/0009-0000-8417-4830>

**Dulce María Galván-Hernández**

Laboratorio de Etnobiología, Universidad Autónoma del Estado de Hidalgo

✉ [dulce\\_galvan11212@uaeh.edu.mx](mailto:dulce_galvan11212@uaeh.edu.mx)

id <https://orcid.org/0000-0001-6235-2050>

**Recibido**

27 de septiembre  
2024

**Aceptado**

7 de noviembre  
2024

**Publicado**

5 de julio  
2025

---

## Resumen

---

### Palabras clave:

Diversidad, genética, cempoalxóchitl, técnicas moleculares.

La variación genética es vital para la supervivencia de una especie ante cambios del ambiente. Para entender la habilidad de sobrevivir a esos cambios, los científicos han estudiado la diversidad genética de las especies a través de técnicas moleculares. La diversidad de especies de cempoalxóchitl ubica a México como un posible centro de origen y diversidad del género o al menos como un centro de radiación evolutiva; sin embargo, las escasas evidencias de DNA indican que el origen genético del género está en Sudamérica, lo que expone un gran vacío sobre el estudio de diversidad genética del cempoalxóchitl.

---

## Abstract

---

### Keywords:

Diversity, genetics, cempoalxóchitl, molecular techniques.

Genetic variation is vital for the survival of a species to changes in the environment. To understand the ability to survive these changes, scientists have studied the genetic diversity of species through molecular techniques. The diversity of cempoalxóchitl species places Mexico as a possible center of origin and diversity of the genus or at least as a center of evolutionary radiation; however, the scarce DNA evidence indicates that the genetic origin of the genus is in South America, which exposes a large gap in the study of genetic diversity of cempoalxóchitl.



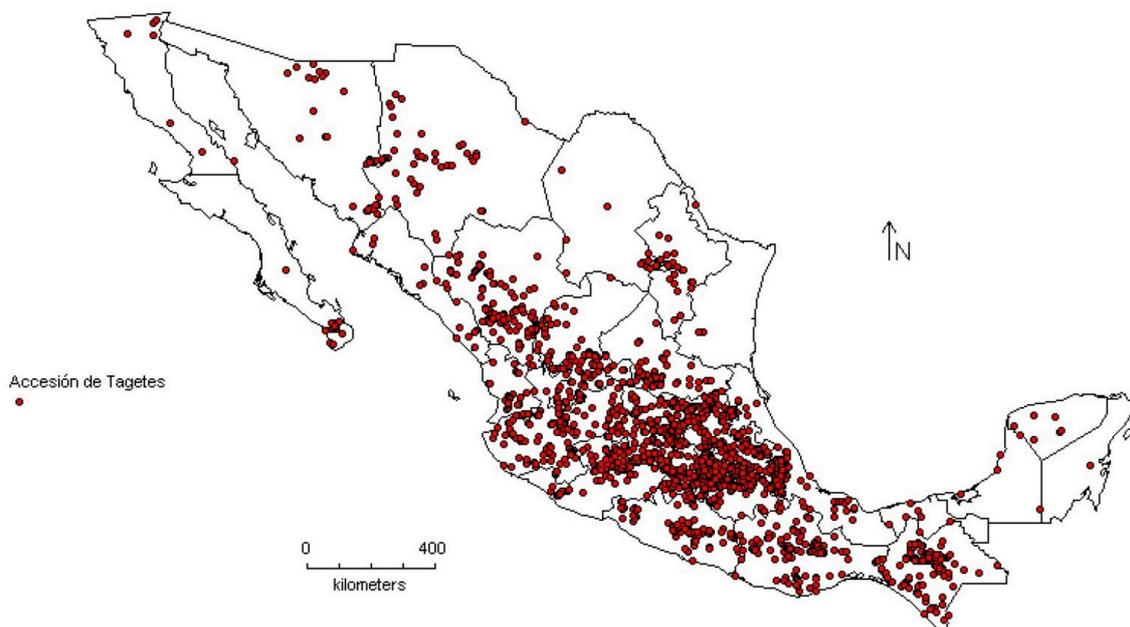
## Introducción

La diversidad genética es el número total de características genéticas en una especie, destacando, entre estas el número de genes, número de alelos por locus y heterocigosidad.

Las especies con mayor diversidad genética tienen más probabilidad de sobrevivir ante cambios del ambiente, por el contrario, cuando esta diversidad genética se reduce se presenta un mayor riesgo a la extinción. Conocer la variación genética nos permitiría entender la habilidad que tienen las especies para responder a los cambios ambientales, lo que conlleva implicaciones importantes para conservar su potencial evolutivo (Loo y Canadian, 2011).

## Biodiversidad del género *Tagetes*

El término *cmepoalxóchitl* se refiere a las especies pertenecientes al género *Tagetes*, el cual es endémico del continente americano (Serrato, 2014). El género *Tagetes* se encuentra dentro de la familia Asteraceae, una de las más diversas del grupo de angiospermas, (comúnmente llamadas plantas con flores). Las plantas de la familia Asteraceae tienen una amplia distribución geográfica, son predominantes en regiones tropicales y subtropicales, además se encuentran presentes en casi todos los hábitats del mundo debido a su capacidad de dispersión, la variedad de estructuras secretoras que les confieren la capacidad de interactuar o defenderse contra otros organismos y eliminar sustancias de desecho en forma de aceites, resinas, mucílagos, entre otros; y a su plasticidad fenotípica.



*En México se encuentran aproximadamente 3,113 de las 20,000 especies pertenecientes a la familia, incluidas en 26 tribus y 417 géneros (Villaseñor, 2018; Liesenfeld et al., 2019).*

*Tagetes* es un género que pertenece a la tribu Tageteae que comprende aproximadamente 50 especies de plantas aromáticas, herbáceas anuales o perennes y subarbustos, con distribución de Argentina hasta el suroeste de Estados Unidos (Villareal, 2003), de este total de especies en México se estima la presencia de 24 (Turner, 1996); por lo que se ha considerado por algunos autores (Turner y Neson, 1993; Turner, 1996; Villaseñor, 2016) un centro de diversificación de este género de plantas que se caracteriza por poseer numerosas y diversas glándulas distribuidas en las brácteas que protegen las flores en forma de lígula y tubulares, de diversas tonalidades desde amarillas, anaranjadas y blancas.

Se sabe que a mayor diversidad biológica habría menor probabilidad de extinción, lo mismo ocurre a nivel genético ya que a mayor variación genética dentro de las poblaciones se conserva mejor su potencial evolutivo, por lo que el estudio a este nivel es importante para realizar una caracterización del germoplasma que contribuya a mantener este recurso para su aprovechamiento.

## Genoma del género *Tagetes*

El contenido promedio de DNA nuclear de poblaciones diploides (dos copias de cada cromosoma) y tetraploides (cuatro juegos de cromosomas), es una estimación que sugiere el tamaño del genoma que se podría esperar para una especie. Serrato y colaboradores (2000) realizaron un trabajo para determinar el contenido de DNA y nivel de ploidía (número de juegos completos de cromosomas) en algunas especies de *Tagetes* utilizando una técnica de laboratorio llamada citometría de flujo. Su trabajo indicó variación del contenido absoluto de DNA del 20% entre y 4-13% dentro de poblaciones diploides. El cariotipo (tamaño, forma y número de cromosomas) de la mayoría de las especies del género *Tagetes*, consiste de un número haploide de cromosomas  $n=12$ , exceptuando a *T. lucida* con  $n=11$ ; la mayoría de las especies son diploides  $2n=24$  cromosomas, excepto *T. patula* y *T. tenuifolia* que son tetraploides  $2n=48$  (Strother, 1977).

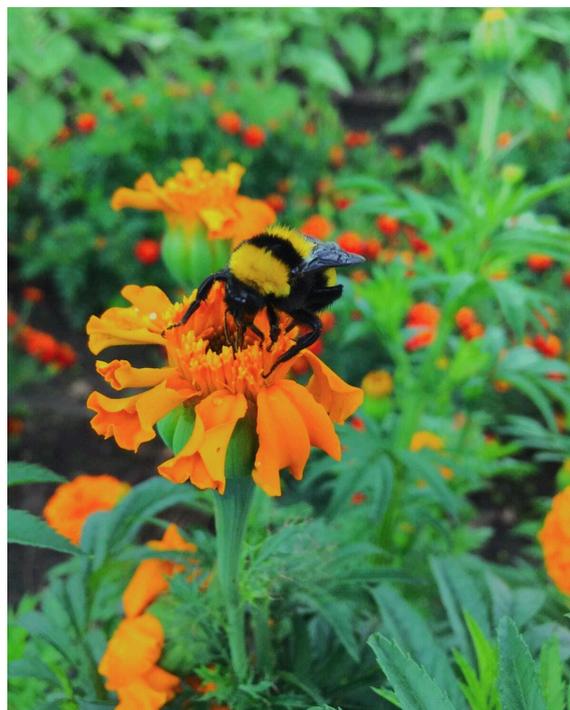
Towner (1961) menciona que el tetraploide *T. patula* se originó por el cruzamiento entre *T. erecta* y *T. lunulata*; las especies *T. erecta* y *T. patula* han evolucionado bajo selección artificial. La expresión genética por dicha selección resulta en una amplia diversidad de cabezuelas florales de *T. erecta*, debido a una conservación tradicional enfocada en obtener flores grandes y vistosas en las regiones del centro y sur de México.

Serrato (2014) resalta que la determinación del tamaño y forma de los cromosomas del género *Tagetes* es un problema, ya que son bastante pequeños y sugiere emplear la citometría de flujo para una buena caracterización de sus cromosomas y ser un buen complemento de la caracterización molecular (uso de marcadores moleculares para determinar las características genéticas de las células), con el fin de conocer procesos evolutivos de especies tanto silvestres como domesticadas y su filogenia. La rapidez con la que se midió el nivel de ploidía en *Tagetes* mediante citometría de flujo permitiría realizar estudios sobre evolución y taxonomía con un mayor número de muestras, localidades, ambientes y regiones, tal como lo mostró López (2017) donde determinó que el contenido total de DNA nuclear en las poblaciones de *Tagetes* en Hidalgo se encuentran entre 2.33-5.57 picogramos.

Recientemente, Xin y colaboradores (2023) han estimado la longitud del genoma de *Tagetes erecta* (707 210 696 pares de bases) por medio de técnicas de secuenciación que consisten en describir la posición de cada nucleótido dentro del genoma; estas técnicas contribuyen al conocimiento de la evolución y diversificación del género.

## Estudios de diversidad genética en el género *Tagetes*

En la última década el uso de marcadores moleculares (biomoléculas que se pueden relacionar con un rasgo genético) han brindado un mayor soporte científico para sugerir que la diversidad de especies de *Tagetes* distribuidas en América del Norte, principalmente en México, puede ser un posible centro de origen o radiación evolutiva. No obstante, los trabajos de diversidad genética del género *Tagetes* son escasos (Serrato, 2010).



**Abejorro del género *Bombus* (Hymenoptera: Apidae) sobre flor de cempoalxóchitl (*Tagetes erecta*).**

Fotografía: Dulce Galván.

Membrilla-Ochoa (2013) menciona que el uso de marcadores moleculares como ITS (identifica regiones entre los segmentos del gen codificante del ribosoma 35S), RAPD (marcadores que detectan polimorfismo de DNA al azar) e ISSR (basados en secuencias repetitivas altamente variables en el genoma), permiten establecer la relación genética entre ejemplares de una misma población o entre especies. A través del uso de ITS ha sido posible corroborar los eventos de radiación adaptativa del género en el continente americano; además, utilizando los marcadores ISSR y RAPD, fue posible realizar el primer acercamiento de una caracterización molecular de *Tagetes* de México, incluyendo algunos especímenes de Sudamérica, lo que indica que las

especies de este género divergieron hace millones de años (Membrilla-Ochoa, 2013).

Por otro lado, se realizó un análisis de diversidad genética de especies de *Tagetes* en el norte de Pakistán, aislando 15 genotipos de las especies *T. erecta*, *T. patula* y *T. minuta* para identificar el polimorfismo genético (variantes del genoma), obteniendo como resultado un porcentaje del 95.21%, este trabajo fue el primer intento científico realizado en aquel país para caracterizar las especies de *Tagetes* sobre la base de secuencias de DNA utilizando marcadores RAPD y STS (variaciones en nucleótidos únicos en una posición conocida del DNA) (Shahzadi et al., 2016).



**Pintura digital de algunas especies del género *Tagetes* generadas con Procreate.**  
Imagen: María Dolores Burgos.

El marcaje molecular de tipo ISSR e ITS demostró ser una técnica rápida y útil para estudiar la variación entre y dentro del género *Tagetes*, puesto que permitió obtener las primeras referencias del germoplasma, aislando y discriminando genotipos, esto fue posible realizar en especies distribuidas en el estado de Hidalgo (López, 2017).

Recientemente, Cicevan y colaboradores (2022) sometieron a un análisis de marcadores SSR (fragmentos de DNA repetitivos) un subconjunto de 13 cultivares de tres especies (*T. patula*, *T. erecta* y *T. tenuifolia*). En sus resultados reportan un alto grado de fijación alélica, es decir, una mayor predominancia de un grupo de alelos. Por otro lado, realizaron un dendrograma utilizando la distancia genética de Nei, separando las especies en dos grupos principales, el primero integrado por los cultivares de *T. patula* y el segundo, compuesto por todos los individuos pertenecientes a las otras dos especies, lo que representa sus similitudes genéticas.

Estos trabajos contribuyen al entendimiento de la diversidad genética de las especies del género *Tagetes* en México, sin embargo, aún se requiere mayor evidencia de la información genética contenida en ellas ya que constituyen un recurso fitogenético de interés para su conservación y aprovechamiento.

## Importancia como recurso fitogenético

A partir del siglo XIX solo dos especies de *Tagetes* (*T. erecta* y *T. patula*) han sido objeto de estudio para trabajos de mejoramiento a nivel ge-

nético, desarrollando plantas sobreproductoras de pigmento y metabolitos secundarios (USPTO, 2013), además de variedades ornamentales.

En México muchas especies fueron utilizadas antes de la conquista española, y siguen siendo empleadas de forma tradicional. Sin embargo, por la falta de estudios, varias de las especies de *Tagetes* son desconocidas e incluso olvidadas. Aunque la información de herbarios nacionales e internacionales sean una valiosa referencia del género como recurso natural, tal valor podría potenciarse caracterizando genéticamente las especies para conformar bancos de germoplasma (lugar destinado a la conservación de la diversidad genética de uno o varios cultivos y sus especies silvestres relacionadas), que posibiliten realizar estudios puntuales de aprovechamiento de *Tagetes*, como fuente de medicina, pigmento, alimento, suplemento, biopesticida, saborizante, aromatizante y ornato (Serrato, 2014). Actualmente se cuenta con 2500 accesiones de *Tagetes* en México, de acuerdo a los trabajos de la Red Cempoalxochitl del Sistema Nacional de Recurso Fitogenéticos (Plan Estratégico SADER-CRG-SRGA) pero es necesaria su caracterización molecular (Serrato, comunicación personal, octubre 2024).

Cabe resaltar que los trabajos sobre diversidad genética complementarán estudios sobre morfología, química, toxicología, agronomía, etnobotánica, entre otros, y en conjunto permitirán un mejor manejo para la conservación y persistencia del género *Tagetes*, mediante técnicas de conservación de germoplasma y selección de progenitores para trabajos de mejoramiento (Cicevan *et al.*, 2022).

## Entonces, ¿Cuánto sabemos sobre la diversidad genética del cempoalxóchitl?

En general los trabajos de investigación sobre diversidad genética en *Tagetes* son escasos y los pocos que existen en México están enfocados en solo unas cuantas especies del género, por lo que aún hay un largo camino por recorrer para contar con el sustento genético necesario para plantear estrategias para su conservación y/o aprovechamiento.



## Referencias

- Cicevan, R., Sestras, A. F., Plazas, M., Boscaiu, M., Vilanova, S., Gramazio, P., Vicente, O., Prohens, J., y Sestras, R. E. (2022). Biological traits and genetic relationships amongst cultivars of three species of *Tagetes* (Asteraceae). *Plants*, 11(6), 760.
- Liesenfeld, V., Gentz, P., De Freitas, E. M., y Martins, S. (2019). Leaf morphology and anatomy of Asteraceae of the Pampas biome (sand-fields). *Flora*, 258, 151418.
- Loo, J. A., y Canadian, F. S. (2011). *Manual de genética de la conservación: principios aplicados de genética para la conservación de la diversidad biológica*. Comisión Nacional Forestal de México.
- López, L., E. (2017). Estudio y aprovechamiento del género *Tagetes* del Estado de Hidalgo. [Tesis de Doctorado]. Universidad Autónoma Chapingo.
- Membrilla-Ochoa, A. (2013). Caracterización molecular de ejemplares del género *Tagetes* y elaboración de su árbol filogenético. [Tesis de Licenciatura]. Universidad Autónoma de Querétaro.
- Serrato, C. M. A. (2014). El recurso genético cempoalxóchitl (*Tagetes* spp.) de México (diagnóstico). Universidad Autónoma Chapingo-SINAREFI-SNICS-SAGARPA.
- Serrato, M. (2010). Información documental sobre el taxa *Tagetes* para dimensionar su centro de origen y diversidad genética en México. *CONABIO*, 63.
- Serrato-Cruz, M. Á., Hernández-Rodríguez, M., Savidan, Y., y Bárcenas-Ortega, N. M. (2000). Determinación de la ploidía en progenies de *Tagetes* spp. mediante citómetro de flujo. *Agrociencia*, 34(6), 735-740.
- Shahzadi, I., Ahmad, R., Waheed, U., y Shah, M. M. (2016). Genetic diversity analysis of *Tagetes* species using PCR based molecular markers. *Pakistan Journal of Botany*, 48(4), 1593-1599.
- Strother J., L. 1977. Tageteae-sytematic review. En V. H. Heywood, J. B. Harborne, y B. I. Turner (Eds.), *Biology and Chemistry of the Compositae* (pp. 769-783). Academic Press.
- Turner, B. L., y Nesom, G. L. (1993). Biogeography, diversity, and endangered or threatened status of Mexican Asteraceae. En T. P. Ramamoorthy, R. A. Bye, A. Lot, y J. E. Fa (Eds.), *Biological diversity of Mexico: origins and distribution* (pp. 559-575). Oxford University Press.
- Towner, J. W. (1961). Cytogenetic studies on the origin of *Tagetes patula*. I. meiosis and morphology of diploid and allotetraploid *T. erecta* x *T. tenuifolia*. *American Journal of Botany*, 48(9), 743-751.
- Turner, B., L. (1996). The comps of Mexico- A systematic account of the family Asteraceae. Tageteae and Anthemideae. *Phytologia Memoirs*, 6, 1-93.

USPTO (2013). *Tagetes*.

<http://patft.uspto.gov/netacgi/nph-Parser?Sect1=PTO2&Sect2=HITOFF&u=%2Fnethtml%2FPTO%2Fsearch-adv.htm&r=0&f=S&l=50&d=PTXT&OS=tagetes&RS=tagetes&Query=tagetes&TD=579&Srcht=tagetes&NextList2=Next+50+Hits>  
(15 Agosto 2013).

Villarreal Q., J. A. (2003). *Familia Compositae: Tribu Tageteae. Flora del Bajío y de Regiones Adyacentes*. Fascículo 113. Instituto de Ecología A. C.

Villaseñor, J.L. (2016). Checklist of the native vascular plants of Mexico. *Revista Mexicana de Biodiversidad*, 87, 559-902.

Villaseñor, J. L. (2018). Diversidad y distribución de la familia Asteraceae en México. *Botanical Science*, 96, 332-358.

Xin, H., Ji, F., Wu, J., Zhang, S., Yi, C., Zhao, S., Cong, R., Zhao, L., Zhang, H. y Zhang, Z. (2023). Chromosome-scale genome assembly of marigold (*Tagetes erecta* L.): An ornamental plant and feedstock for industrial lutein production. *Horticultural Plant Journal*, 9(6), 1119-1130.



**Editora responsable:**

María del Consuelo Cuevas Cardona