



## Caracterización morfológica de accesiones de *Phaseolus vulgaris* L. en el Banco de Germoplasma del INIFAT

### Morphological characterization of accessions of *Phaseolus vulgaris* L. in the GeneBank of INIFAT

Leixys Rodríguez Rodríguez\*, Lianne Fernández Granda, María de los Ángeles Torres Mederos

Instituto de Investigaciones Fundamentales en Agricultura Tropical "Alejandro de Humboldt" (INIFAT), calles 188 #38754 e/ 397 y Linderos, Santiago de las Vegas, Boyeros, La Habana, Cuba. C.P. 10800

**RESUMEN:** La colección de frijol común (*Phaseolus vulgaris* L.) del Banco de Germoplasma del Instituto de Investigaciones Fundamentales en Agricultura Tropical "Alejandro de Humboldt" (INIFAT) tiene potencial para ser utilizada en programas de mejoramiento genético del cultivo, en el desarrollo de estrategias de conservación de variedades locales, para el enfrentamiento al cambio climático, entre otras funciones. La óptima explotación del potencial genético de dicha colección solo se alcanza mediante la caracterización. El siguiente trabajo tuvo como objetivo caracterizar la variabilidad genética de una muestra de 35 accesiones de frijol común (*Phaseolus vulgaris* L.) mediante el empleo de 31 descriptores morfológicos. La muestra seleccionada presentó menor variabilidad en cuanto a los tiempos de madurez y cosecha y una significativa correlación entre los caracteres relacionados con la arquitectura de planta. El análisis de componentes principales indicó que los dos primeros componentes explicaron el 63,8 % de la varianza total. El tipo de grano y su tamaño tuvieron un papel importante en el agrupamiento de las accesiones. Varios genotipos evaluados presentan potencial como líneas básicas de mejoramiento.

**Palabras clave:** características agronómicas, germoplasma, frijol.

**ABSTRACT:** The common bean collection (*Phaseolus vulgaris* L.) from the Genebank of Institute for Fundamental Research in Tropical Agriculture "Alejandro de Humboldt" (INIFAT), has the potential to be used as genetic material in breeding programs for the crop, in the development of strategies for the conservation of local varieties, for confronting climate change, among other functions. The optimal exploitation of the genetic potential of this collection is only achieved through characterization. The following work aims to characterize the genetic variability of a sample of 35 accessions of common bean (*Phaseolus vulgaris* L.) through the use of 31 morphological descriptors. The selected sample presented less variability in terms of maturity and harvest times, also presented a significant correlation between the traits related to the architecture of the plant. Principal component analysis indicated that first two components explained 63.8 % of total variance. The type and size of grains have an important role in the grouping of the accessions. Several genotypes evaluated have potential as basic breeding lines.

**KEY WORDS:** agronomic traits, germplasm, common beans.

## INTRODUCCIÓN

El frijol común (*Phaseolus vulgaris* L.) está entre las legumbres más cultivadas y consumidas del mundo, representativa de las regiones tropicales; aunque también en las regiones templadas, el frijol juega un papel

fundamental en la dieta de millones de personas. Es un grano que contiene alrededor de 15 minerales esenciales y una fuente importante de proteínas (1-6). *Phaseolus vulgaris* tiene un origen mexicano y se expandió, a través de diferentes eventos de migración, hacia diferentes

\*Autor para correspondencia: [genetica2@inifat.co.cu](mailto:genetica2@inifat.co.cu), [leixys83@gmail.com](mailto:leixys83@gmail.com)

Recibido: 26/04/2022

Aceptado: 08/06/2022

**Conflicto de intereses:** Los autores declaran no tener conflicto de intereses.

**Contribución de los autores:** **Conceptualización-** Leixys Rodríguez Rodríguez. **Investigación-** Leixys Rodríguez Rodríguez.

**Metodología-** María de los Ángeles Torres. **Supervisión-** Lianne Fernández Granda. **Escritura del borrador inicial, Escritura y edición final y Curación de datos-** Leixys Rodríguez Rodríguez.

Este artículo se encuentra bajo los términos de la licencia Creative Commons Attribution-NonCommercial (CC BY-NC 4.0). <https://creativecommons.org/licenses/by-nc/4.0/>



regiones del continente. La especie se caracteriza por presentar tres flujos genéticos eco-geográficos: Mesoamérica y los Andes, los dos mayores flujos genéticos que incluyen tanto especies silvestres como domesticadas y un tercer flujo al norte de Perú-Ecuador con una distribución más limitada e incluye solo formas silvestres (6-8).

En el caso de Cuba, el frijol se considera uno de los cultivos de mayor relevancia en la dieta básica. La siembra de frijoles ha disminuido en los últimos años, en 2020, se alcanzó la cifra de 73 096 hectáreas del grano, casi la mitad de las cifras alcanzadas en 2016. El rendimiento también se ha afectado respecto a los años anteriores con disminuciones de hasta 0.22 toneladas por hectárea de grano, entre 2016 y 2020 (9). Evidentemente, estas cifras no son suficientes para satisfacer la demanda nacional; se ha planteado que el país necesita importar alrededor de 60 mil toneladas del grano, lo cual representa más de 52 millones de dólares. La producción de frijoles en Cuba se enfrenta a problemas de baja fertilidad de los suelos, sequía, malezas y afectaciones por enfermedades, que son las principales causas limitantes (10). Disponer de germoplasma con mayor variabilidad genética y tolerancia a las limitantes señaladas anteriormente, puede contribuir al incremento de la productividad del cultivo en las condiciones del país.

La selección y mejoramiento sistemático de los cultivos ha resultado en la pérdida de la diversidad genética y el reemplazo de variedades tradicionales, y *Phaseolus vulgaris* no es una excepción. La diversidad genética, representada por las variedades tradicionales localmente adaptadas, es considerada vital para salvaguardar la productividad de los diferentes cultivos para el futuro (7,11). Los bancos de germoplasma propician la conservación de la diversidad agrícola mundial, con ellos se previene el efecto que ejercen las nuevas variedades altamente productivas y homogéneas sobre la erosión genética (2,12).

El Banco de Germoplasma del Instituto Fundamental de Agricultura Tropical "Alejandro de Humboldt" (INIFAT) tiene una colección de más de 700 accesiones de frijol común, colectadas en diferentes puntos de la isla y de materiales foráneos introducidos. A pesar de que dicha colección ha sido utilizada como fuente de genes para el fitomejoramiento de la especie, en la actualidad, se tiene poca información acerca de su constitución genética y aún existen vacíos sobre la variabilidad de muchas de sus accesiones. Teniendo en cuenta que el frijol es considerado uno de los cultivos más diversos en cuanto a variaciones en el hábito de crecimiento, la altura de la planta, las características de las vainas, la maduración, el peso y la talla de semillas (13), la caracterización de las colecciones de la especie adquiere una mayor importancia.

El objetivo de este trabajo es caracterizar la variabilidad genética de una muestra de 35 accesiones de frijol común (*Phaseolus vulgaris* L.), mediante el empleo de 31 descriptores morfológicos.

## MATERIALES Y MÉTODOS

### Material vegetal y su descripción

La muestra seleccionada para el estudio provenía de la colección de frijol común, conservada a 8°C, en el Banco de Germoplasma del INIFAT, localizado entre los 23°58'39"N y 82°22'41"W, en el municipio de Boyeros, La Habana, Cuba. Para ello, fueron seleccionadas 35 accesiones (Tabla 1) colectadas durante los años 2008-2010. La siembra se realizó en la campaña de invierno 2016-2017 en las áreas del INIFAT, utilizando un diseño completamente aleatorizado con 35 tratamientos (n=30). La unidad experimental de 9,6 m<sup>2</sup> estuvo constituida por cinco surcos de 1,5 m de longitud, distanciados 0,6 m, con 8 cm entre plantas.

### Análisis de caracteres morfológicos

En total, se evaluaron 21 caracteres cualitativos y 10 caracteres cuantitativos, correspondientes a diferentes estados fenológicos de la planta y relacionados con el rendimiento y sus componentes: tres en estado de plántula, trece en floración, seis en el estado de madurez fisiológica y nueve en la época de cosecha (Tabla 2). Los descriptores se seleccionaron en correspondencia al listado desarrollado por el Centro Internacional de Agricultura Tropical (CIAT) (14).

Para los caracteres cuantitativos, se comprobaron los supuestos de normalidad y homogeneidad de varianzas mediante un Análisis de Varianza (ANOVA) empleando el estadístico W de Shapiro-Wilks para aceptar o refutar la hipótesis experimental (datos no mostrados). Se calcularon los valores de la media, el mínimo, el máximo, la desviación estándar y el coeficiente de variación para cada variable. Se estimó el grado de asociación entre pares de variables cuantitativas mediante el empleo del coeficiente de correlación de Pearson. Se desarrolló, además, un Análisis de Componentes Principales (ACP) para determinar las similitudes entre las diferentes accesiones. Para el caso de los caracteres cualitativos, estos se transformaron a una matriz de atributos binarios; las similitudes entre accesiones se calcularon mediante el coeficiente de similitud de Jaccard. Todos los análisis estadísticos se realizaron con el programa InfoStat versión 2020 (Universidad Nacional de Córdoba, Argentina).

## RESULTADOS Y DISCUSION

### Análisis de los caracteres cuantitativos

Como se registra en la Tabla 3, el carácter más variable fue el PS donde el Variado Chileno mostró los mayores valores seguido por Velazco largo Mejorado y la accesión P-3793; mientras que los menores valores para este carácter correspondieron a la accesión P-3609. Otros caracteres altamente variables fueron LxA, LTP y DF. Los caracteres relacionados con los DC y DMF fueron los menos variables, las accesiones que demoraron menor

**Tabla 1.** Nomenclatura y características de las 35 accesiones de frijol común

No.	Accesión	Color de grano (14)	Lugar de origen
1	P-3207	Amarillo dorado	Habana
2	P-3289	Negro	Guantánamo
3	P-3293	Negro	Guantánamo
4	P-3306	Negro	Guantánamo
5	P-3309	Negro	Guantánamo
6	P-3310	Café rojizo jaspeado crema	Guantánamo
7	P-3334	Rojo	Guantánamo
8	P-3337	Café	Guantánamo
9	P-3606	Rojo	Artemisa
10	P-3609	Negro	Artemisa
11	P-3611	Blanco	Artemisa
12	P-3613	Café	Artemisa
13	P-3614	Café claro jaspeado en rojo	Artemisa
14	P-3785	Rojo jaspeado café claro	Desconocido
15	P-3787	Negro	Guantánamo
16	P-3788	Rojo jaspeado rojo	Guantánamo
17	P-3790	Café rojizo	Guantánamo
18	P-3791	Café rojizo jaspeado crema	Guantánamo
19	P-3793	Rojo	Guantánamo
20	P-3794	Negro	Guantánamo
21	P-3796	Café rojizo jaspeado crema	Guantánamo
22	P-3797	Amarillo azufrado jaspeado café	Guantánamo
23	P-3798	Rojo jaspeado café oscuro	Guantánamo
24	P-3802	Negro	Artemisa
25	P-3805	Negro	Guantánamo
26	P-3806	Negro	Artemisa
27	P-3809	Negro	Artemisa
28	P-3810	Negro	Artemisa
29	P-3811	Negro	Artemisa
30	Velazco largo Mejorado (Variedad)	Rojo	Villa Clara
31	Variado Chileno	Rojo	Villa Clara
32	California (Variedad)	Rojo	Desconocido
33	Caujerí 2170 (Variedad)	Negro	Villa Clara
34	Rayado 2258 (Variedad)	Rojo jaspeado café	Villa Clara
35	Maní (F3)	Rojo	Villa Clara

tiempo para madurar fueron Variado Chileno, P-3337, P-3309 y P-3614 con 59 días, mientras que la accesión P-3805 requirió más tiempo para la maduración con 77 días. Las accesiones que requirieron menos días para la cosecha (DC) fueron P-3793, Variado Chileno, California y Maní con 77 días; mientras que P-3802 fue la accesión más demorada con 92 días.

Para cada carácter se analizan los valores de la media, el coeficiente de variación (CV) y los valores mínimos (Mín.) y máximo (Máx.).

Muchas de las accesiones estudiadas son el resultado de varios años de selección natural y artificial, en dependencia de la adaptación presentada a las características locales de cada región donde fue colectado el material. Esto explica muchos de los resultados alcanzados, ejemplo de ello es la variación relativamente baja en caracteres como Días a la madurez fisiológica (DMF) y Días a la cosecha (DC), que como se expresó con anterioridad, son caracteres muy valorados por los productores, al igual que el rendimiento.

Los ciclos largos coinciden con los periodos más secos del país por lo que ciclos cortos pudieran evadir tales periodos, así como garantizar varios ciclos de cultivo en una campaña. Resultados similares han sido descritos por otros autores (15).

El análisis del coeficiente de correlación (Tabla 4) muestra que varios caracteres están positivamente correlacionados entre sí. Basado en los resultados, DE se correlaciona con DA ( $r=0.176$ ), DMF ( $r=0.151$ ) y DC ( $r=0.102$ ); el carácter Días a antesis DA se correlaciona positivamente con DMF ( $r=0.459$ ) y DC ( $r=0.431$ ). Los datos revelan una significativa correlación entre L con A ( $r=0.803$ ) y LxA ( $r=0.911$ ), así como entre DMF y DC ( $r=0.658$ ).

Se observaron relaciones negativas entre diferentes caracteres (Tabla 4), principalmente, entre PS y los DA ( $r=-0.678$ ), los DMF ( $r=-0.649$ ) y DC ( $r=-0.612$ ) donde se obtuvieron lo mayores valores. Igualmente, se observaron interrelaciones negativas entre caracteres de madurez

**Tabla 2.** Descriptores morfológicos empleados en la caracterización de las accesiones de frijol común

Variables cualitativas		Variables cuantitativas	
<b>CCot</b>	Color predominante de los cotiledones	<b>DE</b>	Días a emergencia
<b>CHip</b>	Color predominante del hipocótilo	<b>DA</b>	Días a antesis
<b>CNH</b>	Color predominante de las nervaduras de las hojas primarias	<b>DF</b>	Duración de la floración
<b>CA</b>	Color predominante de las alas	<b>LTP</b>	Longitud del tallo principal (cm)
<b>CE</b>	Color predominante del limbo del estandarte	<b>L</b>	Longitud de la hoja
<b>DCL</b>	Distribución del color del limbo	<b>A</b>	Anchura de la hoja
<b>VLE</b>	Venaciones	<b>LxA</b>	Área foliar
<b>CV</b>	Color predominante de las venaciones	<b>DMF</b>	Días a la madurez fisiológica
<b>CCE</b>	Color predominante cuello del estandarte	<b>DC</b>	Días a la cosecha
<b>CCal</b>	Color predominante del cáliz	<b>PS</b>	Masa de 100 semillas
<b>Hab</b>	Hábito predominante de crecimiento del tallo		
<b>CTP</b>	Color predominante del tallo principal		
<b>Ram</b>	Tipo predominante de ramificación		
<b>A</b>	Acame		
<b>CPS</b>	Color primario de la semilla		
<b>PDCS1</b>	Patrón de distribución del color primario de la semilla		
<b>PDCS2</b>	Color secundario de la semilla		
<b>Testa</b>	Aspecto predominante de la testa		
<b>VS</b>	Presencia o ausencia de venaciones en semillas		
<b>CHilo</b>	Presencia de color alrededor del hilo		
<b>FS</b>	Forma predominante de la semilla		

**Tabla 3.** Variación de los caracteres cuantitativos en las 35 accesiones de frijol común (*Phaseolus vulgaris* L.)

Caracteres	Media	CV (%)	Mín.	Máx.
DE	4.83	14.82	4.00	7.00
DA	36.58	13.06	29.00	46.00
DF	25.61	26.23	14.00	56.00
LTP (cm)	34.48	30.41	10.00	59.00
L (cm)	9.87	18.39	5.00	16.30
A (cm)	8.07	17.49	3.40	12.80
LxA (cm <sup>2</sup> )	80.91	34.95	5.00	185.82
DMF	64.90	6.86	59.00	77.00
DC	84.16	4.65	77.00	92.00
PS (g)	32.75	42.12	17.90	61.79

**Tabla 4.** Coeficiente de correlación genotípica (Pearson) para los diez caracteres cuantitativos evaluados en las accesiones de *Phaseolus vulgaris* L.

	DE	DA	DF	LTP	L	A	LxA	DMF	DC	PS
<b>DE</b>	1.000									
<b>DA</b>	0.176	1.000								
<b>DF</b>	-0.129	-0.184	1.000							
<b>LTP (cm)</b>	-0.179	-0.160	-0.130	1.000						
<b>L (cm)</b>	-0.180	-0.170	-0.010	0.406	1.000					
<b>A (cm)</b>	-0.131	0.044	-0.070	0.307	0.803	1.000				
<b>LxA (cm<sup>2</sup>)</b>	-0.182	-0.067	-0.032	0.371	0.924	0.911	1.000			
<b>DMF</b>	0.151	0.459	0.030	-0.297	-0.144	-0.007	-0.062	1.000		
<b>DC</b>	0.102	0.431	0.024	-0.382	-0.183	-0.035	-0.098	0.658	1.000	
<b>PS (g)</b>	-0.137	-0.678	-0.050	0.299	0.124	-0.160	-0.033	-0.649	-0.612	1.000

Días a emergencia (DE), Días a antesis (DA), Duración de la floración (DF), Longitud del tallo principal (LTP), Longitud de la hoja (L), Anchura de la hoja (A), Área foliar (LxA), Días a la madurez fisiológica (DMF), Días a la cosecha (DC), Peso de 100 semillas (PS) ( $P \leq 0.001$ )./ Days to emergence (DE), Days to antesis (DA), Flowering duration (DF), Main stem length (LTP), Plant leaf length (L), Plant leaf width (A), Leaf area (LxA), Days to physiological maturity (DMF), Days to harvest (DC), Weight of 100 seeds (PS) ( $P \leq 0.001$ )

fisiológica como LTP, L, A y LxA y los relacionados con la cosecha, DMF y DC.

El Análisis de Componentes Principales para los caracteres cuantitativos sugiere que el 63.8% de la varianza total queda explicada por los dos primeros componentes (Tabla 5). Los resultados de las Tablas 6 y 7 indicaron que el primer componente permitió distinguir las accesiones según los caracteres LTP, L, A y LxA, caracteres relacionados con la arquitectura de la planta. Por su parte, los caracteres DE, DA, DF, DMF y DC tuvieron una contribución negativa a este componente. El carácter PS tuvo una contribución positiva, pero en menor grado.

**Tabla 5.** Valores propios asociados a los Componentes Principales, proporción de la varianza absoluta y relativa (%) referidos para los 10 descriptores cuantitativos evaluados en las 35 accesiones de frijol común del Banco de Germoplasma del INIFAT

Lambda (λ)	Valores propios	Proporción de la varianza total explicada	
		Absoluta (%)	Acumulada (%)
1	3.988	39.9	39.9
2	2.395	23.9	63.8
3	1.371	13.7	77.5
4	0.752	7.5	85.1
5	0.556	5.6	90.6
6	0.415	4.1	94.8
7	0.274	2.7	97.5
8	0.178	1.8	99.3
9	0.043	0.4	99.7
10	0.028	0.3	100.0

El segundo componente principal contribuyó con el 23.9% de la varianza total explicada (Tabla 5). De acuerdo con los coeficientes del segundo vector propio (Tabla 6) y de correlación (Tabla 7), la variable que más contribuyó fue PS relacionada con el rendimiento. Las variables DE y DF tienen una contribución positiva a dicho componente, pero de menor importancia

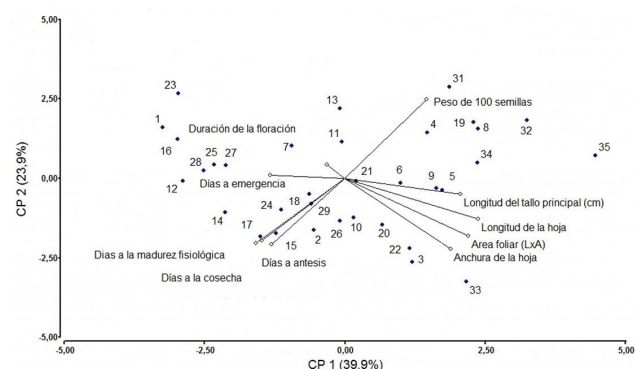
**Tabla 6.** Vectores propios de los primeros dos componentes principales en la caracterización de las 35 accesiones de frijol común del Banco de Germoplasma

Variables	Componentes Principales	
	e1	e2
DE	-0.249	0.018
DA	-0.244	-0.389
DF	-0.060	0.083
LTP	0.384	-0.091
L	0.444	-0.236
A	0.352	-0.416
LxA	0.411	-0.337
DMF	-0.276	-0.365
DC	-0.297	-0.379
PS	0.271	0.463

**Tabla 7.** Correlación entre las variables originales y los dos primeros componentes principales en la caracterización de las 35 accesiones de frijol común del Banco de Germoplasma

Variables	Componentes Principales	
	CP 1	CP 2
DE	-0.497	0.027
DA	-0.487	-0.602
DF	-0.120	0.128
LTP	0.767	-0.140
L	0.887	-0.365
A	0.703	-0.643
LxA	0.821	-0.521
DMF	-0.552	-0.564
DC	-0.592	-0.586
PS	0.542	0.717

La Figura 1 grafica lo antes expuesto, con los detalles de las accesiones. El primer componente agrupa accesiones similares en cuanto a arquitectura de la planta, siendo P-3309 muy similar a P-3606; P-3293, P-3797, P-3794 y Caujerí 2170, también, muestran similitudes en cuanto a arquitectura independientemente del color del grano. El segundo componente permite agrupar variedades en cuanto al carácter Masa de 100 semillas (PS), las accesiones con mayor tamaño de grano fueron Variado Chileno, P-3337, P-3793, California, la línea de mejoramiento conocida como Maní (todas de grano café o rojo) y la accesión P-3306, única de grano negro, pero de gran tamaño.



**Figura 1.** Distribución de las variables originales de las accesiones sobre el primero y segundo componente principal (CP1 y CP2) en la caracterización de las 35 accesiones de frijol común

Resultados en la literatura sugieren que la caracterización del germoplasma de frijol común requiere considerar entre 10 y 20 descriptores porque el empleo de un mayor número de descriptores es trabajoso, costoso y no aporta información importante; sin embargo, los descriptores más informativos y variables para algunos genotipos no lo son, necesariamente, para el resto de las accesiones de *Phaseolus vulgaris* del Banco de Germoplasma (16). En este sentido, diferentes estudios



muestran que la mayor variabilidad de frijol puede ser registrada entre 1 y 4 componentes (16,17); no obstante, para el caso de la muestra estudiada dos componentes logran explicar el 64 % de la varianza total.

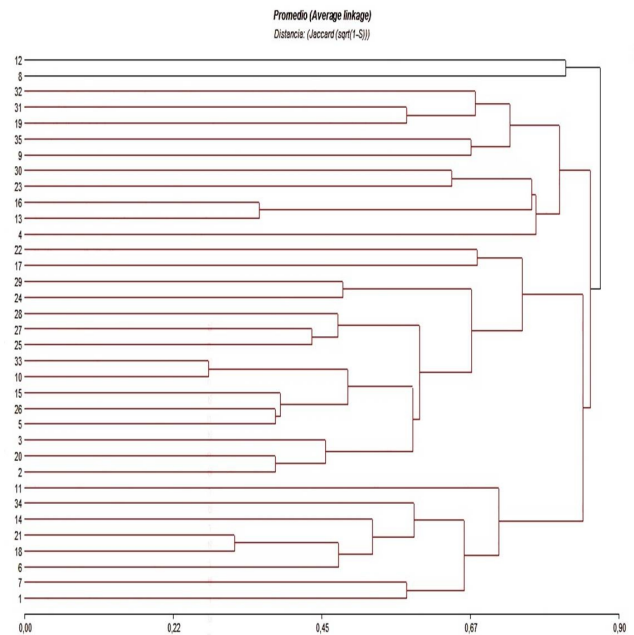
Caracteres como DMF y DC permitieron agrupar algunas accesiones (Figura 1). De ellas, P-3785, P-3787, P-3790, P-3613, P-3802 y P-3289 prevalecieron por presentar los mayores periodos, por lo que pudieran ser consideradas de ciclo largo, siendo un carácter no apreciado por lo mejoradores y productores que prefieren variedades de ciclo corto. Como resultado del proceso de domesticación, un amplio número de variedades muestran diferencias en caracteres cuantitativos como la talla del grano, su calidad y los periodos de crecimiento vegetativo en el cultivo del frijol. Tal variación ha sido extensamente empleada en los programas de mejoramiento o en estudios de diversidad genética (2).

### Análisis de caracteres cualitativos

Los datos polimórficos cualitativos permitieron agrupar las accesiones en cuatro grupos (Figura 2). El grupo I quedó conformado por dos accesiones de granos color café; el grupo II quedó compuesto por 10 accesiones de grano color rojo en su mayoría, el grupo III estuvo constituido por 15 accesiones y representado, fundamentalmente, por las de granos de color negro; el grupo IV quedó conformado por ocho accesiones con una amplia variedad de colores (Figuras 2 y 3). El coeficiente de correlación cofenética fue de 0.877.

De esta manera, se infiere que el tipo de grano juega un importante papel en la identificación de los genotipos. Precisamente, los caracteres relacionados con el color del grano son considerados caracteres altamente heredables y, por tanto, de importancia para los programas de mejoramiento (1). El color, la forma y la talla de las semillas tienen una atención especial para los consumidores. Los granos negros y rojos son los de mayor consumo por la población cubana, a pesar de la amplia gama de colores, también el aspecto predominante de la testa puede ser correlacionado por la población cubana con los tiempos de cocción o la dureza del grano. Los granos brillantes presentan, generalmente, una cubierta que absorbe más lentamente el agua y, por lo tanto, requieren mayores tiempos de cocción que los granos opacos (18).

El hábito de crecimiento (Hab) es otro factor de importancia para los mejoradores. Las plantas con una arquitectura más compacta son utilizadas en los cruzamientos para la búsqueda de una posición erguida y de la precocidad, aunque este tipo de genotipo exhibe menor potencial de producción, si se compara con aquellos del tipo postrado. Los cultivares de crecimiento indeterminado desarrollan mayores rendimientos que los de crecimiento definido, esto se debe al progreso del desarrollo vegetativo mediante la producción de nuevos botones florales, que generan flores. Sin embargo, los hábitos de crecimiento tipo I (determinado) y II (indeterminado) son ideales para la cosecha mecanizada (18).



**Figura 2.** Dendrograma que muestra las diferencias según el análisis de variables cualitativas evaluadas en las 35 accesiones de frijol común



**Figura 3.** Característica del grano de las 35 accesiones de frijol común, representadas por igual número en la Figura 2

El análisis de agrupamiento basado en los caracteres cualitativos mostró un número significativo de similitudes entre algunas accesiones, este es el caso de los genotipos 33 y 10, 21 y 18, 26 y 5 y 20 y 2 (Figura 2). Aunque algunas de estas accesiones fueron colectadas en diferentes lugares (Tabla 1), se pudiera pensar que constituyen duplicados o que su presencia en diferentes partes de la isla denota un flujo continuo de intercambio de materiales. No obstante, se recomienda otros tipos de análisis, moleculares preferiblemente, para poder determinar duplicados con mayor precisión (11). La presencia de duplicados en colecciones de *Phaseolus vulgaris* de diferentes bancos de germoplasma ha sido descrita con frecuencia en la literatura (1,19,20).

Relacionado con el origen, los colores púrpuras en el grano son típicos del flujo Andino, así como las semillas grandes (> 40 g 100 semillas<sup>-1</sup>); mientras que los colores rosa, café y negro son asociados, predominantemente, al flujo Mesoamericano junto a granos pequeños (< 40 g 100 semillas<sup>-1</sup>) (4,8,21). Los colores crema, amarillo y rojos en los granos se han identificado para ambos flujos (2,18). En este estudio, no ha sido posible distinguir el origen evolutivo de las accesiones con los caracteres cualitativos seleccionados.

## CONCLUSIONES

Los resultados de este estudio demuestran que la colección de frijol común custodiada en el Banco de Germoplasma del INIFAT contempla una amplia variabilidad de genotipos, en cuanto a caracteres agro-morfológicos. Caracteres de interés como ciclos cortos de cultivo mostraron menor variación que el resto y coincidieron con las accesiones de mayor tamaño de grano. La mayor variación detectada se explica mediante las variables relacionadas con la arquitectura de la planta y la masa de 100 semillas.

Las características del grano permitieron agrupar individuos, independientemente, del origen de la colecta. Varios genotipos evaluados presentan potencial como líneas básicas de mejoramiento.

## AGRADECIMIENTOS

A la memoria de Lázaro Wallón García por su aporte invaluable a los resultados presentados en el trabajo y al mejoramiento genético de plantas, del INIFAT.

## BIBLIOGRAFÍA

- Loko L., Orobiyi A, Adjatin A, Akpo J, Toffa J, Djedatin G, *et al.* Morphological characterization of common bean (*Phaseolus vulgaris* L.) landraces of Central region of Benin Republic. *J. Plant Breed. Crop Sci.* 2018; 10: 304-318. doi: [10.5897/JPCS2018.0766](https://doi.org/10.5897/JPCS2018.0766).
- Sinkovic, L., Pipan, B., Sinkovic, E. & Meglic, V. Morphological seed characterization of common (*Phaseolus vulgaris* L.) and runner (*Phaseolus coccineus* L.) bean germplasm: A Slovenian Gene Bank Example. *Hindawi, BioMed Res. Int.* 2019; 13 p. doi: [10.1155/2019/6376948](https://doi.org/10.1155/2019/6376948).
- Nadeem M.A., Yeken M.Z., Shahid M.Q., Habyarimana E., Yilmaz H., Alsaleh A., *et al.* Common bean as a potential crop for future food security: an overview of past, current and future contributions in genomics, transcriptomics, transgenics and proteomics. *Biotechnol. Biotechnol. Equip.* 2021; 35: 758-786. doi: [10.1080/13102818.2021.1920462](https://doi.org/10.1080/13102818.2021.1920462).
- Nogueira A.F., Moda-Cirino V., Delfini J., Brandão L.A., Mian S., Constantino L.V., *et al.* Molecular analysis of genetic diversity in the Mesoamerican common bean panel. *PLoS One* 2021; 16: e0249858. doi: [10.1371/journal.pone.0249858](https://doi.org/10.1371/journal.pone.0249858).
- Murube E., Beleggia R., Pacetti D., Narrea A., Frascarelli G., Lanzavecchia G., *et al.* Characterization of nutritional quality traits of a common bean germplasm collection. *Foods*. 2021; 10, 1572. doi: [10.3390/foods10071572](https://doi.org/10.3390/foods10071572).
- Long J., Zhang J., Zhang X., Wu J., Chen H., Wang P., *et al.* Genetic Diversity of Common Bean (*Phaseolus vulgaris* L.) germplasm resources in Chongqing, evidenced by morphological characterization. *Front. Genet.* 2021 11: 697. doi: [10.3389/fgene.2020.00697](https://doi.org/10.3389/fgene.2020.00697).
- Cortinovis G., Oppermann M., Neumann K., Graner A., Gioia T., Marsella M., *et al.* Towards the development, maintenance, and standardized phenotypic characterization of single-seed-descent genetic resources for common bean. *Curr. Protoc* 2021; 1: 1-28. doi: [10.1002/cpz1.133](https://doi.org/10.1002/cpz1.133).
- Nkhata W., Shimelis H., Melis R., Chirwa R., Mzengeza T., Mathew I. Population structure and genetic diversity analyses of common bean germplasm collections of East and Southern Africa using morphological traits and high-density SNP markers. *PLoS One.* 2020; 15: e0243238. doi: [10.1371/journal.pone.0243238](https://doi.org/10.1371/journal.pone.0243238).
- ONEI, Oficina Nacional de Estadística e Información. Anuario Estadístico de Cuba: Agricultura, ganadería, silvicultura y pesca. Oficina Nacional de Estadística e Información [Internet]. 2020, [Cited in 2022 January 12], Available from <http://onei.gob.cu/node/16275>.
- Lamz A., Cárdenas, R. M., Ortiz, R., Alfonzo, L. E., Sandrino, A. Evaluación preliminar de líneas de frijol común (*Phaseolus vulgaris* L.) promisorios para siembras tempranas en Melena del Sur. *Cultiv. Trop.* 2017; 338, 111-118. Available from: <http://repositorio.geotech.cu/jspui/handle/1234/3387>.
- Mascher M., Schreiber M., Scholz U., Graner A., Reif J.C., Stein N. Genebank genomics bridges the gap between the conservation of crop diversity and plant breeding. *Nat. Genet.* 2019; 51: 1076-1081. doi: [10.1038/s41588-019-0443-6](https://doi.org/10.1038/s41588-019-0443-6).
- Hamouda M., Haider, A. S., Elbehairy, E., Elshanshory, A. R. Genetic variation among common bean cultivars (*Phaseolus vulgaris* L.) as revealed by morphological, protein and molecular markers. *Egypt. J. Exp. Biol.* 2020; 16 (2): 129-139. doi: [10.5455/egyjebb.20200721080720](https://doi.org/10.5455/egyjebb.20200721080720).
- Nadeem M.A., Karaköy T., Yeken M.Z., Habyarimana E., Hatipo Q., Çiftçi V, *et al.* Phenotypic characterization of 183 turkish common bean accessions for agronomic, trading, and consumer-preferred plant characteristics for breeding purposes. *Agronomy.* 2020; 10: 2-20. doi: [10.3390/agronomy10020272](https://doi.org/10.3390/agronomy10020272).
- Muñoz G., Giraldo G, Fernández de Soto J. Descriptores varietales: arroz, frijol, maíz, sorgo. Cali, Colombia: CIAT (Centro Internacional de Agricultura Tropical). 1993: 169 p. (Publicación CIAT No 177). Available from: <https://hdl.handle.net/10568/54651>.
- Stoilova T., Pereira G., Sousa M.T.D. Morphological characterization of a small common bean (*Phaseolus vulgaris* L.) collection under different environments. *J. Cent. Eur. Agric.* 2013; 14: 854-864. doi: [10.5513/JCEA01/14.3.1277](https://doi.org/10.5513/JCEA01/14.3.1277).

16. Bode D., Elezi F., Gixhari B. Morphological characterization and interrelationships among descriptors in *Phaseolus vulgaris* L. accessions. *Agric. For* 2013; **59**: 175-185. doi: [10.5897/JPBCS2018.0766](https://doi.org/10.5897/JPBCS2018.0766).
17. Vidak M., Malešević S., Gridiša M., Šatović Z., Lazarević B., Carović-Stanko K. Phenotypic diversity among croatian common bean (*Phaseolus vulgaris* L.) landraces. *Agric. Conspec. Sci.* 2015; **80** (3): 133-137. <https://hrcak.srce.hr/154806>.
18. Guidoti D.T., Gonela A., Gonçalves-Vidigal M.C., Conrado T.V., Romani I. Interrelationship between morphological, agronomic and molecular characteristics in the analysis of common bean genetic diversity. *Genet. Plant Breed.* 2019; **40**: 1-9. doi: [10.4025/actasciagron.v40i1.33032](https://doi.org/10.4025/actasciagron.v40i1.33032).
19. Chiorato A.F., Carbonell S.A.M., Dias L.A.D.S., Moura R.R., Chiavegato M.B., Colombo C.A. Identification of common bean (*Phaseolus vulgaris*) duplicates using agromorphological and molecular data. *Genet. Mol. Biol.* 2006; **29**: 105-111. doi: [10.1590/S1415-47572006000100020](https://doi.org/10.1590/S1415-47572006000100020).
20. Raatz B., Mukankusi C., Lobaton J.D. Analyses of African common bean (*Phaseolus vulgaris* L.) germplasm using a SNP fingerprinting platform: diversity, quality control and molecular breeding. *Genet Resour Crop Evol.* 2019; **66**: 707-722. doi: [10.1007/s10722-019-00746-0](https://doi.org/10.1007/s10722-019-00746-0).
21. Vidak M., Šatović Z., Liber Z., Gridiša M., Gunjača J., Kilian A. *et al.* Assessment of the origin and diversity of croatian common bean germplasm using phaseolin type, SSR and SNP markers and morphological Traits. *Plants* 2021; **10** (4): 605. doi: [10.3390/plants10040665](https://doi.org/10.3390/plants10040665).