



CARACTERIZACIÓN AGROMORFOLÓGICA Y DIVERSIDAD FENOTÍPICA DE FRIJOL COMÚN DE PERÚ †

[AGROMORPHOLOGICAL CHARACTERIZATION AND PHENOTYPICAL DIVERSITY OF COMMON BEAN FROM PERU]

Leandro Aybar-Peve¹, Nicanor Medina-Portilla², Marcos Camargo-Cobeñas^{1*}, Evelin Chihuan-Palomino¹ and José Terán-Rojas¹

¹ Instituto Nacional de Innovación Agraria (INIA), EEA Chincha, Carretera Antigua Panamericana Sur, km. 200.5, Chincha Baja, Provincia de Chincha, Ica 11750. Perú. Email: laybar@inia.gob.pe, mcamargoco@gmail.com *, evelinchihuan@gmail.com, jteran@inia.gob.pe

² Departamento de Agronomía, Universidad Nacional José Faustino Sánchez Carrión, Av. Mercedes Indacochea 609, Huacho, Perú. Email: nicanormedina10@gmail.com

*Corresponding author

SUMMARY

Background. Common bean (*Phaseolus vulgaris* L.) is a species of great importance in Peru due to its high nutritional value, wide diversity, and its significant contribution to the economic income of thousands of families involved in the production of this crop. **Objective.** To characterize the agromorphological diversity of 50 common bean accessions from Peru. **Methodology.** 21 qualitative and 17 quantitative traits were evaluated using descriptive analysis, multiple correspondence analysis, analysis of variance, Scott-Knott test, principal components analysis, Pearson correlation coefficient, and hierarchical clustering analysis using Euclidean distance and the Ward method. **Results.** The multiple correspondence analysis revealed greater diversity in the qualitative traits of the predominant color of the wings, the standard leaf blade, green pod color, as well as the predominant seed shape and primary seed color. In the quantitative traits, the following were observed: hypocotyl length, epicotyl length, pod width, pod apex length, days to flowering, 100-seed weight, and yield. The Pearson correlation coefficient showed positive correlations for pod length and width, seed length and width, and 100-seed weight. Principal components analysis indicated that the first two dimensions explained 47.6 % of the total variance, and five hierarchical groups were established. **Implications.** Describing the agromorphological diversity of common bean contributes to the knowledge of this species in Peru, which is essential for establishing mechanisms for its preservation. **Conclusions.** The diversity of common bean in Peru is notably explained by the variability of qualitative and quantitative traits, influenced mainly by its geographical origin, with accession PER013004 standing out for its productivity and early flowering.

Key words: *Phaseolus vulgaris* L.; accessions; germplasm; morphological variability.

RESUMEN

Antecedentes. El frijol común (*Phaseolus vulgaris* L.) es una especie de gran importancia en Perú debido a su alto valor nutricional, por su amplia diversidad y por constituir una fuente importante de los ingresos económicos de miles de familias dedicadas a la producción de este cultivo. **Objetivo.** Caracterizar la diversidad agromorfológica de 50 accesiones de frijol común de Perú. **Metodología.** Se evaluaron 21 caracteres cualitativos y 17 cuantitativos mediante análisis descriptivo, correspondencia múltiple, análisis de varianza, prueba de agrupamiento Scott-Knott, componentes principales, coeficiente de correlación de Pearson y análisis de agrupamiento jerárquico con distancia euclidiana y método de Ward. **Resultados.** El análisis de correspondencia múltiple reveló mayor diversidad en los caracteres cualitativos de color predominante de las alas, limbo del estandarte, de vaina en verde, así como la forma predominante de la semilla y color primario de semilla; y en caracteres cuantitativos fueron longitud de hipocótilo, longitud de epicótilo, ancho de vaina, longitud de ápice de vaina, días a la floración, peso de 100 semillas y rendimiento. El coeficiente de correlación de Pearson mostró correlaciones positivas para longitud y ancho de vaina, longitud y ancho de grano y peso de 100 semillas. El análisis de componentes principales mostró que las dos primeras dimensiones explicaron 47.6 % de la varianza total y se establecieron cinco grupos jerárquicos. **Implicaciones.** Describir la diversidad agromorfológica de frijol común

† Submitted September 30, 2024 – Accepted April 9, 2025. <http://doi.org/10.56369/tsaes.5897>



Copyright © the authors. Work licensed under a CC-BY 4.0 License. <https://creativecommons.org/licenses/by/4.0/>

ISSN: 1870-0462.

ORCID = L. Aybar-Peve: <http://orcid.org/0000-0001-5577-5063>; N. Medina-Portilla: <http://orcid.org/0009-0007-7873-8151>; M. Camargo-Cobeñas: <http://orcid.org/0000-0002-0299-9650>; E. Chihuan-Palomino: <http://orcid.org/0009-0009-4210-5234>; J. Terán-Rojas: <http://orcid.org/0009-0007-5033-2520>

coadyuva en el conocimiento de esta especie en Perú para establecer mecanismos para su preservación. **Conclusiones.** La diversidad de frijol de Perú es notable y se explica a través por la variabilidad de caracteres cualitativos y cuantitativos e influida principalmente por su origen geográfico, destacando la accesión PER013004 por su productividad y precocidad en la floración.

Palabras clave: *Phaseolus vulgaris* L.; accesiones; germoplasma; variabilidad morfológica.

INTRODUCCIÓN

El frijol común es una de las leguminosas de mayor importancia a nivel mundial, debido a sus características nutritivas, ya que presenta un alto contenido de proteínas, carbohidratos, vitaminas y minerales. En la actualidad, se han identificado más de 1,300 especies de leguminosas, de las cuales se consumen 20, especialmente en Centroamérica y Sudamérica (Vásquez *et al.*, 2023b). La producción de este cultivo genera una huella hídrica y de gases de efecto invernadero baja, además enriquece el suelo a través de la fijación de nitrógeno debido a la simbiosis con bacterias del suelo (Semba *et al.*, 2021).

Los estudios de Bitocchi *et al.* (2017) sobre las áreas geográficas de domesticación del frijol común destacan la existencia de dos acervos genéticos principales: uno en Mesoamérica y otro en los Andes. En estas regiones, la domesticación ocurrió de manera independiente debido al aislamiento reproductivo generado por barreras geográficas. Kwak y Gepts (2009) sugirieron que el centro de origen del frijol común se encuentra en la región peruano-ecuatoriana, ya que las accesiones recolectadas en esta área presentaron una forma ancestral de la proteína de reserva de las semillas, la faseolina. Sin embargo, Bitocchi *et al.* (2012) propusieron que el frijol común se originó en Mesoamérica y, posteriormente, colonizó el hemisferio sur. Este proceso dio lugar a las poblaciones peruano-ecuatorianas y al acervo genético silvestre andino, basado en el análisis de cinco loci. Por otro lado, Rendón-Anaya *et al.* (2017) identificaron patrones específicos de frecuencias alélicas y desequilibrio de ligamiento característicos de las poblaciones del norte de Perú y Ecuador.

En Perú se han hallado restos de frijoles con antigüedad de 2,000 años a.p. en la Huaca Prieta, 2,500 años a.p. en el valle de Nazca, además de frijoles completamente domesticados en la cueva de Guitarrero en el Callejón de Huaylas, Ancash, a los que la prueba de carbono 14 asignó una antigüedad de $7,680 \pm 280$ a $10,000 \pm 300$ años a.p., con un aproximado de 30 especímenes de variedades de grano rojo-marrón oscuro, rojo oscuro y granos moteados. Estos descubrimientos arqueológicos corresponden a plantas domesticadas, lo que indica que la domesticación de esta especie ocurrió antes de las fechas mencionadas (Camarena *et al.*, 2009).

La costa, sierra y selva de Perú presentan condiciones favorables de suelo y clima para la producción y

adaptabilidad de frijoles, lo que lleva a su siembra en 24 departamentos, abarcando 36,498 hectáreas del territorio nacional y generando una producción total de 93,954 t al año (MIDAGRI, 2025).

Las poblaciones domesticadas de esta leguminosa muestran diferencias en caracteres fenológicos y morfológicos en comparación con las poblaciones silvestres, como ciclos más cortos, granos de mayor tamaño y vainas (Flores *et al.*, 2018). Las evaluaciones de las características en poblaciones de frijol común se enfocan principalmente en la semilla, la etapa vegetativa, el desarrollo floral, la fructificación, la madurez fisiológica, componentes de rendimiento y resistencia a plagas (Carvalho *et al.*, 2016; Lamz-Piedra *et al.*, 2023).

Diversos estudios sobre la diversidad del frijol común en determinados ámbitos reportan una gran diversidad en caracteres agromorfológicos. Long *et al.* (2020) encontraron que las accesiones de cuatro zonas ecológicas de Chongqing, China, presentan rasgos fenotípicos que no se asemejan al germoplasma mesoamericano, diferenciándose principalmente en la fenología y los caracteres de semilla. Pumalpa *et al.* (2020) identificaron ocho grupos bien diferenciados de líneas avanzadas de frijol común, donde los caracteres de mayor influencia fueron los de vaina y grano. Vásquez *et al.* (2024) clasificaron accesiones de frijol común de Amazonas en cuatro grupos, los cuales se distinguieron principalmente por los caracteres de semilla y flor. Los rasgos de la semilla de frijol son cruciales tanto para la calidad alimentaria como para su rendimiento agronómico, ya que influyen en su valor nutricional y aceptación en el mercado (Azizarian *et al.*, 2021; Lamz-Piedra *et al.*, 2023).

El Ministerio de Desarrollo Agrario y Riego (MIDAGRI), mediante el Instituto Nacional de Innovación Agraria (INIA), tiene como misión la conservación de la biodiversidad con fines de investigación y mejoramiento genético para el uso agrario, y es responsable del Banco de Germoplasma del Perú, que alberga 15,102 muestras activas que representan a 250 especies vegetales, agrupadas en 44 colecciones nacionales (INIA, 2017). Esta investigación tiene como objetivo caracterizar la diversidad agromorfológica de 50 accesiones de frijol común a través de 38 caracteres morfológicos, con el fin de identificar diferencias y similitudes, dilucidar características de mayor influencia e identificar accesiones promisorias.

MATERIALES Y METODOS

Ubicación de la investigación y condiciones

La investigación se realizó en el fundo “Cercado Grande”, en la Estación Experimental Agraria Chincha del INIA, ubicado en la Panamericana Sur Km 200.5 en el distrito de Chincha Baja, provincia de Chincha y departamento de Ica, Perú. Con coordenadas geográficas 13°27'29" Latitud Sur y 76°08'03" Longitud Oeste, altitud de 63 m, temperatura promedio anual que varía de 17.16 a 25.25 °C, humedad relativa promedio mensual de 73.83 % y una precipitación anual de 7.3 mm (SENAMHI, 2025). El Laboratorio Agrícola ESAR de la Escuela Superior de Administración Rural realizó los análisis de suelo, los cuales mostraron una textura franco, pH neutro (7.2), conductividad eléctrica baja (0.95 dS/m), contenido de materia orgánica baja (1 %), contenido de nitrógeno total muy bajo (0.05 %), contenido de fósforo medio (6 ppm), contenido de potasio alto (300 ppm) y capacidad de intercambio catiónico medio (16.4 meq/100 g), estos resultados fueron interpretados según la Norma Oficial Mexicana NOM-021-RECNAT-2000 (2002).

Germoplasma y manejo agronómico

Las 50 accesiones estudiadas pertenecen al banco de germoplasma del INIA, la Figura 1 muestra los lugares de recolección y los códigos de banco.

La investigación se llevó a cabo entre agosto de 2017 y febrero de 2018. El área total de la parcela experimental fue de 2,135 m², considerando un efecto borde de 5 m en el contorno. Se asignó una unidad experimental por accesión de 25.1 m², conformada por cinco surcos de 5 m de largo, distanciamiento de 0.85 m entre surcos y 0.30 m entre plantas. Se sembraron 2 semillas por golpe, no se utilizaron tutores ni se dejó distanciamiento entre accesiones. Todas las plantas recibieron el mismo manejo fitosanitario, riego por gravedad y una dosis de fertilización al suelo de 80 de N, 100 de P₂O₅ y 50 de K₂O kg•ha⁻¹.

Caracterización agromorfológica

Para la caracterización morfológica, se utilizaron los descriptores de frijol del Centro Internacional de Agricultura Tropical (Muñoz *et al.*, 1993), con 21 caracteres cualitativos y 17 cuantitativos (Tabla 2). Los registros de datos se realizaron durante las etapas de

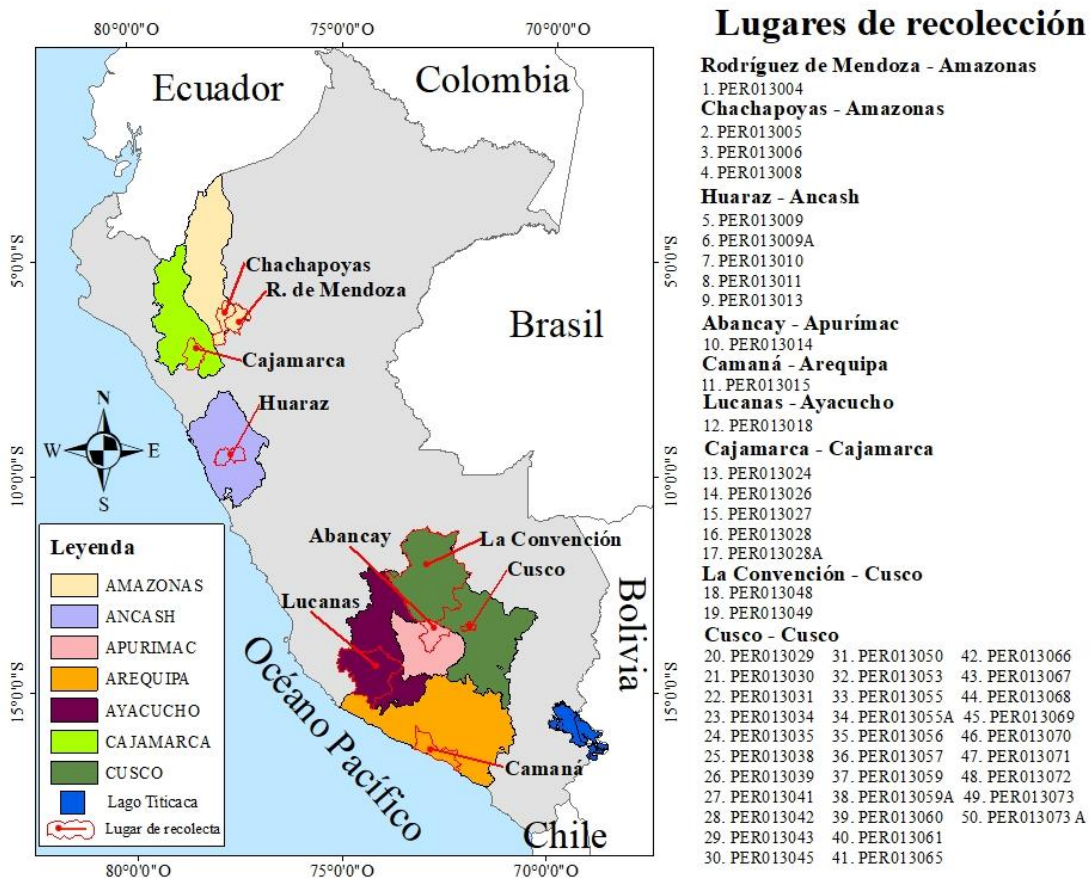


Figura 1. Ubicación de los departamentos y provincias del Perú donde se realizaron las recolectas de 50 accesiones de frijol común.

cultivo de plántula, floración, madurez fisiológica y cosecha. Se utilizó un diseño de distribución sistemática, en el que se establecieron 50 subparcelas, cada una correspondiente a una unidad experimental con una única accesión. Se registraron observaciones de cinco submuestras por unidad experimental para cada carácter, excepto en los casos de días a la emergencia, días a floración, días a madurez fisiológica, días a madurez de cosecha, peso de 100 semillas y rendimiento, para los cuales se registró una observación general por unidad experimental. En días a emergencia se contaron los días transcurridos desde la siembra en suelo húmedo hasta el momento en que el 50 % de la población emergió, para

los días de floración se tomó el periodo desde la antesis hasta la apertura del último botón floral de la población, para los días a madurez fisiológica se registraron los días transcurridos desde la siembra hasta el momento en el que se observó el cambio de color en las vainas de las plantas, para los días a la cosecha se contabilizaron los días transcurridos desde la siembra hasta el momento en que la semilla alcanzó la madurez en campo (16 a 18 % de humedad) y las plantas presentaron 90 % de defoliación, para el peso de semillas se consideraron 100 por unidad experimental y el rendimiento se obtuvo de la producción total de cada unidad experimental y se estimó el rendimiento por hectárea en kg.

Tabla 1. Caracteres cualitativos y cuantitativos registrados en 50 accesiones de frijol común de Perú.

Etapas del cultivo	Caracter	Unidad de medida	Acronimo	Tipo de Caracter
Plántula	1. Días a emergencia	#	DE	CCN
	2. Color predominante de los cotiledones	----	CC	CCL
	3. Color predominante del hipocótilo	----	CHP	CCL
	4. Color predominante de la nervadura de las hojas primarias	----	CNH	CCL
	5. Longitud de hipocótilo	cm	LHIP	CCN
	6. Longitud de epicótilo	cm	LEPI	CCN
	7. Longitud de las hojas primarias	cm	LHP	CCN
	8. Ancho de las hojas primarias	cm	AHP	CCN
Floración	9. Días de floración	#	DF	CCN
	10. Color predominante de las alas	----	CA	CCL
	11. Color predominante del limbo del estandarte	----	CE	CCL
	12. Color predominante del cáliz	----	CCZ	CCL
	13. Color predominante del tallo principal	----	CT	CCL
	14. Pubescencia predominante del tallo principal	----	PT	CCL
	15. Longitud de la hoja	cm	LH	CCN
	16. Ancho de la hoja	cm	AHP	CCN
	17. Color predominante de las hojas	----	CH	CCL
	Madurez fisiológica	18. Días a la madurez fisiológica	#	DMF
19. Color predominante de vaina en verde		----	CVV	CCL
20. Patrón predominante de color de vaina en verde		----	PCV	CCL
21. Forma de predominante del corte transversal de la vaina seccionando la semilla		----	FCT	CCL
22. Distribución predominante de las vainas en las plantas		----	DV	CCL
Cosecha	23. Días a la madurez de cosecha	#	DMC	CCN
	24. Longitud de la vaina	cm	LV	CCN
	25. Ancho de la vaina	cm	AV	CCN
	26. Color predominante de las vainas	----	CPV	CCL
	27. Patrón de distribución predominante del color de las vainas	----	PDV	CCL
	28. Perfil predominante de la vaina	----	PV	CCL
	29. Tipo predominante de ápice de vaina	----	TAV	CCL
	30. Longitud del ápice de vaina	cm	LAV	CCN
	31. Color primario de la semilla	----	CPS	CCL
	32. Color secundario de la semilla	----	CSS	CCL
	33. Aspecto de testa	----	AT	CCL
	34. Forma predominante de la semilla	----	FS	CCL
	35. Longitud del grano	mm	LG	CCN
	36. Ancho del grano	mm	AG	CCN
	37. Peso de 100 semillas	g	PS	CCN
	38. Rendimiento	kg·ha ⁻¹	RDT	CCN

CCN: caracter cuantitativo, CCL: caracter cualitativo, #: cantidad en unidades.

Análisis de datos

Los caracteres cualitativos se determinaron según el análisis de correspondencia múltiple (ACM). Para los caracteres cuantitativos, se realizó un análisis descriptivo con el promedio, desviación estándar y coeficiente de variación. Además, se llevaron a cabo análisis de varianza (ANOVA) y la prueba Scott-Knott para la comparación de promedios ($p < 0.05$), para caracteres con cinco observaciones. Se incluyeron análisis de correlación (coeficiente de Pearson), análisis de componentes principales (ACP) y análisis de agrupamiento jerárquico con distancia euclidiana y el método de Ward. Todos los análisis se realizaron utilizando los softwares R ver. 4.4.1 (R Core Team, 2024) y Rstudio versión 2024.04.2+764 (Posit Team, 2024).

RESULTADOS Y DISCUSIÓN

Descripción de la diversidad con caracteres cualitativos

Los caracteres cualitativos de hoja y tallo mostraron una notable diversidad fenotípica. En el análisis de correspondencia múltiple, las dos primeras dimensiones explicaron el 43 % de la varianza total (Figura 2a). Las accesiones de Abancay, Camaná, Chachapoyas, Cusco, Lucanas y Rodríguez de Mendoza presentaron mayor cercanía y superposición, principalmente debido a caracteres predominantes, como CC amarillo pálido, CHP verde y CNH verde. Por otro lado, las accesiones de La Convención, Huaraz, Cajamarca y algunas de Cusco mostraron mayor dispersión, debido a la presencia de caracteres poco comunes, como CC amarillo con pigmento café rojizo, CNH café rojizo y tonalidades moradas. Las accesiones de Cusco destacaron

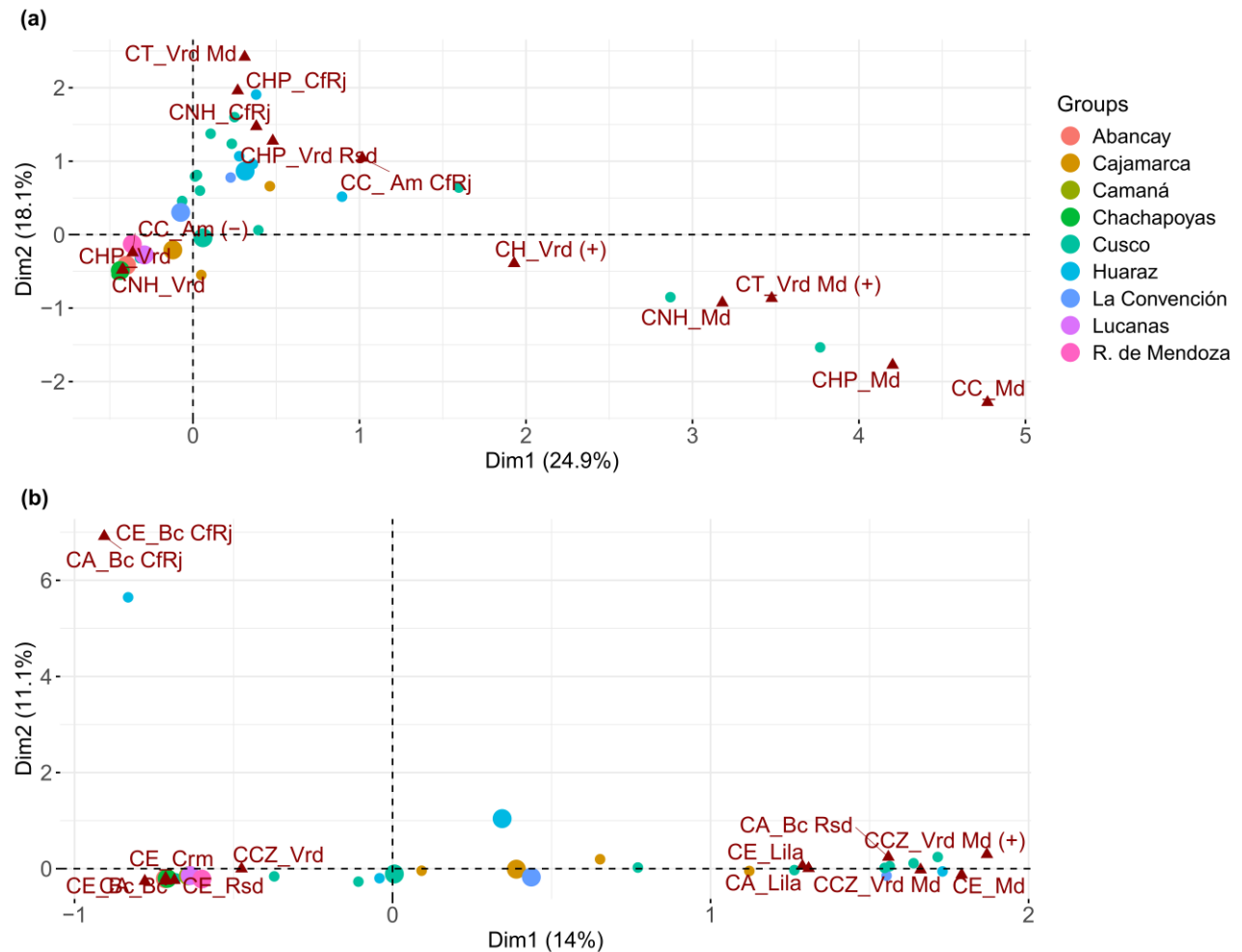


Figura 2. Análisis de correspondencia múltiple (ACM) en caracteres de hoja y tallo (a) y flor (b) de accesiones según la provincia de origen. Vrd: verde, Vrd (+): verde intenso, Md: morado, Md (+): morado intenso, CfRj: café rojizo, Rsd: rosado, Am (-): amarillo pálido, Crm: crema, Bc: blanco, Am: amarillo. El segundo color de las categorías indica pigmentaciones secundarias.

por la presencia de caracteres únicos, como CC, CHP, CNH y CT en tonalidades moradas. Vásquez *et al.* (2023a) reportaron caracteres similares en accesiones de frijol común originario de zonas andinas de Perú, sugiriendo que estos caracteres podrían relacionarse con mecanismos de adaptación al estrés abiótico, como la radiación solar intensa o bajas temperaturas, comunes en las zonas andinas.

El CHP verde predominó en 66 % de las accesiones, resultado consistente con estudios previos realizados en poblaciones silvestres y adaptadas de frijol común en Honduras (Meza *et al.*, 2013). Esta característica podría estar relacionada con un bajo contenido de antocianinas, influenciado por factores como la luz, la temperatura o el pH (Rochín-Medina *et al.*, 2021), este efecto explicaría las diferencias entre regiones.

Por otro lado, las accesiones de Huaraz mostraron una mayor frecuencia de CNH café rojizo, un patrón similar al que Dadther-Huaman *et al.* (2024) reportaron en accesiones del género *Phaseolus*, donde las tonalidades moradas fueron menos frecuentes. En contraste, Espinoza *et al.* (2022) documentaron un predominio de CNH verde en accesiones de Ica, lo que sugiere que la variabilidad en la coloración de las nervaduras de frijol común podría estar influenciada tanto por factores ambientales como genéticos, los cuales inciden en la acumulación de antocianinas en respuesta a las condiciones locales.

En cuanto a la variabilidad fenotípica en caracteres cualitativos de flor, el análisis de correspondencia múltiple reveló que 25.1 % de la varianza se explicó por las dos primeras dimensiones (Figura 2b). El CA blanco fue el más frecuente, lo que concuerda con estudios previos realizados en Perú y México, donde reportaron predominancia de CA blancas y variaciones con pigmentos violetas y rosados (Meza-Vázquez *et al.*, 2015; Espinoza *et al.*, 2022). Sin embargo, también se identificaron variaciones menos comunes, como CA y CE blanco con pigmento café rojizo en la accesión PER013009 de Huaraz. Las características inusuales podrían estar relacionadas con la diversificación genética observada en poblaciones locales, fenómeno también documentado por Hernández-López *et al.* (2013), quienes sugirieron que las características florales inusuales podrían ser resultado de la selección natural y la interacción con el ambiente, además de la influencia de la domesticación.

El CCZ fue principalmente verde (76 %), aunque algunas accesiones originarias de Cusco presentaron variaciones menos comunes, como verde con pigmento

rosado (PER013055A) o verde intensamente pigmentado de morado (PER013055 y PER013073A), demostrando una notable diversidad en esta provincia.

La CE mostró alta variabilidad, predominando el color lila (28 %) principalmente en accesiones originarias de Cajamarca y Cusco, seguidos de rosado, verde limón, blanco y crema. En esta investigación las accesiones correspondientes al departamento de Amazonas presentaron CE blanco y verde, en contraste, Vásquez *et al.* (2024) documentaron CE predominantemente lila en accesiones en el mismo departamento, indicando una marcada diversidad fenotípica.

La diversidad en los caracteres de la vaina de frijol común se evidencia por el distanciamiento observado en el análisis de correspondencias múltiples (Figura 3a), donde las dos primeras dimensiones explicaron 23.2 % de la varianza. El CVV fue predominantemente verde, aunque se encontraron variaciones con pigmentos amarillos y morados, especialmente en accesiones de los departamentos de Ayacucho y Cusco. Esto coincide con lo reportado por Curipaco (2015), quien observó la presencia de CVV amarillas con pigmentaciones amarillas en el departamento de Ayacucho, Perú. De manera similar, Castro y Quispe (2017) encontraron que el CVV de las vainas fue predominantemente amarillo con rayas lilas en el departamento de Junín, Perú. Estos resultados indican que la diversidad es más notable en algunas regiones que en otras.

La forma piriforme (62 %) predominó en la FCT, lo que concuerda con estudios previos realizados en accesiones de frijol común de Amazonas (Duarez, 2023). Por otro lado, la FCT elíptica tuvo una menor frecuencia (38 %), y estuvo presente en todas las provincias, excepto en Abancay y La Convención. En la DV, se observó mayor frecuencia en la parte baja de la planta (48 %) seguido del uniforme (34 %), lo que difiere con estudios previos en Amazonas, donde la distribución fue mayoritariamente uniforme (Vásquez *et al.*, 2024). Según Pumalpa *et al.* (2020), una DV uniforme es preferible desde un punto de vista comercial, ya que este carácter favorece que la planta exprese su mayor potencial productivo. El CPV predominante fue crema, aunque se encontraron algunas accesiones con pigmentos morados (22 %). El PV fue medianamente curvado (40 %), recto (44 %) y curvado (16 %). Curipaco (2015) encontró una diversidad similar, reportando PV medianamente curvado (55 %), recto (25 %) y curvado (20 %) en accesiones de frijol común de Ayacucho. En contraste, Duarez (2023) reportó predominancia de vainas medianamente curvadas (100 %).

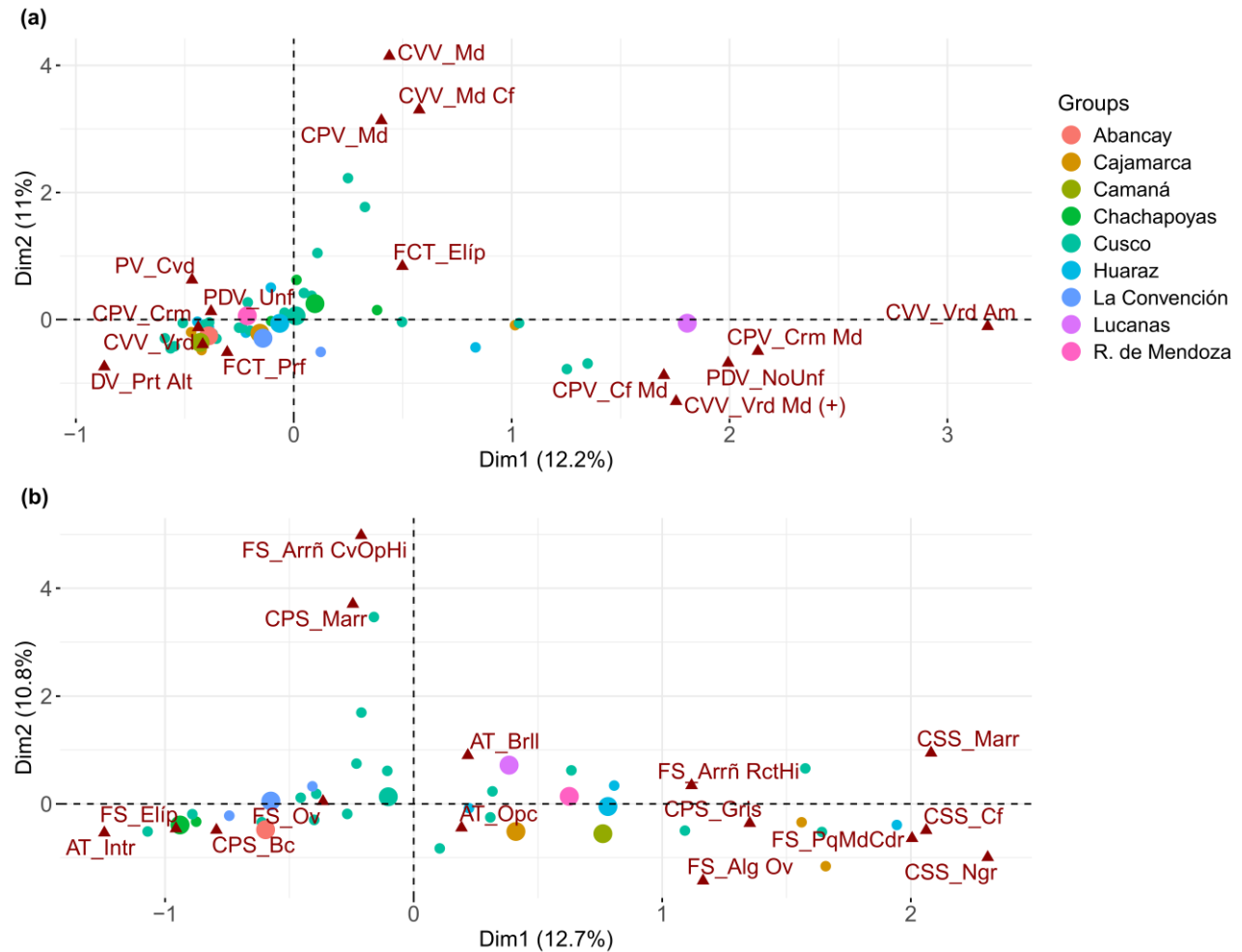


Figura 3. Análisis de correspondencia múltiple (ACM) en caracteres de vaina (a) y semilla (b) de accesiones según la provincia de origen. Vrd: verde, Am: amarillo, Md: morado, Md (+): morado intenso, Bc: blanco, Cf: café, Elíp: elíptica, Cvd: curvado, Unf: uniforme, Crm: crema, Prt Alt: parte alta, Prf: pifirforme, NoUnf: no uniforme, Arrñ: arriñonada, CvOpHi: curvado opuesto al hilo, Marr: marrón, Ov: ovoide, Intr: intermedio, Brll: brillante, Opc: opaco, RctHi: recto en el hilo, Alg: alargada, PqMdCdr: pequeña medianamente cuadrada, Ngr: negra. El segundo color de las categorías indica pigmentaciones secundarias.

El análisis de correspondencias múltiples realizado a caracteres cualitativos de grano reveló una considerable diversidad fenotípica entre las accesiones de frijol común, explicando un 23.5 % de la varianza en las dos primeras dimensiones (Figura 3b). En la FS se observó una amplia variabilidad: 48 % de las accesiones presentaron forma ovoide, 20 % elíptica y 20 % arriñonada recta. También se identificaron formas menos frecuentes, como alargada ovoide y arriñonada con curvatura opuesta al hilo originarias de Cajamarca y Cusco respectivamente, evidenciando la diversidad morfológica.

Respecto al CPS, los colores más destacados fueron el blanco (34 %) y gris (24 %), mientras que otras coloraciones menos frecuentes incluyeron café, rosado y crema. Esta diversidad en los colores de la semilla resalta la variabilidad genética presente en las

accesiones de frijol común. En cuanto al CSS, 90 % de las accesiones no mostró coloración, pero cinco accesiones presentaron coloración: negro en PER13011 (Huaraz), PER13026 (Cajamarca) y PER13041 (Cusco); café en PER13027 (Cajamarca); y marrón en PER13038 (Cusco). En la AT, predominó opaca (52 %), seguida de brillante (34 %) e intermedia (14 %), lo cual concuerda con estudios previos en Costa Rica (Oreamuno-Fonseca *et al.*, 2023), aunque Pumalpa *et al.* (2020) observaron mayor prevalencia de AT intermedio en líneas avanzadas de frijol común. El color de la semilla es una característica de interés para el consumidor, relacionada con preferencias regionales y culturales (Carvalho *et al.*, 2016), siendo los colores oscuros y cremosos los más comerciales. La coloración de las semillas de frijol común depende de la interacción epistática de múltiples genes involucrados en la biosíntesis de flavonoides y antocianinas, regulados a su vez por factores

transcripcionales que modulan su expresión (Zhu *et al.*, 2017).

Descripción de la diversidad con caracteres morfológicos cuantitativos

El ANOVA realizado en 11 caracteres morfológicos cuantitativos reveló diferencias estadísticamente significativas para todos los caracteres ($p < 0.001$). La prueba de Scott-Knott agrupó las accesiones en función de los caracteres similares (Tabla 2). Los coeficientes de variación (CV %) mostraron los valores más altos en LEPI (40.23 %), seguido de LAV (30.16 %), AV (25.44 %) y LHIP (24.59 %). En cambio, AG y LHP presentaron una menor variabilidad (13.86 % y 15.30 %, respectivamente), lo que indica una mayor homogeneidad en las dimensiones de grano y hoja entre las accesiones estudiadas. Este comportamiento coincide con los hallazgos de estudios previos, que indican que la plasticidad fenotípica del frijol común está determinada por la interacción entre el genotipo y las condiciones ambientales (Jochua *et al.*, 2020; Geleta *et al.*, 2024).

Pumalpa *et al.* (2020) analizaron 63 líneas de frijol común y reportaron una variabilidad menor al 20 % en caracteres relacionados con el tamaño de las hojas. Estos resultados son consistentes con los obtenidos en este estudio, donde la variabilidad máxima en los caracteres de hoja y hoja primaria fue de 18.95 % (Tabla 2). En este sentido, Marmolejo (2018) señala que ciertos aspectos morfológicos del frijol común, como el tamaño de la hoja y la flor, están principalmente determinados por el genotipo, y son menos susceptibles a la influencia ambiental. LHIP y LEPI presentaron una variabilidad considerable (24.59 % y 40.23 %, respectivamente), en concordancia con Duarez (2023), quien reportó una variabilidad de LHIP similar en cinco grupos de frijol

común de Amazonas, pero contrastante con Lépiz-Ildelfonso *et al.* (2010), quienes reportaron una variabilidad notablemente menor de LEPI (16.0 %) en poblaciones de frijol común de México. Kläsener *et al.* (2022) concluyeron que entre los caracteres de mayor importancia para diferenciar variedades de frijol común en Brasil se encuentran aquellos relacionados con las dimensiones del hipocótilo y, en menor medida, los del epicótilo.

Por otro lado, da Conceição-dos Santos *et al.* (2022) reportaron menor variabilidad en los caracteres relacionados con el tamaño de grano, con valores de 9.1 % y 8.5 % para LG y AG, respectivamente, así como para LV y AV (10.3 % y 9.3 %, respectivamente). Estos resultados son discordantes con los encontrados en esta investigación, que presentó valores significativamente mayores (Tabla 2). La calidad de las vainas está influenciada principalmente por su tamaño y forma, los cuales varían significativamente entre variedades y ecotipos (López *et al.*, 2023). Pumalpa *et al.* (2020) reportaron una media de LV de 11.5 cm en líneas de frijol común de Perú, mientras que, en Brasil, las variedades nativas alcanzaron 20.0 cm (Ribeiro *et al.*, 2019). Estos valores son considerablemente mayores al promedio de LV encontrado en este estudio (11.60 cm). En general, estos caracteres varían según el genotipo de frijol común, y su diversidad es clave para la comercialización y consumo del grano (Morales-Santos *et al.*, 2017).

Morales-Morales *et al.* (2019) destacaron la importancia del tamaño de la semilla para las preferencias del consumidor, indicando que las semillas de mayor tamaño son más valoradas. En su estudio, reportaron promedios de 8.49 mm y 6.37 mm para LG y AG, respectivamente, valores inferiores a los obtenidos en

Tabla 2. Caracteres cuantitativos morfológicos de 50 accesiones de frijol común del banco de Perú.

Carácter	Clases y porcentajes	Promedio	σ	CV (%)	DMS	ANOVA (p-valor)
LHIP	a (10 %), b (32 %), c (46 %) y d (12 %).	4.23	1.04	24.59	1.00	1.62e-14
LEPI	a (2 %), b (6 %), c (30 %), d (40 %) y e (22 %).	1.69	0.68	40.23	0.61	<2e-16
LHP	a (4 %), b (32 %), c (48 %), d (12 %) y e (4 %).	4.97	0.76	15.3	0.70	<2e-16
AHP	a (4 %), b (50 %), c (32 %) y d (14 %).	4.64	0.88	18.95	0.67	<2e-16
LH	a (10 %), b (32 %), c (36 %) y d (22 %).	10.12	1.88	18.58	1.53	<2e-16
AH	a (22 %), b (20 %), c (52 %) y d (6 %).	8.47	1.57	18.54	1.30	<2e-16
LV	a (4 %), b (4 %), c (6 %), d (64 %), e (14 %) y f (8 %).	11.6	2.22	19.14	1.40	<2e-16
AV	a (12 %), b (8 %), c (60 %) y d (20 %).	0.98	0.25	25.44	0.19	<2e-16
LAV	a (4 %), b (8 %), c (30 %), d (34 %) y e (24 %).	0.86	0.26	30.16	0.27	<2e-16
LG	a (4 %), b(2 %), c (4 %), d (6 %), e (6 %), f (18 %), g (32 %), h (12 %) e i (16 %).	11.65	2.14	18.37	0.72	<2e-16
AG	a (2 %), b (12 %), c (12 %), d (16 %), e (18 %), f (32 %) y g (8 %).	7.07	0.98	13.86	0.45	<2e-16

σ : desviación estándar, CV: coeficiente de variación, DMS: diferencia mínima significativa, ANOVA: análisis de la varianza. Los porcentajes indican la distribución de las clases para cada variable medida, según la prueba de Scott-Knott ($p < 0.05$).

esta investigación. En particular, las accesiones de Rodríguez de Mendoza (PER013004) y Cusco (PER013038 y PER013067) mostraron valores sobresalientes para estos caracteres, principalmente en LG con 16.52, 17.14 y 17.36 mm respectivamente.

Análisis de caracteres fenológicos y rendimiento

Los DE presentaron baja variabilidad (7.74 %) entre las accesiones analizadas, con un rango de 6 a 7 (Tabla 3). Sin embargo, investigaciones previas han documentado una mayor amplitud en la precocidad de las variedades de frijol, con DE tan cortos como 4 días en México (Meza-Vázquez *et al.*, 2015), así como DE más tardíos, de hasta 10.30 días, observados en la región de Amazonas, Perú (Vásquez *et al.*, 2024). La variabilidad en los DE puede atribuirse, en parte, a las diferencias en las condiciones edafoclimáticas de los entornos. Factores como la temperatura son determinantes, ya que influyen en la actividad enzimática durante la rehidratación de las semillas, lo que afecta directamente la velocidad de germinación y emergencia (Maqueira-López *et al.*, 2021).

Los caracteres relacionados a la fenología como DMF y DMC, mostraron baja variabilidad entre las accesiones evaluadas (8.68 % y 5.45 %, respectivamente), mientras que los DF presentaron mayor variabilidad (14.93 %) (Tabla 3). Lamz-Piedra *et al.* (2023) reportaron una variabilidad semejante en accesiones de frijol común en Cuba: 12.62 % para DF, 9.69 % para DMF y 7.34 % para DMC. En Colombia, el promedio de DF fue de 34 días en líneas seleccionadas de frijol común (Mayor-Duran *et al.*, 2016), un valor notablemente inferior al observado en esta investigación, lo que indica que las accesiones peruanas tienen un ciclo más largo. Los DMF en esta investigación tuvieron un promedio de 98.06 días, en contraste con los 127 días reportados por Meza-Vázquez *et al.* (2015) en poblaciones silvestres y con los valores de 70.20 a 79.24 días registrados por Long *et al.* (2020) en accesiones de frijol en China. El promedio de DMC fue de 119.32 días, un valor similar a los 130.28 días observados por Aybar y Luis (2021) en líneas de frijol común en Ica, Perú, pero notablemente mayor al reportado por otros autores, quienes indicaron un rango de 80.45 a 84.52 días de DMC (Góngora-Martínez *et al.*, 2020; Lamz-Piedra *et al.*, 2023). La variación en las etapas fenológicas del frijol refleja la influencia de las condiciones edafoclimáticas y manejo agronómico. Las accesiones tardías se adaptan mejor a estaciones largas y condiciones óptimas, mientras que las precoces resultan más ventajosas en períodos productivos cortos y ambientes adversos como la escasez de agua, ya que su maduración temprana permite completar el llenado del grano antes de que disminuya la disponibilidad hídrica, favoreciendo así su adaptación al estrés por sequía (Domínguez *et al.*, 2021).

El PS y RDT presentaron alta variabilidad (Tabla 3), lo que refleja diferencias significativas en la producción entre las accesiones evaluadas. El PS promedio fue de 29.79 g, mientras que el RDT alcanzó 811.98 kg•ha⁻¹. Estos valores contrastan con los reportados por Oreamuno-Fonseca *et al.* (2023) en Costa Rica, donde el PS promedio fue de 20.19 g, y por Saucedo-Acosta *et al.* (2023) en México, quienes registraron un promedio superior de 42.28 g. Estos caracteres son cruciales para comprender la productividad y calidad del grano (Morales-Morales *et al.*, 2019). El PS es un buen indicador de la calidad del grano, ya que granos más grandes y pesados suelen tener un mayor valor comercial. Sin embargo, su relación con el rendimiento no siempre es directa, ya que factores como número de vainas por planta y número de semillas por vaina también influyen significativamente, además de las condiciones ambientales en las que se cultiva el frijol común (Nkhata *et al.*, 2021).

En cuanto al RDT, la accesión PER13004, originaria de Rodríguez de Mendoza, destacó con 1,173 kg•ha⁻¹, mientras que la accesión PER13027 registró el menor valor con 212 kg•ha⁻¹, lo que sugiere que algunas accesiones presentan mayor adaptabilidad a las condiciones del experimento. de Souza *et al.* (2020) reportaron hallazgos similares en variedades de frijol común de Brasil, con valores de RDT entre 333.04 y 1,278.92 kg•ha⁻¹. Sin embargo, investigaciones como las de Carrodeguas *et al.* (2021) y Vásquez *et al.* (2024) han documentado rendimientos superiores a 2,000 kg•ha⁻¹, lo que evidencia el impacto de las condiciones ambientales y genéticas en la productividad.

La selección de materiales promisorios con alta productividad en los ámbitos de experimentación es crucial en estudios de diversidad, ya que estos materiales reflejan su potencial adaptativo frente a condiciones específicas (Mayor-Duran *et al.*, 2016). Identificar accesiones con buen rendimiento en los entornos evaluados permite generar variedades mejoradas que maximicen la producción en escenarios similares. Esto constituye una base sólida para programas de mejoramiento genético, contribuyendo a la sostenibilidad de los sistemas agrícolas y a satisfacer la demanda de cultivos con alta eficiencia productiva en diversas regiones.

Análisis de componentes principales con caracteres cuantitativos

El análisis de componentes principales (ACP) reveló que las primeras dos dimensiones explicaron 47.6 % de la varianza total, con características que se distribuyeron de manera distintiva entre estos componentes (Figura 4). La primera dimensión explicó 29.5 % de la varianza, mientras que la segunda contribuyó con 18.1 %.

Tabla 3. Fenología y rendimiento de frijol común de Perú

Accesión	DE	DF	DMF	DMC	PS (g)	RDT (kg·ha ⁻¹)
PER013004	7	38	102	119	53.5	1,173
PER013005	6	49	107	125	30.5	967
PER013006	6	55	100	132	23.2	1,118
PER013008	6	50	90	126	24.2	1,170
PER013009	6	52	110	130	19.6	1,100
PER013009A	7	56	102	126	23.2	1,120
PER013010	6	53	105	126	22.4	1029
PER013011	6	51	108	129	24.6	1,112
PER013013	7	52	112	130	43.8	988
PER013014	6	50	106	126	26.2	1,103
PER013015	7	58	110	131	41.2	988
PER013018	7	57	108	126	27	792
PER013024	7	49	110	132	31.8	242
PER013026	7	49	107	118	30.2	826
PER013027	7	42	109	119	22	212
PER013028	6	55	97	120	25.4	946
PER013028A	7	55	102	125	23	489
PER013029	6	57	90	114	27.8	863
PER013030	7	36	95	116	24.2	382
PER013031	6	39	100	119	22.8	835
PER013034	6	42	110	120	17.8	896
PER013035	6	53	95	116	21.8	1,000
PER013038	7	42	89	114	57.6	385
PER013039	6	56	107	118	26.8	896
PER013041	7	41	92	114	30.6	870
PER013042	7	53	98	116	23.2	838
PER013043	7	56	103	105	19.2	246
PER013045	6	38	90	105	22.4	776
PER013048	7	41	95	115	25.4	682
PER013049	6	49	108	115	23.6	933
PER013050	7	39	90	114	28.8	894
PER013053	7	42	110	125	36.6	918
PER013055	7	53	90	115	28.8	870
PER013055A	6	42	92	117	33.6	932
PER013056	7	43	93	115	23.4	870
PER013057	6	40	90	118	34.8	352
PER013059	6	41	100	125	30.6	941
PER013059A	6	40	105	125	34.6	849
PER013060	6	38	90	114	43.1	721
PER013061	6	53	100	120	36.8	261
PER013065	7	52	87	114	32.2	580
PER013066	6	36	87	114	30.8	778
PER013067	7	41	90	113	59.1	893
PER013068	6	42	85	113	21	821
PER013069	7	37	90	116	25.5	935
PER013070	7	51	87	114	21.7	732
PER013071	7	39	80	112	40.5	638
PER013072	6	42	90	117	30.4	849
PER013073	7	57	95	118	34.4	895
PER013073A	7	53	95	120	27.6	893
Promedio	6.52	47.10	98.06	119.32	29.79	811.98
σ	0.50	7.03	8.51	6.50	9.29	252.79
CV (%)	7.74	14.93	8.68	5.45	31.20	31.13

σ : desviación estándar, CV: coeficiente de variación.

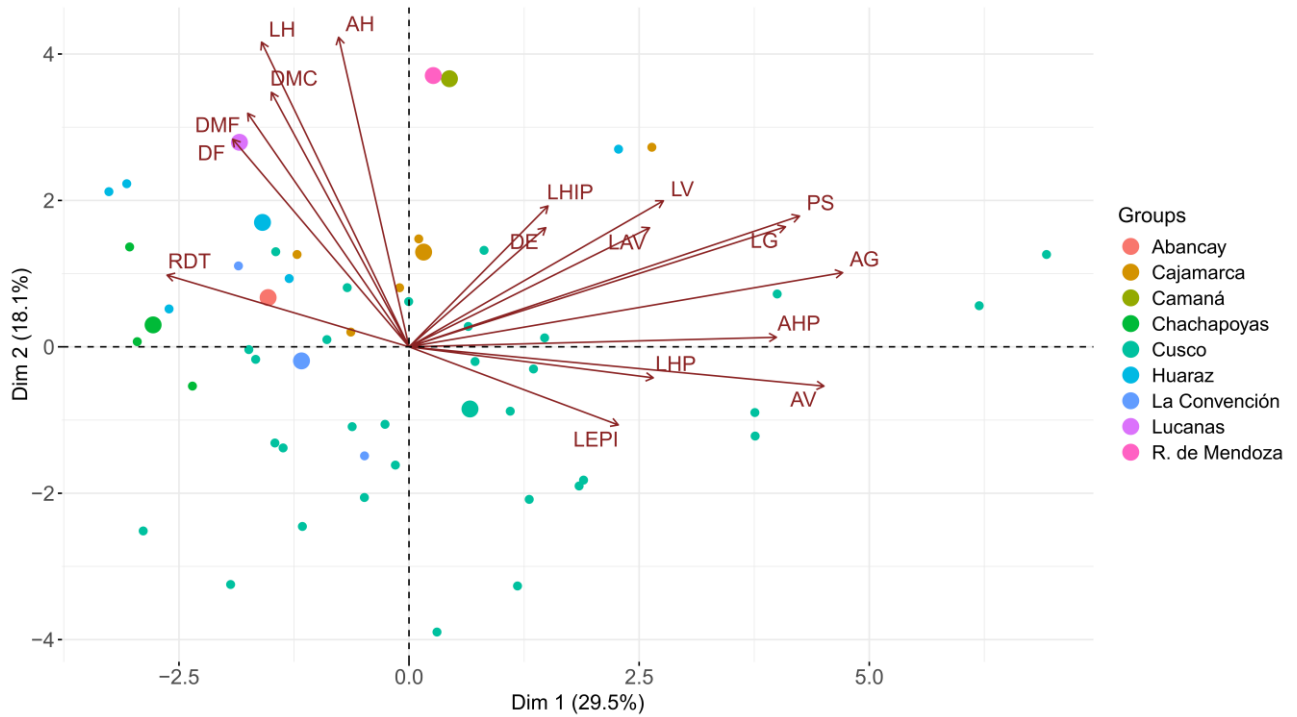


Figura 4. Analisis de componentes principales (ACP), distribución de accesiones según provincia de origen y caracteres cuantitativos en las dos primeras dimensiones.

El primer componente tuvo mayor contribución de los caracteres AG (15.47 %), AV (14.17 %), PS (12.55 %) y LG (11.66 %), es decir, estuvo influenciado principalmente por caracteres de tamaño y peso de grano, lo que lo convierte en un factor clave en la diversidad observada en las accesiones de frijol. El segundo componente, en cambio, estuvo dominado por

caracteres fenológicos y relacionados con las hojas, como AH (20.32 %), LH (19.68 %), DMC (13.73 %) y DMF (11.56 %), lo que indica que las características de las hojas y la fenología son esenciales para la variabilidad en las accesiones peruanas analizadas (Tabla 4).

Tabla 4. Contribución a la varianza (%) y vectores propios de 17 caracteres cuantitativos en los dos primeros componentes principales.

Caracter	CP 1		CP 2	
	Contrib.	Vp	Contrib.	Vp
LHIP	1.59	0.28	4.21	0.35
LEPI	3.60	0.42	1.29	-0.19
LHP	4.91	0.49	0.20	-0.07
AHP	11.11	0.74	0.01	0.02
LH	1.79	-0.29	19.68	0.77
AH	0.40	-0.14	20.32	0.79
LV	5.32	0.51	4.52	0.37
AV	14.17	0.84	0.32	-0.10
LAV	4.76	0.48	3.00	0.30
LG	11.66	0.76	3.05	0.30
AG	15.47	0.88	1.16	0.18
DE	1.53	0.27	3.01	0.3
DF	2.55	-0.35	9.13	0.53
DMF	2.14	-0.32	11.56	0.59
DMC	1.55	-0.27	13.73	0.65
PS	12.55	0.79	3.62	0.33
RDT	4.8	-0.49	1.09	0.18

CP: componente, contrib.: contribución a la varianza (%), Vp: vector propio.

Estudios previos, como los de Dadther-Huaman *et al.* (2024), reportaron que los componentes 1 y 2 explicaron el 38.3 % y 31.1 % de la varianza respectivamente, en poblaciones del género *Phaseolus*. En estos, los caracteres con mayor contribución al componente 1 fueron PS y AG, mientras que el componente 2 estuvo determinado principalmente por caracteres de rendimiento. De manera similar, Meza-Vázquez *et al.* (2015) documentaron que los primeros dos componentes explicaron el 60.3 % de la varianza total en especies silvestres de frijol. En este caso, el componente 1, con una contribución del 37.1 %, estuvo definido por caracteres fenológicos como DF y DMF. Por su parte, el componente 2, con una contribución del 23.2 %, se asoció principalmente con caracteres como LHP y LV, lo que indica que, al igual que en el presente estudio, las características del grano y la fenología desempeñan un papel clave en la variabilidad del frijol común.

El ACP confirma que los caracteres de grano y fenología explican la mayor parte de la variabilidad observada entre las accesiones de frijol en Perú. Estos resultados son fundamentales para la caracterización de la diversidad del frijol común en el país, ya que permiten identificar las principales dimensiones de variación que pueden aprovecharse en programas de mejoramiento genético. Por lo tanto, estos caracteres se consideran prioritarios para su estudio y selección en dichos programas.

Correlación entre caracteres cuantitativos

En el análisis de correlación de Pearson se identificaron fuertes correlaciones significativas entre LV y LG ($r = 0.71$ ***), AV y AG ($r = 0.75$ ***), PS y LG ($r = 0.81$ ***) y PS y AG ($r = 0.86$ ***). Asimismo, se encontraron correlaciones moderadas entre PS y caracteres de vaina como LV ($r = 0.47$ ***), AV ($r = 0.57$ ***) y LAV ($r = 0.52$ ***), además de AHP con AV ($r = 0.55$ ***) y AG ($r = 0.57$ ***) (Figura 5).

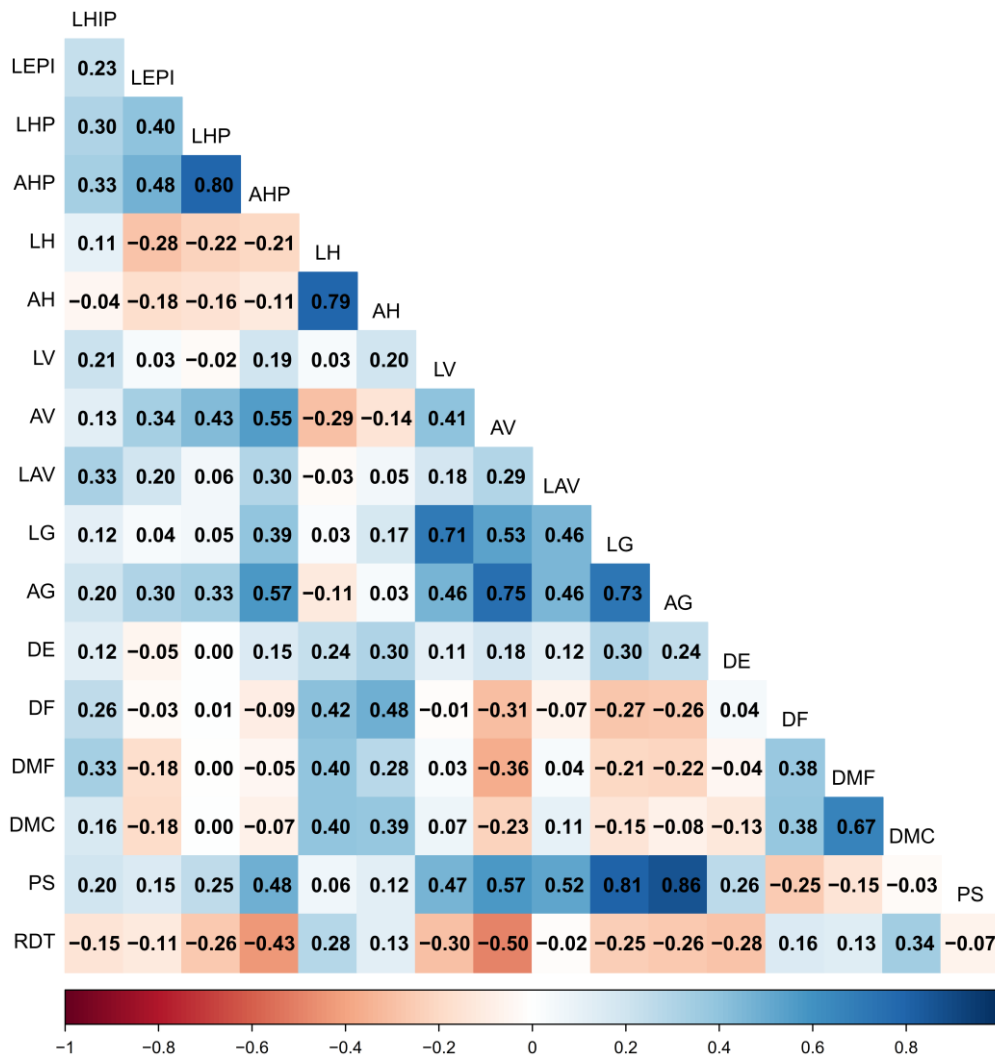


Figura 5. Diagrama de calor de correlaciones de Pearson para 17 caracteres cuantitativos de 50 accesiones de frijol común de Perú, con intervalos de confianza de 95 %.

El análisis mostró que las vainas influyen directamente en el desarrollo y calidad de las semillas en el frijol común, como lo evidencian las correlaciones entre PS y caracteres de vaina. Asociaciones moderadas entre AHP y AG ($r = 0.57^{***}$), así como entre AHP y AV ($r = 0.55^{***}$), sugieren que las dimensiones de las hojas primarias también están relacionadas con el desarrollo de estructuras reproductivas.

Estudios previos, como los de Zhang *et al.* (2020), señalaron una conexión genética entre los caracteres morfológicos de la hoja y la productividad y calidad del grano. Vásquez *et al.* (2024) también identificaron correlaciones significativas entre los caracteres de la vaina y el grano, principalmente entre AV y AG, lo que resulta crucial para la selección de genotipos de alto rendimiento y calidad. Por otro lado, Asfaw *et al.* (2017) advirtieron que las correlaciones entre caracteres agromorfológicos en poblaciones de frijol común pueden verse afectadas por las condiciones ambientales y la disponibilidad de agua. Esto resalta la importancia de considerar dichos factores en la caracterización de la diversidad genética del frijol en regiones específicas de Perú.

La identificación de correlaciones significativas entre caracteres reproductivos y vegetativos no solo ayuda a caracterizar la diversidad genética del frijol común, sino que también proporciona una base sólida para seleccionar accesiones con características deseables en programas de mejoramiento genético. La variabilidad observada entre estas correlaciones es un reflejo de la

diversidad genética presente en las accesiones de frijol en Perú y debe ser aprovechada en la selección de cultivares que maximicen tanto la calidad como el rendimiento del frijol.

Agrupamiento jerárquico entre accesiones

El análisis de agrupamiento jerárquico según distancia euclidiana con el método de Ward, basado en 17 caracteres cuantitativos, clasificó las 50 accesiones de frijol común en cinco grupos A, B, C, D y E (Figura 6).

El grupo C, compuesto principalmente por accesiones de Chachapoyas y Huaraz, destacó por su mayor rendimiento promedio (RDT) y ciclos fenológicos más largos (Tabla 5). Este comportamiento podría estar relacionado con adaptaciones específicas a altitudes medias y condiciones templadas, donde los períodos de desarrollo prolongados permiten un mejor aprovechamiento de los recursos. Polania *et al.* (2016) reportaron que características fenológicas, como DF, están estrechamente vinculadas a las condiciones ambientales de las regiones de origen, principalmente la altitud, la temperatura y el fotoperiodo, lo que apoya los resultados observados en este estudio. Asimismo, las accesiones del grupo C presentan granos pequeños y ciclos más prolongados, lo que podría deberse a diferencias en la interacción genotipo-ambiente o en las prácticas agrícolas locales, como lo han sugerido Long *et al.* (2020). En este sentido, Maqueira-López *et al.* (2021) señalaron que la reducción en la duración del ciclo fenológico puede optimizar la acumulación de

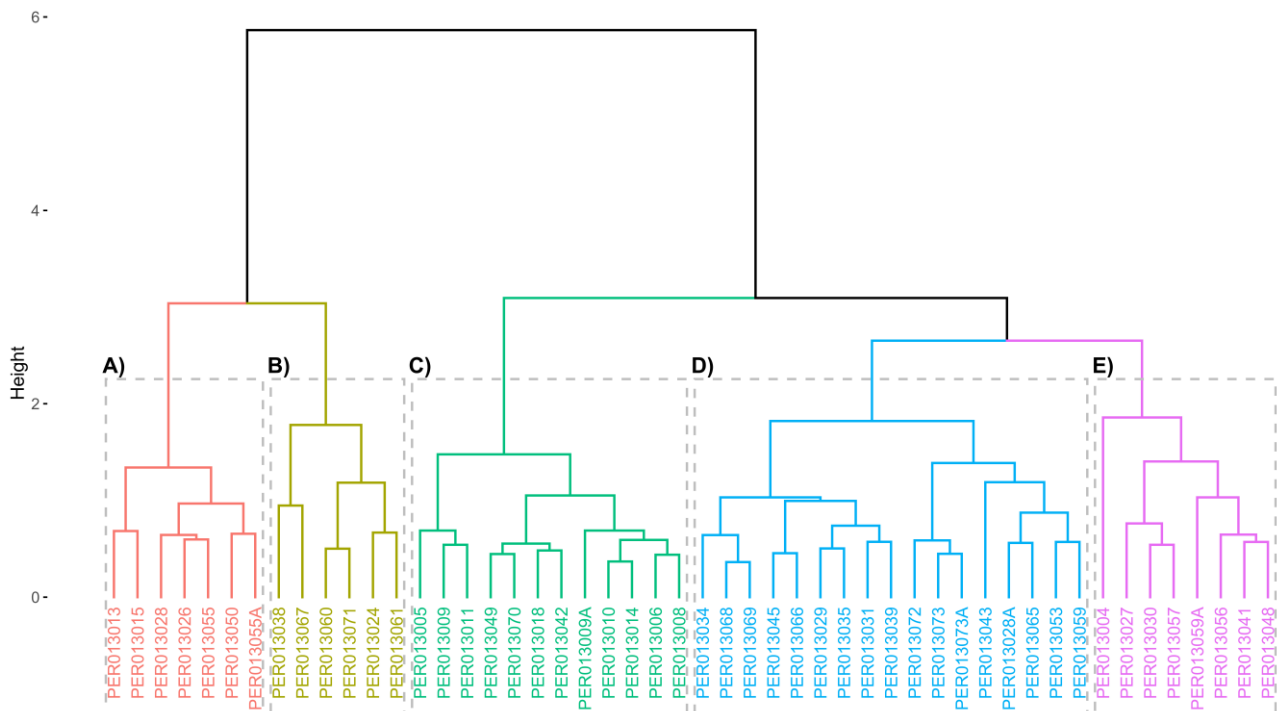


Figura 6. Agrupamientos jerárquicos con base en caracteres cuantitativos de 50 accesiones de frijol común de Perú.

Tabla 5. Medias de caracteres cuantitativos morfológicos según el agrupamiento por clúster.

Clúster	LHIP (cm)	LEPI (cm)	LHP (cm)	AHP (cm)	LH (cm)	AH (cm)	LV (cm)	AV (cm)	LAV (cm)	LG (cm)	AG (cm)	DE	DF	DMF	DMC	PS (g)	RDT (kg·ha ⁻¹)
A	4.87	2.29	5.15	5.15	10.66	8.63	11.07	0.93	1.12	11.72	7.43	6.71	49.71	99.71	120.71	33.11	920.57
B	4.72	2.02	5.43	5.49	9.50	8.43	14.63	1.41	1.16	15.13	8.70	6.67	43.67	93.17	117.50	44.82	523.33
C	4.23	1.40	4.71	3.99	11.11	9.32	11.04	0.81	0.87	10.43	6.32	6.33	52.17	102.42	124.25	24.12	1,001.17
D	3.95	1.83	5.12	4.76	9.49	7.88	10.68	0.99	0.66	10.63	6.85	6.41	46.94	96.24	116.71	26.51	800.65
E	3.88	1.05	4.52	4.29	9.96	8.35	12.60	0.95	0.83	12.98	7.14	6.75	40.13	97.63	117.63	31.06	673.75

fotoasimilados en menos tiempo sin comprometer la calidad del grano, sugiriendo que la duración del ciclo puede influir en el tamaño del grano, aunque su efecto exacto dependería del balance entre el tiempo de desarrollo y la eficiencia en la acumulación de reservas.

Por su parte, los grupos A y D mostraron rendimientos relativamente altos (920.57 y 800.65 kg·ha⁻¹ en promedio). El grupo A, integrado por accesiones de diversas regiones, se caracterizó por mayores LHIP y LEPI, mientras que el grupo D, conformado en su mayoría por accesiones de Cusco, destacó por tener hojas y vainas más pequeñas. Este patrón podría estar relacionado con adaptaciones locales que priorizan características morfológicas específicas para enfrentar las condiciones agroecológicas de esta región (Meza-Vázquez *et al.*, 2015).

En contraste, los grupos B y E presentaron los menores rendimientos promedio (523.33 y 673.75 kg·ha⁻¹, respectivamente). El grupo B, integrado principalmente por accesiones de Cusco, se caracterizó por tamaños mayores en hojas primarias, vainas y granos, lo que sugiere un enfoque en características de mayor biomasa pero menor eficiencia productiva. Por otro lado, el grupo E mostró las menores dimensiones para hojas, LHIP y LEPI, lo que podría estar relacionado con una menor capacidad fotosintética. Ambos grupos presentaron duraciones fenológicas intermedias, en línea con las observaciones de Long *et al.* (2020), quienes reportaron que accesiones de distintas regiones geográficas exhiben variaciones en tamaño de grano, fenología y rendimiento como resultado de adaptaciones locales.

La diversidad fenotípica identificada refleja la interacción genotipo-ambiente, evidenciada por los patrones regionales de las características morfológicas y fenológicas. Esto coincide con lo reportado por Bitocchi *et al.* (2017), quienes señalaron que los patrones de diversidad dependen de procesos demográficos y de adaptación a condiciones climáticas específicas. De manera similar, Long *et al.* (2020) destacaron que las diferencias en características como tamaño de semilla y hábito de crecimiento están influenciadas por las condiciones ambientales específicas de cada región. En este contexto, los resultados subrayan el papel de las condiciones locales en la expresión fenotípica, lo que tiene implicaciones directas para programas de mejoramiento genético enfocados en adaptar el cultivo de frijol común a condiciones climáticas diversas.

CONCLUSIONES

Este estudio revela una considerable diversidad fenotípica y agromorfológica en 50 accesiones de frijol común de Perú, destacando la influencia del origen geográfico en la variabilidad observada, especialmente en accesiones de Cusco, Chachapoyas y Huaraz. Los caracteres de tamaño de la hoja, vaina, semillas y fenología, así como la coloración de la flor, vaina y semillas, fueron determinantes en la diferenciación. El grupo C sobresalió por su mayor rendimiento, con accesiones de Chachapoyas, Huaraz y Abancay destacando en productividad. En particular, la accesión PER013004 mostró el mejor rendimiento y precocidad en la floración, lo que subraya su potencial en programas de mejoramiento genético. Estos hallazgos proporcionan información clave para la optimización de estrategias de mejoramiento, facilitando la selección de accesiones con alto potencial agronómico, mejorando la adaptación a diversas condiciones agroecológicas y aumentando la resiliencia del cultivo frente al cambio climático.

Agradecimientos

A Karina Trujillo Quispe por el apoyo en la digitación de evaluaciones y a Robert Basurto Quispe por el apoyo en las labores de manejo en el campo experimental.

Funding. The Chincha Agrarian Experimental Station of INIA funded this work.

Conflict of interest. There is no conflict of interest.

Compliance with ethical standards. Does not apply.

Data availability. Data available from the corresponding author upon reasonable request.

Author contribution statement (CRediT). **L. Aybar-Peve** – Conceptualization, methodology, project administration, resources, supervision, writing – review and editing. **N. Medina-Portilla** – Data curation, investigation, resources, writing – review and editing. **M. Camargo-Cobeñas** – Data curation, formal analysis, resources and writing – original draft. **E. Chihuan-Palomino** – writing – review and editing. **J. Terán-Rojas** – Resources, supervision, writing – review and editing.

REFERENCES

- Asfaw, A., Ambachew, D., Shah, T. and Blair, M.W., 2017. Trait associations in diversity panels of the two common bean (*Phaseolus vulgaris* L.) gene pools grown under well-watered and water-stress conditions. *Frontiers in Plant Science*, 8, pp. 733. <https://doi.org/10.3389/fpls.2017.00733>
- Aybar, L. and Luis, D.B., 2021. Evaluación agronómica de seis genotipos de frijol canario en condiciones del valle de Chíncha, Ica, Perú. *Peruvian Agricultural Research*, 3(1), pp. 18–22. <https://doi.org/10.51431/par.v3i1.661>
- Aziziaran, Z., Cheghamirza, K., Zarei, L. and Beheshti-Alagha, A., 2021. Características químicas y morfológicas de la semilla de frijol común y evaluación del avance genético en clases comerciales. *Biología Celular y Molecular*, 67(6), pp. 89–99. <https://doi.org/10.14715/cmb/2021.67.6.13>
- Bitocchi, E., Nanni, L., Bellucci, E., Rossi, M., Giardini, A., Zeuli, P.S., Logozzo, G., Stougaard, J., McClean, P., Attene, G. and Papa, R., 2012. Mesoamerican origin of the common bean (*Phaseolus vulgaris* L.) is revealed by sequence data. *Proceedings of the National Academy of Sciences of the United States of America*, 109(14), pp. E788–E796. <https://doi.org/10.1073/pnas.1108973109>
- Bitocchi, E., Rau, D., Bellucci, E., Rodríguez, M., Murgia, M.L., Gioia, T., Santo, D., Nanni, L., Attene, G. and Papa, R., 2017. Frijoles (*Phaseolus ssp.*) como modelo para comprender la evolución de los cultivos. *Frontiers in Plant Science*, 8, pp. 722. <https://doi.org/10.3389/fpls.2017.00722>
- Camarena Mayta, F., Huaríngua Joaquín, A. and Mostacero Neyra, E., 2009. *Innovación tecnológica para el incremento de la producción de frijol común (Phaseolus vulgaris L.)*. 1ª ed. Lima, Perú: Consejo Nacional de Ciencia, Tecnología e Innovación Tecnológica. pp. 230.
- Carrodegas Díaz, S., Santana Baños, Y. and Linares Camejo, A., 2021. Rendimiento de cultivares de frijol común en dos localidades de Pinar del Río. *Avances*, 23(4), pp. 397–404. <https://www.redalyc.org/articulo.oa?id=637869393003>
- Carvalho, M., Castro, I., Matos, M., Lino-Neto, T., Silva, V., Rosa, E. and Carnide, V., 2016. Caracterização agro-morfológica de acessos de feijão-frade (*Vigna unguiculata*): bases para o melhoramento. *Revista de Ciências Agrárias*, 39(4), pp. 506–517. <https://doi.org/10.19084/RCA16091>
- Castro Flores, R. and Quispe Llantay, D.N., 2017. *Caracterización morfológica de genotipos de frijol (Phaseolus vulgaris L.) en San Juan de Uchubamba-Jauja* (Tesis de pregrado). Universidad Nacional Daniel Alcides Carrión. <http://repositorio.undac.edu.pe/handle/undac/2198>
- Curipaco Sulca, A.M., 2015. *Caracterización y selección de veinte colecciones locales de frijol Ñuña (Phaseolus vulgaris L.) - Canaán (2735 msnm) – Ayacucho* (Tesis de pregrado). Universidad Nacional de San Cristóbal de Huamanga. <http://repositorio.unsch.edu.pe/handle/UNSC/H/2091>
- da Conceição-dos Santos, L.F., Ruiz-Sánchez, E. and Jimenez-Osornio, J.J., 2022. Caracterización agro-morfológica de 20 cultivares de frijol caupí (*Vigna unguiculata* [L.] Walp.) en Yucatán, México. *Acta Universitaria*, 32, pp. e3216. <https://doi.org/10.15174/au.2022.3216>
- Dadther-Huaman, H., Gambini-de la Cruz, T.A., Coaquira-Mendoza, B., Garay-Duran, D., Parco-Quinchori, J., Quispe-Castro, R., Aybar-Peve, L., Contreras-Liza, S. and Casa-Coila, V.H., 2024. Caracterización agromorfológica y diversidad fenotípica de la colección de germoplasma de pallar (*Phaseolus lunatus* L.) del INIA, Perú. *Tropical and Subtropical Agroecosystems*, 27, pp. 097. <http://doi.org/10.56369/tsaes.5490>
- de Souza Lima, A.R., dos Santos Silva, J.A., Giroletta dos Santos, C.M. and Prevedel Capristo, D., 2020. Comportamiento agronómico de líneas y cultivares de frijol común en la región del ecotono Cerrado/Pantanal. *Investigación, Sociedad y Desarrollo*, 9(7), pp. e121973666. <http://dx.doi.org/10.33448/rsd-v9i7.3666>
- Domínguez Suárez, A., Darias Rodríguez, R., Martínez Dávalos, Y., Sosa del Castillo, M. and Sosa del Castillo, D., 2021. Selección de variedades de frijol común rojo (*Phaseolus vulgaris* L.), tolerantes a la sequía en diferentes condiciones de riego en campo. *Revista Bionatura*, 6(1), pp. 1473-1477. <http://dx.doi.org/10.21931/RB/2021.06.01.6>
- Duarez Vera, E., 2023. *Caracterización*

- agromorfológica de 50 accesiones de frijol (Phaseolus vulgaris L.) en el centro experimental San Juan – INIA, Amazonas* (Tesis de pregrado). Universidad Nacional Toribio Rodríguez de Mendoza de Amazonas. <https://hdl.handle.net/20.500.14077/3504>
- Espinoza de Arenas, L.M., Aquije Gómez, P.A., Surco Laos, F.A., Espino Tipismana, G. and Rojas Yaba, Y., 2022. Caracterización morfoagronómica y evaluación del rendimiento de doce genotipos de pallar (*Phaseolus lunatus* L.) de granos de colores en la zona media del Valle de Ica. *Ciencia Latina Revista Científica Multidisciplinar*, 6(1), pp. 927–946. https://doi.org/10.37811/cl_rcm.v6i1.1552
- Flores de la Cruz, M.J., García Esteva, A., García Nava, J.R., Kohashi Shibata, J. and Ybarra Moncada, M.C., 2018. Diferencias fenológicas, morfológicas y de componentes de rendimiento entre una forma silvestre y domesticada de frijol común. *Revista Mexicana de Ciencias Agrícolas*, 9(1), pp. 137–149. <https://doi.org/10.29312/remexca.v9i1.854>
- Geleta, R.J., Roro, A.G. and Terfa, M.T., 2024. Respuestas fenotípicas y de rendimiento de variedades de frijol común (*Phaseolus vulgaris* L.) a diferentes niveles de humedad del suelo. *BMC Plant Biology*, 24, pp. 242. <https://doi.org/10.1186/s12870-024-04856-5>
- Góngora-Martínez, O., Rodríguez-Fernández, P.A. and Castillo-Ferrer, J., 2020. Comportamiento agronómico de variedades de frijol (*Phaseolus vulgaris* L.) en las condiciones edafoclimáticas del municipio Songo-La Maya, Santiago de Cuba, Cuba. *Ciencia en su PC*, 1, pp. 31–45. <https://www.redalyc.org/articulo.oa?id=181363107003>
- Hernández-López, V.M., Vargas-Vázquez, M.L.P., Muruaga-Martínez, J.S., Hernández-Delgado, S. and Mayek-Pérez, N., 2013. Origen, domesticación y diversificación del frijol común: avances y perspectivas. *Revista Fitotecnia Mexicana*, 36(2), pp. 95–104. http://www.scielo.org.mx/scielo.php?script=sci_arttext&pid=S0187-73802013000200002&lng=es&tlng=es
- Instituto Nacional de Innovación Agraria (INIA), 2017. *Banco Nacional de Germoplasma*. <https://hdl.handle.net/20.500.12955/1425>
- Jochua, C.N., Strock, C.F. and Lynch, J.P., 2020. Root phenotypic diversity in common bean (*Phaseolus vulgaris* L.) reveals contrasting strategies for soil resource acquisition among gene pools and races. *Crop Science*, 60(6), pp. 3261–3277. <https://doi.org/10.1002/csc2.20312>
- Kläsener, G.R., Ribeiro, N.D. and Santos, G.G., 2022. Divergencia genética e seleção de cultivares de feijão baseada em arquitetura de planta e produtividade. *Revista Caatinga*, 35(4), pp. 818–828. <https://doi.org/10.1590/1983-21252022v35n409rc>
- Kwak, M. and Gepts, P., 2009. Structure of genetic diversity in the two major gene pools of common bean (*Phaseolus vulgaris* L., Fabaceae). *Theoretical and Applied Genetics*, 118, pp. 979–992. <https://doi.org/10.1007/s00122-008-0955-4>
- Lamz-Piedra, A., Morales-Soto, A., Delgado-Oramas, B.P. and Florido-Bacallao, M., 2023. Caracterización de 11 líneas de frijol común (*Phaseolus vulgaris* L.) resistentes a *Zabrotes subfasciatus* Boheman en Cuba. *CienciaUAT*, 18(1), pp. 178–190. <https://doi.org/10.29059/cienciauat.v18i1.1680>
- Lépiz-Ildelfonso, R., López-Alcocer, J.J., Sánchez-González, J.J., Santacruz-Ruvalcaba, F., Nuño-Romero, R. and Rodríguez-Guzmán, E., 2010. Características morfológicas de formas cultivadas, silvestres e intermedias de frijol común de hábito trepador. *Revista Fitotecnia Mexicana*, 33(1), pp. 21–28. http://www.scielo.org.mx/scielo.php?script=sci_arttext&pid=S0187-73802010000100005&lng=es&tlng=es
- Long, J., Zhang, J., Zhang, X., Wu, J., Chen, H., Wang, P., Wang, Q. and Du, C., 2020. Genetic diversity of common bean (*Phaseolus vulgaris* L.) germplasm resources in Chongqing, evidenced by morphological characterization. *Frontiers in Genetics*, 11, pp. 697. <https://doi.org/10.3389/fgene.2020.00697>
- López Medina, S.E., Mostacero León, J., Gil Rivero, A.E., López Zavaleta, A., de la Cruz Castillo, A.J., Villena Zapata, L. and Asmat Velásquez, B.A., 2023. Morfometría de vainas y semillas de *Phaseolus lunatus* L., ecotipo pallar mochoero. *Ciencia y Tecnología Agropecuaria*, 24(2), pp. e3000. https://doi.org/10.21930/rcta.vol24_num2_art:3000
- Maqueira-López, L.A., Roján-Herrera, O., Solano-Flores, J. and Milagros-Santana, I., 2021.

- Germinación de semillas de *Phaseolus vulgaris* L. a diferentes temperaturas. *Cultivos Tropicales*, 42(2), pp. e00003. http://scielo.sld.cu/scielo.php?script=sci_arttext&pid=S0258-59362021000200003
- Marmolejo Gutarra, K.J., 2018. *Variabilidad genética del frijol común tipo ñuña (Phaseolus vulgaris L.) en las localidades de Carhuaz y Chiquián, Ancash* (Tesis de maestría). Universidad Nacional Agraria La Molina. <https://hdl.handle.net/20.500.12996/3398>
- Mayor-Duran, V.M., Raatz, B. and Blair, M.W., 2016. Desarrollo de líneas de frijol (*Phaseolus vulgaris* L.) tolerante a sequía a partir de cruces interacervo con genotipos procedentes de diferentes orígenes (Mesoamericano y Andino). *Acta Agronómica*, 65(4), pp. 431–438. <https://doi.org/10.15446/acag.v65n4.48680>
- Meza, N., Rosas, J.C., Martín, J.P. and Singh, S.P., 2013. Biodiversity of common bean (*Phaseolus vulgaris* L.) in Honduras, evidenced by morphological characterization. *Genetic Resources and Crop Evolution*, 60(4), pp. 1329–1336. <https://doi.org/10.1007/s10722-012-9922-7>
- Meza-Vázquez, K.E., Lépiz-Ildelfonso, R., López-Alcocer, J.J. and Morales-Rivera, M.M., 2015. Caracterización morfológica y fenológica de especies silvestres de frijol (*Phaseolus*). *Revista Fitotecnia Mexicana*, 38(1), pp. 17-28. http://www.scielo.org.mx/scielo.php?script=sci_arttext&pid=S0187-73802015000100004&lng=es&tlng=es
- Ministerio de Desarrollo Agrario y Riego (MIDAGRI), 2025. *Boletín estadístico mensual "El agro en cifras"*. Dirección General de Estadística, Seguimiento y Evaluación de Políticas. <https://www.gob.pe/institucion/midagri/informes-publicaciones/5380407-boletin-estadistico-mensual-el-agro-en-cifras-2024>
- Morales-Morales, A.E., Andueza-Noh, R.H., Márquez-Quiroz, C., Benavides-Mendoza, A., Tun-Suarez, J.M., González-Moreno, A. and Alvarado-López, C.J., 2019. Caracterización morfológica de semillas de frijol caupí (*Vigna unguiculata* L. Walp) de la Península de Yucatán. *Ecosistemas y recursos agropecuarios*, 6(18), pp. 463-475. <https://doi.org/10.19136/era.a6n18.2171>
- Morales-Santos, M.E., Peña-Valdivia, C.B., García-Esteva, A., Aguilar-Benítez, G. and Kohashi-Shibata, J., 2017. Características físicas y de germinación en semillas y plántulas de frijol (*Phaseolus vulgaris* L.) silvestre, domesticado y su progenie. *Agrociencia*, 51(1), pp. 43-62. http://www.scielo.org.mx/scielo.php?script=sci_arttext&pid=S1405-31952017000100043&lng=es&tlng=es
- Rochín-Medina, J.J., Mora-Rochín, S., Navarro-Cortez, R.O., Tovar-Jimenez, X., Quiñones-Reyes, G., Ayala-Luján, J.L. and Aguayo-Rojas, J., 2021. Contenido de compuestos fenólicos y capacidad antioxidante de variedades de frijol sembradas en el estado de Zacatecas. *Acta universitaria*, 31, pp. e3059. <https://doi.org/10.15174/au.2021.3059>
- Muñoz Arguedas, G., Giraldo Avila, G. and Fernández de Soto, J., 1993. *Descriptores varietales: arroz, frijol, maíz, sorgo*. Centro Internacional de Agricultura Tropical (CIAT). <https://hdl.handle.net/10568/54651>
- Nkhata, W., Shimelis, H. and Chirwa, R., 2021. Productivity of newly released common bean (*Phaseolus vulgaris* L.) varieties under sole cropping and intercropping with maize (*Zea mays* L.). *Frontiers in Sustainable Food Systems*, 5, pp. 741177. <https://doi.org/10.3389/fsufs.2021.741177>
- Norma Oficial Mexicana NOM-021-RECNAT2000., 2002. *Especificaciones de fertilidad, salinidad y clasificación de suelos, estudios, muestreo y análisis* (Segunda Edición). Secretaría de Medio Ambiente y Recursos Naturales. <https://n9.cl/p7flc>
- Oreamuno-Fonseca, P., Monge-Pérez, J.E. and Loría-Coto, M., 2023. Morphological characterization of native beans' seeds from Guanacaste, Costa Rica. *UNED Research Journal*, 15(2), pp. e4690. <https://doi.org/10.22458/urj.v15i2.4690>
- Polania, J., Rao, I.M., Cajiao, C., Rivera, M., Raatz, B. and Beebe, S., 2016. Physiological traits associated with drought resistance in Andean and Mesoamerican genotypes of common bean (*Phaseolus vulgaris* L.). *Euphytica*, 210, pp. 17–29. <https://doi.org/10.1007/s10681-016-1691-5>
- Posit Team, 2024. RStudio: Integrated Development Environment for R. Posit Software, PBC. <http://www.posit.co/>
- Pumalpa Meneses, D., Cantaro Segura, H., Estrada Cañari, R. and Huaranga Joaquín, A., 2020.

- Caracterización fenotípica y agronómica de líneas avanzadas del frijol voluble (*Phaseolus vulgaris* L.) resistentes a virus en Perú. *Revista de Investigación e Innovación Agropecuaria y de Recursos Naturales*, 7(1), pp. 7-20. http://www.scielo.org.bo/scielo.php?script=sci_arttext&pid=S2409-16182020000100003&lng=es&tlng=es
- R Core Team, 2024. R: A language and environment for statistical computing. R Foundation for Statistical Computing. Viena, Austria. <https://www.R-project.org/>
- Rendón-Anaya, M., Montero-Vargas, J.M., Saburido-Álvarez, S., Vlasova, A., Capella-Gutierrez, S., Ordaz-Ortiz, J.J., Aguilar, O.M., Vianello-Brondani, R.P., Santalla, M., Delaye, L., Gabaldón, T., Gepts, P., Winkler, R., Guigó, R., Delgado-Salinas, A. and Herrera-Estrella, A., 2017. Genomic history of the origin and domestication of common bean unveils its closest sister species. *Genome Biology*, 18, pp. 60. <https://doi.org/10.1186/s13059-017-1190-6>
- Ribeiro, L.N., de Sousa, M., da Costa, L., Campos, C.H. and Dovale, J.C., 2019. Agronomic potential and genetic diversity of landraces of cowpea of the state of Ceará. *Revista Caatinga*, 32(3), pp. 698–708. <https://doi.org/10.1590/1983-21252019v32n314rc>
- Sauceda-Acosta, C.P., Rodríguez-Cota, F.G., Cota-Sandoval, M.A., Flores-Sánchez, J.L. and Saucedo-Acosta, R.H., 2023. Calidad física y rendimiento del grano de frijol azufrado en el norte de Sinaloa. *Biotecnica*, 25(3), pp. 79-84. <https://doi.org/10.18633/biotecnica.v25i3.1964>
- Semba, R.D., Rahman, N., Du, S., Ramsing, R., Sullivan, V., Nussbaumer, E., Love, D. and Bloem, M.W., 2021. Patterns of legume purchases and consumption in the United States. *Frontiers in Nutrition*, 8, pp. 732237. <https://doi.org/10.3389/fnut.2021.732237>
- Servicio Nacional de Meteorología e Hidrología del Perú (SENAMHI), 2025. *Servicio Nacional de Meteorología e Hidrología del Perú*. <https://www.senamhi.gob.pe/?p=estaciones>
- Vásquez, J., Vilca, N. and Malqui, R., 2023a. *Catálogo de frijol en regiones andinas del banco de germoplasma del INIA*. Instituto Nacional de Innovación Agraria – INIA. <https://hdl.handle.net/20.500.12955/2112>
- Vásquez, J., Vilca, N. and Malqui, R., 2023b. *Manual de manejo agronómico de frijol en regiones andinas*. Instituto Nacional de Innovación Agraria – INIA. <https://hdl.handle.net/20.500.12955/2070>
- Vásquez, J., Vilca-Valqui, N.C., Malqui, R., Fernández, E., Duarez, E. and Ayala, R., 2024. Caracterización agromorfológica de accesiones de *Phaseolus* spp., en la región Amazonas, Perú. *Bioagro*, 36(2), pp. 129–142. <https://doi.org/10.51372/bioagro362.1>
- Zhang, M., Zhang, S., Ye, M., Jiang, L., Vallejos, C.E. and Wu, R., 2020. The genetic control of leaf allometry in the common bean, *Phaseolus vulgaris*. *BMC Genet*, 21, pp. 29. <https://doi.org/10.1186/s12863-020-00838-2>
- Zhu, J., Wu, J., Wang, L., Blair, M.W. and Wang, S., 2017. Novel alleles for black and gray seed color genes in common bean. *Crop Science*, 57(3), pp. 1603–1610. <https://doi.org/10.2135/cropsci2016.05.0356>