



Genotipos de frijol común (*Phaseolus vulgaris* L.) con resistencia a BGYMV en Cuba¹

Common bean (*Phaseolus vulgaris* L.) genotypes with resistance to BGYMV in Cuba

Arianna Morales-Soto², Alexis Lamz-Piedra², Lidia Chang-Sidorchuk³, Yamila Martínez-Zubiaur³

¹ Recepción: 30 de septiembre, 2021. Aceptación: 19 de enero, 2022. Este trabajo formó parte de una tesis de maestría de la primera autora en Mejoramiento Genético de las Plantas y fue financiado por el Instituto Nacional de Ciencias Agrícolas (INCA).

² Instituto Nacional de Ciencias Agrícolas (INCA). Mayabeque, Cuba. ariannams95@inca.edu.cu (autora para correspondencia; <https://orcid.org/0000-0003-2016-9471>), alamz@inca.edu.cu (<https://orcid.org/0000-0002-7668-1979>).

³ Centro Nacional de Sanidad Agropecuaria (CENSA). Mayabeque, Cuba. lchang@censa.edu.cu (<https://orcid.org/0000-0003-1689-4857>), yamila@censa.edu.cu (<https://orcid.org/0000-0002-9696-5143>).

Resumen

Introducción. El mosaico amarillo dorado del frijol, causado por el begomovirus *bean golden yellow mosaic virus* (BGYMV), es uno de los factores que limitan la producción de frijol (*Phaseolus vulgaris* L.) en Cuba. El mejoramiento genético para la resistencia a este virus es una de las estrategias más efectivas para el control de la enfermedad. **Objetivo.** Seleccionar genotipos de frijol común con resistencia a BGYMV y con estabilidad del rendimiento de grano. **Materiales y métodos.** Se sembraron en Mayabeque, Cuba (en un diseño de bloques al azar), en tres épocas (enero 2019, octubre 2019 y enero 2020), veintidós genotipos de frijol (dieciséis líneas avanzadas donadas por la Escuela Agrícola de Zamorano, Honduras, el cultivar comercial ‘Cuba Cueto 25-9N’, los testigos resistente y susceptible ‘Delicia 364’ y ‘Velasco Largo, respectivamente). Luego se identificó la presencia del gen *bgm-1*, que confiere resistencia a BGYMV, a partir de la presencia del marcador SCAR SR2. **Resultados.** La evaluación de la reacción en campo permitió la identificación de diecinueve genotipos con respuesta resistente ante la infección natural del BGYMV. Se identificaron dieciséis genotipos de frijol común con la presencia del marcador SCAR SR2 y diecisiete genotipos que mostraron un comportamiento estable del rendimiento del grano durante las épocas de evaluación, que pueden tener utilidad para el mejoramiento genético del cultivo de frijol. **Conclusión.** Los resultados permitieron identificar diecinueve genotipos con resistencia a BGYMV. Los diecisiete genotipos resistentes a BGYMV con el marcador SCAR SR2 y estables, podrían ser incluidos en el banco de germoplasma de frijol y como progenitores en programas de cruzamientos, así como en ensayos regionales de rendimiento en otros ambientes donde se cultiva frijol.

Palabras clave: virus, resistencia, genética, *bgm-1*.

Abstract

Introduction. The Bean Golden Yellow Mosaic Virus (BGYMV) is one of the factors that limit the production of beans (*Phaseolus vulgaris* L.) in Cuba. Genetic improvement for resistance to this virus is one of the most effective strategies for disease control. **Objective.** To select common bean genotypes with resistance to BGYMV and grain yield



stability. **Materials and methods.** Twenty-two bean genotypes (sixteen advanced lines donated by the Agricultural School of Zamorano, Honduras, the cultivar commercial ‘Cuba Cueto 25-9N’, the resistant and susceptible controls ‘Delicia 364’ and ‘Velasco Largo’, respectively). The presence of the *bgm-1* gene, which confers resistance to BGYMV, was then identified from the presence of the SCAR SR2 marker. **Results.** The evaluation of the reaction in the field allowed the identification of nineteen genotypes with a resistant response to the natural infection of BGYMV. Sixteen common bean genotypes were identified with the presence of the SCAR SR2 marker and seventeen genotypes that showed stable grain yield behavior during the evaluation seasons, which may be useful for the genetic improvement of bean crops. **Conclusion.** The results allowed the identification of nineteen genotypes with resistance to BGYMV. The seventeen BGYMV-resistant with the SCAR SR2 marker and stable genotypes, could be included in the bean germplasm bank and as parents in crossing programs, as well as in regional yield trials in other bean-growing environments.

Keywords: virus, resistance, genetics, *bgm-1*.

Introducción

El frijol común (*Phaseolus vulgaris* L.) es una de las legumbres comestibles de mayor consumo a nivel mundial, que proporciona una fuente importante de proteínas, vitaminas y minerales a la dieta de las poblaciones en América, sobre todo en los países en vías de desarrollo. Esta leguminosa es cultivada desde los trópicos hasta las zonas templadas (Hernández Ramos, 2018). En Cuba, la producción de este grano ha ido en ascenso con rendimientos medios que superan 1 t ha⁻¹. Durante el año 2019 se produjeron 120 487 t de grano. El sector agrícola estatal produjo 9723 t, mientras que en el sector agrícola no estatal se produjeron 110 765 t. Sin embargo, la producción actual no garantiza el consumo normado de la población, por lo que el estado tiene que recurrir a la importación del grano (Oficina Nacional de Estadística e Información [ONEI], 2019).

El frijol común en Cuba se consume en forma de granos secos y se dedica al consumo humano. Se considera un alimento estratégico y constituye, junto al arroz, la dieta básica de los cubanos, considerado como un superalimento por su alto contenido de nutrientes que aporta más del 50 % de proteínas, casi un 8 % de fibras, minerales, aminoácidos y vitaminas, constituye un cultivo estratégico que permite disminuir la malnutrición en zonas rurales (Organización de las Naciones Unidas para la alimentación, 2019).

En Cuba, la mayor producción de esta leguminosa la garantiza el sector no estatal, que ha cobrado importancia en los últimos años (ONEI, 2019). En este sector la producción de frijol enfrenta problemas para alcanzar rendimientos superiores, dados por el déficit de insumos para enfrentar, entre otros factores, las afectaciones por plagas que a menudo son determinantes de los volúmenes productivos del cultivo (Hernández Ramos, 2018).

Entre los agentes plagas del cultivo del frijol en Cuba, el *Bean golden yellow mosaic virus* (BGYMV) se ha informado como determinante en las bajas producciones del cultivo y ha provocado daños severos y cuantiosas pérdidas (Morales-Soto & Lamz-Piedra, 2020; Yánac Méndez, 2018). El ligero incremento de las temperaturas y las precipitaciones durante las épocas de siembra, son factores que condicionan el desarrollo de la enfermedad (Rosas, 2011).

En Centro América y El Caribe, el BGYMV es el causante de una de las enfermedades más importantes en el cultivo del frijol. Este virus es transmitido por la mosca blanca (*Bemisia tabaci* Gennadius). La infección induce síntomas de amarillamiento y clorosis en las hojas y retraso en el crecimiento. El mosaico dorado amarillo del frijol es la enfermedad viral más importante en América Central, con un periodo de latencia de 4 a 48 h y puede causar pérdidas entre el 30 – 100 %, lo cual depende de la variedad, edad de la planta y la población del vector (Anaya-López et al., 2018; Suazo Mejía, 2019). En la región latinoamericana se han implementado medidas para proteger

al cultivo de enfermedades virales que se han basado en la utilización de variedades mejoradas (Rodríguez Miranda et al., 2004), lo que se plantea como el método más eficiente para el manejo de esta enfermedad, ya que se han identificado en esta especie y otras especies parientes, diferentes recursos que condicionan una respuesta favorable de los diferentes cultivares (Echemendía Gómez et al., 2010).

El proceso de selección de variedades de frijol resistentes puede acelerarse mediante selección asistida por marcadores moleculares (SAMM). En la actualidad se dispone de marcadores moleculares (MM) ligados a algunos genes de resistencia a BGYMV como es el caso del marcador co-dominante SCAR: SR2, ligado al gen *bgm-1* (Anaya-López et al., 2018).

La presencia del gen *bgm-1* en estado recesivo (*bgm-1/bgm-1*) confiere resistencia a BGYMV (Ruíz-Salazar et al., 2016), y ha sido el más usado como fuente de resistencia en los programas de mejora para los síntomas de clorosis producidos por BGYMV (Anaya-López et al., 2018), pero los síntomas en las vainas están asociados a otros genes que, a su vez, están relacionados con marcadores que pueden ser de utilidad en el programa de mejora nacional (Blair et al., 2007).

En los programas de mejoramiento genético, la evaluación de genotipos de frijol que poseen resistencia a BGYMV, deben tener buena adaptación agronómica y calidad comercial, características indispensables para que puedan ser aceptadas como variedades mejoradas por los agricultores (Suazo Mejía, 2019). El objetivo de este trabajo fue seleccionar genotipos de frijol común con resistencia a BGYMV y con estabilidad del rendimiento.

Materiales y métodos

Evaluación de la reacción natural de BGYMV y análisis de la estabilidad

Para la evaluación de la reacción a la presencia natural de BGYMV y el análisis de la estabilidad agroproductiva, se establecieron tres experimentos de campo: el primero, se realizó en la finca El Mulato, perteneciente a la Cooperativa de Crédito y Servicios Fortalecida “Orlando Cuellar”; el segundo, en el área experimental del grupo de Innovación Agrícola Local (IAL) que pertenece al Instituto Nacional de Ciencias Agrícolas (INCA); y el tercero, en el área experimental del INCA, finca “Las Papas”. Las áreas están ubicadas en la localidad de Tapaste, municipio de San José de Las Lajas (N 23°01' et W 82°13'), provincia Mayabeque, Cuba, con una altitud de 120 m s.n.m., suelo clasificado como Nitisol ferralítico lúxico (Henández et al., 2015) y clima tropical subhúmedo.

En la finca El Mulato, la siembra se realizó el 23 de enero de 2019, considerada como época tardía (Faure-Álvarez et al., 2017). En el área experimental del INCA se sembró el 15 de octubre de 2019, considerada como época óptima (Faure-Álvarez et al., 2017). En la finca Las Papas se sembró el 19 de enero de 2021, considerado como época tardía. La unidad experimental constó de cinco hileras de 5 m de longitud, separadas a una distancia de 0,60 m en la finca El Mulato, de 0,75 m en las áreas del INCA y a una distancia entre plantas de 0,08 m, la densidad de siembra fue de 178 562,5 plantas.

Se sembraron veintidós genotipos, que incluían: dieciséis líneas experimentales donadas por la Escuela Agrícola de Zamorano, Honduras, tres cultivares comerciales de Honduras y tres cultivares comerciales que se producen comercialmente en Cuba. Los cultivares Velasco Largo y Delicias 364 (DOR 364), se consideraron como testigo susceptible y resistente a BGYMV, respectivamente (Soler-Garzón et al., 2021; Valdivia-Pérez et al., 2015) (Cuadro 1). Delicias 364 fue derivado de la línea DOR 364, la cual a su vez fue mejorada por el Centro Internacional de Agricultura Tropical (CIAT) para este carácter y ha sido liberado como cultivar comercial en varios países de América Latina por mostrar resistencia a BGYMV (Rosas et al., 2004).

La siembra se realizó de forma manual y el manejo agronómico se basó en las recomendaciones para el cultivo del frijol en Cuba (Faure-Álvarez et al., 2017).

Cuadro 1. Lista de genotipos de frijol (*Phaseolus vulgaris* L.) evaluados en tres épocas de cultivo (enero de 2019, octubre de 2019 y enero 2021) en la localidad de Tapaste, San José de las Lajas, Mayabeque, Cuba.

Table 1. List of bean (*Phaseolus vulgaris* L.) genotypes evaluated in three crop seasons (January 2019, October 2019, and January 2021) in the locality of Tapaste, San Jose de las Lajas, Mayabeque, Cuba.

No.	Genotipo	Tipo de material	No.	Genotipo	Tipo de material
1	ICTAZAM	Línea experimental	12	IBC301-182	Línea experimental
2	MEN 2201-64	Línea experimental	13	IBC 307-7	Línea experimental
3	IBC 302-29	Línea experimental	14	MHR 311-17	Línea experimental
4	MH 62-12	Línea experimental	15	MHR 314-3	Línea experimental
5	ALS 0546-47	Línea experimental	16	MHR 312-13	Línea experimental
6	RRH 333-12	Línea experimental	17	MER 2222-48 selección	Cultivar Pre comercial
7	RBF 15-70	Línea experimental	18	SURÚ	Cultivar Comercial Honduras
8	SEQ 344-116	Línea experimental	19	Carrizalito	Cultivar Comercial Honduras
9	MHN 322-49	Línea experimental	20	Velasco Largo	Cultivar Comercial Cuba (TS)
10	XRAV 40-4	Línea experimental	21	Cuba Cueto 25-9N	Cultivar Comercial Cuba
11	SEQ 344-13	Línea experimental	22	Delicias 364	Cultivar Comercial Cuba (TR)

TS: testigo susceptible; TR: testigo resistente. / TS: susceptible control; TR: resistant control.

En todos los experimentos se sembró bajo un diseño experimental en bloques completos al azar con tres repeticiones.

El comportamiento de las variables climáticas como temperatura, humedad relativa y precipitación pluvial que se presentaron durante el desarrollo de los experimentos, se tomaron de la estación meteorológica ubicada en Tapaste, San José de las Lajas, Mayabeque, Cuba a 700 m de la finca El Mulato y 200 m de las áreas experimentales del INCA (Figura 1).

Las evaluaciones consistieron en la clasificación de la resistencia y cuantificación del rendimiento. Para ello, se determinó la incidencia de la enfermedad a los 20 y 45 días después de la siembra (DDS), como el porcentaje de plantas que presentaba síntomas típicos causados por el BGYMV, entre ellos amarillamiento foliar. Para la detección de los síntomas se utilizó la descripción en la guía de identificación y manejo integrado de enfermedades del frijol (Ferrufino, 2008). La resistencia se determinó tomando en cuenta los síntomas presentes, la incidencia (%) del virus y la severidad del mismo, con base a la escala propuesta por Schoonhove y Pastor-Corrales (1987) (Cuadro 2). La evaluación de las líneas y cultivares se realizó en dos etapas de desarrollo del cultivo: a) en la primera hoja trifoliada, 20 DDS (V_3) y b) floración, 45 DDS (R_6). Todas las evaluaciones se realizaron a cada una de las parcelas.

Para estimar el rendimiento de grano se cosecharon las plantas de frijol en 1 m lineal de la hilera central, se evitaron los bordes de la parcela y se estimó al 12 % de humedad.

Detección de la presencia del gen *bgm-1* por medio del marcador SCAR SR2 en los genotipos de frijol

Para detectar la presencia del gen *bgm-1* en estado homocigótico recesivo que genera una banda de 530 pb (pares de base), que confiere resistencia al BGYMV (Anaya-López et al., 2018), el 28 de octubre de 2018 se sembraron los veintidós materiales (Cuadro 1) en campo en el área experimental del Instituto Nacional de Ciencias

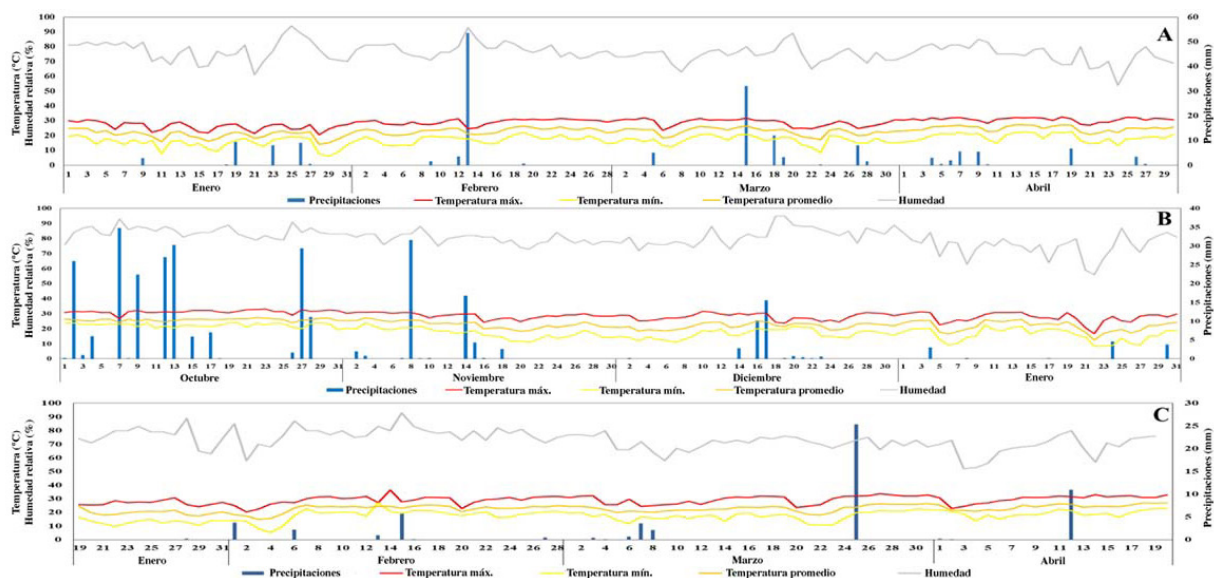


Figura 1. Temperaturas (°C), precipitaciones (mm) y humedad relativa (%) en el periodo comprendido entre los meses de enero - abril de 2019 (A), octubre 2019 – enero del 2020 (B) y enero - abril de 2021(C) en la localidad de Tapaste, San José de las Lajas, Mayabeque, Cuba.

Figure 1. Temperatures (°C), precipitation (mm), and relative humidity (%) in the period between the months of January - April 2019 (A), October 2019 - January 2020 (B), and January - April 2021(C) in the locality of Tapaste, San Jose de las Lajas, Mayabeque, Cuba.

Cuadro 2. Escala general de evaluación para enfermedades virales en frijol (*Phaseolus vulgaris* L.) (Schoonhove & Pastor-Corrales, 1987).

Table 2. General assessment scale for viral diseases on bean (*Phaseolus vulgaris* L.) (Schoonhove & Pastor-Corrales, 1987).

Calificación	Síntomas	Rendimiento
1	Ausentes	Excelente
2	Dudosos	
3	Débiles	Bueno
4	Moderados	
5	Intermedios	Intermedio
6	Generales	
7	Intensos	Escaso
8	Severos	
9	Muerte	Muy escaso

Agrícolas (INCA); quince días después de haber germinado se tomó tejido fresco de tres plántulas al azar, las muestras se conservaron a -4 °C hasta la extracción de ADN.

El ADN obtenido de cada una de las muestras de los veintidós genotipos analizados, se sometió a amplificación por PCR con los marcadores moleculares SCAR SR2 (SR2-F: 5’CACAGCTGCCACAGGTGGGA3’ y SR2-R: 5’CACAGCTGCCCTAACAAAAT3’) para seleccionar plantas portadoras del gen *bgm-1* (Blair et al., 2007).

Las plantas de cada material que resultaron positivas a la presencia del gen *bgm-1*, en estado recesivo, se mezclaron en una sola línea (línea original).

Las reacciones de PCR se llevaron a cabo en un volumen final de 25 μ L con 50 ng de ADN genómico, 12,5 μ L de GoTaq Green Master Mix (Patent No. 9PIM712, 2018) con una concentración de 1,5 mM $MgCl_2$, 100 μ M de dNTPs y 10 pmol de cada uno de los cebadores SR2-F y SR2-R. La reacción de PCR se realizó en un termociclador Heal Force TOUCH T 960 (Hong Kong), con el siguiente programa de amplificación: una desnaturalización inicial de 2 min a 94 °C, seguido de treinta ciclos de 30 s a 94 °C, 1 min a 60 °C y 1 min a 72 °C, y una extensión final de 5 min a 72 °C. Los productos de amplificación se visualizaron por medio de electroforesis en gel de agarosa al 2 % y tinción con bromuro de etidio en un transiluminador de luz ultravioleta.

Análisis estadístico de la información

Luego de comprobar los supuestos teóricos de normalidad y homogeneidad de varianza, los datos de rendimiento se utilizaron para realizar un análisis combinado para conocer la interacción existente entre los factores época-genotipos, con el uso del programa estadístico SPSS, versión 21.0 sobre Windows. Cuando se detectaron diferencias significativas ($p \leq 0,05$) entre tratamientos (genotipos), se aplicó la comparación de medias con el uso de la prueba de rangos múltiples de Tukey (0,05).

Para el análisis de la estabilidad del rendimiento de los genotipos de frijol, se utilizó el modelo de efectos principales aditivos e interacción multiplicativa (Modelo AMMI). A partir del primer componente principal y el resto de los componentes, en caso de representar un porcentaje aceptable de la interacción (60 %), se generó una figura bidimensional con el programa Excel biplot01, para representar las similitudes de genotipos o de ambientes.

Resultados

Evaluación de cultivares ante la incidencia natural de BGYMV

Los resultados de la evaluación de la incidencia natural del virus a los 20 y 45 DDS, en las tres épocas de siembra, indicaron que hubo un incremento de esta en el cultivar susceptible Velasco Largo (Figura 2). Este cultivar fue el único que presentó síntomas de la enfermedad en la evaluación a los 20 DDS (etapa V3 de formación de la primera hoja trifoliada, lo que confirmó la susceptibilidad de este genotipo, la ausencia de mecanismos de resistencia y su utilidad en el programa de mejora como testigo susceptible.

La ausencia de síntomas en la mayoría de los genotipos evaluados sugiere la presencia de mecanismos que limitan o retardan la aparición del virus, ya que estos están relacionados con la severidad de los síntomas mostrados por las plantas. El detectar síntomas en el cultivar susceptible permite asumir que en el campo hubo presencia e infección del virus, bajo las condiciones de campo donde se llevaron a cabo las evaluaciones de los genotipos utilizados en este estudio.

Con base en la escala de severidad para evaluar la reacción de los genotipos, se pudo apreciar que, así como ocurrió con la incidencia, la severidad del virus BGYMV se incrementó a través del tiempo (datos no mostrados), la cual fue más severa cuando se evaluó a los 45 DDS. Mientras que la evaluación a los 20 DDS no fue suficiente para la clasificación de los genotipos, dado que estos presentaron síntomas leves, similares al testigo susceptible Velasco Largo, por ello, para la clasificación de los genotipos se consideró solo la severidad de la segunda evaluación (a los 45 DDS).

El cultivar Velasco Largo se clasificó como susceptible en las tres épocas de siembra (Figura 3). En la siembra de enero de 2019 se detectó que la línea SEQ 344-116 mostró reacción intermedia (5 valor de la escala); el genotipo IBC 302-29, presentó una severidad similar al testigo susceptible en la segunda fecha de siembra.

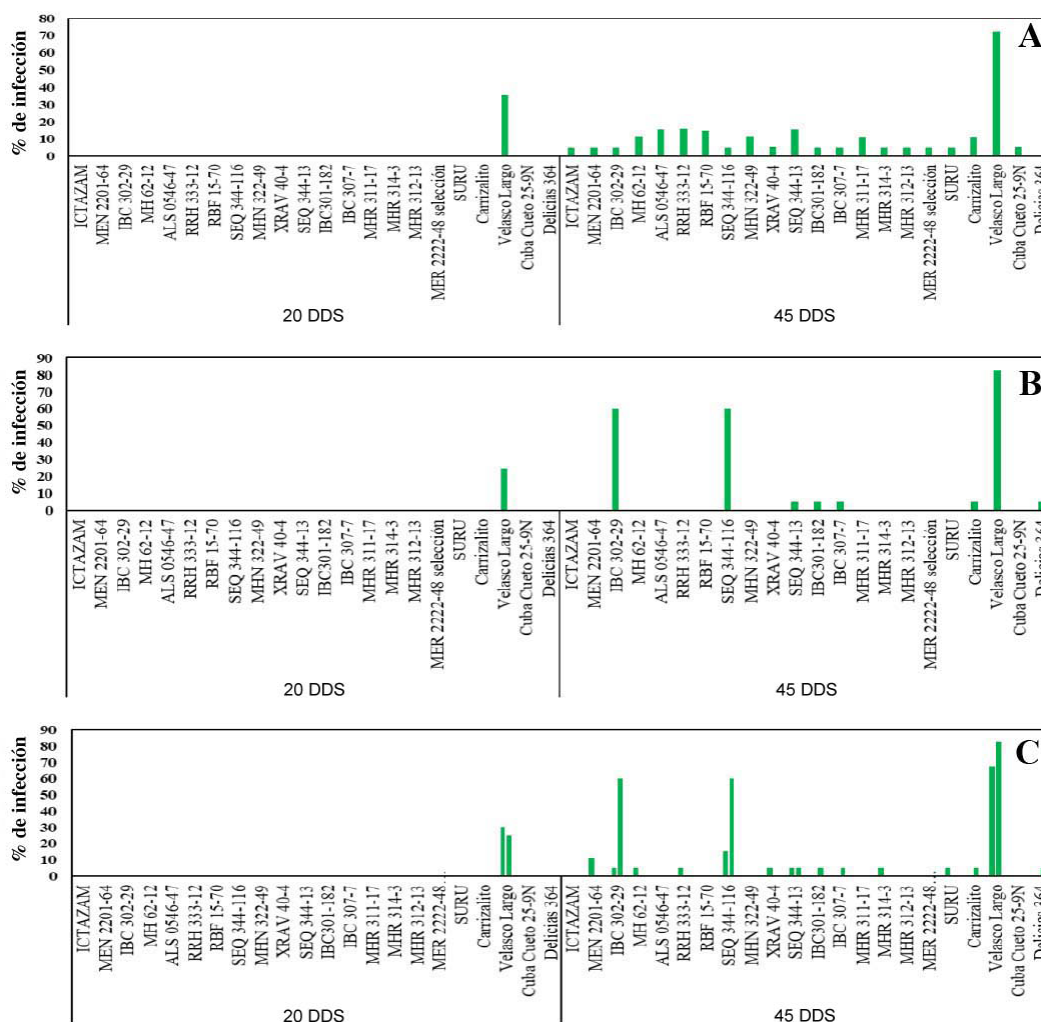


Figura 2. Incidencia de BGYMV a los 20 y 45 días después de la siembra (DDS) en veintidós genotipos de frijol común (*Phaseolus vulgaris* L.) en tres momentos de siembra enero de 2019 (A), octubre de 2019 (B) y enero 2021(C) en la localidad de Tapaste, San José de las Lajas, Mayabeque, Cuba.

Días después de la siembra (DDS).

Figure 2. Incidence of BGYMV at 20 and 45 days after sowing (DDS) in twenty-two common bean (*Phaseolus vulgaris* L.) genotypes at three sowing times January 2019 (A), October 2019 (B), and January 2021(C) at Tapaste locality, San Jose de las Lajas, Mayabeque, Cuba.

Days after sowing (DDS).

El resto de los genotipos evaluados se clasificaron como resistentes con valores entre 1 y 2,6. Cabe resaltar que en esta evaluación se detectaron cinco genotipos sin síntomas visibles (RBF 15-70, MHN 322-49, MER 2222-48 selección, Cuba Cueto 25-9N y Delicias 364), entre ellos, se encuentra el cultivar Delicias 364 utilizado como testigo resistente en este estudio.

Al evaluar la reacción de los genotipos en la época de siembra de octubre de 2019, se observó que la línea SEQ344-116 mantuvo la clasificación de intermedio con un ligero aumento respecto a la siembra en enero de 2019

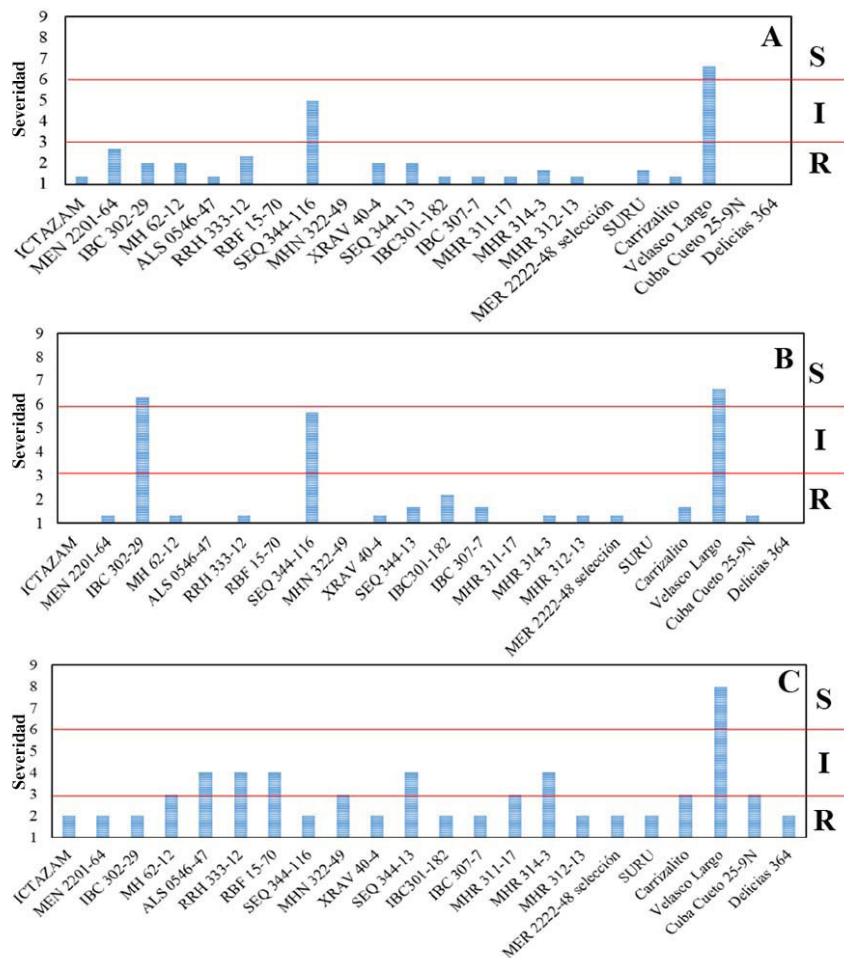


Figura 3. Valores promedio de la severidad de BGYMV en veintidós genotipos de frijol común (*Phaseolus vulgaris* L.) en tres momentos de siembra enero de 2019 (A), octubre de 2019 (B) y enero 2021 (C). Escala de nueve grados (Schoonhove & Pastor-Corrales, 1987). De 1-3 resistentes, 4-6 intermedio y 7-9 susceptible, en la localidad de Tapaste, San José de las Lajas, Mayabeque, Cuba.

Figure 3. Average values of BGYMV severity in twenty-two common bean (*Phaseolus vulgaris* L.) genotypes at three planting times January 2019 (A), October 2019 (B) and January 2021 (C). Nine-grade scale (Schoonhove & Pastor-Corrales, 1987). From 1-3 resistant, 4-6 intermediate, and 7-9 susceptible in the locality of Tapaste, San Jose de las Lajas, Mayabeque, Cuba.

(5,67 valor de la escala). En esta época, la línea IBC302-29 se clasificó como intermedio (6,33 valor de la escala), por lo que en esta época la severidad de la enfermedad aumentó en este genotipo respecto a la primera siembra, lo que puede estar dado por la mayor presencia de inoculo en esta época o la mayor presencia del vector (*B. tabaci*), ya que, en este, las condiciones ambientales fueron más favorables para el desarrollo del virus. Como se puede apreciar en la Figura 1, las temperaturas en esta época fueron superiores, además, las precipitaciones también fueron superiores a 75 mm. La línea IBC302-29 mostró severidad en los síntomas de BGYMV, pero se detectaron siete genotipos sin síntomas visibles (ICTAZAM, ALS 0546-47, RBF 15-70, MHN 322-49, MHR 311-17, SURÚ), uno más que en la siembra de enero de 2019, donde también el cultivar Delicias 364 se mantuvo sin síntomas visibles en el follaje, lo que resalta la resistencia de este genotipo ante BGYMV.

En la evaluación de enero de 2021, se observó que la reacción de los genotipos ALS 0546-47, RRH 333-12, RBF 15-70, SEQ 344-13 y MHR 314-3 con valores de 4,0 fue intermedia. En esta evaluación los síntomas fueron más severos que en las evaluaciones anteriores (enero 2019 y octubre 2019), ya que no se detectó ninguna línea sin síntomas en el follaje.

A pesar de la mayor severidad en la siembra de enero de 2021, se detectaron catorce genotipos de los donados por la Escuela Agrícola de Zamorano (ICTAZAM, MEN 2201-64, IBC 302-29, MH 62-12, SEQ 344-116, MHN 322-4, XRAV 40-4, IBC301-182, IBC 307-7, MHR 311-17, MHR 312-13, MER 2222-48 selección, SURÚ y Carrizalito), el cultivar Cuba Cueto 25-9N y el testigo Delicia 364 con clasificación de resistente con reacción entre dos y tres.

Detección de la presencia del gen *bgm-1* por medio del marcador SCAR SR2 en los genotipos de frijol

El análisis del marcador SCAR SR2 fue posible identificar dieciséis genotipos (Cuadro 3; Figura 4), así como el testigo resistente Delicias 364.

Cuadro 3. Presencia del gen *bgm-1* en 22 genotipos de frijol (*Phaseolus vulgaris* L.) sembrados el 28 de octubre de 2018. Centro Nacional de Sanidad Vegetal, localidad de Tapaste, San José de las Lajas, Mayabeque, Cuba.

Table 3. Presence of the *bgm-1* gene in 22 genotypes of common bean (*Phaseolus vulgaris* L.) sown on October 28, 2018. National Plant Health Center, Tapaste, San José de las Lajas, Mayabeque, Cuba.

Genotipo	R2 570/530	Genotipo	R2 570/530
ICTAZAM	-/+	IBC 301-182	-/+
MEN 2201-64	-/+	IBC 307-7	-/+
IBC 302-29	-/+	MHR 311-17	-/+
MH 62-12	+/-	MHR 314-3	-/+
ALS 0546-47	-/+	MHR 312-13	-/+
RRH 333-12	-/+	MER 2222-48 selección	-/+
RBF 15-70	+/-	SURÚ	-/+
SEQ 344-116	-/+	Carrizalito	-/+
MHN 322-49	-/+	Velasco Largo	+/-
XRAV 40-4	-/+	CC25-9N	+/-
SEQ 344-13	+/-	Delicias 364	-/+

*Presencia del gen *bgm-1*(-/+) positivo a la banda 530 pares de base. **Ausencia del gen *bgm-1*(+/-) positivo a la banda 570 pares de base. / *Presence of the *bgm-1*(-/+) gene positive to the 530 base pairs band. **Absence of the *bgm-1*(+/-) gene positive to the 570 base pairs band.

La ausencia de este marcador en las líneas RBF 15-70, SEQ 344-14 y el cultivar comercial CC25-9N puede indicar la presencia de otras fuentes de resistencia al BGYMV, ya que estos mostraron reacción resistente al ser evaluados en campo.

La ausencia del marcador SR2 en el cultivar Cuba Cueto 25-9N es de llamar la atención, ya que este cultivar no presentó síntomas en las tres evaluaciones, la reacción fue de resistente con valores 1,33 y 2,6, respectivamente.

Al realizar el análisis combinado del rendimiento, se pudieron apreciar diferencias estadísticas entre los genotipos, las épocas de siembra y la interacción genotipo-época (Cuadro 4), lo que indicó que tanto el componente

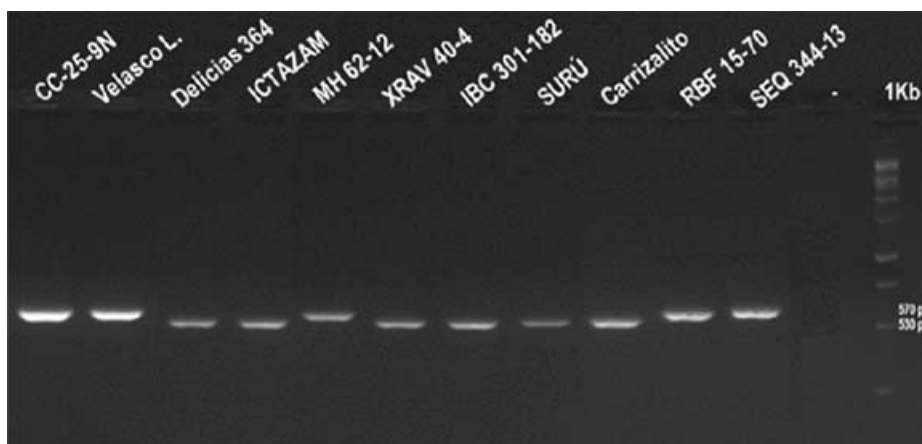


Figura 4. Electroforesis representativa en gel de agarosa al 2 % del ADN de once de los genotipos de frijol (*Phaseolus vulgaris* L.) sembrados el 28 de octubre de 2018 amplificadas por PCR con los cebadores SR2. Centro Nacional de Sanidad Vegetal, localidad de Tapaste, San José de las Lajas, Mayabeque, Cuba.

Figure 4. Representative 2 % agarose gel electrophoresis of eleven of the bean genotypes (*Phaseolus vulgaris* L.) DNA sown on October 28, 2018 amplified by PCR with the SR2 primers, Centro Nacional de Sanidad Vegetal, Tapaste, San Jose de las Lajas, Mayabeque, Cuba.

Cuadro 4. Análisis combinado del rendimiento de grano desarrollado en veintidós genotipos de frijol (*Phaseolus vulgaris* L.) en tres épocas (enero de 2019, octubre de 2019 y enero 2021) en la localidad de Tapaste, San José de las Lajas, Mayabeque, Cuba.

Table 4. Combined analysis of the grain yield developed in twenty-two bean (*Phaseolus vulgaris* L.) genotypes in three seasons (January 2019, October 2019, and January 2021) in the locality of Tapaste, San Jose de las Lajas, Mayabeque, Cuba.

Origen	Suma de cuadrados tipo III	gl	Media cuadrática	F	Sig.
Modelo corregido	110,009 ^a	65	1,692	31,271	0,000***
Intersección	634,104	1	634,104	11716,285	0,000***
Genotipo	65,420	21	3,115	57,560	0,000***
Época	4,743	2	2,371	43,814	0,000***
Genotipo * Época	39,846	42	0,949	17,529	0,000***
Error	7,144	132	0,054		
Total	751,257	198			
Total corregida	117,153	197			

^a R² = 0,939 (R² corregida = 0,909); *** significativo al p≤0,001. / ^a. R² = 0.939 (corrected R² = 0.909); *** significant at p≤0.001.

genético como la época de siembra (considerados ambientes en este estudio) y la interacción de ambos factores contribuyeron a la variación del rendimiento observado.

Entre las siembras de octubre y enero, en los sitios donde se desarrollaron los experimentos de esta investigación, existieron variaciones entre las temperaturas medias (22,8 °C como promedio en la siembra de enero de 2019, 23,5 °C en siembras de octubre de 2019 y 22,4 °C en enero de 2021) y las precipitaciones (1,49 mm como promedio en la siembra de enero de 2019, 2,47 mm en siembras de octubre de 2019 y 0,62 mm en enero de 2021) (Figura 1).

La variación detectada entre los componentes genotipo, época y la interacción de estos factores para el rendimiento de grano fue determinante para realizar un análisis de estabilidad de los genotipos en este carácter, con vistas a seleccionar aquellos que manifiesten un comportamiento estable entre las épocas, lo que es de gran importancia para los productores de frijol. La representación bidimensional de los veintidós genotipos evaluados se muestra en la Figura 5. El análisis de la estabilidad del rendimiento permitió distinguir el ambiente (con el vector de mayor longitud) que mejor discriminó a los genotipos en la evaluación. En la siembra de enero de 2021 fue donde existió mayor discriminación entre los genotipos, lo que concuerda con la mayor incidencia y severidad del BGYMV en esta época.

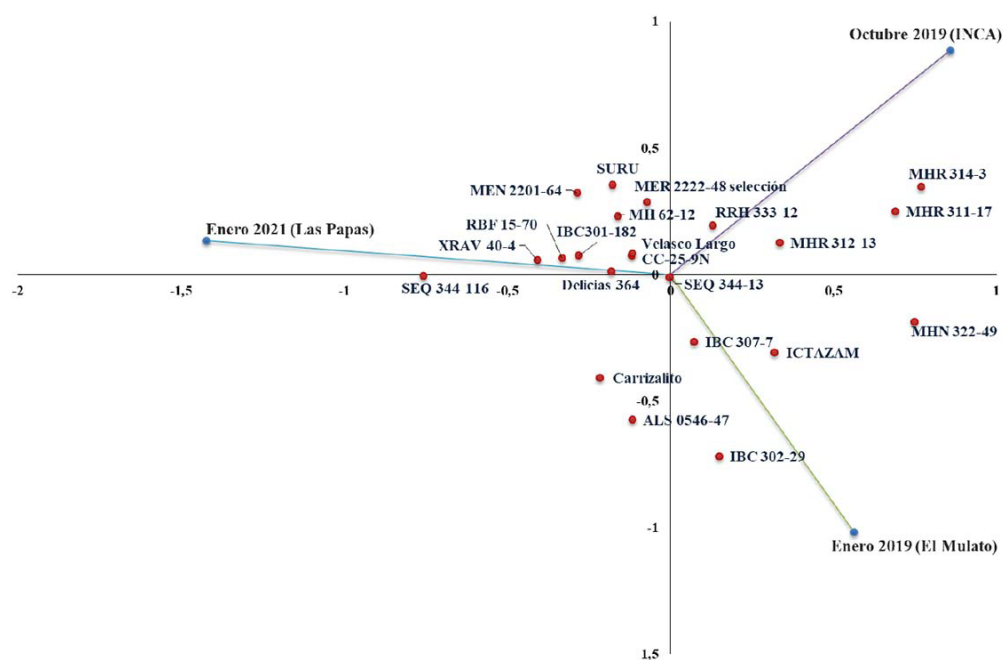


Figura 5. Representación bidimensional de las dos primeras componentes principales, para el carácter rendimiento, evaluado en veintidós genotipos de frijol (*Phaseolus vulgaris* L.) en tres épocas (enero de 2019, octubre de 2019 y enero 2021) en la localidad de Tapaste, San José de las Lajas, Mayabeque, Cuba.

Figure 5. Bidimensional representation of the first two principal components for the yield trait evaluated in twenty-two bean (*Phaseolus vulgaris* L.) genotypes in three seasons (January 2019, October 2019, and January 2021) at Tapaste, San Jose de las Lajas, Mayabeque, Cuba.

El análisis permitió detectar diecisiete genotipos (SEQ 344-13, Velasco Largo, CC 25-9N, Delicias 364, IBC 301-182, RBF 15-70, XRAV 40-4, MH 62-12, MEN 2201-64, SURÚ, MER 2222-48 selección, RRH 333-12, MHR 312-13, IBC 307-7, ICTAZAM, Carrizalito y ALS 0546-47) como los más estables en su rendimiento entre las épocas de siembra evaluadas. Dentro de ellos se destacan como los más estables SEQ344-13, Cuba Cueto 25-9N, el testigo susceptible Velasco Largo y el testigo resistente Delicias 364. Estos genotipos contribuyeron en menor medida a la interacción genotipo-ambiente significativa al encontrarse más cercanos al origen de las coordenadas, por lo que se consideraron los más estables. Este análisis confirma la utilidad de los testigos empleados en el estudio, ya que mostraron respuesta consistente en el comportamiento ante el BGYMV y estables en cuanto al rendimiento que obtuvieron.

Los genotipos de menor estabilidad fueron: IBC302-29, MHN322-49, MHR311-17, MHR314-3 y SEQ344-116. Estos pueden tener menor utilidad como posibles cultivares comerciales, sin embargo, por la respuesta ante la incidencia natural del BGYMV pueden ser empleados como progenitores en el programa de mejora para este carácter. La estabilidad mostrada por Cuba Cueto 25-9N denotó la importancia de este cultivar en condiciones de producción.

Aunque los genotipos más próximos al centro del gráfico interactuaron de manera similar con los diferentes ambientes, su proximidad no significa que presentaron un comportamiento similar en el rendimiento. Este resultado es muy importante, pues fueron genotipos que respondieron de forma similar a los cambios ambientales que pudieron haber ocurrido en la localidad de Tapaste en las diferentes épocas de siembra.

Al analizar el rendimiento de grano se pudo apreciar diferencias estadísticas entre los genotipos estudiados. De forma general, se detectó alto rendimiento que osciló entre 0,83 y 2,83 t ha⁻¹ para los cultivares Velasco Lago y SURÚ, respectivamente (Cuadro 5).

Cuadro 5. Comparación de las medias de rendimiento de grano por hectárea en 22 genotipos de frijol (*Phaseolus vulgaris* L.) en tres épocas (enero de 2019, octubre de 2019 y enero 2021) en la localidad de Tapaste, San José de las Lajas, Mayabeque, Cuba.

Table 5. Comparison of the grain yield means per hectare in twenty-two bean (*Phaseolus vulgaris* L.) genotypes in three seasons (January 2019, October 2019, and January 2021) in the locality of Tapaste, San José de las Lajas, Mayabeque, Cuba.

Genotipo	Rendimiento t ha ⁻¹		Genotipo	Rendimiento t ha ⁻¹	
ICTAZAM	1,96	def	IBC301-182	1,62	fg
MEN 2201-64	2,25	cde	IBC 307-7	1,44	gh
IBC 302-29	1,38	ghi	MHR 311-17	1,89	ef
MH 62-12	2,72	ab	MHR 314-3	2,23	cde
ALS 0546-47	1,60	fgh	MHR 312-13	1,43	gh
RRH 333-12	1,85	ef	MER 2222-48 selección	2,36	bcd
RBF 15-70	0,98	jk	SURÚ	2,83	a
SEQ 344-116	1,25	ghij	Carrizalito	2,53	abc
MHN 322-49	2,19	cde	Velasco Largo	0,83	k
XRAV 40-4	1,19	hij	Cuba Cueto 25-9N	2,41	bc
SEQ 344-13	1,02	ij	Delicias 364	1,41	ghi

Letras iguales, dentro de la misma columna, no difieren significativamente según prueba de Tukey para $p \leq 0,001$. / Similar letters, within the same column, do not differ significantly according to Tukey's test for $p \leq 0,001$.

De los genotipos evaluados, solo XRAV 40-4, SEQ 344-13 y RBF 15-70 no superaron el rendimiento medio nacional; sin embargo, podrían ser usados en la mejora, ya que mostraron alta resistencia al BGYMV. Es recomendable verificar la presencia de la fuente de resistencia en las líneas SEQ 344-13 y RBF 15-70, que aunque fueron estables, se observó que se correlacionaron en ambientes específicos donde tuvieron mejor rendimiento.

Con los resultados de este trabajo, se pudieron seleccionar los genotipos: ICTAZAM, MEN 2201-64, ALS 054-47, RRH 33-12, IBC 301-182, MER 2222-48 selección, SURÚ y Carrizalito, como genotipos con presencia del marcador molecular SR2, estables en el tiempo y rendimientos superiores a 1,5 t ha⁻¹. Estos genotipos se pueden incorporar al programa de mejoramiento genético, así como al banco de germoplasma del cultivo y extender a otras localidades del país, para evaluar su comportamiento en otros ambientes y seleccionar los que hayan mostrado el mejor comportamiento en diversas regiones del país.

Discusión

Los genotipos de frijol susceptibles desarrollaron más rápido los síntomas típicos de mosaico dorado, los cuales pueden llegar a ser severos como el encrespamiento foliar que limita el desarrollo de las plantas (Echemendía Gómez et al., 2010).

La diferencia en el tiempo requerido para la aparición de los síntomas para cada genotipo, puede estar relacionado con la mayor cantidad de ADN viral en los genotipos susceptibles (Echemendía Gómez et al., 2010), ya que el insecto vector puede tener preferencia por estos materiales en el campo (Sulistyo & Inayati, 2016), lo que facilitaría la infección y el consiguiente avance de la enfermedad.

La sintomatología más severa en la siembra de enero de 2021 pudo estar dado por la presencia de una nueva plaga (*Megalurothrips usitatus* Bagnall) que en las últimas dos campañas productivas ha estado afectando de forma general la producción de esta importante leguminosa en Cuba (Herrera Alquizar, 2021). Los síntomas de las afectaciones por esta plaga pueden enmascarar los síntomas de BGYMV (Tang et al., 2015), ya que este insecto produce encrespamiento foliar al igual que los que se producen por el virus.

Los genotipos evaluados en este estudio que presentaron la banda de 530 pb indican la presencia del gen *bgm-1* en combinación homocigota recesiva (*bgm-1/bgm-1*) que correlaciona con resistencia al BGYMV, mientras que los genotipos que presentaron la banda 570 pb indican la presencia de este gen en combinación homocigota dominante (*Bgm-1/Bgm-1*) y heterocigoto (*Bgm-1/bgm-1*), que muestran susceptibilidad ante el virus (Blair et al., 2007).

El testigo Delicias 364, mencionado en la literatura reportado como resistente, se comportó como resistente en este estudio (Echemendía Gómez et al., 2010; Wilker et al., 2020).

La presencia del marcador SR2 en los genotipos Delicias 364, BAT 304 y Red Kloud ha sido informada por Arroba López y Gavilanes Romero (2017), Echemendía Gómez et al. (2007) y Rodríguez Miranda et al. (2004). El marcador ha sido de gran utilidad en los programas de mejora, dado que con su uso se puede ahorrar tiempo en la identificación de genotipos resistentes con alta precisión (Blair et al., 2007; Mukankusi et al., 2019), por ello, en la actualidad se utiliza la selección asistida a través de este gen en los programas de mejora de Colombia, Honduras, Puerto Rico y algunos país de África (Rosas et al., 2004; Soler-Garzón et al., 2021).

Se identificaron materiales resistentes, pero es necesaria la evaluación de los diferentes genotipos en el momento óptimo de siembra (octubre) dado a que las condiciones climáticas de esta época son más favorables para el desarrollo del vector *Bemisia tabaci* Gennadius, ya que las temperaturas medias son más elevadas (25 °C), así como la mayor presencia en esta época de cultivos colindantes (*Solanum lycopersicum* L.) que comparten esta plaga con el frijol. Ello permitiría tener un criterio más preciso de la reacción de los diferentes genotipos y de la estabilidad de la respuesta ante esta enfermedad.

Es necesario analizar otros marcadores de interés asociados a la resistencia al BGYMV, dado que el marcador SR2 está asociado al gen *bgm-1* en estado recesivo y se sabe que este condiciona resistencia ante la clorosis y el mosaico que promueve la infección con este virus, sin embargo, este mismo patógeno promueve otros síntomas de importancia en las plantas infectadas como la malformación de las vainas, el enanismo que afectan el rendimiento (Arroba López & Gavilanes Romero, 2017). En este estudio no se observaron en campo, los síntomas de vainas malformadas, por lo que estos genotipos pudieran tener otras fuentes de resistencia. Al respecto, se ha informado la presencia del gen *bgm-2* que confieren resistencia a BGYMV y a otros virus de interés en este cultivo. Este gen proviene del acervo andino y confiere resistencia a la clorosis de las hojas en las plantas de frijol (Acevedo Roman et al., 2004), el gen *bgm-3* que proviene de *P. coccineus*, confiere resistencia al amarillamiento (Ruíz-Salazar et al., 2016).

Con esta evaluación se puede afirmar que hay genotipos de utilidad para ser utilizados en el programa de mejoramiento de frijol en Cuba; sin embargo, como *Bemisia tabaci* Gennadius tiene variabilidad según las cepas presentes en las diferentes regiones (Chang & Martínez, 2016), las cuales pueden mostrar diferentes grados de patogenicidad, se hace necesario hacer evaluaciones bajo condiciones controladas con cepas patogénicas para

verificar si la resistencia de campo que presentan estos genotipos es útil para desafiar la diversidad del patógeno en el país.

El no detectar los síntomas de enanismo y malformación en las vainas pudiera indicar la presencia en estas líneas de otras fuentes de resistencia que han sido documentadas en la literatura, por lo que estos materiales pudieran contribuir con otras fuentes de resistencia en el programa de mejora para la piramidación de genes que confieran resistencia estable ante BGYMV. De esa manera, se obtendrían resultados para enriquecer los métodos de la selección de variedades de frijol mejoradas y aportar al programa de mejoramiento genético del cultivo del frijol los elementos para el diagnóstico del begomovirus presente en Cuba (Echemendía Gómez et al., 2007). Esta estrategia ha devenido como una manera de incrementar la durabilidad y estabilidad de la resistencia a begomovirus (Dueñas Hurtado, 2012), ya que las variaciones en el virus pudieran romper la resistencia por la presencia de un solo gen.

La varianza genética detectada indica la posible existencia de diferentes *loci* en los genotipos estudiados, lo que es de gran utilidad para el programa de mejoramiento genético, debido a que mientras mayor sea el número de *loci* segregantes, mayor será el número de genotipos diferentes en la población (González-Diéguez & Orozco-Castillo, 2020).

El cultivar Cuba Cueto 25-9N se clasificó con una reacción intermedia en trabajos anteriores, por lo que su respuesta es de considerar, dada la aceptación que tiene entre los productores y los resultados satisfactorios que muestra en condiciones de producción (Hernández-Ochandía et al., 2018).

Factores como la temperatura y las precipitaciones influyen tanto en la aparición y diseminación de enfermedades como en la respuesta agronómica general de los diferentes genotipos (Hernández Ramos, 2018; Yrigoín-Pérez, 2017).

El cultivar Cuba Cueto 25-9N, a pesar de llevar más de cuarenta años en la política nacional de variedades, reúne caracteres de interés, como el alto rendimiento, por lo que es seleccionado por los agricultores en ferias de diversidad de frijol, lo que también está determinado por el color negro de sus granos, que es la clase comercial preferida por los consumidores cubanos (Lamz Piedra et al., 2017; Voysest Voysest, 2000).

Conclusiones

La evaluación de la reacción en campo permitió la identificación de diecinueve genotipos resistentes que respondieron de forma positiva a la infección natural del BGYMV.

Se identificaron dieciséis genotipos de frijol común con la presencia del marcador SCAR SR2, que confiere resistencia al BGYMV.

Se identificó un grupo de diecisiete genotipos que mostraron un comportamiento estable en su rendimiento a través las épocas de siembra evaluadas, lo cual puede ser de utilidad para el mejoramiento genético del cultivo. Estos genotipos pueden ser incluidos en el banco de germoplasma de frijol y como progenitores en programas de cruzamientos, así como en ensayos regionales de rendimiento en otros ambientes donde se cultiva frijol.

Agradecimientos

Los autores agradecen al Dr. Juan Carlos Rosas por la donación de las semillas de los genotipos estudiados.

Referencias

- Acevedo Roman, M., Molina Castañeda, A., Angel Sánchez, J. C., German Muñoz, C., & Beaver, J. S. (2004). Inheritance of normal pod development in bean golden yellow mosaic resistant common bean. *Journal of the American Society for Horticultural Science*, 129(4), 549–552. <https://doi.org/10.21273/jashs.129.4.0549>
- Anaya-López, J. L., Garrido-Ramírez, E. R., Chiquito-Almanza, E., Ibarra-Pérez, F. J., & López-salinas, E. (2018). Identificación de líneas recombinantes de frijol negro opaco resistentes a BCMV, BCMNV y BGYMV mediante marcadores moleculares. *Revista Mexicana de Ciencias Agrícolas*, 9(3), 601–614. <https://doi.org/10.29312/remexca.v9i3.1219>
- Arroba López, K. A., & Gavilanes Romero, S. M. (2017). *Evaluación de la resistencia de líneas mejoradas de frijol al virus del mosaico dorado amarillo* [Tesis de Licenciatura, Zamorano]. Biblioteca Wilson POPENOE de la Escuela Agrícola Panamericana. <https://bit.ly/3NIUBcX>
- Blair, M. W., Rodríguez, L. M., Pedraza, F., Morales, F., & Beebe, S. (2007). Genetic mapping of the bean golden yellow mosaic geminivirus resistance gene bgm-1 and linkage with potyvirus resistance in common bean (*Phaseolus vulgaris* L.). *Theoretical and Applied Genetics*, 114, 261–271. <https://doi.org/10.1007/s00122-006-0428-6>
- Chang, L., & Martínez, Y. (2016). Nuevas especies de begomovirus que afectan cultivos de frijol (*Phaseolus vulgaris* L.) y soya (*Glycine max* (L. Merr) en Cuba. *Revista Anales de La Academia de Ciencias de Cuba*, 8(1), 1–7.
- Dueñas Hurtado, F. (2012). *Identificación y aprovechamiento de fuentes de resistencia en tomate (Solanum lycopersicum L.), frente a begomovirus que afectan al cultivo* [Tesis de Doctorado en Ciencias Agrícolas, no publicada]. Instituto Nacional de Ciencias Agrícolas.
- Echemendía Gómez, A. L., Ramos-González, P. L., Peral Pérez, R., Porras González, Á. C., González Arias, G. A. (2007). Selección de genotipos de frijol común (*Phaseolus vulgaris* L.) resistentes al virus del Mosaico Dorado amarillo (BGYMV) por hibridación de ácidos nucleicos. *Fitosanidad*, 11(4), 3–11.
- Echemendía Gómez, A. L., Ramos González, P. L., Villarreal, N., Martínez, A. K., González Arias, G., & Morales, F. (2010). Caracterización del virus del mosaico dorado amarillo del frijol en Cuba. *Fitosanidad*, 14(1), 11–15.
- Faure-Álvarez, B., Arteaga-Casamayor, G., Benitez-González, R., & Monzón-del Llano, O. (2017). *Guía Técnica para la Producción sostenible de frijol común (Phaseolus vulgaris L.)*. Instituto de Investigaciones de Granos.
- Ferrufino, A. (2008). *Guía de identificación y manejo integrado de las enfermedades del frijol en América Central*. Instituto Interamericano de Cooperación para la Agricultura. <http://repiica.iica.int/docs/B0891E/B0891E.pdf>
- González-Diéguéz, D. O., & Orozco-Castillo, C. A. (2020). Identificación de marcadores moleculares (SNP) y genes candidatos asociados a la tolerancia genética al complejo mancha de asfalto en variedades nativas de maíz (*Zea mays* L.). *Ciencia, Tecnología y Salud*, 7(2), 218–235. <https://doi.org/10.36829/63CTS.v7i2.826>
- Hernández, J. A., Pérez, J. J., Bosch, I. D., & Castro, S. N. (2015). *Clasificación de los suelos de Cuba*. Ediciones Instituto Nacional de Ciencias Agrícolas.
- Hernández-Ochandía, D., Rodríguez-Hernández, M. G., Miranda-Cabrera, I., Moreno-León, E., Castro-Lizazo, I., Delgado-Oramas, B. P., & Holgado, R. (2018). Reproducción y efecto nocivo de *Meloidogyne incognita* (Kofoid y White) Chitwood en *Phaseolus* reproduction and harmful effect of *Meloidogyne incognita*. *Revista de Protección Vegetal*, 33(2), 1–7.

- Hernández Ramos, A. (2018). *Insectos plaga y enfermedades asociadas a cuatro cultivares de frijol común (Phaseolus vulgaris L.)* [Tesis de Grado, Universidad Central "Mata Abreu" de Las Villas]. DSPACE. <https://dspace.uclv.edu.cu/handle/123456789/10180?show=full>
- Herrera Alquízar, F. (2021) *Diagnóstico del Megalurothrips usitatus en la UBPC* (Boletín de Extensión Agraria No. 5). Instituto de Investigaciones de Granos. <https://www.grupoagricoladecuba.gag.cu/attachments/article/76/Boletin%20No.5.pdf>
- Lamz Piedra, A., Cárdenas Travieso, R. M., Ortiz Pérez, R., Hernandez Gallardo, Y., & Alfonso Duque, L. E. (2017). Efecto de la selección participativa de variedades en la identificación de genotipos sobresalientes de frijol comun (*Phaseolus vulgaris* L.) outstanding common bean genotypes (*Phaseolus vulgaris* L.). *Centro Agrícola*, 44(4), 65–74.
- Morales-Soto, A., & Lamz-Piedra, A. (2020). Genetic improvement methods in the cultivation of common beans (*Phaseolus vulgaris* L.) against the Bean Yellow Golden mosaic Virus (BGYMV). *Cultivos Tropicales*, 41(4), Artículo e10.
- Mukankusi, C., Raatz, B., Nkalubo, S., Berhanu, F., Binagwa, P., Kilango, M., Williams, M., Enid, K., Chirwa, R., & Beebe, S. (2019). Genomics, genetics and breeding of common bean in Africa: A review of tropical legume project. *Plant Breeding*, 138(4), 401–414. <https://doi.org/10.1111/pbr.12573>
- Oficina Nacional de Estadística e Información. (2019). *Anuario estadístico de Cuba 2019*. http://www.onei.gob.cu/sites/default/files/anuario_2019.pdf
- Organización de las Naciones Unidas para la Alimentación y la Agricultura. (2019). *El estado mundial de la agricultura y la alimentación*. FAO.
- Rodríguez Miranda, O., Faure Alvarez, B., León Saavedra, I., Benitez González, R., Suárez González, Y., & Rodríguez Rodríguez, R. (2004). *Identificación de genotipos resistentes al virus de mosaico dorado amarillo del frijol (BGYMV) mediante el uso del marcador molecular bgm-1*. GEOTECH. <http://repositorio.geotech.cu/jspui/handle/1234/1975>
- Rosas, J. C. (2011). Contribuciones del programa de investigaciones en frijol en Centro América y El Caribe. *Ceiba*, 52(1), 65–73.
- Rosas, J. C., Beaver, J. S., Beebe, S., & Viana, A. (2004). Nomenclatura de variedades de frijol común liberadas en Centro América y el Caribe. *Agronomía Mesoamericana*, 15(2), 221–224. <https://doi.org/10.15517/am.v15i2.11917>
- Ruíz-Salazar, R., Muruaga-Martínez, J. S., Vargas-Vázquez, M. L. P., Alexandre-Iturbide, G., Castañón-Nájera, G., Hernández-Delgado, S., Almaraz-Abarca, N., & Mayek-Pérez, N. (2016). Marcadores moleculares SCAR para identificar fuentes de resistencia a enfermedades en frijol ayocote (*Phaseolus coccineus*). *Phyton*, 85, 184–193.
- Schoonhove, A., & Pastor-Corrales, M. (1987). *Sistema Estándar para la Evaluación de Germoplasma de Frijol*. Centro Internacional de Agricultura Tropical. https://books.google.com.co/booksid=mpgIE_jDedMC&printsec=frontcover&source=gbs_atb#v=onepage&q&f=false
- Soler-Garzón, A., Oladzad, A., Beaver, J., Beebe, S., Lee, R., Lobaton, J. D., Macea, E., McClean, P., Raatz, B., Rosas, J. C., Song, Q., & Miklas, P. N. (2021). NAC candidate gene marker for bgm-1 and interaction with QTL for resistance to bean golden yellow mosaic virus in common bean. *Frontiers in Plant Science*, 12, Article 477. <https://doi.org/10.3389/fpls.2021.628443>
- Suazo Mejía, J. O. (2019). *Evaluación de la resistencia de genotipos de frijol al virus del mosaico dorado amarillo y al gorgojo mexicano Zabrotes subfasciatus Boheman (Coleoptera: Chrysomelidae)* [Tesis de Grado, Escuela Agrícola Panamericana]. Biblioteca Wilson Popenoe de la Escuela Agrícola Panamericana. <http://hdl.handle.net/11036/6676>

- Sulistyo, A., & Inayati, A. (2016). Mechanisms of antixenosis, antibiosis, and tolerance of fourteen soybean genotypes in response to whiteflies (*Bemisia tabaci*). *BIODIVERSITAS*, 17(2), 447–453. <https://doi.org/10.13057/biodiv/d170207>
- Tang, L., Yan, K., Fu, B., Wu, J., Liu, K., & Lu, Y. (2015). The life table parameters of *Megalurothrips usitatus* (Thysanoptera: Thripidae) on four leguminous crops. *The Florida Entomologist*, 98(2), 620–625. www.jstor.org/stable/24587691
- Valdivia Pérez, W., Viera Marín, R. A., & López López, Y. (2015). Comportamiento agroproductivo de 10 variedades de frijol común (*Phaseolus vulgaris* L.) en el agroecosistema del municipio de Yaguajay. *Revista Científica Infociencia*, 19(3), 1–10.
- Voysesst Voysesst, O. (2000). *Mejoramiento Genético del frijol (Phaseolus vulgaris L.): legado de variedades de América Latina 1930-1999* [Publicación CIAT No. 321]. Centro Internacional de Agricultura Tropical.
- Wilker, J., Humphries, S., Rosas-Sotomayor, J. C., Gómez Cerna, M., Torkamaneh, D., Edwards, M., Navabi, A., & Pauls, K. P. (2020). Genetic diversity, nitrogen fixation, and water use efficiency in a panel of Honduran common bean (*Phaseolus vulgaris* L.) landraces and modern genotypes. *Plants*, 9(9), Article 1238. <https://doi.org/10.3390/plants9091238>
- Yánac Méndez, L. A. (2018). *Análisis del crecimiento y rendimiento de tres variedades de frijol (Phaseolus vulgaris L.) con diferentes dosis nitrogenadas en La Molina* [Tesis de Grado, Universidad Nacional Agraria La Molina]. Repositorio Institucional de la Universidad Nacional Agraria La Molina. <http://repositorio.lamolina.edu.pe/handle/20.500.12996/3304>
- Yrigoín Pérez, A. (2017). *Diagnóstico, Incidencia y severidad de enfermedades fungosas en ecotipos regionales de Phaseolus vulgaris L. en el Fundo Aucaloma de la UNSM-T* [Tesis de Grado, Universidad Nacional de San Martín]. Repositorio de la Universidad Nacional de San Martín. <https://repositorio.unsm.edu.pe/handle/11458/2423>