

Historia del frejol (*Phaseolus vulgaris L.*) en Chile, desde sus orígenes

Editores: Mario Paredes C., Viviana Becerra V.

Historia del frejol (*Phaseolus vulgaris* L.) en Chile, desde sus orígenes

Editores
Mario Paredes C., Ing. Agrónomo,
M.Sc. Mejoramiento Vegetal, M.Sc., Ph.D. Genética.

Viviana Becerra V., Ing. Agrónoma,
M.Sc. Genética y Mejoramiento Vegetal.

Edición y Diagramación
Ximena Silva G., Diseñadora gráfica.

Cita bibliográfica
Paredes, M., Becerra, V. (eds). Historia del frejol
en Chile, desde sus orígenes. Santiago, Chile. 662 p.

Inscripción registro de propiedad intelectual

ISBN 978-956-03-0931-0

Permitida su reproducción total o parcial del contenido del libro, citando la fuente y editores.

Las marcas, nombres comerciales y principios activos de productos y empresas mencionadas en el libro, se incluyen para describir conceptos o temas específicos, pero no representan una recomendación de los autores.

Foto portada y texto
Viviana Becerra V.

Fotos publicaciones CIAT
Autorizadas su uso por Dr. Juan Lucas Restrepo y Sr. Mauricio Muñoz.

Santiago, Chile, septiembre de 2026.

Historia del frejol
(*Phaseolus vulgaris L.*)
en Chile, desde sus orígenes

Editores: Mario Paredes C., Viviana Becerra V.

Santiago de Chile, septiembre, 2026

Autores de capítulos

Becerra V., Viviana
Ingeniera Agrónoma, M.Sc.

Ex-investigadora, Genética y Mejoramiento de plantas. INIA Quilamapu, Chillán, Chile.

Blair, Mathew
Ingeniero Agrónomo, Ph.D.

Professor, Department of Agricultural and Environmental Sciences, College of Agriculture, Tennessee State University. USA.

Brezinsky I., Andrei
Gerente Comercial. Empresa Tucapel.

Debouck, Daniel
Ingeniero Agrónomo, Ph.D.

Ex-jefe Programa de Recursos Genéticos, Alliance of Bioversity y Centro Internacional de Agricultura tropical, (CIAT), Palmira, Colombia.

Donoso Ñ., Gabriel
Bioquímico, Dr.

Investigador INIA Raihuén. Villa Alegre, Chile.

Finot S., Víctor
Botánico, Dr.

Ex Profesor Asociado, Universidad de Concepción, Chillán, Chile.

Ferreyra E., Raúl
Ing. Agrónomo, M.Sc.

Ex investigador Programa de Riego y Drenaje. INIA La Platina. Santiago, Chile.

Asesor Nacional e Internacional

Gepts, Paul
Ingeniero Agrónomo, Ph.D.

Distinguished Professor, University of California, Davis, USA.

Profesor Emérito.

González M., Rodrigo
Gerente de Abastecimiento. Empresa Tucapel.

Lagos Z., Eduardo
Gerente General. Empresas Tucapel, Chile.

Larraín S., Patricia
Ingeniera Agrónoma, M.Sc.

Ex Investigadora Entomología, INIA Intihuasi. La Serena, Chile.

Marticorena G., Alicia
Botánica, M.Sc.
Investigadora y Curadora herbario de la Universidad de Concepción, Concepción, Chile.

Paredes C., Mario
Ingeniero Agrónomo, M.Sc., Ph.D.

Ex investigador, Genética y Mejoramiento de Plantas. INIA Quilamapu, Chillán, Chile.

Quiroz E., Carlos
Ingeniero Agrónomo, Ph.D.

Ex Investigador Entomologia, INIA Intihuasi. La Serena, Chile.

Sepúlveda R., Paulina
Ingeniera Agrónoma, M.Sc.

Ex Investigadora Fitopatología. INIA La Platina, Santiago, Chile.

Valderrama Z., Felipe
Ingeniero Agrónomo.

Gerente Agrícola Empresas Tucapel

Dedicatoria

Una especial dedicatoria de este libro para nuestra familia, Lorena, Juan Pablo, Oscar, Ingrid, Pablo Tomás, Juan José, María Trinidad, Benjamín y José Francisco, quienes fueron y son nuestra fuerza diaria para terminar con esta hermosa obra.

Gracias infinitas por el amor incondicional ,
la compañía y la paciencia!!!!

Agradecimientos

Los editores desean agradecer el compromiso de todos(as) los(as) autores(as), que participaron en este libro y a los colegas que revisaron el capítulo de la presencia del frejol prehispánica en Chile Dra. Alejandra Vidal (Zona Norte), y Dra. María Teresa Planella (Zona Central). Al Director General de la Alianza de Bioversity Internacional y el Centro Internacional de Agricultura Tropical (CIAT), Dr. Juan Lucas Restrepo y al Sr. Mauricio Muñoz**,** jefe de la Oficina Jurídica Principal de la Alianza, por la autorización al uso de materiales visuales de publicaciones de CIAT para ilustrar algunos conceptos del libro. A la Biblioteca Nacional por el uso de material incluido en la memoria chilena.

Agradecemos también, a las autoridades del Instituto de Investigaciones Agropecuarias (INIA), a los colegas, personal técnico y operarios del programa de Leguminosas de Grano y a las disciplinas, con quienes nos tocó interactuar durante nuestro desempeño profesional.

A las empresas Tucapel, S.A a través de su Gerente General el Sr. Eduardo Lagos y al Sr. Andrés Pavic, Gerente General de la empresa Nama Internacional, Alimentos del mundo, quienes respaldaron y generosamente, contribuyeron al financiamiento de la edición y diagramación del libro, que hizo posible su publicación y difusión en forma digital nacional e internacionalmente.

Agradecemos a nuestros padres, hermanos, sobrinos, hijos, yerno, nuera y nietos quienes han estado incondicionalmente apoyando la realización de este trabajo.

Mario Paredes C., Viviana Becerra, V. (eds)

Índice

Prólogo / p.17

PARTE I: CONTEXTO NACIONAL / p.20

Sección I. Clasificación y Origen del frejol / p.22

Capítulo 1. Clasificación, genoma y origen del frejol / p.24
Mario Paredes C., Viviana Becerra V., Paul Gepts.

Capítulo 2. ¿Cómo nombramos a los porotos migrantes de Chile?...¿por qué migraron a Chile? / p.42
Daniel Debouck.

Sección II. Historia del frejol / p.58

Capítulo 3. Presencia prehispánica del frejol en Chile / p.60
Mario Paredes C., Viviana Becerra V.

Capítulo 4. Historia del frejol en Chile: 1500-2025 / p.117
Mario Paredes C., Viviana Becerra V.

Capítulos 5. Consumo de frejol en Chile / p.148

5.1. Mercado Chileno - Análisis del Mercado Medible (Supermercados) / p.148
Andrei Brezinsky, Rodrigo Menichetti., Eduardo Lagos.

5.2. Antecedentes del consumo de frejol en Chile / p.152
Viviana Becerra V., Mario Paredes C.

Sección III. Recursos genéticos y mejoramiento / p.162

Capítulo 6. ¿Hay recursos genéticos de *Phaseolus* en Chile? / p.164
Daniel Debouck.

Capítulo 7. Caracterización de la raza ecográfica Chile / p.182
Viviana Becerra V., Mario Paredes C., Paul Gepts.

Capítulo 8. Mejoramiento genético del frejol en Chile / p.216
Mario Paredes C., Viviana Becerra V.

Sección IV. Morfología y desarrollo del frejol / p.240

Capítulo 9. Morfología de la planta de frejol / p.242
Mario Paredes C., Viviana Becerra V., Gabriel Donoso Ñ.

Capítulo 10. Crecimiento y desarrollo de la planta de frejol / p.270
Mario Paredes C., Viviana Becerra V., Gabriel Donoso Ñ.

Sección V. Fertilización y riego del frejol / p.306

Capítulo 11. Fertilización del frejol / p.308
Mario Paredes C., Viviana Becerra V.

Capítulo 12. Manejo del agua en frejol / p.337
Mario Paredes C., Raúl Ferreyra E.

Sección VI. Sanidad en frejol / p.360

Capítulo 13. Control de malezas en frejol / p.362
Mario Paredes C., Viviana Becerra V.

Capítulo 14. Descripción de las malezas presentes en el frejol / p.384
Alicia Marticorena G., Víctor Finot S.

Capítulo 15. Plagas del frejol / p.416
Carlos Quiroz E., Patricia Larrain S.

Capítulo 16. Enfermedades del frejol / p.433
Paulina Sepúlveda R.

Sección VII. Recomendaciones y sugerencias de manejo agronómico del frejol / p.460

Capítulo 17. Principales factores a considerar en la producción de frejol / p.462
Mario Paredes C., Viviana Becerra V.

PARTE II: CONTEXTO INTERNACIONAL / p.480

Sección VIII. Características a considerar en un programa de mejoramiento genético de frejol / p.482

Capítulo 18. Mejoramiento de características agronómicas / p.484
Mario Paredes C., Viviana Becerra V., Paul Gepts.

Capítulo 19. Mejoramiento de características abióticas / p.519
Mario Paredes C., Viviana Becerra V., Paul Gepts.

Capítulo 20. Mejoramiento de características bióticas / p.533
Mario Paredes C., Viviana Becerra V., Paul Gepts.

Capítulo 21. Mejoramiento por calidad del grano / p.553
Mario Paredes C., Viviana Becerra V., Paul Gepts, Mathew Blair.

Capítulo 22. Características específicas para mejoramiento del frejol para vaina verde / p.584
Mario Paredes C., Viviana Becerra V., Paul Gepts.

Capítulo 23. Métodos de mejoramiento genético en frejol / p.594
Mario Paredes C., Viviana Becerra V., Paul Gepts.

Sección IX. Producción y comercialización del frejol a nivel internacional / p.628

Capítulo 24. Producción y comercialización de frejol en el mundo / p.630
Mario Paredes C., Viviana Becerra V.

Prólogo

El frejol ha sido un alimento tradicional de la cocina chilena, desde antes de la llegada de los Incas y españoles al Chile actual. A pesar de esta situación, el posible origen del frejol chileno no se conoce con exactitud, aunque existe concordancia de un origen foráneo, ya que no se ha encontrado frejol silvestre, posiblemente debido a las condiciones climáticas adversas presentes en la zona norte para su crecimiento. En este sentido, algunas hipótesis plantean un posible origen argentino, aunque no se descarta la influencia posterior de los países limítrofes como Perú y Bolivia, donde existe frejol silvestre y donde se ha mantenido desde muy temprano, un activo intercambio comercial con las poblaciones chilenas.

Es así como, a la llegada de los españoles al país, el frejol ya se encontraba diseminado en gran parte del país como quedo consignado, por los cronistas que acompañaron a Pedro de Valdivia y por la información arqueológica e histórica de la zona. Posteriormente, debido a la introducción de nuevos cultivos y escaso valor alimenticio dado por los españoles a los productos nativos ('cultivo de indios'), el consumo del frejol estuvo restringido principalmente a los indígenas, sin embargo, con el paso del tiempo el frejol comenzó a ser considerado e incorporado como un producto más dentro de la cocina criolla. Con el crecimiento de la agricultura y posteriormente la minería, el frejol se constituyó en un plato irremplazable en las comidas de trabajadores agrícolas, urbanos y mineros, considerados de bajos ingresos. Dada esta situación, nació la expresión popular y coloquial 'más chileno que los porotos', que simboliza la identidad, tradición y la historia de este producto en el país.

Con el paso del tiempo y la creación del Ministerio de Agricultura, se empezaron a realizar los primeros estudios científicos en frejol con la recolección de germoplasma, las evaluaciones agronómicas de este material genético y las primeras hibridaciones para obtener nuevas variedades. Posteriormente,

se creó del Instituto de investigaciones Agropecuarias (INIA), que le dio un nuevo impulso a la investigación en frejol en mejoramiento genético, prácticas agronómicas y la difusión del cultivo hacia los agricultores. Durante todo este período hasta nuestros días, el frejol ha jugado un rol importante en la agricultura nacional, especialmente entre los años 1970 y 1990, donde su cultivo alcanzó una importante superficie sembrada y la producción que fue capaz de abastecer las necesidades nacionales, además de exportar una cantidad importante a diferentes países de América y Europa. En este periodo, es importante destacar también la importancia de la cooperación internacional que recibió INIA de parte del Centro Internacional de Agricultura Tropical (CIAT), que incluyó el intercambio de germoplasma, preparación técnicas de profesionales y técnicos en diferentes disciplinas como; mejoramiento genético, enfermedades, plagas y producción de semillas, que contribuyó a reforzar el trabajo que realizaba INIA para responder a las crecientes demandas de información técnica, de parte de los agricultores y exportadores. Dada esta situación, se desarrolló un amplio programa de difusión y transferencia de tecnología asociado a los Grupos de Transferencia de Tecnología (GTTs) y proyectos específicos enfocados a fortalecer las exportaciones del frejol financiados por el Estado.

La focalización de la agricultura basada en productos de exportación y la ausencia de la resolución de algunos factores limitantes presentes en el cultivo, como la incorporación de una mayor mecanización de varias prácticas agrícolas, la ausencia de variedades aptas para cosecha mecánica, producción de semilla certificada, aumentos de los costos y pérdida de mercados internacionales, redujo la rentabilidad y el interés de los agricultores por este cultivo.

Actualmente, el interés por el consumo de alimentos saludables, ha llevado a colocar al frejol nuevamente como un producto atractivo y versátil que se

puede consumir en diferentes formas: fresco, congelado (verde y granado) y como grano seco, y además en diferentes preparaciones precocidas, que han contribuido a reducir el problema del tiempo de preparación del frejol. Adicionalmente, este aumento de interés en el consumo de frejol, y legumbres en general, se apoya en una serie de estudios que resaltan las propiedades nutritivas del frejol y su capacidad de prevenir algunas enfermedades importantes en la población.

Esta auspiciosa situación nos incentivó a recopilar y sistematizar la información publicada, nacional e internacional, para dejarla disponible a todos los usuarios de la tecnología, incentivar la producción y el consumo de esta noble especie y de esta manera contribuir a mejorar la salud de la población.

Esperamos que este libro sea de utilidad a agricultores, profesionales, técnicos y estudiantes interesados en la historia de un cultivo muy nuestro.

Mario Paredes C., Viviana Becerra V.
Editores

PARTE I:
CONTEXTO NACIONAL

Índice



Índice

SECCIÓN I

Clasificación y origen del frejol



Capítulo 1. Clasificación, genoma y origen del frejol

Mario Paredes C., Viviana Becerra V., Paul Gepts.

Dentro del grupo de las leguminosas comestibles, el frejol común (*Phaseolus vulgaris* L.) es una de las especies de mayor importancia debido a su amplia distribución geográfica, superficie sembrada, consumo y aporte nutricional (Wallace, 1980; Freytag y Debouck, 2002). Desde el punto de vista agronómico, esta leguminosa contribuye al mejoramiento de la nutrición del suelo y de las necesidades de la planta por nitrógeno, a través del proceso de fijación de nitrógeno, lo que reduce las aplicaciones de fertilizantes, puede participar en rotación con cereales y otros cultivos, reduciendo la presencia de enfermedades, malezas y manteniendo la fertilidad de los suelos. Desde el punto de vista social, es un cultivo sembrado principalmente por pequeños y medianos productores, ya que les permite obtener un alimento nutritivo y un ingreso por la venta de los excedentes de su producción. Desde el punto de vista nutricional, es una fuente de proteínas, minerales, vitaminas y compuestos bioactivos. Debido a estas y otras características, la FAO declaró al año 2016, como el año internacional de las legumbres (Calles et al., 2019).

En muchos países, la producción de frejoles está limitada por los propios componentes genéticos de la planta, como también por factores climáticos, bióticos, abióticos, ausencia de buenas prácticas agronómicas y económicas.

Clasificación taxonómica del frejol

El género *Phaseolus* incluye 81 especies organizadas en dos grupos (Clade A y B) y secciones. Por un lado, el grupo A está formado por sólo especies silvestres, las que están distribuidas en ocho secciones (*Bracteati*, *Brevilegumeni*, *Chiapasana*, *Digitati*, *Minkelersia*, *Pedicellati*, *Revoluti* y *Xanthotricha*) y por el otro, el grupo B está constituido por especies silvestres y cultivadas, las que se agrupan en seis secciones (*Acutifolii*, *Coriacei*, *Falcati*, *Paniculati*, *Phaseoli*, y *Rugosi*) (Delgado-Salinas et al., 2006; Debouck, 2021).

El género *Phaseolus* comprende cinco (5) especies cultivadas: *Phaseolus vulgaris* L. (poroto o frejol, 1753), *Phaseolus lunatus* L. (poroto lima o pallar, 1753), *Phaseolus coccineus* L. (frejol ayocote o petaco, 1953), *Phaseolus acutifolius* A. Gray (frejol tepari, 1852) y *Phaseolus dumosus* Macfad (frejol de año, 1837), (Debouck, 1988; 1999; Freytag y Debouck, 2002; Delgado-Salinas et al., 2006; Lioi y Piergiovanni, 2013; Bellucci et al., 2014b; Debouck, 2021), y cinco especies adicionales que muestran signos incipientes de domesticación (Delgado-Salinas et al., 2006; Rendón-Anaya, 2017a). Entre las cinco especies cultivadas *P. vulgaris* representa más del 90 % del área cultivada del género *Phaseolus* (Acosta-Gallegos et al., 2007).

Estas especies poseen un amplio rango de variabilidad morfológica, de hábito de crecimiento (anual y perenne), tipos de crecimiento (indeterminado y determinado), sistema reproductivo (auto polinización y polinización cruzada), y adaptación a diferentes condiciones ambientales (temperatura, fotoperiodo, humedad) (Gepts y Debouck, 1991; Bellucci et al., 2014b; Parker et al., 2021).

El frejol común pertenece al reino Plantae, subreino Tracheobionta (plantas vasculares), división Magnoliophyta (angiosperma), clase Magnoliopsida (dicotiledónea), subclase Rosidae, orden Fabales, familia Fabaceae (leguminosa), subfamilia Faboideae, tribu Phaseoleae, subtribu Phaseolinae, género *Phaseolus*, sección, Phaseolus, especie *vulgaris* (Debouck y Hidalgo, 1985; USDA, 2025).

Estructura genética del frejol común. La estructura genética del frejol común incluye a los frejoles silvestres y cultivados. El frejol silvestre está distribuido desde el norte de México hasta el noroeste argentino, por una extensión de más de 8.000 km (Toro et al., 1990; Debouck, 2021), aunque está ausente en Alaska, Canadá, Noroeste de USA, California y Chile (Debouck, 2021; Becerra-Velásquez et al., 2011).

Las poblaciones del frejol silvestre se pueden encontrar desde zonas áridas hasta lugares con 1.000 mm de precipitaciones, creciendo entre los arbustos, en sus bordes o en bosques y arboledas de pino-encino entre 800 a 2.00 msnm. Los suelos donde crecen los frejoles silvestres son delgados y friables, pero en algunas ocasiones arcillosos (Freytag y Debouck, 2002). La planta silvestre es perenne, de hábito de crecimiento indeterminado que puede alcanzar hasta tres metros de largo, crecen vegetativamente durante la estación lluviosa y producen grano en la estación seca (Gentry, 1969).

La evolución del frejol resultó en al menos, tres acervos genéticos ecogeográficos: Mesoamericano, Andino y un tercero ubicado al norte del Perú/Ecuador. El acervo genético Mesoamericano está distribuido en México, Centro América, Colombia y Venezuela. Por su parte, el acervo genético Andino se extiende desde el sur del Perú, a Bolivia y Argentina y el del Norte del Perú/Ecuador está ubicado en la parte occidental de los Andes. El acervo Mesoamericano y Andino poseen poblaciones silvestres y domesticadas, mientras que el ubicado en el norte del Perú/Ecuador posee solo poblaciones silvestres.

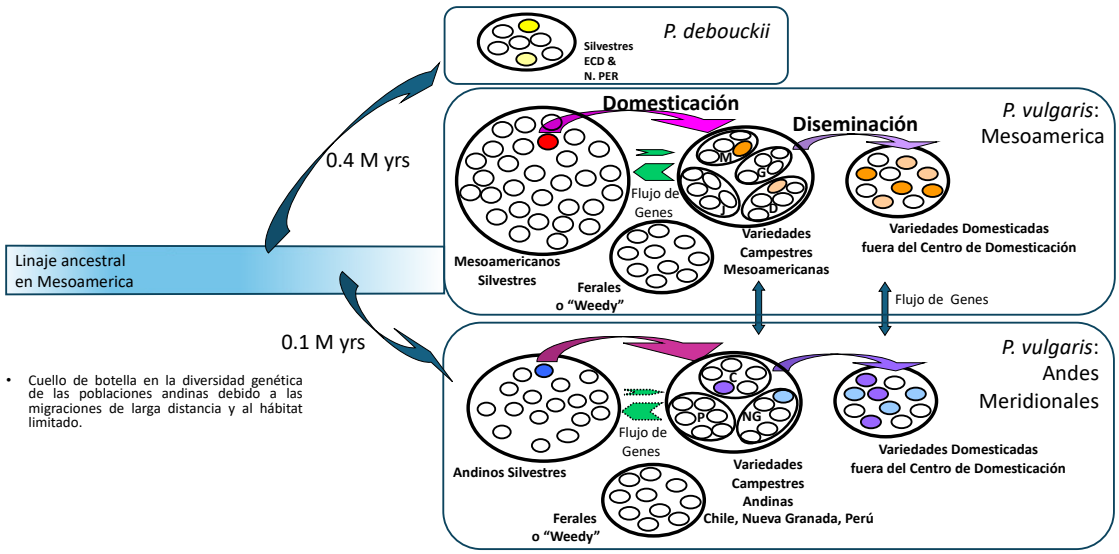
Varios estudios han señalado que, las poblaciones silvestres de Mesoamérica poseen mayor diversidad genética que otras poblaciones silvestres y domesticadas, debido posiblemente a su mayor extensión geográfica (Chacón-Sánchez et al., 2007; Kwak y Gepts, 2009; Schmutz et al., 2014; Ariani et al., 2018; Cortinovis et al., 2020), a la reducción de la diversidad genética de estas poblaciones no Mesoamericanas, producto del efecto principalmente de 'cuello de botella' (Rossi et al., 2009) y al proceso de selección (Bellucci et al., 2014a; Frascarelli et al., 2025). En este sentido, se postula que las poblaciones silvestres Andinas poseen menos de la mitad de la diversidad genética de las poblaciones Mesoamericanas y que las poblaciones ancestrales (*P. debouckii*), ubicadas entre Ecuador y el norte del Perú poseen un nivel de diversidad intermedio entre las poblaciones Mesoamericanas y Andinas (Kwak y Gepts, 2009; Bitocchi et al., 2012; Schmutz et al., 2014; Ariani et al., 2018; Cortinovis et al., 2020).

En un comienzo se postuló que el centro sur de Ecuador y el noroccidente de Perú, donde se encuentra la nueva especie *Phaseolus debuckii*, podría ser el lugar de origen del frejol común y que desde allí se habría extendido hacia el norte (Mesoamérica) y hacia el sur de los Andes, lo que habría dado origen a los acervos genéticos: Mesoamericano y Andino (Kami et al., 1995; Rendón-Anaya et al., 2017a; b; Ariani et al., 2017).

Actualmente se postula que el origen del frejol común está en Mesoamérica (Bitochi et al., 2012; 2013) y que la amplia distribución de las poblaciones silvestres es el resultado de tres eventos de dispersión ocurridos entre Mesoamérica y el sur de los Andes. Esta situación, habría dado

origen al menos a tres subgrupos; uno ubicado en los estados centrales de México (Guerrero, Morelos, Puebla y México); el segundo en el noroeste, desde Chihuahua al norte de Michoacán y Oaxaca en el sur y el tercer subgrupo ubicado en el sur de México, America Central y Colombia (Rodríguez et al., 2016).

En este sentido, la genealogía del frejol común (Fig. 1) considera los siguientes elementos: a) la evolución de un linaje ancestral Mesoamericano que habría dado origen a *Phaseolus vulgaris*; b) una primera dispersión de semilla silvestre, posiblemente mediada por aves, desde esta región hacia la región actual de Ecuador y norte del Perú, entre 0,4 y 0,5 millones de años atrás; c) una segunda dispersión de semilla silvestre, también posiblemente mediada por aves, alrededor de 0,10 a 0,15 millones de años atrás, a la región comprendida entre el sur de Perú, Bolivia y el noroeste de Argentina; d) la evolución del linaje ancestral para convertirse en el actual acervo genético silvestre Mesoamericano de *P. vulgaris*; e) que la poblacion ubicada entre Perú y Ecuador (*Phaseolus debouckii*), sería solo un relicto de la población que habría emigrado desde la zona central de México, en tiempos ancestrales, y por lo tanto, representaría solo una porción de la diversidad genética de la población ancestral mesoamericana. Por lo tanto, los acervos genéticos Andinos y el del norte del Perú-Ecuador se habrían originado en diferentes eventos de migración de las poblaciones ubicadas en la zona central de México (Rossi et al., 2009; Mamidi et al., 2011; Bitocchi et al., 2012; 2013; Desiderio et al., 2013; Bellucci et al., 2014; Schmutz et al., 2014; Ariani et al., 2017; Frascarelli et al., 2025); f) la presencia de dos eventos de migración en diferentes tiempos, con la introducción más temprana (0,9 millones de años atrás) de un ancestro silvestre *Phaseolus protovulgaris* en el Norte del Perú-Ecuador desde Mesoamérica (Rendón-Anaya et al., 2017a); y g) que la ausencia de la faseolina tipo I, presente en las poblaciones ubicadas entre Perú y Ecuador se podría haber extinguido (Ariani et al., 2017) o que hasta ahora no habría sido detectada en el germoplasma Mesoamericano analizado (Bitocchi et al., 2012).



Fuente: Paul Gepts, 2023.

Figura 1. Geneaología del frejol común, *Phaseolus vulgaris L.*

Domesticación. La domesticación en el frejol resultó en varios cambios en el fenotipo y genotipo de los domesticados, por ejemplo, hábito de crecimiento, sensibilidad al fotoperiodo, pérdida de la dormancia y de la dehiscencia, además de los cambios en el color, tamaño y forma del grano (Gepts y Debouck, 1991).

Se plantea que la evolución del frejol: a) se habría producido en dos procesos de domesticación en zonas geográficamente distintas: uno en Mesoamérica y otro en los Andes meridionales, donde *P. debouckii* nunca fue domesticada; b) que este proceso de domesticación habría ocurrido alrededor de los 8.000 años atrás (Cortinovis et al., 2024); y c) que durante este proceso de domesticación se produjo una reducción de la expresión de genes, producto de las mutaciones (Rossi et al., 2009; Kwak y Gepts, 2009; Desiderio et al., 2023) que estaban específicamente asociadas a mecanismos de adaptación, tal como la fecha de floración, simbiosis, estreses biótico y abiótico y el crecimiento de raíces (Bellucci et al., 2014a; Ariani y Gepts, 2009). Por otro lado, se plantea que la domesticación fue precedida por dos linajes geográficamente distintos y aislados, representado por los acervos genéticos Mesoamericano y Andino, lo cual queda reflejado en su estructura que incluye la forma silvestre y domesticada (Papa y Gepts, 2003; Papa et al., 2007; Rossi et al., 2009; Kwak y Gepts, 2009; De Ron et al., 2016), a diferentes razas (Singh et al., 1991) y a la formación de centros secundarios de diversidad genética, como en Brasil (Delfini et al., 2021), Colombia (Díaz et al., 2011), el Caribe (Blair y Lorigados, 2016a), Europa (Santalla et al., 2002; Rodiño et al., 2006; Angioi et al., 2011), Asia (Wu et al., 2020) y tierras altas de Africa (Asfaw et al., 2009).

Análisis realizados con accesiones silvestres han identificado cinco poblaciones asociadas a diferentes regiones geográficas: Mesoamérica, Guatemala, Colombia, Ecuador-Norte del Perú y Andina (Argentina, Bolivia y sur del Perú (Tohme et al., 1996; Blair et al., 2012). Por otro lado, los trabajos realizados en los dos acervos genéticos principales han permitido distinguir seis razas ecogeográficas: tres razas en el acervo genético Mesoamericano (Mesoamérica, Durango y Jalisco), y tres razas en el acervo genético Andino (Nueva Granada, Perú y Chile), donde los miembros de cada raza comparten distintas características morfológicas, agronómicas, fisiológicas, bioquímicas y frecuencias alélicas que los diferencian de otras razas (Singh et al., 1991a; Kelly, 2004; Cichy et al., 2015). Sin embargo, análisis posteriores han podido distinguir la presencia de otro subgrupo en el acervo Mesoamericano, identificado como raza Guatemala (Díaz y Blair, 2006) y la presencia de un complejo Durango-Jalisco (Blair et al., 2009; 2011). Otros estudios han indicado que en los acervos Mesoamericano y Andino es posible distinguir solo cinco subgrupos domesticados (M1, M2, A1, A2 y A3) correspondiente a Durango/Jalisco, Mesoamérica, Nueva Granada, Perú, y Chile (Bellucci et al., 2023) y la posibilidad de dividir al grupo M1/Durango/Jalisco en dos subgrupos denominados A y B, respectivamente (Cortinovis et al., 2024). Este mismo estudio plantea también que la primera raza domesticada en el acervo genético Mesoamericano fue M1/Durango-Jalisco y A2/Perú en el acervo Andino (Bellucci et al., 2023). Además, de esta agrupación, el mercado y los consumidores en los diferentes países prefieren ciertas clases comerciales, que están asociadas al color, tamaño, forma del grano y tipos de consumo del frejol (Voysest, 1983; 2001; Gálvez, 1991).

El acervo genético Mesoamericano se distribuye en México, América Central, Colombia y Venezuela, mientras que el acervo genético Andino está presente en el sur de Perú, Bolivia, Chile y Argentina. Ambos acervos genéticos incluyen poblaciones silvestres y cultivadas, excepto Chile que no tiene poblaciones silvestres. Sin embargo, el acervo genético ubicado en la parte occidental de los Andes y en el norte del Perú/Ecuador, solo incluye formas silvestres (Debouck et al., 1993; Kami et al., 1995).

Las poblaciones andinas del sur de América, se distinguen de las poblaciones Mesoamericanas, por sus características morfológicas, bioquímicas, moleculares (Gepts et al., 1986; Singh et al., 1991a) y nutricionales. En este último caso, se plantea que las accesiones Mesoamericanas poseen un mayor contenido de lectina, Ca, P, S y Zn y un menor contenido de faseolina y Fe que las poblaciones andinas (Islam et al., 2002). Por otro lado, los cruzamientos entre algunas accesiones de ambos acervos genéticos presentan limitaciones debido a barreras genéticas que pueden expresar unas anormalidades y muerte de las plantas F_1 (Singh y Gutiérrez, 1984; Gepts y Bliss, 1985), dada esta situación la recombinación genética entre poblaciones de ambos acervos genéticos es limitada.

Sin embargo, en los últimos años se han descrito introgresiones entre las accesiones de la raza Chile y Mesoamericana (Paredes y Gepts, 1995; Becerra et al., 2010), de material silvestre al Mesoamericano (Papa y Gepts, 2003) y en forma más general en otras poblaciones (Duran et al., 2005; Blair et al., 2007; Díaz et al., 2011; Gioa et al., 2013; Labaton et al., 2018; Belluci et al., 2023). Dada esta situación, es posible usar a estos padres como puentes genéticos para superar las limitaciones en la introgresión de genes entre estos acervos genéticos. Por ejemplo, en la resistencia a enfermedades ya que se demostrado que algunos patógenos como antracnosis, *Colletotrichum lindemuthianum* (Pastor-Corrales et al., 1995; Islam et al., 2002) y roya, *Uromyces appendiculatus* (Sandlin et al., 1999), mancha angular (*Phaseoisariopsis griseola*) han co-evolucionado con el frejol, formando poblaciones de patógenos diferentes en el acervo genético Mesoamericano y Andino (Guzmán et al., 1995).

El tercer acervo genético silvestre que está localizado entre Perú y Ecuador, se caracteriza por poseer una proteína especifica de almacenaje, llamada faseolina 'inca', tipo I, frecuencias alélicas y un desequilibrio de ligamiento diferente a los otros acervos genéticos (Kwak y Gepts, 2009; Bitocchi et al., 2012; Desiderio et al., 2013; Rendón-Anaya et al., 2017a). La faseolina tipo I, está ausente en los otros acervos genéticos, y es considerada como ancestral en relación a los otros tipos de faseolina presentes en los acervos genéticos, Andino y Mesoamericano (Debouck et al., 1993; Kami et al., 1995).

Conservación de germoplasma de frejol a nivel mundial

La principal colección de germoplasma de frejol a nivel mundial, está ubicada en el Banco de Germoplasma del Centro Internacional de Agricultura Tropical (CIAT), en Cali, Colombia. Este Centro mantiene la colección más grande y completa de frejol, con 37.938 accesiones pertenecientes al género *Phaseolus*, provenientes de 112 países, incluido Chile. El total de accesiones conservadas en CIAT contiene 32.375 accesiones de *Phaseolus vulgaris* (30.571 `landraces` y variedades comerciales, y 1.804 silvestres); 3.305 de *P. Lunatus* (3.031 `landraces` y variedades comerciales, y 274 silvestres); 958 de *P. coccineus* (760 `landraces` y variedades comerciales, y 198 silvestres); 490 de *P. dumosus* (475 `landraces` y variedades comerciales, y 15 silvestres); 326 de *P. acutifolius* (161 `landraces` y variedades comerciales, y 165 silvestres); y 484 de otras especies (Debouck et al., 2021).

El 91 % de esta colección esta duplicada, por razones de seguridad, en el banco mundial de semillas (Svalbard Global Seed Vault, https://www.croptrust.org/work/svalbard-global-seed-vault/ y el 78 % de esta colección esta almacenada también en el banco de germoplasma del CIMMYT (https://ciat.cgiar.org/). Además de este banco internacional, muchos países

productores de frejol poseen bancos nacionales, entre los cuales se pueden destacar el de Brasil, ubicado en el Centro Nacional de Recursos Genéticos y Biotecnología (CENARGEN/EMBRAPA) con más de 1.800 accesiones de frejol (https://www.embrapa.br/en/recursos-geneticos-e-biotecnologia); el de México que posee el alrededor de 28.000 accesiones ubicados en diferentes instituciones del país (Bellon et al., 2009); el de los Estados Unidos que posee más de 20.000 accesiones de *Phaseolus*, de las cuales 17.000 son de frejol y están almacenadas en el Banco del Western Regional Plant Introduction Station (WRPIS) (https://www.ars.usda.gov/pacific-west-area/pullman-wa/ plant-germplasm-introduction-and-testing-research/docs/pullman-facilities/); el de India con una colección de 6.483 accesiones almacenadas en colección base del National Bureau of Plant Genetic Resources (NBPGR), Nueva Delhi (Rana et al., 2016), Alemania con 14.000 accesiones ubicadas en el Leibniz Institute of Plant Genetics and Crop Plant Research (IPK) ubicado en Gatersleben; y el de Rusia con 8.400 accesiones almacenadas en el N.I. Vavilov Institute of Plant Genetic Resources (VIR), San Petersburgo, entre otros (Cortinovis et al., 2021). Se postula que existen alrededor de 100 mil accesiones de frejol, disponibles en diferentes bancos a nivel mundial (http://legumecrops.wildsoydb.org; www.genesys-pgr.org).

Se postula que existen alrededor de 100 mil accesiones de frejol, disponibles en diferentes bancos a nivel mundial (http://legumecrops.wildsoydb.org; www.genesys-pgr.org).

Sistema de reproducción

Polinización. El frejol común es una planta de autopolinización, con un porcentaje de polinización cruzada menor a 1 %, aunque este porcentaje puede variar dependiendo de las condiciones ambientales (Wells et al., 1988; Brunner y Beaver, 1989; Ibarra-Pérez et al., 1997; Ferreira et al., 2000) y de la distancia física entre las variedades (Ferreira et al., 2006).

Compatibilidad genética. El frejol común, como las otras especies silvestres y domesticadas, son diploides (2n=2x=22) y se pueden cruzar entre ellas, siendo más frecuente cuando el frejol domesticado actúa como padre (Delgado-Salinas et al., 1988) y un poco menos frecuente cuando el progenitor silvestre actúa como madre (Papa y Gepts, 2003).

Basado en su capacidad de cruzamientos y estudios filogenéticos, el frejol se puede agrupar en tres acervos genéticos: primario, secundario y terciario (Smartt, 1981; Rendón-Anaya et al., 2017a; b). Cada especie domesticada constituye un acervo genético primario con su forma silvestre. El acervo genético secundario y terciario puede existir para todas las especies domesticadas, dependiendo de los eventos filogenéticos que pueden llevar a la formación de una especie biológica (Debouck, 1999).

El acervo primario incluye a las especies silvestres (*Phaseolus vulgaris* L. var. *aborigineus* (Burkart) Baudet y *Phaseolus vulgaris* L. *var. mexicanus* A. Delgado) y a las especies cultivadas, que se pueden cruzar fácilmente, es decir, no presentan barreras de incompatibilidad y dan origen a una progenie completamente fértil (Harlan y de Wet, 1971) como se mencionó anteriormente, es posible detectar que algunos cruzamientos entre ciertos genotipos que pertenecen al acervo genético Mesoamericano y Andino pueden presentar problemas de letalidad en el F_1, o enanismo (Singh y Gutiérrez, 1984; Acosta-Gallegos et al., 2007; Singh y Schwartz, 2010). Se postula que esta debilidad, se debe a la presencia de dos genes letales, semi-dominantes, 'dosis dependiente' (*DL*). Dependiendo de la heterocigosidad de estos dos genes, la progenie exhibirá

letalidad completa, letalidad a altas temperaturas o síntomas subletales (Shii et al., 1980; Gepts y Bliss, 1985; Koinange y Gepts, 1992).

El acervo secundario agrupa a las especies que se pueden cruzar con el frejol común, pero presentan algunas barreras de incompatibilidad, por lo cual, se deben tomar en cuenta algunas precauciones para obtener una progenie fértil. En este grupo están consideradas *Phaseolus albescens* McVaugh ex R. Ramírez y A. Delgado, *Phaseolus coccineus* L., *Phaseolus costaricensis* Freytag y Debouck, *Phaseolus dumosus* Macfady, *Phaseolus debouckii* A. Delgado, y *Phaseolus persistentus* Freytag y Debouck (Prohens et al., 2017; Miller y Khoury, 2018).

El acervo terciario incluye a especies que presentan mayores barreras de incompatibilidad al cruzarse con el frejol común. Este acervo incluye a *Phaseolus acutifolius* A. Gray, *Phaseolus acutifolius* A. Gray var. *acutifolius*, *Phaseolus acutifolius* A. Gray var. *tenuifolius* A. Gray, *Phaseolus angustissimus* A. Gray, *Phaseolus carteri* Freytag y Debouck, *Phaseolus filiformis* Benth., *Phaseolus maculatus* Scheele subsp. *ritensis* (M. E. Jones) Freytag, *Phaseolus parvifolius* Freytag (Miller y Khoury, 2018).

Macho esterilidad. En el frejol se ha detectado algunas plantas macho estériles, producto de la indehiscencia de las anteras (Frazier, 1967; Ibrahim et al., 1974; Agbo y Wood, 1977). La no apertura de las anteras estaría bajo control de un gen recesivo (Van Rheenen et al., 1979) o controlado por la expresión de dos genes, no ligados (Ms_1; $In\ Ms_1$) que interactuarían produciendo una población F_2, con individuos macho estéril, fértil y letal en proporción 13:2:1 (Mutschler y Bliss, 1980). Dentro de este fenómeno, se han detectado también diferentes fuentes de restauración de la fertilidad (Mackenzie y Basset, 1986).

La presencia de la macho esterilidad citoplasmática (MSC) en frejol es poco común. En este sentido en el año 1977 se detectaron en un ensayo de rendimiento conducido en CIAT, un poco más de una docena de plantas con un alto nivel de aborto (promedio 91 %) en la línea G08063, tipo III, semi-precoz y de semilla blanca (Singh et al., 1980). Los estudios genéticos posteriores con la variedad 'Sprite' determinaron el sistema de 'MSC-Sprite' (Bassett y Shuh, 1982). Posteriormente, se informó de una MSC similar a la observada en frejol común, en poblaciones silvestres y en algunas accesiones de *Phaseolus coccineus* (Hervieu et al., 1993).

Los estudios de restauración de la fertilidad del polen en frejoles con MSC han identificado hasta ahora dos genes nucleares, *Fr* y *Fr2*, los cuales actúan mediante mecanismos aparentemente distintos. En el primer caso, la restauración de la fertilidad en el sistema 'MSC-Sprite' estaba controlada por un gen nuclear simple, dominante *Fr* (Mackenzie y Chase, 1990) o semi dominante, con efecto de dosis (He et al., 1995), con una segregación en F_2 de fértil: estéril de 3:1, donde las plantas fértiles *Fr-* no segregaron por esterilidad, independiente de su genotipo, lo que indicó que *Fr* restauraba la fertilidad del polen en forma permanente (Mackenzie y Bassett, 1987) y que esta restauración de la fertilidad del polen estaba asociada a la eliminación de un segmento de >25 kb ADN mitocondrial, producto de eventos de recombinación que involucra las repeticiones que flanquean esta región e incluye en un lado el gen *atpA* (Chase y Ortega, 1992). Posteriormente, se informó que dentro de este segmento de ADN se encontraba una secuencia de 3,7 Kb, transcripcionalmente activa, única en las líneas MSC, que fue denominada *pvs* (*phaseolus vulgaris sterile*) y que estaba asociada a la esterilidad del polen (Mackenzie y Chase, 1990; Johns et al., 1992; Janska y Mackenzie, 1993). Se plantea que la secuencia de *pvs* de 3,7 kb está ubicada en una molécula de ADN mitocondrial autónomo, que se pierde del genoma mitocondrial durante la reversión o como producto de la acción del gen *Fr* (Janska y Mackenzie, 1993). Por otro lado, la restauración de la fertilidad del polen producto del gen *Fr* o

la reversión espontánea fue asociada a la pérdida de un segmento *Pst I* de 6,0 kb del genoma mitocondrial y que estuvo ausente en todas las líneas revertantes y restauradas fértiles analizadas (Mackenzie et al., 1988).

Fr dirige la desaparición de la secuencia *pvs* durante la floración. Es así como, la eliminación de secuencia *pvs* en el desarrollo de la megaspora resulta en la restauración permanente de la fertilidad en la próxima generación, sin embargo, la eliminación completa de *pvs* del tejido reproductivo requiere de dos dosis de alelos *Fr* o la ausencia de *fr* en los individuos F_2 (Johns et al., 1992).

A diferencia del gen *Fr*, el gen *Fr2* restaura la fertilidad (Mackenzie, 1991; He et al., 1995) sin alterar la organización del genoma mitocondrial inductor de esterilidad o el patrón de transcripción de *pvs*, sino que, suprimiendo la expresión de la macho esterilidad asociada a la secuencia mitocondrial, *pvs* (Mackenzie, 1991; Chase, 1993; He et al., 1995). En este esquema, cuando *Fr2* suprime el efecto de *pvs*, la presencia de *Fr* no dirige la eliminación de la secuencia mitocondrial *pvs* (He et al., 1995).

Organización genética-molecular de la planta de frejol

Contenido de ADN. La cantidad de ADN, 1C es de 0,60 pg (Leitch et al., 2019). Por otro lado, estimaciones del contenido de ADN (2C) indican valores de 1,56 a 1.,9 pg (Castagnaro et al., 1990); 2,7 pg (Bennett et al., 1982); 3,6 pg (Ayonoadu, 1974); y de 1,40 a 1,53 pg (Nagl y Treviranus, 1995). En estos estudios no se han informado de diferencias en el contenido de ADN entre los dos acervos genéticos Andino y Mesoamericano (Nagl y Treviranus, 1995).

Genoma nuclear. El frejol es una planta que posee un genoma nuclear de 637 Mb (Arumuganathan y Earle, 1991), de 587 Mb para un genotipo Andino (Schmutz et al., 2014), y de 550 Mb para una accesión Mesoamericana (Vlasova et al., 2016), con una estimación preliminar de 27.197 *loci* que codifican proteínas y 4.491 transcriptos alternativos (Schmutz et al., 2014). El análisis de una accesión 'Flavert' tipo 'Flageolet', originaria de Francia indicó un tamaño del genoma de 566 Mb y 29.549 genes codificadores de proteínas (Carrere et al., 2023).

El análisis completo de genes del frejol ('pan genome'), representado por cinco genomas de alta calidad y la lectura completa de 339 genotipos reveló un tamaño del genoma de alrededor 779 Mb, con 34.338 genes codificadores de proteínas (Cortinovis et al., 2024), lo que significó un mayor tamaño del genoma que el publicado como referencia (Schmutz et al., 2014) en 234 Mb y 6.905 genes codificadores de proteínas (Cortinovis et al., 2024).

Genoma del cloroplasto (cp) y la mitocondria (mt). El tamaño del genoma del cloroplasto del frejol es de 155 Mb y contiene 131 genes, 85 genes que codifican proteínas, 37 tARN y 8 rARN (Meng y Li, 2018). Por otro lado, el tamaño del genoma mitocondrial del frejol posee un tamaño de 395 Mb, que incluye 31 genes que codifican proteínas, 15 genes de ARNs de transferencia (tARN) y 3 ARNs ribosomales (rARN) (Bi et al., 2020).

Características citogenéticas. El frejol es una planta que posee 22 cromosomas (Weinstein, 1926), pequeños, morfológicamente similares entre ellos y con un tamaño que puede variar entre 1,5 a 3,0 µ (Sarbhoy, 1978). El tamaño reducido de sus cromosomas ha dificultado su estudio con las técnicas citogenéticas tradicionales, sin embargo, en las últimas décadas el uso de la hibridación fluorescente *in situ* ha permitido tener un mayor conocimiento citológico de la

especie. Esta información ha permitido desarrollar mapas citogenéticos (Moscone et al., 1999; Pedrosa-Harand et al., 2006; 2009; Fonsêca et al., 2010; Bonifacio et al., 2012).

La comparación entre los mapas citogenéticos ha permitido señalar que existe una variación en el número (Moscone et al., 1999; Pedrosa-Harand et al., 2006), y tamaño de genes ribosomales entre el acervo Andino y Mesoamericano. En base a ello, se indica que esta variación habría ocurrido posiblemente después de la divergencia de los dos acervos genéticos principales (Pedrosa-Harand et al., 2006). Otros estudios han detectado diferencias en las secuencias repetidas presentes en diferentes variedades de frejol, lo que sugiere un rápido aumento/reducción de secuencias específicas dentro del genoma (Iwata-Otsubo et al., 2016). Sin embargo, otros estudios han informado de una estabilidad general del cariotipo de los genotipos estudiados dentro de la especie (Altrock et al., 2011; Bonifacio et al., 2012)

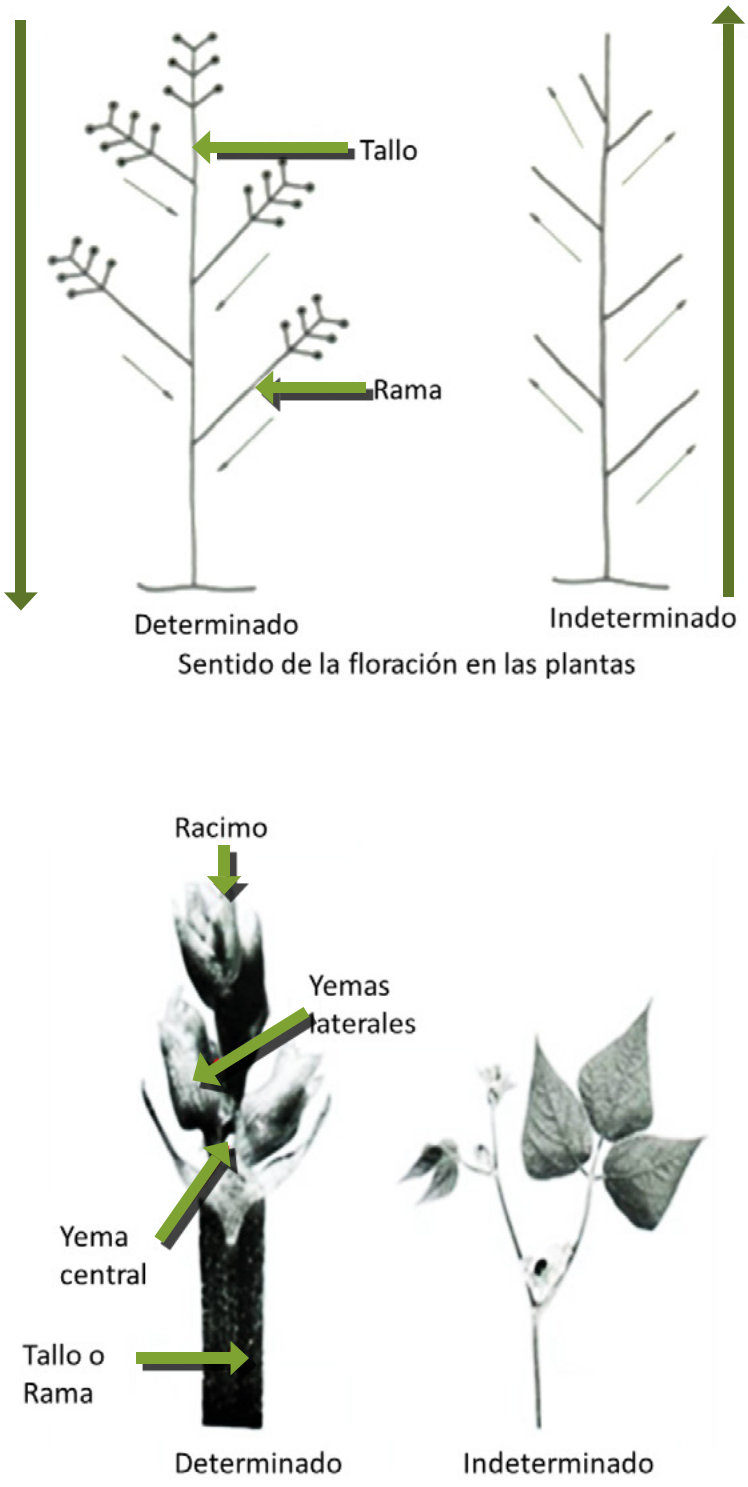
En relación a la composición del genoma, se indica que alrededor de un 48 % del genoma está constituido de heterocromatina y que los genes y secuencias repetidas se encuentran entremezclados en la eucromatina y heterocromatina. Por otro lado, se informa que el 52 % de la eucromatina está formada principalmente, por secuencias de copia simple que se encuentra intercalada y dispersa con secuencias repetidas (Fonseca et al., 2010), y que en las zonas de heterocromatina existe un bajo porcentaje de recombinación (Pedrosa-Harand et al., 2009). Otros estudios señalan que la distribución de las secuencias repetidas ubicadas en el centrómero y en los satélites subteloméricos son estables, pero que el número de secuencias repetidas es variable, lo que sugiere una rápida evolución de las secuencias repetidas del centrómero y de los satélites subteloméricos (Iwata-Otsubo et al., 2016).

Clasificación agronómica del frejol

Razas cultivadas. Las razas del frejol se formaron durante el proceso de domesticación alrededor de 8.000 años atrás (Weller et al., 2019). Es así como, en el acervo genético Mesoamericano, se distinguen cuatro razas: Durango, Jalisco, Mesoamérica y Guatemala (Singh et al., 1991; Díaz y Blair, 2006), y en el acervo Andino, las razas Nueva Granada, Perú y Chile (Singh et al., 1991a; Beebe et al., 2001; Becerra et al., 2010). Estas razas han logrado a través del tiempo diferenciarse en diferentes características adaptativas, morfológicas y moleculares (Gepts et al., 1986; Kelly, 2004; Blair et al., 2006; 2009).

Clases comerciales. Dentro de cada acervo genético se pueden distinguir varias clases comerciales. Es así como, en el acervo Mesoamericano, se pueden distinguir las clases comerciales 'pinto', 'navy' (arroz), 'great northern', 'black' (negro), y 'small red' (rojo pequeño). Mientras, en el acervo Andino se encuentran en la raza Nueva Granada la clase comercial 'kidney' (Singh et al., 1991), en la raza Chile, 'tórtola', y 'coscorrón', entre otras (Paredes y Gepts, 1995) y en la raza Perú, 'canario', 'bayo', entre otras (Singh et al., 1991; Voysest, 1983). Finalmente, dentro de cada clase comercial, se pueden distinguir variedades locales ('landraces'), y variedades mejoradas (Voysest, 1983; Voysest y Dessert, 1991; Paredes y Gepts, 1995).

Otros criterios de clasificación. El germoplasma de frejol se puede clasificar también en base a su: a) Forma de consumo; vaina verde, granado y grano seco; b) Periodo de crecimiento; precoces, semi-precoces y tardíos; c) Hábito de crecimiento; determinado (tipo I) e indeterminado (tipo II, III, IV) (Fig. 2). En este caso, cada hábito de crecimiento se puede subdividir en diferentes tipos y subtipos. Por ejemplo, el tipo I se puede dividir en enano y arbustivo erecto; el tipo II en IIa y IIb y el III en IIIa y IIIb, basado en el largo de sus entrenudos y guía que le da una menor o mayor capacidad de trepar; y tipo IV, trepador que se puede subdividir en IVa y IVb, basado en la distribución de sus vainas en la planta (Voysest y Dessert, 1991).



Fuente: Debouck e Hidalgo, 1985; Fernández et al., 1985.

Figura 2. Frejol determinado e indeterminado.

Referencias

Acosta-Gallegos, J., Kelly, J., Gepts, P. 2007. Prebreeding in common bean and use of genetic diversity from wild germplasm. Crop Sci. 47(S3):S44-S59.

Agbo, F., Wood, D. 1977. Observation of male sterility in dry beans. Ann. Rep. Bean Improv. Coop. 20:49-50.

Altrock, S., Fonseca, A., Pedrosa-Harand, A. 2011. Chromosome identification in the Andean common bean accession G19833 (*Phaseolus vulgaris* L., Fabaceae). Genet. Mol. Biol. 34(3):459-463.

Angioi, S., Rau, D., Nanni, L., et al. 2011. The genetic make-up of the European landraces of the common bean. Plant Genet. Resour. 9:197-201.

Ariani, A., Berny Mier y Teran, J., Gepts, P. 2018. Spatial and temporal scales of range expansion in wild *Phaseolus vulgaris*. Mol. Biol. Evol. 35:119-131.

Ariani, A., Gepts, P. 2019. Signatures of environmental adaptation during range expansion of wild common bean (*Phaseolus vulgaris*). Biorxiv. doi: https://doi.org/10.1101/571042.

Arumuganathan, K., Earle, E. 1991. Nuclear DNA content of some important plant species. Plant Mol. Biol. Rep. 9 (3):208-218.

Asfaw, A., Blair, M., Almekinders, C. 2009. Genetic diversity and population structure of common bean (*Phaseolus vulgaris* L.) landraces from the East African highlands. Theor. Appl. Genet. 120:1-12.

Ayonoadu, U. 1974. Nuclear DNA variation in *Phaseolus*. Chromosoma 48: 41-49.

Bassett, M., Shuh, D. 1982. Cytoplasmic male sterility in common bean. J. Am. Soc. Hort. Sci. 107:791-793.

Becerra, V., Paredes, M., Debouck, D. 2011. Genetic relationships of common bean (*Phaseolus vulgaris* L.) race Chile with wild Andean and Mesoamerican germplasm. Chilean J. Agric. Res. 71(1):3-15.

Becerra, V., Paredes, M., Rojo, C., et al. 2010. Microsatellite marker characterization of Chilean common bean (*Phaseolus vulgaris* L.) germplasm. Crop Sci. 50:1932-1941.

Becerra-Velasquez, V., Gepts, P. 1994. RFLP diversity in common bean (*Phaseolus vulgaris* L.). Genome 37:256-263.

Bellon, M., Barrientos-Priego, F., Colunga-García, P., et al. 2009. Diversidad y conservación de recursos genéticos en plantas cultivadas (pp. 55-382). En J. Sarukhan, R. Dirzo, I. March (eds.) Capital natural de Mexico, vol. II: estado de conservación y tendencias de cambio. Conabio, México.

Bellucci, E., Benazzo, A., Xu, C., et al. 2023. Selection and adaptive introgression guided the complex evolutionary history of the European common bean. Nat. Commun. 14:1908.

Bellucci, E., Bitocchi, E., Ferranini, A., et al. 2014a. Decreased nucleotide and expression diversity and modified coexpression patterns characterize domestication in the common bean. Plant Cell 26:1901-1912.

Bellucci, E., Bitocchi, E., Rau, D., et al. 2014b. Genomics of origin, domestication and evolution of *Phaseolus vulgaris* (pp. 483-507). In R. Tuberosa, A. Graner, E. Frison (eds.), Genomics of Plant Genetic Resources, Springer Netherlands, Dordrecht, Netherlands.

Bi, C., Lu, N., Xu, Y. 2020. Characterization and analysis of the mitochondrial genome of common bean (*Phaseolus vulgaris*) by comparative genomic approaches. Int. J. Mol. Sci. 21(11):3778.

Bitocchi, E., Bellucci, E., Giardini, A., et al. 2013. Molecular analysis of the parallel domestication of the common bean (*Phaseolus vulgaris*) in Mesoamerica and the Andes. N. Phytol. 197:300–313.

Bitocchi, E., Nanni, L., Bellucci, E., et al. 2012. Mesoamerican origin of the common bean (*Phaseolus vulgaris* L.) is revealed by sequence data. Proc. Natl. Acad. Sci. 109: E788–E796.

Blair, M., Diaz, J., Duque, M., et al. 2007. Evidencia molecular de diferenciación genética e introgresión entre razas de frijol común del acervo Andino. Acta Agron. 56(4):165-170.

Blair, M., Díaz, L., Buendia, H., et al. 2009. Genetic diversity, seed size associations and population structure of a core collection of common beans (*Phaseolus vulgaris* L.). Theor. Appl. Genet. 119(6):955-972.

Blair, M., Díaz, L., Gill-Langarica, H., et al. 2011. Genetic relatedness of Mexican common bean cultivars revealed by microsatellite markers. Crop. Sci. 51(6):2655-2667.

Blair, M., Lorigados, S. 2016. Diversity of common bean landraces, breeding lines, and varieties from Cuba. Crop Sci. 56:322-330.

Blair, M., Soler, A., Cortés, A. 2012. Diversification and population structure in common beans (*Phaseolus vulgaris* L.). PLoS ONE 7(11):e0049488.

Bonifacio, E., Fonseca, A., Almeida, C., et al. 2012. Comparative cytogenetic mapping between the lima bean (*Phaseolus lunatus* L.) and the common bean (*P. vulgaris* L.). Theor. Appl. Genet. 124(8):1513-1520.

Brunner, B., Beaver, J. 1989. Estimation of outcrossing of the common bean in Puerto Rico. HortSci. 24(4):669-671.

Calles, T., del Castello, R., Baratelli, M., et al. 2019. The international year of pulses-final report. Rome. FAO. 40 p.

Carrere, S., Mayjonade, Lalanne, D., et al. 2023. First whole genome assembly and annotation of a European common bean cultivar using PacBio HiFi and Iso-Seq data. Data in Brief 48:109182.

Castagnaro, A., Poggio, L., Naranjo, C. 1990. Nuclear DNA content variation in *Phaseolus* (Fabaceae). Darwiniana 30:195-200.

Chacón-Sánchez, S., Pickersgill, M., Debouck, D., et al. 2007. Phylogeographic analysis of the chloroplast DNA variation in wild common bean (*Phaseolus vulgaris* L.) in the Americas. Plant Syst. Evol. 266:175-195.

Chase, C. 1994. Expression of CMS unique and flanking mitochondrial DNA sequences in *Phaseolus vulgaris* L. Curr. Genet. 25:245-251.

Chase, C., Ortega, V. 1992. Organization of ATPA coding and 3' flanking sequences associated with cytoplasmic male sterility in *Phaseolus vulgaris* L. Curr. Genet. 22:147-153.

Cichy, K., Porch, T., Beaver, J., et al. 2015. A *Phaseolus vulgaris* diversity panel for Andean bean improvement. Crop Sci. 55:2149-2160.

Cortinovis, G., Frascarelli, G., Di Vittori, V., et al. 2020. Current state and perspectives in population genomics of the common bean. Plants 9:330.

Cortinovis, G., Oppermann, M., Neumann, K., et al. 2021. Towards the development, maintenance, and standardized phenotypic characterization of single-seed-descent genetic resources for Common bean. Curr. Protoc. 1:(5):e133.

Cortinovis, G., Vincenzi, L., Anderson, R., et al. 2024. Adaptive gene loss in the common bean pangenome during range expansion and domestication. Nat. Commun. 15:6698.

De Ron, A., González, A., Rodiño, A., et al. 2016. History of the common bean crop: Its evolution beyond its areas of origin and domestication. Arbor 192 (779):a317.

Debouck, D. 1988. *Phaseolu*s germplasm exploration (pp. 3-29). In P. Gepts (ed.). Genetic resources of *Phaseolus* beans. Kluwer Academic Publishers, Dordrecht, The Netherlands.

Debouck, D. 1999. Systematics and morphology (pp. 55-118). In A. Van Schoonhoven, O. Voysest (eds.). Common Beans: Research for Crop Improvement. Commonwealth Agricultural Bureaux International, Wallingford, UK.

Debouck, D. 2021. *Phaseolus* beans (Leguminosae, Phaseoleae): A checklist and notes on their taxonomy and ecology. J. Bot. Res. Inst. Texas 15:73-111.

Debouck, D., Hidalgo, R. 1985. Morfología de la planta de frijol común (pp. 7-41). En M. López, F. Fernández, A. van Schoonhoven (eds.). Frijol: investigación y producción. Centro Internacional de Agricultura Tropical, CIAT, Cali, Colombia. 417p.

Debouck, D., Santaella, M., Santos, L. 2021. History and impact of a bean (*Phaseolus* spp., Leguminosae, Phaseoleae) collection. Genetic Res. 2(4):21-43.

Debouck, D., Toro, O., Paredes, M., et al. 1993. Genetic diversity and ecological distribution of *Phaseolus vulgaris* in north-western South America. Econ. Bot. 47: 408-423.

Delfini, J., Moda-Cirino, V., Dos Santos Neto, J., et al. 2021. Population structure, genetic diversity and genomic selection signatures among a Brazilian common bean germplasm. Sci. Rep. 11:2694.

Delgado-Salinas, A., Bibler, R., Lavin, M. 2006. Phylogeny of the genus *Phaseolus* (Leguminosae): A recent diversification in an ancient landscape. Syst. Bot. 31: 779-791.

Delgado-Salinas, A., Bonet, A., Gepts, P. 1988. The wild relative of *Phaseolus vulgaris* in Middle America (pp. 163-184). In P. Gepts (ed.). Genetic resources of *Phaseolus* beans. Kluwer Academic Publishers, Dordrecht, Netherlands.

Desiderio, F., Bitocchi, E., Bellucci, E., et al. 2013. Chloroplast microsatellite diversity in *Phaseolus vulgaris*. Front. Plant Sci. 3:312.

Díaz, L., Blair, M. 2006. Race structure within the Mesoamerican gene pool of common bean (*Phaseolus vulgaris* L.) as determined by microsatellite markers. Theor. Appl. Genet. 114:143-154.

Díaz, L., Buendía, H., Duque M., et al. 2011. Genetic diversity of Colombian landraces of common bean as detected through the use of silver-stained and fluorescently labelled microsatellites. Plant Genet. Resour. 9(1):86-96.

Duran, L., Blair, M., Giraldo, M., et al. 2005. Morphological and molecular characterization of common bean landraces and cultivars from the Caribbean. Crop Sci. 45:1320-1328.

Ferreira, J., Alvarez, E., Fueya, M., et al. 2000. Determination of the outcrossing rate of *Phaseolus vulgaris* L. using seed protein markers. Euphytica 113 (3):259-263.

Fonseca, A., Ferreira, J., Dos Santos, T., et al. 2010. Cytogenetic map of common bean (*Phaseolus vulgaris* L.). Chromosome Res. 18(4):487-502.

Frascarelli, G., Galise, T., D`Agostino, N., et al. 2025. The evolutionary history of the common bean (*Phaseolus vulgaris*) revealed by chloroplast and nuclear genomes analysis. Theor. Appl. Genet. 138:47.

Frazier, W. 1967. Sterile bean lines. Ann. Rep. Bean Improv. Coop. 10:15.

Freytag, G., Debouck, D. 2002. Taxonomy, distribution, and ecology of the genus *Phaseolus* (Leguminosae- Papiliodoideae) in North America, Mexico and Central America. Sida, Bot. Misc., Bot. Res. Inst. Texas, USA.

Gálvez, G. (ed.). 1991. Manual de recetas culinarias de frijol. Programa de frijol de CIAT para la zona Andina, Profriza. Lima, Perú.

Gentry, H. 1969. Origin of the common bean, *Phaseolus vulgaris*. Econ. Bot. 23(1):55-69.

Gepts, P., Bliss, F. 1985. F_1 hybrid weakness in the common bean: differential geographic origin suggests two gene pool in cultivated bean germplasm. J. Hered. 76(6):447-450.

Gepts, P., Debouck, D. 1991. Origin, domestication and evolution of the common bean (*Phaseolus vulgaris* L.) (pp. 7-53). In A. van Schoonhoven, O. Voysest (eds.). Common beans. Research for crop improvement. C.A.B. International. Wallinford, UK. 980p

Gepts, P., Osborn, T., Rashka, K., et al. 1986. Phaseolin-protein variability in wild forms and landraces of the common bean (*Phaseolus vulgaris*): Evidence for multiple centers of domestication. Econ. Bot. 40:451-468.

Gioia, T., Logozzo, G., Attene, G., et al. 2013. Evidence for introduction bottleneck and extensive intergene pool (Mesoamerica x Andes) hybridization in the European common bean (*Phaseolus vulgaris* L.) germplasm. PLoS ONE 8(10):e75974.

Guzmán, O., Gilbertson, R., Nodari, R., 1995. Characterization of variability in the fungus *Phaeoisariopsis griseola* suggests coevolution with the common bean (*Phaseolus vulgaris*). Phytopathology 85:600-607.

Harlan, J., De Wet, J. 1971. Toward a rational classification of cultivated plants. Taxon 20:509-517.

He, S., Lyznik, A., Mackenzie, S. 1995. Pollen fertility restoration by nuclear gene *Fr* in CMS bean: nuclear-directed alteration of a mitochondrial population. Genetics 139:955-962.

He, S., Yu, Z., Vallejos, E., et al. 1995. Pollen fertility restoration by nuclear gene *Fr* in CMS common bean: An *Fr* linkage map and the mode of *Fr* action. Theor. Appl. Genet. 90:1056-1062.

Hervieu, F., Charbonnier, L., Bannerot, H., et al. 1993. The cytoplasmic male-sterility (CMS) determinant of common bean is widespread in *Phaseolus coccineus* L. and *Phaseolus vulgaris* L. Curr. Genet. 24(1-2):149-155.

Ibarra-Pérez, F., Ehdai, B., Waines, J. 1997. Estimation of outcrossing rate in common bean. Crop Sci. 37(1):60-65.

Ibrahim, A., Coyne, D., Emery, G. 1974. Male sterility and stigma shape alteration in *Phaseolus vulgaris*. Ann. Rep. Bean Improv. Coop. 17:48-49.

Islam, F., Basford, K., Jara, C., et al. 2002. Seed compositional and disease resistance differences among gene pools in cultivated common bean. Genet. Resour. Crop Evol. 49: 285-293.

Islam, F., Basford, K., Redden, R., et al. 2002. Patterns of resistance to angular leaf spot, anthracnose and common bacterial blight in common bean germplasm. Aust. J. Exp. Agric. 42(4):481–490.

Iwata-Otsubo, A., Radke, B., Findley, S., et al. 2016. Fluorescence *in situ* hybridization (FISH)-based karyotyping reveals rapid evolution of centromeric and subtelomeric repeats in common bean (*Phaseolus vulgaris*) and relatives. G3, Genes Genomes Genet. 6(4):1013-1022.

Janska, H., Mackenzie, S. 1993. Unusual mitochondrial genome organization in cytoplasmic male sterile common bean and the nature of cytoplasmic reversion to fertility. Genetics 135:869-879.

Johns, C., Lu, M., Lyzni. A., et al. 1992. A mitochondrial DNA sequence is associated with abnormal pollen development in cytoplasmic male sterile bean plants. Plant Cell 4:435-449.

Kami, J., Becerra, V., Debouck, D., et al. 1995. Identification of presumed ancestral DNA sequences of phaseolin in *Phaseolus vulgaris*. Proc. Natl. Acad. Sci. 92: 1101-1104.

Kelly, J. 2004. Advances in common bean improvement: some case histories with broader applications. Acta Hort. 637: 99-122.

Koinange, E., Gepts, P. 1992. Hybrid weakness in wild *Phaseolus vulgaris* L. J. Hered. 83 (2)135-139.

Kuzay, S., Hamilton-Conaty, P., Palkovic A., et al. 2020. Is the USDA core collection of common bean representative of genetic diversity of the species, as assessed by SNP diversity. Science 60:1398-1414.

Kwak, M., Gepts, P. 2009. Structure of genetic diversity in the two major gene pools of common bean (*Phaseolus vulgaris* L., Fabaceae). Theor. Appl. Genet. 118:979-992.

Labaton, J., Miller, T., Gil, J., et al. 2018. Resequencing of common bean identifies regions of inter-gene pool introgression and provides comprehensive resources for molecular breeding. Plant Genome 11:170068.

Leitch, J., Johnston, E., Pellicer, J., et al. 2019. *Phaseolus vulgaris* L. In Plant DNA C-values database. https://cvalues.science.kew.org/search/angiosperm.

Lioi, L., Piergiovanni, A. 2013. European common bean (pp. 11-40). In M. Singh, H. Upadhyaya, I. Singh (eds.). Genetic and genomic resources of grain legume improvement, Elsevier, London.

Mackenzie, S. 1991. Identification of a sterility-inducing cytoplasm in a fertile accession line of *Phaseolus vulgaris* L. Genetics 127:411-416.

Mackenzie, S., Basset, M. 1986. Cytoplasmic male sterility in common bean. HortSci. 21(3):715.

Mackenzie, S., Bassett, M. 1987. Genetics of fertility restoration in cytoplasmic male sterile *Phaseolus vulgaris* L. Theor. Appl. Genet. 74:642-645.

Mackenzie, S., Chase, C. 1990. Fertility restoration is associated with loss of a portion of the mitochondrial genome in cytoplasmic male-sterile common bean. Plant Cell 2:905-912.

Mackenzie, S., Pring, D., Bassett, M., et al. 1988. Mitochondrial DNA rearrangement associated with fertility restoration and cytoplasmic reversion to fertility in cytoplasmic male sterile *Phaseolus vulgaris* L. Proc. Natl. Acad. Sci. USA 85:2714-2717.

Mamidi, S., Rossi, M., Annam, D., et al. 2011. Investigation of the domestication of common bean (*Phaseolus vulgaris*) using multilocus sequence data. Funct. Plant Biol. 38:953-967.

Mamidi, S., Rossi, M., Moghaddam, S., et al. 2013. Demographic factors shaped diversity in the two gene pools of wild common bean *Phaseolus vulgaris* L. Heredity 110:267-276.

Meng, X., Li, M. 2018. Characterization of the complete chloroplast genome of the common bean, *Phaseolus vulgaris* L. Mitochondrial DNA B Resources 3(2):918-920.

Miller, R., Khoury, C. 2018. The gene pool concept applied to crop wild relatives: An evolutionary perspective (pp. 1-22). In S. Greene, K. Williams, C. Khoury, et al. (eds.) North American crop wild relatives: conservation strategies. Springer.

Moscone, E., Klein, F., Lambrou, M., et al. 1999. Quantitative karyotyping and dual-color FISH mapping of 5S and 18S-25S rDNA probes in the cultivated *Phaseolus* species (Leguminosae). Genome 42(6):1224-1233.

Mutschler, M., Bliss, F. 1980. Genetic male sterility in the common bean (*Phaseolus vulgaris* L.). J. Am. Soc. Hort. Sci. 105(2):202-205.

Nagl, W., Treviranus, A. 1995. A flow cytometric analysis of the nuclear 2C DNA content in 17 *Phaseolus* species (53 genotypes). Bot. Acta 108(5):403-406.

Papa, R., Belluci, E., Rossi, M., et al. 2007. Tagging the signatures of domestication in common bean (*Phaseolus vulgaris*) by means of pooled DNA samples. Ann. Bot. 100:1039-1051.

Papa, R., Gepts, P. 2003. Asymmetry of gene flow and differential geographical structure of molecular diversity in wild and domesticated common bean (*Phaseolus vulgaris* L.) from Mesoamerica. Theor. Appl. Genet. 106:239-250.

Paredes, M., Gepts, P. 1995. Extensive introgression of Middle American germplasm into Chilean common bean cultivars. Genet. Resour. Crop Evol. 42: 29-41.

Parker, T., Acosta, J., Beaver, J., et al. 2023. Genetic resources and breeding priorities in *Phaseolus* bean: Vulnerability, resilience, and future challenges. Plant Breed. Rev. 46:289-420.

Parker, T., Sassoum, L., Gepts, P. 2021. Pod shattering in grain legumes: emerging genetic and environment-related patterns. Plant Cell 33:179-199.

Pastor-Corrales, M., Otoya, M., Molina, A., et al. 1995. Resistance to *Colletotrichum lindemuthianum* isolates from Middle American and Andean South America in different common bean races. Plant Dis. 79:63-67.

Pedrosa-Harand, A., Kami, J., Gepts, P. 2009. Cytogenetic mapping of common bean chromosomes reveals a less compartmentalized small-genome plant species. Chromosome Res. 17(3):405-417.

Pedrosa-Harand, A., Souza de Almeida, C., Mosiolek, M., et al. 2006. Extensive ribosomal DNA amplification during Andean common bean (*Phaseolus vulgaris* L.) evolution. Theor. Appl. Genet. 112(5):924-933.

Prohens, J., Gramazio, P., Plazas, M., et al. 2017. Introgressiomics: A new approach for using crop wild relatives in breeding for adaptation to climate change. Euphytica 213(7):158.

Rana, J., Singh, G., Mohar, G., et al. 2016. Genetic resources of pulse crops in India: An overview. Indian J. Genet. 76(4):420-436.

Rendón-Anaya, M., Herrera-Estrella, A., Gepts, P., et al. 2017a. A new species of *Phaseolus* (Leguminosae, Papilionoideae) sister to *Phaseolus vulgaris*, the common bean. Phytotaxa 313(3):259-266.

Rendón-Anaya, M., Montero-Vargas, J., Saburido-Alvarez, S., et al. 2017b. Genomic history of the origin and domestication of common bean unveils its closest sister species. Genome Biol. 18:60.

Rodiño, P., Santalla, M., González, A., et al. 2006. Novel genetic variation in common bean from the Iberian Peninsula. Crop Sci. 46:2540-2546.

Rodríguez, M., Rau, D., Bitocchi, E., et al. 2016. Landscape genetics, adaptive diversity and population structure in *Phaseolus vulgaris*. New Phytol. 209:1781-1794.

Rossi, M., Bitocchi, E., Bellucci, E., et al. 2009. Linkage disequilibrium and population structure in wild and domesticated populations of *Phaseolus vulgaris* L. Evol. Appl. 2(4):504-522.

Sandlin, C., Steadman, J., Araya, C., et al. 1999. Isolates of *Uromyces appendiculatus* with specific virulence to landraces of *Phaseolus vulgaris* of Andean origin. Plant Dis. 83:108-113. 1999.

Santalla, M., Rodino, A., de Ron, A. 2002. Allozyme evidence supporting southwestern Europe as a secondary center of genetic diversity for the common bean. Theor. Appl. Genet. 104:934-944.

Sarbhoy, R. 1978. Cytological studies in genus *Phaseolus* Linn. I and II. Somatic and meiotic studies in fifteen species of *Phaseolus* (Part 2). Cytologia 43:171-180.

Schmutz, J., MC Clean, P., Mamidi, S., et al. 2014. A reference genome for common bean and genome-wide analysis of dual domestications. Nat. Genet. 46(7):707-713.

Shii, C., Temple, S., Mok, D. 1980. Expression of developmental abnormalities in hybrids of *Phaseolus vulgaris* L.: Interaction between temperature and allele dosage. J. Hered. 71(4):218-222.

Singh, S., Gepts, P., Debouck, D. 1991a. Races of common bean (*Phaseolus vulgaris*, Fabaceae). Econ. Bot. 45: 379-396.

Singh, S., Gutiérrez, J. 1984. Geographical distribution of the *DL1* and *DL2* genes causing hybrid dwarfism in *Phaseolus vulgaris* L., their association with seed size, and their significance to breeding. Euphytica 33(2):337-345.

Singh, S., Schwartz, H. 2010. Breeding common bean for resistance to diseases: A review. Crop Sci. 50(6):2199-2223.

Singh, S., White, J., Gutiérrez, J. 1980. Male sterility in dry beans. Ann. Rep. Bean Improv. Coop. 23:55-57.

Smartt, J. 1981. Gene pools in *Phaseolus* and *Vigna* cultigens. Euphytica 30:445-449.

Tohme, J., González, D., Beebe, S., et al. 1996. AFLP analysis of gene pools of a wild bean core collection. Crop Sci. 36(5):1375-1384.

Toro, O., Tohme, J., Debouck, D. 1990. Wild bean (*Phaseolus vulgaris* L.): Description and distribution. In Centro Internacional de Agricultura Tropical (CIAT); International Board for Plant Genetic Resources (IBPGR). CIAT. Publication Nº 181. Cali, Colombia. 109p.

USDA 2025. Classification for kingdom Plantae down to species *Phaseolus vulgaris* L. In USDA plants database classification/81861. https://plants.usda.gov/classification/81861.

Van Rheenen, H., Muigai, S., Kitivo, D. 1979. Male sterility in beans (*Phaseolus vulgaris* L). Euphytica 28(3):761-763.

Vlasova, A., Capella-Gutierrez, S., Rendón-Anaya, M., et al. 2016. Genome and transcriptome analysis of the Mesoamerican common bean and the role of gene duplications in establishing tissue and temporal specialization of genes. Genome Biol. 17:32.

Voysest. O. 1983. Variedades de frijol en America Latina y su origen. Centro Internacional de Agricultura Tropical, CIAT. Cali, Colombia. 87p.

Voysest, O. 2000. Mejoramiento genético del frijol (*Phaseolus vulgaris* L.). Legado de variedades de América Latina 1930-1999. Centro Internacional de Agricultura Tropical, CIAT. Cali, Colombia.

Wallace, D. 1980. Adaptation of *Phaseolus vulgaris* to different environments (pp. 349-357). In R. Summerfield, A. Bunting (eds.). Advances in legume science. Royal Botanic Gardens, Kew, Surrey, England.

Weinstein, A. 1926. Cytological studies on *Phaseolus vulgaris*. Am. J. Bot. 13(4):248-263.

Wells, W., Isom, H., Waines, J. 1988. Outcrossing rates of six common bean lines. Crop Sci. 28:177-178.

Wu, J., Wang, L., Fu, J., et al. 2020. Resequencing of 683 common bean genotypes identifies yield component trait associations across a north–south cline. Nat. Genet. 52:118-125.

Capítulo 2. ¿Cómo nombramos a los porotos migrantes de Chile?... ¿por qué migraron a Chile?

Daniel Debouck.

Resumen

El propósito de este ensayo es doble: primero, verificar los nombres correctos de las especies de frejol presentes en Chile y segundo intentar comprender las razones de su presencia en Chile. Las dos legumbres comestibles de este estudio se conocían y se siguen conociendo por los nombres vernáculos asignados por el pueblo quechua en la costa de Perú y el norte de Chile, coincidiendo con la máxima expansión del Tahuantinsuyo (Tawantinsuyo) y el contacto europeo. Más allá de las formas biológicas y los acervos genéticos, mientras se define el origen biológico de ambos cultivos, los nombres menos controvertidos son *Phaseolus vulgaris* L. para todas las variedades de frejol común, y *Phaseolus lunatus* L. para todas las variedades de frejol de lima. El nombre de *P. pallar* Molina, se ha considerado carente de propósito. Ambas leguminosas alimenticias, se introdujeron en Chile como cultivos en proceso de domesticación, probablemente, provenientes de diferentes lugares de los Andes. Su éxito en los cuatro sistemas agrícolas precolombinos, es decir, para hacer frente a un clima mediterráneo, parece vinculado a la capacidad ecológica de sus respectivas formas silvestres y seguramente a las habilidades de los antiguos araucanos.

> Anderson, en 1952, hizo una observación tantas veces verificada: "The great paradox that our commonest plants are the least known has given rise to a greater one, that this perilous situation is very generally unsuspected" (La gran paradoja de que nuestras plantas más comunes sean las menos conocidas ha dado lugar a una mayor: que esta peligrosa situación es, por lo general, insospechada), la cual también vale para las cinco especies cultivadas de *Phaseolus* (ver en el mismo libro de Anderson (1997) las observaciones sobre *P. vulgaris* y *P. lunatus*).

Los antepasados de los Araucanos cruzaron la Beringia hace al menos 20.000 años antes del presente (a.P.) (Dillehay, 2000; Gruhn, 2020). Motivados por la comida encontrada, por la caza y la recolección siguieron hacia el sur y llegaron a Monte Verde, al occidente de Puerto Montt, hace 14.600 años (Willerslev y Meltzer, 2021). No practicaron la agricultura, la cual probablemente fue importada y adaptada; no encontraron porotos en estado silvestre (Lackey, 1983; Debouck, 2021), los cuales fueron importados durante su proceso de domesticación. Es notable que, en los cuatro sistemas agrícolas precolombinos chilenos inventariados y estudiados (Montaldo-Bustos, 1988), tanto el frejol común como el haba de lima fueron conocidos por sus nombres en idioma quechua: purutu y pallar, respectivamente (Soukup, 1986; Academia Mayor de la Lengua Quechua, 1995). Sin embargo, los Mapuches habían notado las claras diferencias entre ambos cultivos y tenían para el poroto el nombre 'dengüll', mientras que para el pallar usaban la palabra quechua 'ayayo' aparte de 'pallar' (Wilhelm de Mösbach, 1992). Estos nombres dejan entrever vías distintas y/o fechas diferentes de introducción hacia el territorio chileno (Debouck, este volumen), ambos cumplieron un papel agronómico y nutricional.

Tratando de colocar el nombre correcto al poroto

Linaeus (1753), describió brevemente el poroto, cabe destacar que, para su descripción usa una planta cultivada en el jardín de Uppsala, Suecia (según Verdcourt, 1971), y reconoce que es un cultivo común en las huertas de Europa, por lo tanto, lo nombra '*vulgaris*'. Deja un espécimen de referencia (899-1), hoy en el Herbario LINN en Londres e indica que la planta era originaria de la India. Posteriormente, varios botánicos (de Candolle, 1825; Don, 1832; Bentham, 1840; Dietrich, 1847), por no tener más elementos a su disposición dejan las cosas en este estado. De Candolle (1883), empezó a dudar sobre este origen asiático, pues entendió el significado de los granos encontrados en las tumbas precolombinas en el Perú (de Rochebrune, 1879), y sugirió un origen americano. Hassler (1923), indica: 'Patria: America tropica et calida', sin más detalle. Tal vez, debido a la ausencia de formas silvestres conocidas Piper (1926), no mencionó a *P. vulgaris* en sus 'Studies of American Phaseolineae'. Los exploradores rusos (Bukasov, 1930; Vavilov, 1931), encontraron una gran diversidad en México (una observación hecha antes por Rose, 1899) y América Central, dejando suponer una diversificación temprana en esta región.

El botánico Burkart (1941), menciona formas silvestres de poroto que encontró en Salta, Argentina. Posteriormente, se confirman estos datos para Jujuy y Tucumán (Bukart,1952). Mientras tanto, de manera independiente, el geógrafo McBryde (1947) indica la presencia de la planta silvestre llamada 'cumatz', la cual tiene características cercanas al frejol cultivado en Guatemala, en la región de las Huistas de Huehuetenango. En las décadas de 1930-1940, los botánicos Standley y Molina, dejan muestras de frejol silvestre en los Herbarios (ej. *Standley 57988* (F) encontrado en Chimaltenango, Guatemala; *Molina 731* (BM) encontrado en Francisco Morazán, Honduras (Debouck, 2019b).

Macbride (1943), reportó unos especímenes en Perú, sin aclarar si eran silvestres o escapes del cultivo. Weberbauer (1945), mencionó *P. vulgaris* en la Ceja del Marcapata (Depto. Cuzco, Perú), sin aclarar tampoco esta situación. La presencia de escapes del cultivo ha sido observada en varios sectores de los Andes (Beebe et al., 1997). Mientras que Burkart (1952), describe *Phaseolus aborigineus* de los bosques subhúmedos del noroeste argentino y lo relaciona con la forma cultivada del poroto común, dejando una duda sobre el rango del taxon, lo que lo invalida. Burkart y Brücher (1953), indican a *Phaseolus aborigineus* como la forma silvestre del frejol común y reconocen que existe una forma norteña que denominan var. *hondurensis*. Weiseth (1954), confirma los primeros hallazgos de Burkart (1952), y la compatibilidad genética en cruzamientos con la forma cultivada de poroto.

Miranda-Colín (1967), en un estudio exhaustivo de la forma silvestre de *P. vulgaris* en México, concluye que el frejol común tiene su centro primario de diversidad en México-Guatemala. Gentry (1969), luego de varias colectas en 1966 y 1967, presenta la forma ancestral del frejol común; dejando entender que la subespecie *aborigineus* de Suramérica es un escape de cultivares antiguos. Berglund-Brücher y Brücher (1976), elaboran las razones que muestran a la forma silvestre de Suramérica como el ancestro del frejol cultivado, y prefieren conservarla como especie aparte. Baudet (1977), considera esta forma silvestre como una variedad botánica.

Delgado-Salinas et al., (1988), presenta las características de la forma silvestre de *P. vulgaris* var. *mexicanus*, cuyas poblaciones se extienden desde México hasta Nicaragua. Brücher (1988), presentó una síntesis sobre *P. aborigineus* como la especie que generó la planta cultivada a través

de domesticaciones independientes en Mesoamérica y Suramérica. Son también relevantes los descubrimientos de formas silvestres en Costa Rica (Araya-Villalobos et al., 2001) y Nicaragua (Debouck et al., 2008), y su ausencia hasta la fecha en Panamá (Correa et al., 2004).

La compilación anterior deja ver dos hechos: I) Hasta la década de 1930 la forma silvestre ancestral del poroto era desconocida, es decir, el poroto como planta cultivada no tenía un origen biológico claro. Sin embargo, el argumento del origen geográfico americano era probable. II) Sin conocer completamente su distribución, se generaron especulaciones sobre el origen geográfico de este cultivo. A propósito, algunos autores (Heiser, 1965; Harlan, 1975; Evans, 1976), habían presentado la hipótesis de un origen geográfico doble, sobre todo, en base a las diferencias morfológicas (tamaño y patrón de coloración), en las semillas de las formas cultivadas. Hoy observamos una forma silvestre con una gran distribución discontinua de más de 8.000 km, no muchos cultivos tienen una forma ancestral con una distribución tan extensa (Toro-Chica et al., 1990; Debouck, 2021), desde Chihuahua en México (Nabhan, 1985), hasta Córdoba en Argentina (Drewes, 2006), donde en ambos extremos, sin contacto, han comenzado un proceso de especiación. Siguiendo el concepto biológico de una especie, donde todos los individuos podrían intercambiar genes en *panmixia*, es notable que empiece a manifestarse un escaso desarrollo de algunos híbridos entre poblaciones con orígenes geográficos distintos (Koinange y Gepts, 1992).

Los avances en genética molecular dejaron sin base el debate si las poblaciones de Suramérica eran escapes de cultivos o verdaderos silvestres. El ADN de organelos citoplasmáticos, de herencia materna (Corriveau y Coleman, 1988), y de lenta evolución (Wolfe et al., 1987), frente a la corta duración de la domesticación, ha detectado polimorfismos distintos en Mesoamérica y en los Andes, tanto a nivel de cloroplasto (*cp*DNA, Chacón-Sánchez et al., 2007), como de mitocondria (*mt*DNA, Khairallah et al., 1992). De este modo, se pudo definir una red de polimorfismos de *cp*DNA, con una raíz cercana a *P. costaricensis* y *P. dumosus*, especies de la misma sección *Phaseoli* (Freytag y Debouck, 2002; Chacón-Sánchez et al., 2007). La representación gráfica generada por estos haplotipos (Templeton et al., 1987; Templeton, 1998; Avise, 2000), dejó en evidencia las migraciones a través del Istmo de Panamá desde el final del Terciario (Chacón-Sánchez et al., 2007).

Un caso particular: las poblaciones de la depresión andina de Amotape-Huancabamba

Los Andes es la cadena montañosa continua más larga del planeta, de aproximadamente 8.500 km (Graham, 2011). La depresión de Amotape-Huancabamba ocurre entre 5° a 7° 30' latitud sur, marca la separación de los Andes del norte y de los Andes centrales (Graham, 2011), y tiene niveles notables de endemismo (Weigend, 2002). La distribución de *P. vulgaris* silvestre que está en la vertiente oriental de los Andes en Colombia y Venezuela (Brücher, 1988), se interrumpe y pasa a la vertiente occidental en esta depresión, antes de volver a la vertiente oriental a partir de Huánuco (Toro-Chica et al., 1990).

Más de veinte y cinco trabajos (Cuadro 1), han demostrado que las poblaciones de Amotape-Huancabamba (A-H) eran distintas a las otras poblaciones silvestres de *P. vulgaris*. En aquellos trabajos, con un componente filogenético (Chacón-Sánchez et al., 2007; Rendón-Anaya et al., 2017a), se observó la cercanía de *P. vulgaris* con otras especies de la sección *Phaseoli*, la cual ha tenido su mayor diversificación en Mesoamérica (Freytag y Debouck, 2002; Delgado-Salinas

et al., 2006). Entonces, ¿sería este grupo de poblaciones A-H un grupo relictual y testigo de las diversificaciones tempranas de Mesoamérica? Su ubicación en la depresión A-H se explicaría como un refugio, cuando en sectores del Istmo y de los Andes del norte no había condiciones ambientales favorables, antes de la separación de los dos grandes acervos conocidos en estado silvestre (Rendón-Anaya et al., 2017a; Ariani et al., 2018). Algunos autores, han propuesto la migración de semillas hacia la depresión A-H mediante aves migratorias (Ariani et al., 2018; Gepts, 2022). De repente esta explicación no es necesaria, pues sería poco aleatorio que las aves dejen una sola vez las semillas en la ecología favorable de la zona A-H. Además, algunas aves comen la semilla inmadura (o verde), por lo cual, no hay transmisión (Debouck et al., 1993). Los polimorfismos observados a nivel molecular (núcleo y plastos) son más compatibles con una dispersión lenta de la semilla y de las poblaciones, gracias a las variaciones climáticas que, con una distribución rápida por aves, es decir, un modelo de expansión geográfica, diferenciación genética, incompatibilidad de extremos, especiación y extinciones. *Phaseolus vulgaris* no es el único migrante a través del Istmo de Panamá, también migró *Phaseolus lunatus* (Serrano-Serrano et al., 2010), y especies de *Quercus*, *Alnus*, *Persea*, *Chusquea*, *Ipomoea*, *Lupinus*, *Piper*, *Prestoea*, *Puya* y *Solanum* .

Cuadro 1. Reseña de los trabajos que mostraron las diferencias de las poblaciones de Amotape-Huancabamba.

N°	Evidencia (en inglés, por concisión)	Referencia
1	Enzyme systems (14) of young leaves and roots.	Koenig y Gepts, 1989.
2	Novel phaseolin seed protein type ('I').	Koenig et al., 1990.
3	Twenty *mt*DNA RFLPs revealed by 6 restriction endonucleases.	Khairallah et al., 1992.
4	Phaseolin seed protein and 7 enzyme systems.	Debouck et al., 1993.
5	Polymorphisms in *cp*DNA treated by 6 restriction endonucleases.	Schmit et al., 1993.
6	Absence of tandem direct repeats in sequences coding for phaseolin.	Kami et al., 1995.
7	RAPD markers using 14 random primers.	Freyre et al., 1996.
8	AFLP data generated by two primer combinations.	Tohme et al., 1996.
9	Sub-sequence of gene of a-amylase inhibitor.	Gepts et al., 2000.
10	AFLP data generated by two primer combinations.	Beebe et al., 2001.
11	Sequence diversity of intron 1 of dihydroflavonol 4-reductase gene.	McClean et al., 2004.
12	Three *loci* of 45S ribosomal DNA as in *P. coccineus.*	Pedrosa-Harand et al., 2006.
13	ITS sequences.	Chacón-Sánchez et al., 2007.
14	Sequence diversity of 2 non-coding regions of chalcone isomerase gene.	McClean y Lee, 2007.
15	Twenty six unlinked microsatellite *loci* of genomic DNA.	Kwak y Gepts, 2009.
16	Twenty six microsatellite *loci* of genomic DNA from 11 linkage groups.	Kwak et al., 2009.

17	AFLP data generated by 14 primer combinations.	Rossi et al., 2009.
18	PCR-RFLP of 2 regions of *cp*DNA with 31 informative combinations.	Becerra et al., 2011.
19	*cp*DNA barcode markers: one genic region and one spacer.	Nicolè et al., 2011.
20	Nucleotide diversity studied at 5 gene fragments.	Bitocchi et al., 2012.
21	Thirty six microsatellite markers (19 genomic and 17 gene-based).	Blair et al., 2012.
22	Nucleotide diversity studied at 5 gene fragments.	Bitocchi et al., 2013.
23	Commentary on the importance of outgroups.	Cortés, 2013.
24	Over 130 SNPs studied at 100 genes.	Rodríguez et al., 2016.
25	742 DArT markers on genomic DNA.	Mina-Vargas et al., 2016.
26	7.4 mi SNPs, then 600,000 SNPs per chromosome; 55 kb *cp*DNA.	Rendón-Anaya et al., 2017a.
27	SNP diversity studied at over 19,000 *loci* by GBS.	Ariani et al., 2018.

Estas diferencias, han conducido a algunos autores a considerar este grupo de poblaciones como otra especie de la sección *Phaseoli*, hermana a *P. vulgaris* (Rendón-Anaya et al., 2017b). Las poblaciones silvestres al noroeste del Eje Volcánico en México y en el noroeste argentino, tienen diferencias claras para explicar el uso de una var. *mexicanus* y una var. *aborigineus* (Delgado-Salinas et al., 1988). Se necesitan más estudios en el campo en Colombia (especialmente en Antioquia) y en los Andes venezolanos, para ver si se da un reconocimiento formal a las poblaciones silvestres de los Andes del norte (Beebe y Debouck, 2019; Debouck, 2021). Mientras tanto, una var. *vulgaris* para incluir todas las formas cultivadas y los escapes de cultivo (producto de cruzamientos entre formas silvestres y cultivadas (Chacón-Sánchez et al., 2021), no reflejaría este panorama genético complejo. En conclusión, las múltiples introducciones, tanto de la zona Andina como de Mesoamérica, en los tres últimos siglos en Chile, han contribuido a varias introgresiones (Paredes y Gepts, 1995), que indican que el nombre más idóneo para el poroto en Chile es *Phaseolus vulgaris* L.

La confusión de Linneaus sobre el origen geográfico del poroto – y de muchos botánicos después – vino de su rápida difusión en el mundo mediterráneo y en Europa occidental; en 1508, fue reportado en un escrito en Francia (Camus, 1894). Este éxito se basa en la competencia ecológica del poroto con origen Andino. Lo que ocurrió en Europa en el siglo XVI, es un reflejo de lo que pasó en Chile hace 2.000 años o más. ¿Por su migración hacia el sur desde los arranques? de la domesticación en una zona que abarca, desde el sur del Perú hasta el noroeste argentino (Beebe et al., 2001; Chacón-Sánchez et al., 2005; Bitocchi et al., 2013), el poroto ya había superado el filtro del fotoperiodo. Prueba de esta superación está en los restos arqueológicos de poroto en la quebrada de Purmamarca (lat. 23° 43' S.), Jujuy, Argentina, con fecha estimada de 8.000 años a.P. (Tarrago, 1980). El filtro de la coincidencia de temperaturas favorables y precipitaciones moderadas terminando hacia la formación de vainas (Debouck, 2021; Debouck, Cap. N° 6), lo superó gracias al manejo agronómico de los antiguos Araucanos, aprovechando el riego en el norte (Región de Arica y Región de Tarapacá) y el agua residual en la zona central (Región de Coquimbo hasta Región del BíoBío). Además, la ecología de los sitios de las poblaciones silvestres del extremo sur del Perú, Bolivia y noroeste argentino (Cortés et al., 2013), parece haber sido un factor favorable para la aclimatación en Chile, al norte del Desierto de Atacama o directamente al sur. Cabe destacar que, el clima donde crecen las poblaciones silvestres de *P.*

vulgaris es con frecuencia el preferido por la gente. Por ejemplo, en el Valle Central de Costa Rica, la zona ecológica de *P. vulgaris* silvestre es la de alteraciones naturales o humanas de bosques húmedos del piso Premontano y Montano Bajo (Araya-Villalobos et al., 2001), la más intervenida por la gente (Bolaños y Watson, 1993), desde la introducción del cafeto y las hortalizas de clima templado, ambos ligados a la expansión de asentamientos humanos. Cabe notar que, entre las razas precolombinas de poroto (Singh et al., 1991), la raza 'Chile' es la única por desarrollarse bajo un clima mediterráneo (lluvias en invierno).

Tratando de nombrar el pallar

Linnaeus (1753), describe un *Phaseolus lunatus* por la forma de las vainas, cuyo hábitat es Benghala. Deja sólo como referencia 'Berg. viadr. 99', indicación que no se refiere a un espécimen de herbario, sino a una breve descripción de un *Phaseolus benghalensis* realizada por von Bergen (1744). La falta de material de referencia en plantas cultivadas, puede conducir a confusiones, entre ellas la proliferación de nombres en el caso de *P. lunatus* (van Eseltine, 1931; Hedrick, 1972). Por lo cual, Westphal (1974), debido a que esta especie no tiene un espécimen de referencia, definió un neotipo *Westphal 8622*, usando sus colecciones de Etiopía. El autor encontró un espécimen de *Westphal 8622* en las colecciones del Herbario BR (Debouck, 2021).

Linnaeus (1753), mencionó directamente después de *P. lunatus* una cuarta especie: *P. inamoenus*, posiblemente, por la belleza de las semillas 'Habitat in Africa'. La breve descripción hace referencia a una descripción más amplia en Linnaeus (1737). Ambos trabajos no cuentan con ilustraciones; tampoco los Herbarios LINN y CLI tienen un espécimen de referencia, situación que corrigió Westphal en 1974. De Candolle (1825), reconoce una afinidad con *P. lunatus*, y Bentham (1859), lo coloca en sinonimia de *P. lunatus*.

La mayoría de los autores (Hassler, 1923; Piper, 1926; van Eseltine, 1931; Mackie, 1943; Westphal, 1974; Maréchal et al., 1978) acordaron que se trataba de una sola especie, pese a las diferencias morfológicas – muchas de estas relacionadas a la domesticación – resumidas por Bailey (1940). Los cruzamientos entre ambas formas de semillas pequeñas y grandes dieron progenie fértil (Mackie, 1943; Purseglove, 1968; Baudoin, 1990). La hipótesis repetida por años fue que las diferencias eran producto de las selecciones humanas a partir de una forma silvestre encontrada en Guatemala (Mackie, 1943). Sin embargo, Burkart (1952), señaló la presencia de formas silvestres de *P. lunatus* en Salta, Formosa y Jujuy, Argentina. Macbride (1943), indicó la presencia de *P. lunatus* en varios departamentos del oriente en el Perú, pero no indicó si eran poblaciones silvestres, cultivadas o escapes. La presencia de escapes de cultivos en *P. lunatus* en regiones tropicales calientes y con estación seca, cobra importancia frente a su escasa ocurrencia en *P. vulgaris*, pues se los han señalados en varias partes de África (Verdcourt, 1971; Ghana: G25246B (CIAT, 2022); Kivu: Maréchal et al., 1978), luego de 2-4 siglos de introducción.

Sin embargo, todo cambió con el descubrimiento de formas silvestres en la vertiente Pacífica de los Andes, primero en el suroccidente de Cajamarca, Perú (Debouck et al., 1987), y luego, en el occidente del Ecuador (Debouck et al., 1989a) (Fig. 1). Debido a que, estas formas silvestres estaban distribuidas desde el valle del Río Jequetepeque en el Perú hasta las laderas del volcán Chimborazo en Ecuador, se pudo demostrar la domesticación independiente de los *P. lunatus* con semillas grandes (Debouck et al., 1989b; Gutiérrez-Salgado et al., 1995; Fofana et al., 1997; Lioi et al., 1998; Motta-Aldana et al., 2010; García et al., 2021). Piper (1926), había definido una nueva especie, *P. rosei*, sobre una planta cultivada en invernadero en Washington, D.C., a partir

de unas semillas colectadas por Joseph Nelson Rose en Huigra, Chimborazo, Ecuador, sin darse cuenta de que se trataba de la forma silvestre de los pallares. En una segunda exploración, en este sitio se encontró el material (DGD-2863; G26606), para incluirlo en los estudios genéticos (Caicedo et al., 1999; Serrano-Serrano et al., 2010), donde estos genotipos se agruparon con los demás *P. lunatus* silvestres de esta zona. La hipótesis de una doble domesticación en la 'haba de lima' tantas veces propuesta (Allard, 1960; Heiser, 1965; Kaplan, 1965; Harlan, 1971; Estrella, 1988), por fin fue aceptada.



Figura 1. Población silvestre # 2891 de *P. lunatus* del acervo Andino, encontrada en Ecuador en junio de 1990 (lat. 01° 53'S, long. 79° 04'W, 1110 msnm).

Bentham (1859), reportó que Johann Baptist Pohl y Richard Spruce habían visto la forma *macrocarpus* en la parte central de Brasil y cerca de Santarem, respectivamente. Es interesante notar que Gerarde (1597), ya señalaba como 'Phaseoli brasiliani' una variedad con semillas grandes y aplanadas, información ampliada después por Bauhin y Cherlero (1651). Erickson (1982), reclamó el origen de las variedades con semillas grandes en la cuenca amazónica, pero no indicó una forma silvestre verificable. Las últimas evidencias disponibles (Motta-Aldana et al., 2010; Serrano-Serrano et al., 2012; Chacón-Sánchez y Martínez-Castillo, 2017; García et al., 2021), permiten suponer una domesticación única, probablemente en el occidente de México, para las variedades de semilla pequeña, y por lo menos una domesticación para las variedades

de semilla grande en los Andes del suroccidente ecuatoriano y noroccidente peruano. Existen índices de otra domesticación en el acervo MII, pero el muestreo en América del Sur al oriente de los Andes *versus* Centroamérica es demasiado incompleto para poder concluir.

Una necesidad obvia para avanzar sobre esta posibilidad, es la mejora del muestreo de variedades tradicionales y de las formas silvestres al oriente de los Andes, desde Venezuela hasta el Chaco y hasta Pernambuco. Cabe recordar que varias conclusiones sobre el origen y la evolución del haba de lima, están basadas sobre el material existente en las colecciones, y no sobre lo que existe/ existió en la naturaleza/ campos de agricultores. Por ahora, el nombre que menos confusión y complicación puede generar en el caso del pallar es *Phaseolus lunatus* L. (no *Phaseolus lunaris* L. : Gunckel-Luer, 2020). En otras investigaciones, se han presentado las razones para no reconocer variedades botánicas (Freytag y Debouck, 2002), pues aparte de las formas silvestres también existen escapes de cultivos en ambos acervos genéticos (Debouck et al., 1987; Félix et al., 2014).

El nombre de *Phaseolus pallar* queda aceptado (Molina, 1782). Sin embargo, la descripción elemental de Molina llevó a Philippi (1859), a hacer una nueva descripción de la planta cultivada por los antiguos chilenos (Gay, 1865), aunque la planta había sido descrita previamente por Linnaeus (1737; 1753). En nomenclatura botánica, la regla de anterioridad cuenta y, por lo tanto, hay que buscar los antecedentes (Turland, 2013). Igualmente, el nombre de *Phaseolus limensis* (Macfadyen, 1837), es aceptado como descripción científica para el 'lima bean'. Aunque en este no hay referencia a especímenes-tipo, tampoco ilustraciones, y de las diez especies mencionadas cuatro pertenecen a *P. lunatus*.

Por origen biológico y la ecología en la zona de origen (variantes de bosque seco/ subhúmedo Montano Bajo (Cañadas y Estrada, 1978; Maquet y Baudoin, 1997), era de esperar la adaptación de las habas de lima de semillas grandes hacia los climas frescos (sin heladas) y de poca precipitación de los valles altoAndinos hasta Cundinamarca (Ramos-Nuñez, 1950), y hasta Chuquisaca (Freyre et al., 1996), y en la costa desértica del Perú (Yacovleff y Herrera, 1934) y del norte de Chile (Montaldo-Bustos, 1988). Después de 1493, estas mismas variedades encontraron nichos agroecológicos similares en California (Hendry, 1918), Etiopía (Westphal, 1974) y Madagascar (Baudoin, 1989a). Pero en tiempos precolombinos, hubo introducciones de estas variedades hasta el Chaco (Schmeda-Hirschmann, 1994), y desde allí hasta lo que es hoy el sur del Brasil (ver p.ej. G26068C, G26102, G26403A, G27296C; (CIAT, 2022). Por muestreo insuficiente en partes subtropicales del Viejo Mundo, no se sabe si hubo introducciones de estas variedades chaqueñas.

Mackie (1943), indicó el buen comportamiento de variedades de semilla pequeña del suroccidente de los Estados-Unidos frente al calor y la sequía, lo que es compatible con un origen en el occidente de México (Motta-Aldana et al., 2010; Andueza-Noh et al., 2013). Dentro del esquema original de diversificación bajo selección de Mackie (1943), no queda muy claro el origen de los materiales creciendo con éxito en el trópico bajo húmedo (varias partes de Nigeria, Liberia, Myanmar); (National Research Council, 1979); a veces con precipitación de 3-4.000 mm/ año (Duke, 1981). Sauer (1950), indicó que la rama 'Carib' no tiene soporte etnográfico. Rachie (1973), reportó el potencial de rendimiento del haba de Lima en los trópicos húmedos de África sub-Sahara (con más de 1.200 mm/ año), y subhúmedos con más de 3 t / ha. En el contexto surasiático Baudoin (1989b), indica que el haba de Lima puede crecer en climas con 1.500 mm/ año con potencial en los volubles de hasta cuatro t / ha. Bentham (1859) y Erickson (1982), indican haber visto variedades cultivadas en partes hoy húmedas de la cuenca amazónica; es posible si existe una estación seca para la cosecha de semillas (Duke, 1981). Entonces, ¿hubo otra domesticación en el acervo MII en condiciones tropicales suramericanas húmedas, explicando la adaptación en estas mismas condiciones en el Viejo Mundo? Hay índices de presencia de silvestres (Debouck, 2019a), y puede haber condiciones ecológicas (Maquet y Baudoin, 1997), pero se necesita más trabajo de campo.

Se indicó que el género *Phaseolus* era migrante a Suramérica, y que las dos especies que migraron – *P. lunatus* y *P. vulgaris* – en estado silvestre son también las dos especies con mayor expansión territorial en las Américas (Freytag y Debouck, 2002; Debouck, 2021). Es probable que, a través de los cinco últimos siglos, se beneficiaron de las modificaciones antrópicas de sus vegetaciones originales (Sousa-Sánchez y Delgado-Salinas, 1993). Pero estas vegetaciones originales, a partir de lo que se evalúa hoy, no eran de bosques cerrados y tupidos, y estos bejucos heliófilos aprovechaban las aperturas naturales (p.ej. caída de un árbol, derrumbe, borde de río). Esta capacidad de migrar y ocupar nuevos nichos ecológicos (Anderson, 1997; Hawkes, 1969; Debouck, 2016), les abrió nuevas posibilidades cuando los humanos empezaron a modificar con el fuego muchas vegetaciones neotropicales. No es extraño que, los antiguos Araucanos las hayan introducido en ambos lados del Desierto de Atacama, y los porotos y pallares encontraron nuevas tierras para conquistar.

Agradecimientos

La invitación de parte de los colegas Viviana Becerra y Mario Paredes de presentar este ensayo, es especialmente agradecida por el autor. El autor agradece a las siguientes personas por su apoyo o dato pertinente: Alfonso Delgado, Francesca Giamperi, Josefina Martínez, Umberto Mossetti, Chiara Nepi, Marcela Santaella y Orlando Toro. El autor agradece al Centro Internacional de Agricultura Tropical, al Instituto Colombiano Agropecuario de Colombia, al Instituto Nacional de Investigaciones Agropecuarias del Ecuador, al Instituto Nacional de Investigación y Promoción Agropecuaria del Perú, al Centro de Investigaciones Fitogenéticas de Pairumani de Bolivia, al Instituto Nacional de Tecnología Agropecuaria de Argentina, al Instituto de Investigaciones Agropecuarias de Chile, al International Board for Plant Genetic Resources y al United States Department of Agriculture, por el apoyo para los trabajos en el campo de los Andes en las décadas 1970-1990. Es particularmente grato extender un especial agradecimiento a la Biblioteca de la Universidad de Chile, la Biblioteca del Real Jardín Botánico de Madrid, la Biblioteca de Missouri Botanical Garden y el Natural History Museum of the United Kingdom, en la búsqueda de trabajos antiguos. Todos los errores en este ensayo son del autor y no implican en nada a las personas y a las instituciones aquí mencionadas.

Referencias

Academia Mayor de la Lengua Quechua. 1995. Diccionario Quechua-español. Cuzco, Perú. 928p.

Allard, R. 1960. Principles of plant breeding. John Wiley & Sons, Inc. New York, New York, USA. 485p.

Anderson, E. 1997. (reedición del libro de 1952). Plants, man and life. Missouri Botanical Garden, St. Louis, Missou ri, USA. 251p.

Andueza-Noh, R., Serrano-Serrano, M., Chacón-Sánchez, M., et al. 2013. Multiple domestications of the Mesoamerican gene pool of lima bean (*Phaseolus lunatus* L.): Evidence from chloroplast DNA sequences. Genet. Resour. Crop Evol. 60 (3):1069-1086.

Araya-Villalobos, R., González-Ugalde, W., Camacho-Chacón, F., et al. 2001. Observations on the geographic distribution, ecology and conservation status of several *Phaseolus* bean species in Costa Rica. Genet. Resour. Crop Evol. 48 (3):221-232.

Ariani, A., Berny-Mier y Terán, J., Gepts, P. 2018. Spatial and temporal scales of range expansion in wild *Phaseolus vulgaris*. Mol. Biol. Evol. 35 (1):119-131.

Avise, J. 2000. Phylogeography: the history and formation of species. Harvard University Press. Cambridge, Massachusetts, USA. 447p.

Bailey, L. 1940. Article 28. *Phaseolus lunatus* and relatives. Gentes Herbarum 4 (9):336-341.

Baudet, J. 1977. Origine et classification des espèces cultivées du genre *Phaseolus*. Bull. Soc. Roy. Bot. Belg. 110:65-76.

Baudoin, J. 1989a. L'amélioration de *Phaseolus lunatus* L. en zones tropicales. 2. Ecologie et physiologie. Bull. Rech. Agron. Gembloux 24 (1):5-32.

Baudoin, J. 1989b. *Phaseolus lunatus* (pp. 57-60). L. In L. J. G. van der Maesen. S. Somaatmadja (eds.). Plant resources of South-East Asia. No. 1. Pulses. PUDOC/PROSEA, Wageningen, The Netherlands.

Baudoin, J. 1990. L'amélioration de *Phaseolus lunatus* L. en zones tropicales. 6. Réservoirs génétiques, travaux de sélection, conclusions et perspectives. Bull. Rech. Agron. Gembloux 25 (4):395-442.

Bauhin, J., Cherlero, J. 1651. Historia plantarum universalis nova et absolutissima cum consensu et dissensu circa eas. Tome 2, part 17. F.L. Graffenried. Yverdon, Switzerland. 1108p.

Becerra, V., Paredes, M., Debouck, D. 2011. Genetic relationships of common bean (*Phaseolus vulgaris* L.) race Chile with wild Andean and Mesoamerican germplasm. Chilean J. Agric. Res. 71 (1):3-15.

Beebe, S., Debouck, D. 2019. Common beans and lima beans in the northern Andes: Evolutionary riddles and potential utility. Annu. Rept Bean Improv. Coop. (USA) 62: xxii-xxxi.

Beebe, S., Rengifo, J., Gaitán, E., et al. 2001. Diversity and origin of Andean landraces of common bean. Crop Sci. 41 (3):854-862.

Beebe, S., Toro-Chica, O., González, A., et al. 1997. Wild-weed-crop complexes of common bean (*Phaseolus vulgaris* L., Fabaceae) in the Andes of Peru and Colombia, and their implications for conservation and breeding. Genet. Resour. Crop Evol. 44 (1):73-91.

Bentham, G. 1840. De leguminosarum generibus commentationes. Annln. Wien. Mus. Naturg. 2 (3):61-142.

Bentham, G. 1859. *Papilionaceae* (pp. 1-350). In C.F.P. von Martius (ed.). Flora brasiliensis: enumeratio plantarum in Brasilia hactenus detectarum, Vol. 15, part 1. Lipsiae. Munchen, Germany.

Berglund-Brücher, O., Brücher, H. 1976. The South American wild bean (*Phaseolus aborigineus* Burk.) as ancestor of the common bean. Econ. Bot. 30 (3):257-272.

Bitocchi, E., Bellucci, E., Giardini, A., et al. 2013. Molecular analysis of the parallel domestication of the common bean (*Phaseolus vulgaris*) in Mesoamerica and the Andes. New Phytol. 197 (1):303-313.

Bitocchi, E., Nanni, L., Bellucci, E., et al. 2012. Mesoamerican origin of the common bean (*Phaseolus vulgaris* L.) is revealed by sequence data. Proc. Natl. Acad. Sci. USA 109 (14):788-796.

Blair, M., Soler, A., Cortés, A. 2012. Diversification and population structure in common beans (*Phaseolus vulgaris* L.). PLoS ONE 7 (11):1-12 (e49488).

Bolaños-Montero, R., Watson-Céspedes, V. 1993. Mapa ecológico de Costa Rica. Centro Científico Tropical. Scale 1:200,000. San José, Costa Rica. Nine sheets.

Brücher, H. 1988. The wild ancestor of *Phaseolus vulgaris* in South America (pp.186-124). In P. Gepts (ed.). Genetic resources of *Phaseolus* beans: their maintenance, domestication, evolution and utilization. Kluwer Academic Publishers, Dordrecht, Holland.

Bukasov, S. 1930. The cultivated plants of Mexico, Guatemala and Colombia. Bull. Appl. Bot. Genet. Pl. Breed. (Leningrad) Supplem. 47:1-553.

Burkart, A. 1941. Sobre la existencia de razas silvestres de *Phaseolus vulgaris* y *P. lunatus*. Resoluciones y Resumenes de Botánica, Primera Reunión Argentina de Agronomía. Buenos Aires, Argentina. p. 52.

Burkart, A. 1952. Las leguminosas argentinas silvestres y cultivadas. 2da edición. Editorial Acme Agency. Buenos Aires, Argentina. 589 p.

Burkart, A., Brücher, H. 1953. *Phaseolus aborigineus* Burkart, die mutmaßliche andine Stammform der Kulturbohne. Züchter 23 (3):65-72.

Caicedo, A., Gaitán, E., Duque, M., et al. 1999. AFLP fingerprinting of *Phaseolus lunatus* L. and related wild species from South America. Crop Sci. 39 (5):1497-1507.

Camus, J. 1894. Les noms des plantes du livre d'Heures d'Anne de Bretagne. J. Bot. 8: 325-335, 345-352, 366-375, 396-401.

Cañadas, L., Estrada, W. 1978. Mapa ecológico del Ecuador. Acuerdo Ministerio de Agricultura y Ganaderia-Office de la Recherche Scientifique et Technique Outre-Mer. Instituto Geográfico Militar. Quito, Ecuador. One sheet.

Chacón-Sánchez, M., Martínez-Castillo, J. 2017. Testing domestication scenarios of lima bean (*Phaseolus lunatus* L.) in Mesoamerica: insights from genome-wide genetic markers. Front. Plant Sci. 8:1551.

Chacón-Sánchez, M., Martínez-Castillo, J., Duitama, J., et al. 2021. Gene flow in *Phaseolus* beans and its role as a plausible driver of ecological fitness and expansion of cultigens. Front. Ecol. Evol. 9: 618709:1-25.

Chacón-Sánchez, M., Pickersgill, B., Debouck, D. 2005. Domestication patterns in common bean (*Phaseolus vulgaris* L.) and the origin of the Mesoamerican and Andean cultivated races. Theor. Appl. Genet. 110 (3):432-444.

Chacón-Sánchez, M., Pickersgill, B., Debouck, D., et al. 2007. Phylogeographic analysis of the chloroplast DNA variation in wild common bean (*Phaseolus vulgaris* L.) in the Americas. Pl. Syst. Evol. 266 (3-4):175-195.

CIAT. 2022. *Phaseolus* genebank at International Center for Tropical Agriculture, Cali, Colombia : Passport data of *Phaseolus* accessions. Available from: https://ciat.cgiar.org/what-we-do/crop-conservation-and-use/; accessed on:14 May 2022.

Correa, M., Galdames, C., de Stapf, M. 2004. Catálogo de las plantas vasculares de Panamá. Universidad de Panamá and Smithsonian Tropical Research Institute, Panamá City, Panamá. 599p.

Corriveau, J., Coleman, A. 1988. Rapid screening method to detect potential biparental inheritance of plastid DNA and results for over 200 angiosperm species. Am. J. Bot. 75 (10):1443-1458.

Cortés, A. 2013. On the origin of the common bean (*Phaseolus vulgaris* L.). Am. J. Plant Sci. 4 (10):1998-2000.

Cortés, A., Monserrate, F., Ramírez-Villegas, J., et al. 2013. Drought tolerance in wild plant populations: the case of common beans (*Phaseolus vulgaris* L.). PLoS ONE 8 (5):1-10.

Debouck, D. 2016. Your beans of the last harvest and the possible adoption of bright ideas (pp. 367-387). In R. Lira, A. Casas & J. Blancas (eds.). Ethnobotany of Mexico: Interactions of people and plants in Mesoamerica. Springer, New York, New York, USA.

Debouck, D. 2019a. Cahiers de Phaséologie - section *Paniculati*: 454p. International Center for Tropical Agriculture. Cali, Colombia. Available from: https://ciat.cgiar.org/what-we-do/crop-conservation-and-use/ [in program files] (accessed 26 April 2022).

Debouck, D. 2019b. Cahiers de Phaséologie - section *Phaseoli*: 229p. International Center for Tropical Agriculture. Cali, Colombia. Available from: https://ciat.cgiar.org/what-we-do/crop-conservation-and-use/ [in program files] (accessed 25 April 2022).

Debouck, D. 2021. *Phaseolus* beans (Leguminosae, Phaseoleae): A checklist and notes on their taxonomy and ecology. J. Bot. Res. Inst. Texas 15 (1):73-111.

Debouck, D., Liñan-Jara, J., Campana-Sierra, A., et al. 1987. Observations on the domestication of *Phaseolus lunatus* L. FAO/IBPGR Plant Genetic Resour. Newsl. 70:26-32.

Debouck, D., Toro, O., Paredes, M., et al. 1993. Genetic diversity and ecological distribution of *Phaseolus vulgaris* (Fabaceae) in northwestern South America. Econ. Bot. 47 (4):408-423.

Debouck, D., Castillo, R., Tohme, J. 1989a. Observations on little-known *Phaseolus* germplasm of Ecuador. FAO/IBPGR Plant Genet. Resour. Newsl. 80:15-21.

Debouck, D., Maquet, A., Posso, C. 1989b. Biochemical evidence for two different gene pools in Lima beans, *Phaseolus lunatus* L. Annu. Rep. Bean Improv. Coop. USA 32:58-59.

Debouck, D., Herrera, R., Araya, R. 2008. New populations of wild common bean disclosed in Nicaragua. Annu. Rep. Bean Improv. Coop. (USA) 51:120-121.

de Candolle, A. 1825. Prodromus Systematis Naturalis Regni Vegetabilis. Pars II. Treuttel and Würtz. Paris, France. 644p.

de Candolle, A. 1883. Origine des plantes cultivées. Librairie Germer Baillière et C^{ie}. Paris, France, 378p.

Delgado-Salinas, A., Bibler, R., Lavin, M. 2006. Phylogeny of the genus *Phaseolus* (Leguminosae): A recent diversification in an ancient landscape. Syst. Bot. 31 (4):779-791.

Delgado-Salinas, A., Bonet, A., Gepts, P. 1988. The wild relative of *Phaseolus vulgaris* in Middle America (pp. 163-184). In P. Gepts (ed.). Genetic resources of *Phaseolus* beans. Kluwer Academic Publishers. Dordrecht, Holland.

de Rochebrune, A. 1879. Recherches d'ethnographie botanique sur la flore des sépultures péruviennes d'Ancon. Actes Soc. Linn. Bordeaux 33:343-358.

Dietrich, D. 1847. Synopsis plantarum seu enumeratio systematica plantarum plerumque adhuc cognitarum cum differentiis specificis et synonymis selectis ad modum Persoonii elaborata (pp. 731-692). Sectio Quarta. Bernhard Friedrich Voigth. Weimar, Germany.

Dillehay, T. 2000. The settlement of the Americas: A new prehistory. Basic Books. New York, New York, USA. 371p.

Don, G. 1832. A general system of gardening and botany containing a complete enumeration and description of all plants hitherto known (pp. 349-356). J.G., F. Rivington. London, England. Vol. 2.

Drewes, S. 2006. Sobre *Phaseolus vulgaris* var. *aborigineus* (Fabaceae) en Córdoba. Bol. Soc. Argent. Bot. 41 (3-4):323-324.

Duke, J. 1981. *Phaseolus lunatus* L. (pp.191.195). In J. A. Duke (ed.). Handbook of legumes of world economic importance (pp. 191-195). Plenum Press. New York, New York, USA.

Erickson, H. 1982. Lima bean legacy. HortScience 17 (5):702.

Estrella, E. 1988. El pan de América. Ediciones Abya-Yala. Quito, Ecuador. 390p.

Evans, A. 1976. Beans - *Phaseolus* spp. (Leguminosae - Papilionatae) (pp. 168-172). In N.W. Simmonds (ed.). Evolution of crop plants. Longman. London, United Kingdom.

Félix, D., Coello-Coello, J., Martínez-Castillo, J. 2014. Wild to crop introgression and genetic diversity in Lima bean (*Phaseolus lunatus* L.) in traditional Mayan milpas from Mexico. Conserv. Genet. 15 (6):1315-1328.

Fofana, B., Vekemans, X., du Jardin, P., et al. 1997. Genetic diversity in lima bean (*Phaseolus lunatus* L.) as revealed by RAPD markers. Euphytica 95 (2):157-165.

Freyre, R., Ríos, R., Guzmán, L., et al. 1996. Ecogeographic distribution of *Phaseolus* spp. (Fabaceae) in Bolivia. Econ. Bot. 50 (2):195-215.

Freytag, G., Debouck, D. 2002. Taxonomy, distribution, and ecology of the genus *Phaseolus* (Leguminosae-Papilionoideae) in North America, Mexico and Central America. SIDA Bot. Misc. 23:1-300.

Garcia, T., Duitama, J., Smolenski-Zullo, S., et al. 2021. Comprehensive genomic resources related to domestication and crop improvement traits in Lima bean. Nat. Commun. 12 (702):1-17.

Gay, C. 1865. Historia física y política de Chile. Agricultura. Tomo segundo. Museo de Historia Natural de Santiago, Chile. 450p.

Gentry, H. 1969. Origin of the common bean, *Phaseolus vulgaris*. Econ. Bot. 23 (1):55-69.

Gepts, P. 2022. Intriguing observations in *Phaseolus* and potential future research tracks. Annu. Rep. Bean Improv. Coop. USA 65:1-16.

Gepts, P., Papa, R., Coulibaly, S., et al. 2000. Wild legume diversity and domestication - Insights from molecular methods (pp. 19-31). In K. Oono (ed.). Wild legumes. Ministry of Agriculture, Forestry and Fisheries, and National Institute of Agrobiological Resources. Tsukuba, Ibaraki, Japan.

Gerarde, J. 1597. The herbal or generall historie of plantes (ed. Thomas Johnson, 1636). Norton and Whitakers. London, England. 1678p.

Graham, A. 2011. A natural history of the New World: The ecology and evolution of plants in the Americas. The University of Chicago Press. Chicago, Illinois, USA. 387p.

Gruhn, R. 2020. Evidence grows for early peopling of the Americas. Nat. 584:47-48.

Gunckel-Luer, H. 2020. Plantas chilenas descritas como nuevas por Juan Ignacio Molina y sus concordancias con la nomenclatura actual. Chloris Chilensis 23 (2):80-93.

Gutiérrez-Salgado, A., Gepts, P., Debouck, D. 1995. Evidence for two gene pools of the Lima bean, *Phaseolus lunatus*, in the Americas. Genet. Resour. Crop Evol. 42 (1):15-28.

Harlan, J. 1971. Agricultural origins: centers and noncenters. Science 174 (4008):468-474.

Harlan, J. 1975. Crops and man. American Society of Agronomy and Crop Science Society of America. Madison, Wisconsin, USA. 295p.

Hassler, E. 1923. Revisio specierum austro-americanarum generis *Phaseoli* L. Candollea 1:417-472.

Hawkes, J. 1969. The ecological background of plant domestication (pp. 17-29). In P. J. Ucko, G.W. Dimbleby (eds.). The domestication and exploitation of plants and animals. Duckworth and Company. London, England.

Hedrick, U. P. (ed.). 1972 [1919]. Sturtevants's edible plants of the world. Dover Publications Inc. New York, New York, USA. 686p.

Heiser, C. 1965. Cultivated plants and cultural diffusion in nuclear America. Am. Anthropol. 67 (4):930-949.

Hendry, G. 1918. Bean culture in California. Agric. Exper. Stn. Berkeley, Bull. 294. Univ. Calif. Press. Berkeley, California, USA. 347p.

Kami, J., Becerra-Velásquez, V., Debouck, D., et al. 1995. Identification of presumed ancestral DNA sequences of phaseolin in *Phaseolus vulgaris*. Proc. Natl. Acad. Sci. USA 92 (2):1101-1004.

Kaplan, L. 1965. Archeology and domestication in American *Phaseolus* (beans). Econ. Bot. 19 (4):358-368.

Khairallah, M., Sears, B., Adams, M. 1992. Mitochondrial restriction fragment length polymorphisms in wild *Phaseolus vulgaris* L.: Insights on the domestication of the common bean. Theor. Appl. Genet. 84 (7-8):915-922.

Koenig, R., Gepts, P. 1989. Allozyme diversity in wild *Phaseolus vulgaris*: Further evidence for two major centers of genetic diversity. Theor. Appl. Genet. 78 (6):809-817.

Koenig, R., Singh, S., Gepts, P. 1990. Novel phaseolin types in wild and cultivated common bean (*Phaseolus vulgaris*, Fabaceae). Econ. Bot. 44 (1):50-60.

Koinange, E., Gepts, P. 1992. Hybrid weakness in wild *Phaseolus vulgaris* L. J. Hered. 83 (2):135-139.

Kwak, M., Gepts, P. 2009. Structure of genetic diversity in the two major gene pools of common bean (*Phaseolus vulgaris* L., Fabaceae). Theor. Appl. Genet. 118 (5):979-992.

Kwak, M., Kami, J., Gepts, P. 2009. The putative Mesoamerican domestication center of *Phaseolus vulgaris* is located in the Lerma-Santiago basin of Mexico. Crop Sci. 49 (2):554-563.

Lackey, J. 1983. A review of generic concepts in American Phaseolinae (Fabaceae, Faboideae). Iselya 2 (2):21-64.

Linnaeus, C. 1737. Hortus Cliffortianus. Plantas exhibens quas in hortistam vivis quam siccis, Hartecampi in Hollandia, J. Wandelaar. Amsterdam, The Netherlands. 530p.

Linnaeus, C. 1753. Species Plantarum (pp. 723-725). Tomus II. A facsimile (1957-1959) of the first edition. Ray Society. London, England.

Lioi, L., Lotti, C., Galasso, I. 1998. Isozyme diversity, RFLP of the rDNA and phylogenetic affinities among cultivated lima beans, *Phaseolus lunatus* (Fabaceae). Pl. Syst. Evol. 213:153-164.

Macbride, J. 1943. Flora of Peru: Family Leguminosae. Field Museum of Natural History, Botanical Series 13, 3 (1):1-509.

Macfadyen, J. 1837. The Flora of Jamaica: a description of the plants of that island, arranged according to the natural orders. Longman, Orme, Brown, Green and Longmans. London, United Kingdom. 351p.

Mackie, W. 1943. Origin, dispersal, and variability of the lima bean, *Phaseolus lunatus*. Hilgardia 15 (1):1-24.

Maquet, A., Baudoin, J. 1997. Aperçu de la distribution néotropicale de *Phaseolus lunatus*. Belg. J. Bot. 130 (1):93-116.

Maréchal, R., Mascherpa, J., Stainier, F. 1978. Etude taxonomique d'un groupe complexe d'espèces des genres *Phaseolus* et *Vigna* (Papilionaceae) sur la base de données morphologiques et polliniques, traitées par l'analyse informatique. Boissiera 28:1-273.

McBryde, F. 1947. Cultural and historical geography of southwest Guatemala. Smithsonian Inst. Publ. 4:1-184.

McClean, P., Lee, R., Miklas, P. 2004. Sequence diversity analysis of dihydroflavonol 4-reductase intron 1 in common bean. Genome 47(2):266-280.

McClean, P., Lee, R. 2007. Genetic architecture of chalcone isomerase non-coding regions in common bean (*Phaseolus vulgaris* L.). Genome 50(2):203-214.

Mina-Vargas, A., McKeown, P., Flanagan, N., et al. 2016. Origin of year-long bean (*Phaseolus dumosus* Macfady., Fabaceae) from reticulated hybridization events between multiple *Phaseolus* species. Ann. Bot. 118(5):957-969.

Miranda-Colín, S. 1967. Origen de *Phaseolus vulgaris* L. (Frijol común). Agrociencia 1(2):99-109.

Molina, G. 1782. Saggio sulla Storia naturale del Chili. Stamperia de San Tommaso d'Aquino. Bologna, Italia. 367p.

Montaldo-Bustos, P. 1988. Agricultura precolombina en Chile. Agro Sur 16 (2):132-139.

Motta-Aldana, J., Serrano-Serrano, M., Hernández-Torres, J., et al. 2010. Multiple origins of Lima bean landraces in the Americas: evidence from chloroplast and nuclear DNA polymorphisms. Crop Sci. 50 (5):1773-1787.

Nabhan, G. 1985. Native crop diversity in Aridoamerica: Conservation of regional gene pools. Econ. Bot. 39 (4):387-399.

National Research Council. 1979. Tropical legumes: Resources for the future. National Academy of Sciences. Washington, D.C., USA. 332p.

Nicolè, S., Erickson, D., Ambrosi, D., et al. 2011. Biodiversity studies in *Phaseolus* species by DNA barcoding. Genome 54(7):529-545.

Paredes, O.M., Gepts, P. 1995. Extensive introgression of Middle American germplasm into Chilean common bean cultivars. Genet. Resour. Crop Evol. 42 (1):29-41.

Pedrosa-Harand, A., Sousa de Almeida, C., Mosiolek, M., et al. 2006. Extensive ribosomal DNA amplification during Andean common bean (*Phaseolus vulgaris* L.) evolution. Theor. Appl. Genet. 112 (5):924-933.

Philippi, R. 1859. Ueber die Chilenische Palme und den Pallar Molina's. Botanische Zeitung 43:361-364.

Piper, C. 1926. Studies in American Phaseolinae. Contr. U.S. Natl. Herb. 22 (9):663-701.

Purseglove, J. 1968. Tropical crops – Dicotyledons 1. John Wiley and Sons, Inc. New York, New York, USA. 332p.

Rachie, K. 1973. Relative agronomic merits of various food legumes for the lowland tropics (pp. 123-139). In D. Wall (ed.). Potentials of field beans and other food legumes in Latin America. Centro Internacional de Agricultura Tropical. Cali, Colombia.

Ramos-Nuñez, G. 1950. Apuntes sobre el fríjol en Colombia (*Phaseolus vulgaris* L.). Agric. Trop. (Bogotá) 8:1-29.

Rendón-Anaya, M., Montero-Vargas, J., Saburido-Alvarez, S., et al. 2017a. Genomic history of the origin and domestication of common bean unveils its closest sister species. Genome Biol. 18 (60):1-17.

Rendón-Anaya, M., Herrera-Estrella, A., Gepts, P., et al. 2017b. A new species of *Phaseolus* (Leguminosae, Papilionoideae) sister to *Phaseolus vulgaris*, the common bean. Phytotaxa 313 (3):259-266.

Rodriguez, M., Rau, D., Bitocchi, E., et al. 2016. Landscape genetics, adaptative diversity and population structure in *Phaseolus vulgaris*. New Phytol. 209 (4):1781-1794.

Rose, J. 1899. Notes on useful plants of Mexico. Contr. US Natl. Herb. 5 (4):209-259.

Rossi, M., Bitocchi, E., Bellucci, E., et al. 2009. Linkage disequilibrium and population structure in wild and domesticated populations of *Phaseolus vulgaris* L. Evol. Appl. 2 (4):504-522.

Sauer, C. 1950. Cultivated plants of South and Central America (pp. 487-543). In J.H. Steward (ed.). Handbook of South American Indians, Smithsonian Institution, Bureau of American ethnology. Bull. 143, Vol. 6. Washington, D.C., USA.

Schmeda-Hirschmann, G. 1994. Plant resources used by the Ayoreo of the Paraguayan Chaco. Econ. Bot. 48 (3):252-258.

Schmit, V., du Jardin, P., Baudoin, J., et al. 1993. Use of chloroplast DNA polymorphisms for the phylogenetic study of seven *Phaseolus* taxa including *P. vulgaris* and *P. coccineus*. Theor. Appl. Genet. 87 (4):506-516.

Serrano-Serrano, M., Andueza-Noh, R., Martínez-Castillo, G., et al. 2012. Evolution and domestication of lima bean (*Phaseolus lunatus* L.) in Mexico: Evidence from ribosomal DNA. Crop Sci. 52 (4):1698-1712.

Serrano-Serrano, M., Hernández-Torres, J., Castillo-Villamizar, G., et al. 2010. Gene pools in wild Lima beans (*Phaseolus lunatus* L.) from the Americas: evidences for an Andean origin and past migrations. Mol. Phylogen. Evol. 54 (1):76-87.

Singh, S., Gepts, P., Debouck, D. 1991. Races of common bean (*Phaseolus vulgaris*, Fabaceae). Econ. Bot. 45 (3):379-396.

Soukup, J. 1986. Vocabulario de los nombres vulgares de la flora peruana y catálogo de los géneros. Editorial Salesiana, Lima, Perú. 436p.

Sousa-Sánchez, M., Delgado-Salinas, A. 1993. Mexican Leguminosae: phytogeography, endemism, and origins (pp. 459-511). In T.P. Ramamoorthy, R. Bye, A. Lot, J. Fa (eds.). Biological diversity of Mexico: origins and distribution. Oxford University Press, Inc., New York, USA.

Tarrago, M. 1980. El proceso de agriculturización en el noroeste argentino, zona valliserrana (pp. 181-218). Actas V Congreso Nacional de Arqueología Argentina, Tomo 1. Univ. Nal. San Juan, Instituto Invest. Arqueol. and Museo.

Templeton, A. 1998. Nested clade analyses of phylogeographic data: testing hypotheses about gene flow and population history. Mol. Ecol. 7 (4):381-397.

Templeton, A., Boerwinkle, E., Sing, C. 1987. A cladistic analysis of phenotypic associations with haplotypes inferred from restriction endonuclease mapping. 1. Basic theory and an analysis of alcohol dehydrogenase activity in *Drosophila*. Genetics 117(2):343-351.

Tohme, J., González, D., Beebe, S., et al. 1996. AFLP analysis of gene pools of a wild bean core collection. Crop Sci. 36 (4):1375-1384.

Toro-Chica, O., Tohme, J., Debouck, D. 1990. Wild bean (*Phaseolus vulgaris* L.): Description and distribution. International Board for Plant Genetic Resources, Rome, Italy and Centro Internacional de Agricultura Tropical, Cali, Colombia. 106p.

Turland, N. 2013. The Code decoded – A user's guide to the International Code of Nomenclature for algae, fungi, and plants. Regnum Vegetabile 155. Koeltz Scientific Books, Königstein, Germany. 169p.

van Eseltine, G. 1931. Variation in the Lima bean, *Phaseolus lunatus* L., as illustrated by its synonymy. New YorkAgric. Exp. Sta. Techn. Bull. 182:3-24.

Vavilov, N. 1931. Mexico and Central America as a basic center of origin of cultivated plants in the New World. Tr. po prikl. botan., genet., i selek 26 (3):1-31.

Verdcourt, B. 1971. *Phaseolus (*pp. 503-1107). In J.B. Gillett, R.M. Polhill, B. Verdcourt (eds.). Flora of tropical East Africa. Leguminosae. 4. Papilionoideae. Crown Agents. London, England.

von Bergen, C. 1744. Catalogus Stirpium Indigenarum aeque ac Exterarum, quas Hortus Medicus Academiae Viadrinae complectitur. Philipp Schwartze. Frankfurt am Oder, Deutschland. 120p.

Weberbauer, A. 1945. El mundo vegetal de los Andes peruanos: estudio fitogeográfico. 2da edición. Ministerio de Agricultura, Estación Experimental Agrícola de La Molina. Lima, Perú. 776p.

Weigend, M. 2002. Observations on the biogeography of the Amotape-Huancabamba zone in northern Peru. Bot. Rev. 68 (1):38-54.

Weiseth, G. 1954. Una variedad silvestre del poroto común (*Phaseolus vulgaris*), autóctona del Noroeste argentino y su relación genética con variedades cultivadas. Rev. Agron. Noroeste Argent. 1(2):71-81.

Westphal, E. 1974. Pulses in Ethiopia, their taxonomy and agricultural significance (pp. 129-151). Agric. Res. Rep. Wageningen, The Netherlands, 815.

Wilhelm de Mösbach, E. 1992. Botánica indígena de Chile. Editorial Andrés Bello. Santiago de Chile, Chile. 140p.

Willerslev, E., Meltzer, D. 2021. Peopling of the Americas as inferred from ancient genomics. Nat. 594:356-364.

Wolfe, K., Li, W., Sharp, P. 1987. Rates of nucleotide substitution vary greatly among plant mitochondrial, chloroplast, and nuclear DNAs. Proc. Natl. Acad. Sci. USA 84(24):9054-9058.

Yacovleff, E., Herrera, F. 1934. El mundo vegetal de los antiguos peruanos. Rev. Mus. Nac. Lima 3 (3):241-322.



Índice

SECCIÓN II

Historia del frejol en Chile



Torcaza-INIA



Zorzal-INIA



Astro-INIA



Blanco-INIA



Blanco español-INIA



Manteca-INIA



Araucano-INIA



Rayo-INIA



Coscorrón-INIA



Arroz 3-INIA



Curi-INIA



Hallado- Dorado

Capítulo 3. Presencia prehispánica del frejol en Chile

Mario Paredes C., Viviana Becerra V.

Chile se define como un país tricontinental que está constituido por: a) Chile continental, que se extiende por alrededor de 4.270 km, desde 17°29'57 L.S., hasta los 56°32'12 L.S.; b) Chile insular, que incluye el archipiélago de Juan Fernández, la isla Salas y Gómez y la isla de Pascua; y c) el Territorio Chileno Antártico ubicado entre los meridianos 53° O y 90° O. Chile limita al norte con Perú, al este con Bolivia y Argentina, al sur con el Polo Sur y al oeste con el Océano Pacifico (https://www.gob.cl/nuestro-pais/).

La historia del territorio actual de Chile comienza con la ocupación de los primeros habitantes en el territorio nacional, del que da cuenta algunos sitios arqueológicos ubicados en la zona norte del país, como en el Desierto de Atacama, sitio Mani 12 (11.900 a 12.700 a.P.), ubicado en la provincia de Tamagural, Región de Tarapacá (Santoro et al., 2011), en las tierras altas e intermedias entre 12.600 y 10.000 a.P. (Núñez, 2002; Grosjean et al., 2005; Cartajena et al., 2014), y en las tierras bajas entre la precordillera andina y el Océano Pacifico entre 12.700 a 11.900 a.P. (Santoro et al., 2011; Latorre et al., 2013). En la zona sur, en el sitio Monte Verde (14.500 y 18.500 a.P.), ubicado cerca de la ciudad de Puerto Montt, Región de Los Lagos (Dillehay y Collins, 1998; Dillehay et al., 2008; 2015), y Pilauco (14.600-15.300 a.P.), ubicado en la ciudad de Osorno, Región de Los Lagos (Pino, 2008; Moreno et al., 2019). Recientemente, la antigüedad del sitio Monte Verde fue cuestionada, situándola entre 8.200 y 4.200 años B.P. (Surovell et al., 2026).

Posterior a estos primeros habitantes, el territorio fue habitado por diferentes pueblos o etnias, los que han sido reconocidos por diferentes leyes, como la Ley Nº 19.253 de 1993, que establece normas sobre protección, fomento y desarrollo de los indígenas, y crea la Corporación Nacional de Desarrollo Indígena (CONADI). Esta ley reconoce a los pueblos Mapuche, Aimara, Rapa Nui, Atacameño, Quechua, Colla, Diaguita, Chango, Kawashkar (o Alacalufes), Yámana (o Yagán), y Selk'nam, siendo el pueblo Mapuche el más numeroso de todos ellos (IGM, 2007; Rothhammer et al., 2017; Rojas, 2024). En el año 2019, en virtud de la Ley N° 21.151, se reconoció legalmente al pueblo Afrodescendiente Chileno. El pueblo Mapuche-Huilliche se encuentra en proceso de reconocimiento, a través de la Ley Nº19.253. Sin embargo, el pueblo Aónikenk (o Tehuelche) no tiene aún reconocimiento legal, ni existe proyecto de ley que tenga como objetivo su reconocimiento. A pesar de esta situación, en el marco del Convenio N° 169 de la OIT, la falta de reconocimiento legal no afecta su existencia, pues preexisten al Estado y a su organización institucional (Rojas, 2024).

Estas poblaciones se han caracterizado, por presentar un desarrollo cultural continuo en el tiempo, y una economía de auto subsistencia basada principalmente en recursos marinos, complementado con actividades de caza y recolección de vegetales, tal como Cactaceae, Amaranthaceae, Cyperaceae, Fabaceae y Poaceae (Uribe et al., 2020b); *Prosopis* sp., *Geoffroea decorticans*, *Atriplex* sp., *Schinus molle*, entre otros (Ugalde et al., 2021); la introducción de algunas especies foráneas, como algodón (*Gossypium* sp.) y maíz (*Zea mays*) durante el Periodo Arcaico

(Núñez, 1997; Muñoz, 2004a); y de otros cultígenos durante el Periodo Formativo Temprano, y a finales del Periodo Tardío (Núñez, 1972; Núñez, 1989b; Muñoz, 2004a). El proceso de introducción de cultivos al país, ha sido considerado como tardío, en comparación al resto de los países de América (Larson et al., 2014).

Presencia de cultígenos en el país

A continuación, se presenta la información de la presencia de los cultígenos prehispánicos en Chile agrupada en cuatro macro regiones: Norte Grande, Norte Chico, Zona Central y Zona Sur.

Norte Grande

El Norte Grande incluye a las regiones de Arica y Parinacota, Tarapacá, Antofagasta y la parte norte de la región de Atacama. En estas regiones, se pueden distinguir tres áreas ecológicas: I) Costa del Pacífico y cordillera de la costa; II) Depresión intermedia (Valles Occidentales de Arica y la Pampa del Tamarugal); III) Tierra altas de los Andes y el Altiplano (zona circumpuneña y San Pedro de Atacama). Estos ecosistemas se caracterizan, por presentar diferentes tipos de plantas que contribuyeron a complementar la dieta de los habitantes de la región en sus diferentes desarrollos sociales y culturales que estaban inmersos en la tradición andina, que era compartida con el sur del Perú, parte de Bolivia y el noroeste argentino (Vidal, 2006; Ugalde et al., 2021).

I. Costa del Pacífico y cordillera de la costa, entre Arica y el Loa

La costa del Pacífico se extiende, aproximadamente entre 18°21'y 27° L.S., o sea, entre la frontera chileno-peruana por el norte y el río Copiapó por el sur. Esta zona se puede dividir en dos sectores: A) la costa desértica exorreica; B) la costa desértica endorreica.

A. Costa desértica exorreica. La costa exorreica se extiende desde Arica a Iquique (18° a 19,5° L. S.), y se caracteriza por presentar valles y ríos que nacen en la cordillera y llegan al mar (Núñez y Varela, 1967-1968; Lumbreras, 1981; Llagostera, 1982; Llagostera, 1989; Niemeyer, 1989; Ugalde et al., 2021). Este territorio es interrumpido sólo por tres cursos de agua, como son: las quebradas de Vítor, río Camarones y Tana, cuyo curso y neblinas proporcionaron los recursos hídricos que permitieron el desarrollo de plantas para la alimentación animal, practicar la caza y la recolección de vegetales, además de la explotación de los recursos marinos. La disponibilidad de estos recursos permitió el desarrollo de un sistema de subsistencia de cazadores-pescadores-recolectores, y el asentamiento de la población en esta zona (Muñoz, 2004a; Muñoz, 2011; Muñoz y Chacama, 2012).

Dada esta situación, algunos autores plantean que los pescadores arcaicos, fueron el soporte cultural sobre los cuales se habrían asentado las poblaciones agrícolas tempranas en los valles costeros de Arica, a partir del 1.000 a.C. (Núñez, 1969; Santoro, 1980a; Muñoz, 1980; Santoro, 1981; Muñoz, 1989; Núñez, 1989b; Muñoz, 2004a; Standen et al., 2004; Muñoz, 2011). Sin embargo, otros autores señalan que, el inicio de la agricultura pudo haber sido influenciada parcialmente, por los flujos migratorios provenientes de la vertiente oriental de los Andes y/o tierras bajas tropicales ocurridas durante el periodo Arcaico y Formativo Temprano (Rivera y Rothhammer, 1986; Moraga et al., 2001; Rothhammer et al., 2009).

En la costa de Arica durante el Periodo Formativo, se pueden distinguir dos fases: una temprana llamada Faldas del Morro (1.500 - 500 a. C), y una tardía, El Laucho (500 a. C. - 500 d. C) que se caracterizaron por presentar una agricultura consolidada y contactada con otras comunidades (Focacci y Erices, 1972-1973; Focacci, 1980; Muñoz, 1980).

Las excavaciones arqueológicas realizadas en los sitios pertenecientes a las fases Faldas del Morro y El Laucho, muestran la presencia de diversos recursos silvícolas y agrícolas como chañar (*Geoffroea decorticans*) y algarrobo (*Prosopis* sp.), asociados a restos de cucurbitáceas, camotes (*Ipomogea batata*), mandioca (*Manihot esculenta*), pallares (*P. lunatus*) (Focacci, 1974; Focacci, 1980; Focacci y Chacón, 1989), quínoa (*Chenopodium* sp.) y maíz (*Zea mays* L.), en un contexto de una estructura de subsistencia cazadora-recolectora, con especialización en la explotación de recursos marinos, asentamientos semi-aldeanos y con fuertes vínculos con los valles aledaños de la costa peruana (Dauelsberg, 1985a; b; Muñoz, 1989). En otras exploraciones realizadas en el sitio costero Casino y La Lisera, se ha informado también la presencia de restos de semillas de maíz, frejoles de color rojizo oscuro o moteado, algodón (*Gossypium* sp*)*, quínoa y vainas de pacay (*Inga* sp). En Playa Miller (sitio Miller 7; 300 a.C.), se determinó también la presencia de pallares, frejol común, algodón, camote, mandioca y cucurbitáceas (Dauelsberg, 1992/1993), en un contexto de una economía cazadora-recolectora, con énfasis marino (Focacci, 1974; Focacci, 1980). En Playa Miller (sitio Miller 4) se encontraron también restos de frejol común, ají (*Capsicum* sp.), algodón, algarrobo, calabaza (*Lagenaria siceraria*), camote, maíz, molle (*Schinus molle*), pacay, papa (*Solanum tuberosum*) y quínoa, entre otros (Erices, 1979).

Todo este cúmulo de información indica la presencia de cultígenos en el Periodo Formativo y el comienzo del uso de productos agrícolas en ofrendas mortuorias, cuya cantidad estaba asociada a la jerarquía social del difunto. Entre los productos agrícolas depositados como ofrendas se ha encontrado maíz, ají, frejoles, yuca y camote, los cuales eran colocados principalmente en bolsitas tejidas con fibra vegetal o lana (Muñoz, 2001).

B. Costa desértica endorreica. La costa endorreica, se extiende desde Iquique hasta la desembocadura del río Loa o Chañaral (19,5° a 27° L.S.) (Núñez y Varela, 1967-1968; Llagostera, 1989). Esta zona se caracteriza principalmente, por la ausencia de cursos de agua que llegan al mar, con la excepción de la desembocadura del río Loa y la presencia de neblina que permite el crecimiento de algunas plantas.

Se ha demostrado que, desde Pisagua al sur se establecieron diversos asentamientos humanos con una distribución dispersa, emplazados en lugares próximos a las vertientes de agua, lo que les permitía la recolección de vegetales que crecían producto de la humedad ambiental de las neblinas y por su cercanía al mar, y la explotación de diversos recursos marinos (Schiappacasse et al., 1989).

En la zona de Tarapacá, estudios realizados en Punta Pichalo (Pisagua) (estrato II), han detectado restos de maíz, calabaza y algodón, en un contexto de economía marítima. En esta misma zona, en el sitio Pisagua N y Pisagua B, pertenecientes al Complejo Cultural Pica-Tarapacá, Periodo Intermedio Tardío y Tardío (950-1.540 d.C.), se han encontrado también algunos restos de maíz, algarrobo, frejol y calabaza, con predominancia de plantas silvestres (Vidal et al., 2004). Los granos y marlos de maíz correspondían a diferentes tipos de maíz, entre los cuales se pudo distinguir al

'Chucutuno chico´, tipo reconocido previamente en la quebrada de Tiliviche (Núñez, 1986; Vidal et al., 2004), en un contexto de poblaciones permanentes o semipermanentes, ubicadas en las cercanías de los cursos de agua (Urbina et al., 2018). En el cementerio de Bajo Molle, se constataron también ofrendas con maíz, calabazas, algodón, ají, frejol y harina (Núñez y Briones, 2017).

Al sur de Iquique, en los sitios de Punta Patache, Cáñamo y Caleta Huelen, se han encontrado restos de plantas, como resultado de posibles intercambios de productos agrícolas desde el interior hacia la costa (García et al., 2014; Núñez y Moragas, 1977; Rivera, 2005; Urbina et al., 2011; Zlatar, 1983). En el sitio Cáñamo 1 (890 y 820 a.C.) y Cáñamo 12, se detectaron también restos de maíz, calabazas, frejoles y algodón, posiblemente producto de un proceso de interacción entre grupos altiplánicos y del litoral, (Núñez, 1976; Núñez y Moragas, 1977-1978; Núñez y Moragas, 1983). Adicionalmente, en el sitio Comanche 1, se han recuperado restos de zapallo, calabaza y quínoa pertenecientes al Periodo Formativo (Cabello et al., 2013). Al norte del sitio Patache, junto a Caleta Cáñamo, se han detectado también restos de algodón, calabaza, maíz, y otras especies silvestres (Moragas y Méndez-Quiroz, 2022).

A diferencia de las localidades anteriores, la población ubicada en las costas de la región de Antofagasta, entre la península de Mejillones y desembocadura del río Loa y Taltal, mantuvo por un largo tiempo y sin alteración, su sistema de subsistencia arcaico basado solo en la caza, pesca y colecta de recursos marinos (Llagostera, 2005; Núñez y Santoro, 2011), sin la introducción de nuevos productos e innovaciones que ayudaran a transformar las formas de vida de sus habitantes (Salazar et al., 2015). La ausencia de cambios en la dieta basada en productos del mar de estas poblaciones fue confirmada por un estudio realizado con individuos pertenecientes desde el Periodo Arcaico Tardío (ca. 4.500 cal a.P.), hasta el periodo Alfarero Tardío (ca. 700 cal a.P.), de las localidades ubicadas entre Taltal y Paposo (Andrade et al., 2014; 2016).

Hasta ahora, no hay indicios de cultivos y herramientas usadas en la costa para el periodo Formativo. La ausencia de cultivos en esta zona se podría explicar por la escasez de agua y la disponibilidad de tierras fértiles, pero también por el conservadurismo del modo de vida marítima de sus habitantes, como también por la posibilidad de obtener dichos alimentos a través del intercambio con habitantes de otras zonas (Llagostera, 1989). Es así como, se ha encontrado maíz, quínoa, calabaza y zapallo en la desembocadura del río Loa, fechados entre el 2.500 y los 1.500 cal. a.P. (Núñez, 1971; Núñez, 1974; Núñez, 1976; Moragas, 1995; Carrasco et al., 2017), posiblemente producto de un mayor contacto de las poblaciones de la costa del Desierto de Atacama con el valle del Loa y oasis, desde donde empiezan a obtener recursos producidos fuera de la costa como textiles, cerámica, y metales mediante procesos de intercambio (Ardiles et al., 2011; Carrasco et al., 2017). La presencia de estos productos agrícolas en la zona podría indicar su posible uso en actividades rituales y simbólicas, ya que estos productos han sido encontrados únicamente en contextos fúnebres y en ajuares de los entierros (Ardiles et al., 2011), como parte de ofrendas en contextos fúnebres, y en algunos casos dentro de bolsas finamente tejidas o en miniaturas de cestería, ambas de origen no local, correspondientes al Periodo Formativo (Núñez, 1971; Núñez, 1974; Núñez, 1976).

En el litoral de Mejillones, se pudo confirmar el consumo de algunos productos vegetales, a través del análisis de los residuos adheridos a fragmentos cerámicos recuperados en tres cementerios de túmulos asociados al Periodo Formativo. En este estudio, se identificó la presencia de restos de *Chenopodium* sp., *Amaranthum* sp., *Phaseolus* sp., *Nicotiana* sp., *Zephyra* sp. (Carrasco et al., 2017), y quínoa (Correa et al., 2018).

En otras localidades de la zona, como Cobija, se ha demostrado un mayor consumo de vegetales cultivados provenientes de otras localidades y un cambio en los tipos de instrumentos utilizados, producto de una notoria interacción con las comunidades de tierras altas, durante el periodo Intermedio Tardío. Esta situación sugiere la presencia de un sistema económico más diverso, que continuaba basándose principalmente en la caza, pesca y recolección de recursos marinos, pero complementado con productos agrícolas excedentarios introducidos, por las caravanas y el intercambio con grupos de San Pedro y el Loa (Uribe, 2002; Uribe y Adán, 2005). Es así como en Guasilla 2, la presencia de restos vegetales de cucurbitáceas, chañar, algarrobo, algodón y maíz, han sido asociados a las tierras altas atacameñas, en Periodos Tardíos (Varas, 2014).

La llegada de los incas a la zona no produjo grandes cambios en el sistema de subsistencia de la población, ya que ellos estaban preocupados por el uso de la mano de obra en la explotación de los recursos marítimos, para el abastecimiento de la población minera (Ardiles et al., 2011).

Un estudio comparativo entre poblaciones costeras y del valle, pertenecientes a diferentes periodos (Arcaico Tardío, Desarrollos Regionales y Periodo Inca), confirmó el uso de una dieta marítima en las poblaciones costeras tempranas, a través de la ausencia de gránulos de almidón y un alto desgaste dental, en comparación a las poblaciones del valle que presentaron la presencia de cálculo dental formado por gránulos de almidón perteneciente a zapallo, maíz, ají, papa, frejol y *Pouteria* sp., lo que es consistente con un alto consumo de vegetales (Arriaza et al., 2018).

En resumen, a partir del Periodo Formativo, hasta la llegada de los incas, las poblaciones costeras de Arica a Taltal realizaron una ocupación intensiva de la costa del Desierto de Atacama. Estos grupos, se caracterizaron por su alta especialización en la explotación de recursos marinos. La preponderancia de la dieta marítima, sobre el consumo de plantas silvestres, ha sido corroborada en diferentes estudios realizados en poblaciones pertenecientes al Arcaico y al Alfarero Tardío ubicadas en Taltal y Paposo (Andrade et al., 2014). Sin embargo, estas poblaciones se fueron insertando paulatinamente a la economía y sociedad macrorregional (Núñez, 1971), y fueron incorporando el uso de recursos agrícolas, producto de sus operaciones de intercambio con poblaciones de los valles, quebradas, oasis y/o lugares altiplánicos o trans-altiplánicos, primero en contextos fúnebres como en la desembocadura del Loa y en el sitio caleta Huelén 12 (Núñez, 1974) y, posteriormente, en contextos más cotidianos, como en la localidad de Punta Blanca (Ardiles et al., 2011), Cobija (Castro et al., 2012), vertedero Municipal de Antofagasta (Carrasco et al., 2015) y Guasilla (Varas, 2014).

II. Depresión intermedia, valles occidentales y Pampa del Tamarugal

En Chile, los valles Occidentales se extienden desde Arica por el norte, hasta el río Loa por el sur, donde se pueden distinguir tres ecosistemas: a) Valles de la costa o de Arica; b) Pampa del Tamarugal; c) Tierras altas de los Andes (Schiappacasse et al., 1989; Muñoz et al., 2019; Ugalde et al., 2021).

A. Valles de la costa o Valles de Arica (18 a 19,5° L.S.). Estos valles se extienden paralelamente a la costa exorreica desde Arica hasta la quebrada de Tana. Estos valles se caracterizan, por estar surcados por el río Lluta y tener quebradas activas y valles fértiles, aptos para el crecimiento de una diversidad de plantas silvestres y cultivos subtropicales, los que fueron la base de la economía agro-marítima de esta población. Esta población, se caracterizó por presentar asentamientos dispersos y una alta movilidad, lo que les permitió aprovechar los recursos de los diferentes pisos ecológicos de la región (Muñoz, 1989; Muñoz et al., 2019).

Durante el Periodo Arcaico Tardío, los habitantes de la costa empezaron a tener acceso hacia las vertientes y cursos fluviales interiores de los valles Lluta, Azapa, Camarones y Conanoxa, donde junto a la captura de animales y la recolección de plantas silvestres, empezaron a realizar los primeros intentos agrícolas alrededor de 2.000 y 1.000 a.C. Es así como, se han encontrado restos de calabaza, en el sitio Quiani 7 (Dauelsberg, 1974); de yuca o mandioca, camote, calabaza y algodón en el sitio La Capilla 1, en terrenos cercanos a la desembocadura de los ríos (Muñoz, 1982; Muñoz, 2004a); y de maíz y algodón cerca de la desembocadura del río Lluta, en un contexto de una economía basada principalmente en la pesca y recolección de productos marinos (Niemeyer y Schiappacasse, 1963; Schiappacasse et al., 1993; Muñoz y Chacama, 2012). Para finales del Periodo Arcaico, se ha informado la presencia de 14 taxas silvestres, lo que significó una duplicación en comparación a las fases anteriores. Del total de las taxas identificadas, un 50 % eran comestibles como el *Amaranthus* sp., *Chenopodium* sp., entre otras (Ugalde et al., 2021).

Los inicios de la actividad agrícola en los valles de Arica se asocian con el Periodo Formativo, proceso que se extiende entre 1.000 a.C. a 200 d.C. El Periodo Formativo Temprano, se caracterizó por la presencia de poblaciones de origen costero que continuaron incursionando en los valles, en el proceso de experimentación agrícola, sedentarización, desarrollo de otras actividades, tales como: la cerámica, metalurgia, domesticación de camélidos y el intercambio entre pobladores de la región (Ugalde et al., 2021). Este Periodo culminaría con el proceso de consolidación agrícola durante la Fase Azapa (ca 1.000- 500 a.C.) y Fase Alto Ramírez (500 a.C.-500 d.C.) (Santoro, 1980; Muñoz, 2004a; Núñez y Santoro, 2011; Muñoz, 2019).

Entre los factores que habrían motivado a los pescadores-recolectores a incursionar hacia el valle y a continuar con el incipiente desarrollo agrícola están: a) el conocimiento de las plantas silvestres, introducidas y el medio ambiente (Muñoz, 2004a; Vidal, 2006; Muñoz, 2019); b) la mayor disponibilidad de agua (Gayo et al., 2015); c) el crecimiento poblacional y la necesidad de obtener alimentos complementarios a su dieta (Standen et al., 2007; Gayo et al., 2015); d) el contacto y la presencia de poblaciones altiplánicas asentadas en los valles entre 1.000 y 500 a.C. (Muñoz, 1982; Rivera y Rothhammer, 1986; Castro y Tarragó, 1992; Briones et al., 2005; Vidal, 2006; Rothhammer et al., 2009); y e) el cambio de las condiciones climáticas que habrían alterado las condiciones de las desembocaduras de los ríos (Ramírez et al., 2001; Gayo et al., 2015).

Durante el periodo Formativo, se produjo un aumento importante en el uso de plantas silvestres, cultígenos, aves y animales terrestres menores (Muñoz et al., 2019). En este sentido estudios realizados en 87 sitios arqueológicos han identificado la presencia de 61 taxas silvestres y 14 cultivadas (Ugalde et al., 2021), como la yuca o mandioca, camote (*Ipomoea batatas*), achira (*Canna edulis*), quínoa, maíz, jíquima (*Pachyrrhizus* sp.), frejol, pallares (*Phaseolus lunatus*), ají, zapallo (*Cucurbita máxima*) y calabaza (*Cucurbita moschata*) (Álvarez, 1969; Núñez, 1974; Focacci, 1980; Focacci, 1982; Muñoz, 2004a; Muñoz et al., 2019; Ugalde et al., 2021), la papa posiblemente introducida desde el altiplano, alrededor de 800 a.C. (Santoro y Chacama, 1982), maní (*Arachis hypogaea*), *Erythroxylum* sp. y *Oxalis tuberosa* (Ugalde et al., 2021). Una posible explicación sobre la aparición de las plantas cultivadas en esta zona, es la llegada de inmigrantes desde de la selva tropical oriental de los Andes, los cuales se empezaron a mezclar con los grupos locales (Pestle et al., 2015; Rothhammer et al., 2009).

En la zona de Arica, se destacaron los valles de Lluta, Azapa, Vítor y Camarones que presentaron desde muy temprano condiciones muy favorables para el asentamiento humano.

Valle Lluta. El río Lluta pertenece a un conjunto de cuencas exorreicas, cuyas aguas permanentes o semi-permanentes desembocan en el mar, permitiendo el riego de los suelos cultivables y el desarrollo de vegetación en la sección septentrional del Desierto de Atacama. La evidencia arqueobotánica recuperada desde el sitio Lluta 57, indicó la presencia de un amplio número de vegetales en los sectores habitacionales como mortuorios, entre los que destacan restos de mazorcas, granos, hojas y tallos de maíz, semillas de frejol, semillas y cortezas de zapallo y calabaza, semillas y fibras de algodón, semillas y restos de frutos de ají, vainas de maní, endocarpios y vainas de algarrobo, frutos y carozos de chañar (*Geoffroea decorticans*), semillas de quínoa silvestre, monocotiledóneas y restos de tubérculos no determinados (Silva-Pinto y Salazar-García, 2015; Vidal et al., 2012). También, se ha obtenido evidencia de abundantes restos de maíz en los sitios Sora Sur (Ll-19), Millune (LL-21), Arancha 1-2 (Ll-91), Vinto 1-2 (Ll-93), Cruces de Molino (Ll-43) y Lluta 13 (García y Santoro, 2014). Por otro lado, en el sitio Molle Pampa, se ha identificado un conjunto de herramientas utilizadas en diferentes actividades agrícolas como en la siembra, aporque, desmalezado y cosecha, además de sogas o cordeles, elementos importantes en el transporte y almacenaje de productos. Entre las herramientas agrícolas encontradas, se pudieron reconocer palos aguzados usados para roturar el suelo, realizar la siembra, y palas de diferentes formas y azadones, para el cuidado de los cultivos. Los azadones estaban construidos de madera, quijada de camélido o hojas líticas de andesita (Vidal y Méndez-Quirós, 2015).

Valle de Azapa. Durante el periodo Formativo, los primeros agricultores prefirieron ocupar los valles regados con aguas dulces (Azapa, Chaca, Chiza, cabecera del valle Camarones), debido a que las aguas saladas no eran adecuadas para la producción de camotes, frejoles, quínoa, zapallo, jíquima, coca (*Erythroxylum coca*) y calabazas (Focacci, 1980).

En la fase Azapa, los habitantes ubicaron sus asentamientos cerca de la desembocadura de los ríos, como una manera de utilizar el agua en la producción de cultivos. Diferentes estudios, han encontrado las primeras herramientas agrícolas, como palos aguzados, palas líticas y una amplia diversidad de plantas silvestres y cultivadas, como maíz, frejoles, pallares, ají, algodón, quínoa y yuca, entre 500 a.C. y 300 d. C (Niemeyer y Schiappacasse, 1969; Focacci, 1974; Núñez, 1974; Rivera, 1975; Santoro, 1980a; Santoro, 1980b; Dauelsberg, 1985a; Muñoz, 1985; Muñoz, 1995-1996; Romero et al., 2004; Muñoz, 2004 a), lo que indica la presencia de producción local, pero sin excluir la presencia de productos foráneos (Núñez, 1974; Muñoz, 2004a).

Posteriormente, durante el Periodo Formativo Tardío (fase Alto Ramírez, 500 a.C. a 300 d.C.), se produjo la consolidación de la vida aldeana en los valles, las prácticas agrícolas, y el desarrollo de redes de intercambio que permitieron la integración geográfica de los recursos de la costa, valle y el altiplano, lo que dio origen a un sistema de subsistencia agromarítimo, con una fuerte dependencia en los recursos marinos (Focacci, 1980; Santoro, 1980a; Santoro, 1980b; Santoro, 1981; Muñoz, 1982; Aufderheide et al., 1994; Muñoz y Briones, 1996; Romero et al., 2004; Muñoz y Chacama, 2012; Santoro y Chacama, 1982; Muñoz et al., 2019). En el proceso de intercambio, los habitantes del altiplano introdujeron nuevas tecnologías, como instrumentos de labranza y técnicas de irrigación más complejas, que les sirvieron a los habitantes de los valles para cultivar maíz, camote, frejol, quínoa, zapallo, jíquima, calabaza y coca; los que eran transportados posteriormente en caravanas de llamas, junto con los recursos marinos (algas, pescados, mariscos y guano) al altiplano para complementar sus recursos (Berenguer, 2015). A pesar de la presencia del maíz en esta zona, los habitantes de los valles continuaron consumiendo principalmente diferentes tipos de recursos marinos y el maíz no fue parte importante de la dieta de la población, en los Periodos Formativo, Medio, Intermedio Tardío y Tardío (King et al., 2018).

La población del periodo Medio (500 a.C. hasta 1.200 d.C.), estuvo constituida por grupos de pescadores y agricultores, quienes transformaron los valles en un espacio agrícola productivo, construyeron campamentos y aldeas, e intensificaron sus relaciones de intercambio, a través de caminos y espacios ceremoniales (Muñoz y Zalaquett, 2015). Este periodo muestra una considerable reducción de la presencia de taxones, posiblemente asociado con una reducción del agua disponible. Los taxones identificados incluyeron a 11 especies silvestres de las cuales seis eran comestibles y 14 cultivadas, a saber: maní, achira, ají, quínoa, camote, zapallo, calabaza, yuca, jíquima, frejol común, pallares, papa, coca (*Erythroxylum* sp.) y maíz (Ugalde et al., 2021).

Para el cultivo de las plantas se empezaron a usar suelos ubicados en las laderas de los cerros, para lo cual fue necesario la construcción de terrazas, el uso de nuevos sistemas de captación y manejo de agua, junto al uso de nuevos instrumentos de labranza, palos, azadones y cuchillos mejorados con algunos accesorios de hueso y metal (Santoro y Ulloa, 1985). Estas innovaciones tecnológicas permitieron una mayor producción de maíz, ají, papas, quínoa, calabazas, frejol y posiblemente coca, la construcción de áreas de almacenamiento (Muñoz y Peña, 2018), el manejo de rebaños de llamas y alpacas (Muñoz y Focacci, 1985; Santoro y Ulloa, 1985; Muñoz y Zalaquett, 2015; Muñoz y Peña, 2018), y la intensificación de las relaciones de intercambio agrícola, específicamente en los valles de Azapa y Lluta. A pesar de estos avances, el sistema de subsistencia continuó siendo el agromarítimo (Muñoz y Zalaquett, 2015; Muñoz et al., 2019).

El mayor desarrollo agrícola generó cambios en la estructura económica y social de la población, lo que generó una organización y un asentamiento más complejo, articulador de la población y de las políticas del valle que, se centralizó en el asentamiento de San Lorenzo (300 al 650 d.C., Az-11) (Muñoz, 2004b; Muñoz y Gordillo, 2016; Muñoz y Peña, 2018; Muñoz, 2019). La población de este asentamiento utilizó productos marinos, plantas silvestres y cultivadas como calabaza, maíz, frejol, camote, pallar, ají, papa, pacae, algodón, silvestres, totora, algarrobos y junquillo y pozos de almacenaje o silos, ubicados fuera de los recintos habitacionales (Muñoz, 2004b).

Durante este periodo se expresó, posiblemente la influencia Tiwanaku (900 a 1.200 d.C.), a través de diferentes medios y estrategias directas (Berenguer y Dauelsberg, 1989) o indirectas (Agüero, 2000; Chacama, 2004; Muñoz, 2004a), donde las poblaciones locales lograron una identidad regional, que dio origen posteriormente a la Cultura Arica (800-900 d.C.), y al Periodo Intermedio Tardío o de Desarrollos Regionales (Schiappacasse et al., 1989).

Durante el Periodo Intermedio Tardío o de Desarrollos regionales (800-1.000 d.C.), el aumento de la disponibilidad de agua permitió continuar con el desarrollo agrícola iniciado en el periodo anterior, lo que se manifestó por la presencia de 25 especies silvestres, de los cuales nueve eran comestibles y 12 cultivadas como algodón, ají, quínoa, zapallo, calabaza, camote, yuca jíquima, frejol, pallares, papa, maíz y coca (Ugalde et al., 2021); un mayor desarrollo de las técnicas de riego y almacenamiento de agua y la confección de terrazas agrícolas que cubrieron grandes extensiones de suelo y que permitieron la vinculación con poblados más distantes, incluyendo la sierra (sobre 2.800 msnm), y el altiplano, entre los años 1.100 y 1.400 d.C. (Santoro y Muñoz, 1981; Muñoz et al., 2019).

En este proceso, las poblaciones provenientes del altiplano establecieron primeramente alianzas con las poblaciones locales de la sierra, para manejar los espacios agrícolas y luego tomaron el control de su economía y de las cabeceras de los valles, donde los excedentes agrícolas eran usados para el intercambio con las poblaciones de la costa y/o enviados a los centros nucleares del Altiplano Meridional (Rivera, 2004; Santoro et al., 2004).

Valle de Vitor y de Chaca. La información disponible permite señalar que, en el oasis del valle de Vitor y de Chaca, la agricultura fue un componente importante de la economía de estos valles y que se establecieron también pueblos y rutas de intercambio con poblaciones altiplánicas. En este sentido, un estudio realizado en la Caleta Vitor detectó la presencia de restos vegetales y semillas de maíz, algodón, cucurbitáceas, frejol, molle, algarrobo y otras semillas pertenecientes a la familia Solanaceae, donde el maíz era el recurso principal y el más abundante en el periodo Intermedio Tardío y Tardío (Carter, 2016). A pesar de la importancia de la agricultura, la población de la caleta Vitor continuó con una economía basada en recursos marinos, la que era complementada con cultivos, posiblemente de origen altiplánico (Roberts et al., 2013; Carter, 2016).

Valle de Camarones. Avanzando hacia el sur, se encuentra el valle de Camarones que constituye la última hoya hidrográfica de los Valles Occidentales del área Centro-Sur Andina que llega con sus recursos al Océano Pacífico. En Camarones, se desarrolló una economía basada en la explotación de los recursos del mar, complementada con el cultivo de maíz y otros productos como frejol, calabazas, mandioca y camote, ganadería de camélidos y caza de aves marinas y terrestres (Núñez, 1989b). En el sitio Camarones 15, ubicado en la desembocadura de la quebrada del mismo nombre, se detectó la presencia de frejol, algodón y calabazas, entre los años 890 a.C., 970 a.C. y 1.100 a.C. (Muñoz et al., 1991). Otros estudios realizados en Camarones han detectado la presencia de semillas de pallar, maíz, maní, quínoa, calabaza, papa y algodón (400 a.C.). En un cementerio ubicado en la localidad de Conanoxa, se identificaron túmulos asociados a cerámica y maíz, entre los años 320±70 a.C. y en estructuras más tardías (800 años±95 d.C.) cerámica asociada a maíz, frejol, calabazas y posiblemente algodón (Niemeyer y Schiapacasse, 1963). Este tipo de economía se mantuvo hasta la llegada de los incas, quienes intensificaron la producción agrícola, la explotación marítima, la extracción de guano y el intercambio, a través de la construcción de nuevos caminos (Núñez, 1989b).

Durante el periodo de influencia del Tiwanaku, se formó el Pueblo Viejo de Parinacota que fue un centro administrativo a nivel local y parte de una organización sociopolítica y territorial del señorío de Caranga. Este centro estuvo conectado con centros primarios y secundarios, dedicados al pastoreo de camélidos; al control de la producción ganadera; a albergar caravanas que se desplazaban por el altiplano chileno-peruano-boliviano para intercambiar productos y bienes entre los distintos pisos ecológicos de la vertiente occidental; y para mantener relaciones de reciprocidad y distribución entre el poder Estatal, los señoríos locales y las comunidades aledañas (Muñoz, 2020).

La llegada de los incas a la región de Arica y Parinacota, en el Periodo Tardío, alrededor de 1.410 d.C. (Cornejo, 2014), no significó un cambio en el sistema de subsistencia, ya que mantuvo la explotación de la economía de tipo vertical, entre la costa, los valles, la sierra y el altiplano, que mantenían sus poblaciones y que les permitía la complementación de los recursos marinos, agrícolas y ganaderos (Llagostera, 2010; Ugalde et al., 2021). A pesar de esta situación, los incas implementaron un nuevo sistema estratégico en el control del espacio, manejo de recursos hídricos, uso de terrazas y de fertilizantes orgánicos (Santoro et al., 1998), tráfico de bienes y el control de los excedentes productivos de la zona. Para lograr estos objetivos, establecieron en el área de interacción de las poblaciones preincas altiplánicas y serranas, construcciones administrativas en la costa y el valle como tambos, depósitos y asentamientos, y el control de los bofedales en la puna (Muñoz y Chacama, 1991).

En este periodo se identificaron 20 especies silvestres, de las cuales siete eran comestibles y 11 cultivadas: ají, algodón, frejol, pallar, maíz, zapallos, calabazas, yuca, camote y papa, siendo

el maíz el más abundante, seguido del frejol (Ugalde et al., 2021). A este grupo de cultígenos, se sumaban los frutos de algarrobo, chañar, tamarugo y lúcuma (*Pouteria lucuma*). Se plantea que en estos tiempos se empezó a utilizar la harina y los granos de maíz, frutos de algarrobo y chañares, para la elaboración de licores y jugos fermentados, 'chichas' (Núñez, 1993). Durante este periodo, la agricultura se basó en el uso de complejos sistemas de riego, uso de terrazas y de fertilizantes orgánicos (Santoro et al., 1998).

Estudios comparativos realizados entre individuos de la costa y del valle, han permitido confirmar la dieta proteica, tipo marítima de la costa y el consumo de vegetales en los valles, independiente de los periodos culturales de los individuos estudiados, a pesar que ellos poseían una dieta agromarítima (Watson et al., 2010; Arriaza et al., 2018).

En resumen, se postula que las comunidades tempranas de los valles-costa del norte de Chile, tenían hábitos de caza-recolección y fueron posiblemente los responsables del comienzo de la agricultura en las zonas de la desembocadura de los ríos y cursos inferiores de los valles que atravesaban el norte de Chile (Núñez, 1972). Los asentamientos de los valles de Azapa, Lluta, Vitor y Camarones tenían un sistema de subsistencia agromarítima basada en el consumo de recursos marítimos y complementada con la recolección de vegetales silvestres y productos cultivados externos, apoyada por una extensa red vial y una intensa interacción y movilidad entre los diversos espacios agroecológicos (Santoro et al., 1987; Schiappacasse et al., 1989). Específicamente, en el valle de Azapa se presentaba una buena producción de maíz, calabazas, frejol, pallar y algodón, una producción media de camote, yuca, ají, zapallo y papas, y una menor cantidad de quínoa y la existencia de pozos de almacenaje o silos ubicados fuera de los recintos habitacionales (Muñoz, 2004b). La menor presencia de estos últimos cultivos se debió posiblemente a que no fueron cultivados en los valles y su presencia fue producto del intercambio con poblaciones posiblemente altiplánicas (Muñoz y Focacci, 1985). Por otro lado, en el Valle de Lluta, la producción agrícola estuvo basada principalmente en maíz, dada a su mayor tolerancia a la salinidad, por lo cual la presencia de ají, frejol, camotes, coca, algodón y calabazas podían tener su origen en el valle de Azapa.

B. Pampa del Tamarugal, Valles interiores de la región de Tarapacá (19,5° a 22° Lat. S.). La región de Tarapacá posee varias formaciones geográficas, tales como; costa, depresión intermedia llamada Pampa del Tamarugal, quebradas intermedias y altiplano. Los Valles Occidentales de la Región de Tarapacá se extienden desde el río Camarones (quebrada de Tiliviche), por el norte hasta el río Loa por el sur, cuyos ríos desembocan en la Pampa del Tamarugal (1.500 y 2.500 msnm), y no llegan al mar, lo que redunda en la presencia de una menor diversidad de plantas comparada con la zona de valles de Arica (Muñoz et al., 2019).

Los primeros asentamientos humanos en esta zona, se ubicaron en territorios con presencia de agua, como la desembocadura de ríos (Camiña y Loa) y de vertientes, las que fueron usadas para la producción de cultivos, a pesar que la base de la economía de estas poblaciones estaba basada en recursos marinos (Muñoz et al., 2019). En este contexto, la Pampa del Tamarugal representó un verdadero refugio para quienes se movilizaban entre la costa y las Tierras Altas, en donde los bosques de tamarugo (*Prosopis tamarugo*) y algarrobo *(Prosopis chilensis*) proporcionaron los alimentos básicos para el desarrollo económico y social de estas poblaciones (Núñez, 1974; Núñez, 1979; Núñez, 1982).

Durante el periodo Arcaico Tardío, los habitantes costeros que, basaban su alimentación en la caza, recolección de plantas silvestres y explotación de los recursos marinos, comenzaron

a incursionar en forma gradual hacia los suelos interiores de Tarapacá y Quillagua, donde se iniciaron las primeras experimentaciones con cultígenos en sus vertientes y cursos fluviales. Esta nueva relación entre la costa-valle, se extendió en cierta medida a la región circumpuneña, que sirvió de base para desarrollar posteriormente, el modelo de subsistencia marítimo-agroforestal de esta población (Núñez, 2006; Núñez y Santoro 2011). Los primeros datos sobre la presencia de cultígenos en esta zona se encuentran en la Quebrada de Tiliviche, al norte de Pisagua, y a unos 40 km de la costa (Núñez y Moragas, 1977-1978; Núñez, 1986), donde se detectó la presencia de calabaza, quínoa y diferentes tipos de maíz (Chutucuno chico, Capio chico chileno y Altiplánica), posiblemente introducidos desde el altiplano (Núñez, 1986), en un contexto de actividades de recolección de plantas silvestres, algarrobo y de recursos marinos (Muñoz, 1989; Núñez, 1989a; Uribe et al., 2020).

En la Pampa del Tamarugal, se plantea un poblamiento temprano, alrededor de los 390 a.C., con una intensificación de la ocupación en el Periodo Formativo, alrededor de los 1.020 d.C., y una actividad más reducida y acotada durante el Periodo Intermedio Tardío (Uribe y Vidal 2012; Urbina et al., 2012; Uribe et al., 2020c).

Durante el Periodo Formativo en esta zona, los complejos aldeanos se comenzaron a levantar en torno a los bosques de algarrobo, lo que les permitió mantener una estrecha relación entre la costa y los valles e incluso con el noroeste argentino (Núñez y Dillehay, 1979; Núñez, 1982; Muñoz, 1989; Moragas, 1995; Núñez y Santoro, 2011; Uribe et al., 2015). Las mayores innovaciones estuvieron representadas por la incorporación de la cerámica, textiles, metalurgia y cultígenos foráneos (Rivera, 1975; Muñoz, 1987; Núñez, 1989a), bajo una nueva cosmovisión, pero manteniendo los elementos culturales tradicionales (Uribe et al., 2020b).

A medida que aumentaba la disponibilidad de agua (Gayo et al., 2012; 2015), los habitantes de los suelos bajos empezaron a reocupar sectores de la Pampa del Tamarugal, que habían permanecido abandonados desde el Holoceno Temprano, lo que permitió el desarrollo de sociedades con diferentes grados de complejidad como Ramaditas, Guatacondo y Caserones, la introducción de cultivos, la expansión de la superficie agrícola cultivable y de árboles que transformaron el paisaje árido de la Pampa del Tamarugal (Uribe y Vidal, 2012; Vidal et al., 2012; Ugalde et al., 2021).

Los principales cultivos introducidos se ubicaron alrededor de los asentamientos domésticos y de los bosques de algarrobo (Vidal et al., 2012; Rivera y Dodd, 2013; García et al., 2014). En estos lugares, se ha podido encontrar calabaza, maní, frejol, pallar, papa, quínoa, zapallo y algodón, lo que indica la presencia de contactos con pobladores de otras zonas ecológicas y regiones (Núñez, 1979; Núñez, 1982; Dauelsberg, 1985a; Núñez, 1989a; Rivera et al.,1995-1996; McRostie et al., 2017; Santoro et al., 2017). A pesar de la presencia de cultígenos, la población continuó alimentándose preferentemente de plantas silvestres y en forma moderada de recursos marinos, donde el maíz tenía una baja frecuencia (García et al., 2014; Santana-Sagredo et al., 2015; Uribe et al., 2020b), a diferencia de quínoa, amaranto, calabazas y papas que han sido detectados en mayores cantidades, lo que podría indicar la mayor frecuencia de consumo de estos cultivos durante el Periodo Formativo Temprano (Rivera et al., 1995-1996; Vidal et al., 2012; Uribe et al., 2020b). Entre las plantas silvestres se destaca el algarrobo, posiblemente introducido desde el Chaco que era usado no sólo como una fuente importante de alimento para la población (Vidal et al., 2012; García et al., 2014; McRostie, 2014; McRostie et al., 2017; 2019), sino que también como abono, combustible y en la confección de diferentes utensilios y herramientas (McRostie et al., 2017).

Los principales asentamientos en la zona lo constituyeron las aldeas de Pircas, Caserones, Guatacondo y Ramaditas, los que se ubicaron entre los 1.500 a.C. y el 900 d.C. Las aldeas de Pircas, Caserones y Tarapacá Viejo, se encontraban ubicadas en la quebrada de Tarapacá, mientras que las aldeas de Guatacondo y Ramaditas estaban ubicadas en la quebrada de Guatacondo (Núñez y Santoro, 2011; Vidal et al., 2012; Rivera y Dodd, 2013; García et al., 2014). En estas comunidades, se manejaron amplias superficies cultivadas, utilizando diferentes sistemas de siembra como 'canchones' y 'melgas' asociadas a un complejo sistema de riego y un manejo sustentable del suelo (Vidal et al., 2012; Rivera y Dood, 2013; García et al., 2014; Segura et al., 2021), que les permitió desarrollar una agricultura asociada a frejoles, maíz y zapallo y la recolección y uso intensivo de algarrobo (Núñez, 1979; García et al., 2014).

La arquitectura aglutinada de estas comunidades presentes en el Periodo Formativo se convirtió en un elemento central en la estructuración de las sociedades ya que, dio inicio a importantes cambios e innovaciones en los patrones constructivos en el ámbito doméstico y público que transformó las relaciones de parentesco, heredadas del Arcaico, en relaciones al servicio de las identidades colectivas (Urbina et al., 2012; 2018a; b; Pellegrino et al., 2016).

Quebrada de Guatacondo. En la quebrada de Guatacondo, se destacaron las aldeas de Ramaditas y Guatacondo 1, ambas emplazadas en el curso bajo de la quebrada que evidencian ocupaciones muy acotadas y una escasa variabilidad de cultivos producidos en forma estacional, asociada a melgas emplazadas junto a conos aluvionales que permitían aprovechar las aguas superficiales producto de los escurrimientos estivales y napas (Uribe, 2009; Vidal et al., 2015). Estas poblaciones presentaban una forma de vida similar a las sociedades de Tiliviche, probablemente hortícola, asociadas a un esquema de movilidad transhumántica que aprovechaba los distintos ambientes de manera estacional (Núñez, 1974).

Entre estos asentamientos, la aldea de Ramaditas posee los fechados más tempranos, 390 a.C. y 80 d.C., que corresponden al Formativo Temprano. Este asentamiento se caracterizó por presentar concentraciones de recintos habitacionales, separados por amplios espacios entre sí, lo que indica una cierta concentración social, pero escasas diferencias entre lo familiar y lo comunitario, y entre lo público y lo privado. En este contexto, existió un escaso o un nulo indicio de acumulación de desechos domésticos, tanto al interior como exterior de las estructuras, lo que podría indicar que fue un asentamiento de corta duración (Uribe et al., 2020b; c).

La aldea Ramaditas está asociada también a extensos campos de cultivo, reservorios de agua (pequeños tranques y pozos), y a una red de canales de riego y dispositivos para controlar el flujo y el uso del agua (Rivera y Dood, 2013), lo que podría indicar la presencia de un sistema agrícola implementado desde el altiplano (Rivera et al., 1995-1996). El sistema de cultivo en Ramaditas, se basó en la siembra de cultivos anuales utilizando varios tipos de manejo de suelo sustentable (Segura et al., 2022), y donde se ha podido detectar la presencia de maíz (corontas y granos), frejol, pallar, calabazas (Rivera et al., 1995-1996; García et al., 2014), algarrobo, *Amaranthus* sp. o *Chenopodium* sp., *Atriplex* sp., *Cercidium* sp., *Euphorbia* sp., *Plantago* sp., *Sphaeralcea* sp., y de artefactos relacionados con la molienda y palas líticas (Rivera et al., 1995-1996), lo que podría indicar un sistema de sustento basado en la recolección de algarrobo y recursos silvestres y en una menor proporción de plantas cultivadas (Mandakovic, 2017). Otros estudios han identificado abundantes fitolitos de quínoa y maíz, y en menor proporción, papa y polen de Cheno-Amaranthaceae (Rivera et al., 1995-1996).

Posterior y contemporánea a la aldea de Ramaditas, se encuentra la aldea de Guatacondo que se ubica entre los años 200 a.C. y 70 d.C., lo que supone una posible vinculación entre ambos asentamientos. La aldea de Guatacondo, arquitectónicamente representa una ocupación unitaria en lo social y homogénea en lo cultural a diferencia de Ramaditas, lo que dio paso a la formación de una nueva organización que se articuló en torno a lo público y lo privado, con preeminencia de lo colectivo sobre lo familiar, como lo demuestra la presencia de una gran plaza central (Uribe et al., 2020c).

En Guatacondo, se usaron campos de cultivo estacionales, los que fueron sembrados utilizando diferentes sistemas de siembra como 'canchones' y 'melgas' asociados a un complejo sistema de canales de riego (Vidal et al., 2012; Rivera y Dodd, 2013; García et al., 2014), asociados a las lluvias de verano y al uso de diferentes tipos de tecnologías de riego, por al menos 300 años (Rivera y Dodd, 2013; Vidal et al., 2015). El análisis de suelo y de la composición del polen, en diferentes sistemas de preparación de suelos, indicó un aumento en el contenido de nutrientes en el sistema canchones asociado al alto contenido de limo, uso de fertilizantes orgánicos y un adecuado manejo del suelo (Segura et al., 2021). Por otro lado, el análisis del polen indicó la presencia de cultivos, malezas y especies rivereñas. A pesar de esta situación, el proyecto aparentemente no prosperó, ya que el poblado fue abandonando repentinamente (Uribe et al., 2020b; c).

La población utilizaba el algarrobo y diversos tipos de cultivos como maíz, frejol y calabazas (Núñez, 1979; Rivera et al., 1995-1996; Rivera, 2005; Vidal et al., 2012; Rivera y Dood, 2013; García et al., 2014), establecidos alrededor de las aldeas-complejos ceremoniales (Rivera et al., 1995-1996), y que mantenían en bodegas excavadas en el piso de las viviendas, como lugar de almacenaje de los productos agrícolas (Núñez, 1972; Vidal, 2006). En estos lugares, pernoctaban también habitantes de la costa y valles de Tarapacá, que participaban en el movimiento caravanero (Adán et al., 2013; Urbina et al., 2019). Algunos de los restos de vegetales identificados de Guatacondo 1, han sido quínoa, maíz, *Lagenaria* sp, frejol común y pallares (Tartaglia, 1980; Rivera et al., 1995-1996; Ramírez de Bryson, 2005; García et al., 2014), con predominancia de plantas silvestres como algarrobo, *Carex* sp, *Calandrina* sp; *Opuntia* sp. (Williams, 1980).

Los contextos funerarios de cazadores-recolectores (sitio G-5A), indican un escaso consumo de calabaza, maíz y quínoa. El análisis de polen y fitolitos sugiere el consumo de quínoa y maíz, y el de gránulos de almidón, el consumo de maíz y en menor proporción el de papa (Rivera y Dodd, 2013).

Los análisis microscópicos de residuos provenientes de artefactos de molienda, indican el uso de algarrobo, como harina y 'chicha'. Por otro lado, los análisis morfológicos de las mazorcas de maíz han permitido identificar tres tipos: 'harinoso tarapaqueño', 'Chulpi' y 'Chucutuno Chico'. Junto al maíz, se ha detectado también diferentes tipos de granos de pallares.

Quebrada de Tarapacá. En la Quebrada de Tarapacá, la aldea de Pircas está fechada entre los años 370 años a.C. y 530 años d.C., perteneciente al Formativo Temprano. En sus inicios, la aldea de Pircas fue contemporánea a Ramaditas y Guatacondo, y después a Caserones, al menos por algunos siglos. La aldea de Pircas se estableció en espacios extensos, abiertos junto a los cursos estables de agua, al igual que la aldea de Ramaditas y Guatacondo, pero estuvo organizada en múltiples estructuras circulares dispersas y conglomerados, construidas exclusivamente en piedra (Núñez, 1984; Uribe et al., 2020b; c). Sin embargo, progresivamente fueron incorporando recintos en planta rectangular, con ciertas semejanzas a los sitios contemporáneos de la costa

y la precordillera. A diferencia de Guatacondo, este patrón de asentamiento se mantuvo económica y socialmente en el tiempo, siendo abandonado como poblado estable y visitado sólo de manera esporádica después de la mitad del primer milenio de nuestra Era (García et al., 2014; Vidal et al., 2015; Uribe et al., 2020b).

El consumo de la población estaba focalizado principalmente en especies silvestres locales y en menor proporción con cultígenos, donde el recurso vegetal silvestre más abundante era el algarrobo, además de otros géneros y especies silvestres, como: Asteraceae, Cactaceae, Chenopoidaceae, *Cistanthe* sp., *Cryptantha* sp., *Equisetum* sp., *Exodeconus integrifolius*, *Geoffroea decorticans*, *Gossypium* sp., Poaceae, Juncaceae, *Lagenaria* sp., *Malesherbia* sp., *Mangífera indica*, *Prosopis* sp., *Schinus molle*, *Scirpus* sp., *Tarasa operculata*, *Tessaria absinthioides*, *Typha* sp. (Núñez, 1984).

Los habitantes de la aldea de Pircas accedían a los sectores de cultivos emplazados en el fondo de la quebrada de Tarapacá, donde los campos eran regados con el agua de la quebrada, entre los años 480 a.C. y el 500 d.C. Los cultígenos identificados fueron frejol, maíz, calabaza y algodón (Mandakovic, 2017), los que estaban asociados al cultivo en melgas ubicadas sobre terrazas fluviales y en pampas abiertas, con riego permanente para garantizar la producción agrícola anual (García et al., 2014; Vidal et al., 2015).

A comienzos de la Era se constituyó el asentamiento de Caserones, fechado entre los años 20 d.C. y los 1.020 d.C. Los primeros trabajos sistemáticos en Caserones definieron cuatro ocupaciones (Núñez, 1966b; Núñez, 1979; Núñez, 1982). La primera ocupación, ocurrida a principios de nuestra era, estuvo asociada a una horticultura de maíz y a la recolección especializada de algarrobo, orientada al autoconsumo (Núñez, 1979). La segunda y tercera ocupación (300-1.000 d.C.), se caracterizó por el ingreso de influencias altiplánicas y la introducción de una mayor diversificación de cultígenos, como: chañar, maíz, algodón y calabaza, aunque se mantuvo una dieta basada principalmente en el consumo de algarrobo (Núñez, 1979). Finalmente, la última ocupación, después 1.000 d.C., estuvo focalizada en una mayor densificación de las áreas habitacionales y la proliferación de estructuras orientadas al almacenaje, lo cual estaría relacionado con una sobreproducción alimentaria y un mayor intercambio (Núñez, 1982; García y Vidal, 2006; Adán et al., 2013).

Caserones, se constituyó en un gran centro económico basado en actividades agrícolas (recolección de frutos silvestres y almacenamiento), y de recursos marinos, los que obtenía a través del intercambio con las poblaciones costeras. La población se destacó por la confección de cestos con fibras vegetales, cerámicas y producción de textiles en base a lana de llama y guanaco (Núñez, 1966a; Núñez, 1982; Núñez, 1984; Adán y Urbina, 2010). La actividad aldeana regional, se concentró fuertemente en torno a la quebrada de Tarapacá; logrando una posición hegemónica hacia el siglo V que se mantuvo hasta dar paso al periodo Intermedio Tardío (Uribe et al., 2020b; c).

El asentamiento de Caserones ejemplifica la consolidación de un modo de vida aldeano en la región. Su arquitectura presentó un aglutinamiento residencial en convivencia con espacios públicos, lo que facilitó un cambio profundo en la organización social y productiva de la población en los años 420 d.C. (Uribe et al., 2020b). Uno de los cambios importantes en el sistema productivo fue el control comunitario de la producción y el almacenaje de los productos, lo que se vio reflejado por la clausura de los pozos o silos subterráneos y la construcción de estructuras circulares en lugares centrales del poblado, cercanas a los espacios públicos. Otros cambios importantes en

la sociedad fueron, el rol articulador de la aldea con la red de asentamientos menores ubicados en la pampa y el amurallamiento del perímetro de la aldea, como un medio de protección de sus habitantes, pero que a su vez limitó su crecimiento futuro y cerró el acceso a sus depósitos comunales, edificios públicos y religiosos a nuevos integrantes (Uribe et al., 2020a; c).

A pesar de esta situación, algunos autores han puesto en duda la importancia agrícola de las poblaciones de Caserones y Guatacondo, planteando que estos asentamientos eran sólo pequeñas aldeas que fueron utilizadas en forma intermitente, dependiendo de la disponibilidad hídrica de las quebradas tarapaqueñas y que estas poblaciones se habrían replegado a la costa o a las tierras altas en épocas de escasez de agua. Esta situación, indicaría la importancia de la complementación económica entre los diferentes ambientes ecológicos y la formación de un régimen costero-recolector-agrícola más estable que el interior (Núñez, 1972; Muñoz et al., 1991).

Investigaciones realizadas en Caserones (480 a.C. y 500 d.C.), han detectado una alta frecuencia de plantas silvestres y una moderada presencia de maíz, pallares, frejol, papa, quínoa, ají, algodón, cucúrbitas y maní (García et al., 2014). Entre las plantas silvestres, se indica la presencia de algarrobo, tamarugo, molle, pacay (*Inga feuilleu*) y totora (*Thypha angustifolia*) (García y Vidal, 2006; García et al., 2014; Vidal-Elgueta et al., 2016), *Amaranthus* sp., *Anadenanthera colubrina*, Cactaceae, *Cistanthe* sp., Cryptantha sp. *Geoffroea decorticans*, *Mucuna* sp., *Phragmites australis*, *Scirpus* sp., *Tessaria absinthioides* (García y Vidal, 2006), lo que indica la importancia de las plantas silvestres en la alimentación de la población durante este periodo (Núñez, 1982; Núñez, 1984; Núñez, 1986; García et al., 2014), aunque el consumo de cultígenos aumentó significativamente durante el Periodo Formativo Tardío, las plantas silvestres y los recursos marinos mantuvieron un rol relevante en la alimentación de la población (García et al., 2014; Santana-Sagredo et al., 2015).

El análisis del maíz encontrado en Pircas y Caserones, confirmó una menor intensidad de su producción y uso de este cereal en el Periodo Formativo Temprano y Tardío, en comparación al final del Periodo Intermedio (900-1.450 d.C.) (Mandakovic, 2017; Vidal-Elgueta et al., 2019). Una situación similar, se detectó en los maíces encontrados en el poblado de Camiña (García y Vidal, 2006; Santana-Sagredo et al., 2015). Durante esta época, el cultivo del maíz se extendió hacia el norte y sur de Tarapacá (Santoro et al., 2017). Esta mayor producción y consumo de maíz en la población, a finales del Periodo Intermedio, significó un cambio importante en las características de las plantas de maíz consumidas. En primer lugar, se detectó una pérdida de variabilidad genética y heterocigosidad entre los genotipos antiguos (400 a 500 a.C.), y aquellos fechados con posterioridad a 500 a.C. En segundo lugar, los genotipos seleccionados presentaron un mayor tamaño de la mazorca y del grano (Vidal-Elgueta et al., 2019), y una disminución del contenido de hierro en el grano (Vidal-Elgueta et al., 2021), lo cual indica que los agricultores de Tarapacá realizaron un proceso de selección por tamaño de mazorca y grano, a través del tiempo y que el contenido hierro podría estar asociado negativamente al tamaño de la mazorca y del grano de los genotipos seleccionados (Vidal-Elgueta et al., 2016; Uribe et al., 2020b).

Un estudio realizado en sitios de Pircas, Caserones, Guatacondo 1 y Ramaditas concluyó que las cuatro aldeas compartían una orientación agrícola y forestal, aunque presentaron una significativa heterogeneidad en las prácticas de caza, pesca, recolección, silvicultura y agricultura, durante el Periodo Formativo. Es así como, las aldeas Pircas y Caserones, presentaron una ocupación continua, muy ligada a la explotación de los bosques y con interacción con la costa (García et al., 2014), a diferencia de las aldeas de Guatacondo que tuvieron una ocupación más estacional mucho más focalizado en la producción agrícola, durante los meses de verano y asociada a las lluvias altiplánicas (García et al., 2014).

En estos cuatro sitios, se detectó la presencia de algarrobo, molle, chañar (*Geoffroea decorticans*), amaranto (*Amaranthus* sp.) y puskayo o tunilla (*Opuntia* sp.), como recursos silvestres y maíz, calabaza, zapallo, quínoa, pallar, frejol y maní como especies cultivadas. Entre las especies cultivadas, el maíz fue el cultivo que se encontró en una mayor frecuencia en Caserones comparado con Pircas y Guatacondo, y una menor presencia de frejol pallar y frejol común en Caserones y Pirca. Por otro lado, la quínoa se encontró en cantidades similares en Guatacondo y Caserones (García et al., 2014). La datación directa, sobre una porción de los ejemplares de Guatacondo, arrojó una fecha de cal. 160 a.C. a 20 d.C. (Urbina et al., 2012; García et al., 2014).

Los restos vegetales encontrados en el cementerio Tarapacá 40A (1.000 a 500 a.C), ubicado frente a Caserones, señalan la presencia de una agricultura temprana asociada a actividades intensivas de recolección de algarrobo, consumo de maíz y de otros productos como quínoa, calabaza, papa, zapallo, pallar, maní y algodón hacia los 400 a.P. (Núñez, 1971; Castro y Tarrago, 1992; Santana-Sagredo et al., 2014). Estos resultados fueron ratificados mediante isótopos estables de los restos encontrados en el cementerio Tarapacá 40 (Santana-Sagredo et al., 2015; Uribe et al., 2015), Pica 8; cementerio de Quillagua (Santana-Sagredo et al., 2015), Quitor 6 (Santana-Sagredo et al., 2015); cementerio de Caspana (Torres-Rouff y Knudson, 2009) y Cáñamo 3 (Arias y Herrera, 2010). Por otro lado, la alta presencia de recursos marítimos en estos sitios indica que las conexiones y movimientos entre los pobladores de la costa y del interior, fueron frecuentes y económicamente importantes (Núñez, 1982; Muñoz, 1989; Núñez y Santoro, 2011; Uribe et al., 2015).

Otro estudio realizado en el sitio Iluga-Tumulos, ubicado al oeste de la quebrada de Tarapacá, indicó la siembra de maíz, zapallos, habas, tomates y ají y el uso posible de terrazas agrícolas y melgas, cuya producción proveía el sustento a las faenas mineras del lugar (Castro, 2004; Hidalgo, 2009; Vidal et al., 2015). Este sitio poseía suelos con alto potencial agrícola y silvícola, aguas subterráneas y de escurrimientos superficiales que fueron manejados, posiblemente, a través de diferentes sistemas de riego y conectado a San Lorenzo, la precordillera andina y al altiplano de Iluga (Uribe et al., 2020a).

La ausencia de la influencia Tiwanaku en este territorio, hizo que el Periodo Formativo fuera excepcionalmente extenso y se enlazara directamente con el Periodo Intermedio Tardío o Desarrollos Regionales, y diera origen al complejo cultural Pica-Tarapacá (900-1.450 d. C.) (Núñez, 1965; Núñez, 1984). En este sentido, estudios recientes señalan que la población de Caserones, se habría mantenido activa hasta la primera mitad del Periodo Intermedio Tardío (950-1.250 d.C.), y con una ocupación total, aunque superficial del asentamiento asociada al Complejo Pica-Tarapacá (Uribe et al., 2007; Nuñez et al., 2023).

La población de Pica-Tarapacá se ubicó entre los ríos Camiña y Loa, en la costa, los valles bajos y las quebradas interiores de la Pampa del Tamarugal, bajo los 2.500 msnm. Este complejo cultural, estuvo organizado bajo un sistema de 'señorío' por ambiente (costa, oasis, quebradas), que le permitió un control vertical de los pisos ecológicos y de los vínculos con el altiplano y el valle de Azapa, para acceder a los diferentes tipos de recursos propios de estas localidades (Núñez et al., 2023).

Los 'señores' o autoridades de Pica controlaron el territorio desde el oasis al Loa inferior y desde Tarapacá, Camiña y Tarapacá, donde ambas autoridades compartían enclaves en la costa, lo que les habría permitido formar una entidad sociopolítica única, que alcanzó su máximo apogeo con la construcción del poblado San Lorenzo o Tarapacá Viejo (Tr-49), el cual se habría mantenido

activo hasta la conquista española (Núñez, 1979; Núñez, 1984; Moragas, 1995). Desde el punto de vista de subsistencia, esta población se dedicó a la explotación del bosque local y a los cultivos de maíz, calabaza, ají y frejol (Núñez, 1965; Núñez, 1966b; Núñez, 1984), aunque su dieta estuvo basada en recursos marinos y terrestres (Núñez et al., 2023).

Durante el Periodo Intermedio Tardío, se produjo un movimiento de la población hacia los suelos altos y la costa, debido a la menor disponibilidad de agua. Las aldeas de Pircas y Caserones, como también algunos asentamientos de la Pampa Iluga, empezaron a ser abandonadas o a tener una ocupación estacional, alrededor de 1.500 cal a.P. (Ugalde et al., 2021). La producción agrícola fue relegada a las terrazas artificiales, que dependían principalmente del agua de lluvia, la población de la Pampa se redujo (Tarapacá Viejo, Pica 8 y Iluga Túmulos), y se produjo una mayor producción debido al uso del maíz 'mejorado' en el Periodo Formativo Tardío (Vidal-Elgueta et al., 2021). Se intensificó la movilidad de los recursos de la población del oasis de Pica, lo que permitió la convivencia de habitantes temporales con las poblaciones locales, que eran los responsables de trasladar los excedentes alimentarios terrestres y marítimos (Núñez y Briones, 2017). Es así como, las excavaciones realizadas en los cementerios de Pica 3 y Pica 8, han señalado la presencia de maíz y calabaza, a través de semillas contenidas en bolsas y vasijas (Zlatar, 1984; Núñez et al., 2023).

Se plantea que la intensificación del sistema agrícola pre-inca (alrededor de año 1.000 d.C.), hasta el periodo colonial (1531-1800 d.C.), apoyó el establecimiento de los asentamientos ubicados alrededor de la rivera de los ríos y oasis en el Desierto de Atacama y, que el aumento de la población, estuvo relacionada al uso de fertilizantes orgánicos (guano), y al aumento en el consumo de maíz. Esta hipótesis, se basa en el aumento del contenido de nitrógeno en la planta de maíz y del contenido de carbono del suelo (Santana-Sagredo et al., 2021), lo que viene a confirmar estudios anteriores que habían detectado elevadas concentraciones de carbono, nitrógeno y fosfato en los sitios Ramaditas y Guatacondo (Segura et al., 2021), y el uso de fertilizaciones con guano de camélidos y de pájaro en maíz (Szpak et al., 2012).

El Periodo Tardío (1.450-1.532 d.C.) o de Desarrollos Regionales finalizó con la llegada de los incas a Tarapacá, alrededor de 1.410 d.C., quienes se encontraron con un escenario multicultural e identidades regionales controladas por diferentes cacicazgos (Cornejo, 2014). En este contexto, los incas contribuyeron a realizar: a) una agricultura más intensiva, sin introducir mayores cambios en la diversidad de cultivos presentes y en la dieta de la población; b) un cambio en la organización política y económica de la población que significó el reemplazo de los cacicazgos (asociación de ayllus), por un sistema de autoridades provinciales, nombradas por el Estado, o el reconocimiento de las autoridades locales en representación del Inca; c) la construcción de centros administrativos y de una red vial que incluía depósitos estatales y otras estructuras junto al camino oficial como una manera de favorecer la unión de estas regiones con el Cusco; d) la explotación minera; e) el traslado de poblaciones en calidad de mitimaes; y f) el pago de tributos al Inca y participación de las autoridades en las redes de tráfico e intercambio de bienes (Urbina et al., 2019; Ugalde et al., 2021). Esta fase prehispánica tarapaqueña terminó con el arribo de los españoles en el año 1.540.

III. Tierras altas de los Andes del Norte Grande

Las tierras altas del Norte Grande comprenden: a) las de Arica-Parinacota; b) de Tarapacá; c) la subárea Circumpuneña, y d) San Pedro de Atacama**.**

A. Las tierras altas de Arica-Parinacota. Es una franja de 20 a 35 Km de ancho comprendida entre 1.000-2.300 a 3.200-3.800 msnm que limita al oeste con los valles costeros y al este con el altiplano y la alta puna (García y Sepúlveda, 2011). Los pobladores de esta zona se caracterizaban por poseer un modo de vida con movilidad de corta y larga distancia, dependiendo de la disponibilidad de agua, y de la flora y fauna para su alimentación y del intercambio entre los diferentes ambientes. En este contexto, la recolección de recursos vegetales silvestres y la caza de animales fueron actividades fundamentales en los diversos ámbitos de su vida, a pesar de la introducción del pastoreo y el consumo de vegetales domesticados (Sepúlveda et al., 2018). Entre las especies vegetales disponibles estaban la totora (*Typha angustifolia*), junquillo (*Scirpus* sp), cactáceas, quínoa silvestre, tubérculos tales como la oca, ullucu, isaño (*Tropaelum*), papa tetraploide, quínoa y kañahua (*C. pallidicaule*). Entre los animales, se destacaban los guanacos (*Lama guanicoe*), vicuñas (*Vicugna vicugna*), y alpacas (*Vicugna pacos*), entre otros (García y Sepúlveda, 2011). Estas poblaciones utilizaban además algunas técnicas, como la deshidratación de tubérculos y de carne para producir charqui, para lo cual aprovechaban las heladas nocturnas y calor durante el día; la molienda para producir harinas y el tostado de quínoa y maíz (Núñez, 1993).

B. Tierras altas de Tarapacá (Precordillera). Avanzando hacia el sur, se encuentran las poblaciones de Nama, Camiña, Chusmiza y Jamajuga (adscritos al Complejo Pica-Tarapacá, ca. 1250-1450 d. C), asentadas en la precordillera de Tarapacá. Estudios realizados en estas poblaciones, indicaron la presencia de restos de vegetales, árboles y especies de cultivos como zapallo, quínoa, algodón, calabaza y maíz en el periodo Intermedio Tardío. En este contexto, los restos de quínoa se presentaron en forma más abundante, en comparación con el maíz, lo que podría indicar una menor diversidad y disponibilidad de alimentos comparado con el encontrado en las aldeas de las quebradas de Tarapacá, desde donde pudieron ser transportados los productos cultivados para el autoconsumo de esta población (García y Uribe, 2012). Sin embargo, se señala también que estos resultados podrían responder a un problema de conservación de los productos, ya que el método utilizado en esta investigación se basó en la flotación y observación directa de los macrorestos de la excavación (Alejandra Vidal, comunicación personal).

Un estudio realizado en el sector Isluga, correspondiente al Periodo Intermedio Tardío y Periodo Tardío, señaló que el tipo de asentamiento de esta población altiplánica habría sido, tanto de carácter estacional en la búsqueda de pastos para el ganado, como permanente destinada a desarrollar actividades asociadas con la agricultura, el comercio y el intercambio entre los habitantes de Isluga y los pueblos de la precordillera (González, 2015).

C. Andes circumpuneños. Los Andes circumpuneños están formados por las tierras altas de Catamarca, Salta y Jujuy ubicadas en el noroeste argentino; los departamentos de Potosí y Tarija en Bolivia, y los sectores altos de la región de Antofagasta y del extremo septentrional de la Región de Atacama, en Chile (Nielsen, 2008; González et al., 2014).

En las tierras altas de Antofagasta se pueden distinguir: a) una franja de oasis ubicados entre los 2.400 a 2.800 msnm, como Calama, Chiu-Chiu y San Pedro de Atacama, con presencia de algarrobos y chañar; b) una zona precordillerana a los 2.700 a 3.600 msnm, con vegetación arbustiva de tolar, quebradas con recursos forrajeros, una agricultura de terrazas con manejo de agua y una población con alta movilidad y, con desplazamientos verticales como horizontales vinculados a los recursos costeros; c) un altiplano intermontano con pajonales y bofedales y con una economía agropastoril (Castro, 1988).

Durante el Periodo Arcaico Tardío, las comunidades cazadoras-recolectoras radicadas en la circumpuna empezaron a sufrir importantes cambios que estuvieron asociados a la domesticación de camélidos, al mayor uso de recursos silvestres, al uso de asentamientos semi-sedentarios y a la intensificación de los contactos con los pobladores de la costa (Núñez et al., 2006a; Núñez et al., 2006b; Núñez et al., 2009; Núñez y Santoro, 2011).

A principios del Periodo Formativo (1.500-500 a.C.), producto de las condiciones climáticas más húmedas, las sociedades locales lograron mejorar y combinar sus prácticas de caza y recolección de frutos, tubérculos y raíces silvestres con las actividades agropastoriles, como la crianza de camélidos, uso de la fibra de camélidos y el desarrollo de una horticultura incipiente que estaba basada en el cultivo de quínoa, calabaza, zapallo, coca, ají, maíz, tubérculos, en un contexto de una creciente complejidad social, pero donde la dieta de la población estaba basaba fundamentalmente en el consumo de plantas silvestres terrestres y raíces suculentas de plantas acuáticas (Llagostera et al., 1984; Agüero, 2005; Núñez et al., 2006a; Núñez et al., 2006b; Cartajena, 2009; Núñez et al., 2009), y la caza de animales pequeños (Agüero, 2005), y en una fase posterior en la intensificación productiva en los oasis durante el Periodo Formativo Tardío (Vidal, 2006). Aunque algunos autores señalan que, durante este periodo el desarrollo de la horticultura fue muy incipiente y habría estado restringida sólo a pequeñas huertas familiares, debido a la cantidad y diversidad de restos de cultivos recuperados en algunos sitios como Tulán (McRostie, 2007) y la quebrada de Vilama (Vidal, 2006).

Los trabajos realizados en la quebrada de Tulán, confirman que los recursos silvestres locales y exóticos constituyeron la base del régimen de subsistencia de esta población, la que era complementada con el uso de un bajo porcentaje de cultivos. Entre los restos de cultivos encontrados, se pueden mencionar el ají, maíz, calabaza y zapallo, posiblemente introducidos desde la vertiente oriental de la puna; y la oca (*Oxalis tuberosum*) y quínoa, provenientes posiblemente de las tierras altas. Entre los recursos silvestres destacaban los frutos del algarrobo y chañar, que podrían haber sido utilizados como combustible y para confeccionar harina, pan, y bebidas fermentadas. Entre los recursos animales se pudo detectar una gran abundancia de restos de camélidos (Núñez et al., 2006b; McRostie, 2007).

Dada esta situación se plantea que, durante el Formativo Temprano, habría habido un énfasis en el uso de plantas silvestres y el manejo intensivo de los bosques (Vidal, 2006). En este escenario, todos los oasis pequeños y grandes habrían contribuido a complementar la dieta proteica de la población con productos de caza, pero que con el aumento y la mayor complejidad de la población, los oasis más grandes y con mayor provisión de agua, como San Pedro de Atacama, Chiu Chiu, Toconao y Vilama, habrían sido los responsables en el abastecimiento de la población con productos agrícolas y ganaderos (Agüero, 2005), en el Periodo Formativo Tardío (Vidal, 2006).

En el caso de los ríos Salado, Alto Loa y San Pedro, se postula que las prácticas hortícolas se habrían iniciado en un contexto importante de pastoreo, alrededor de 550 a.C. (Aldunate et al., 1986; Núñez, 1992; Llagostera, 1996; Vidal, 2006). Es así como, en el río Salado se puede distinguir una primera fase (1.400-500 a.C.), asociada a la caza-recolección, manejo de camélidos y una interacción de larga distancia hacia la costa, el altiplano boliviano y el oriente argentino (Núñez, 1992); y una segunda fase (500 a.C. a 100 d.C.), vinculada a las primeras evidencias hortícolas y actividad pastoril con asentamientos en quebradas y vegas, las que habrían consolidado el patrón agroganadero en el Periodo Formativo Tardío (Sinclaire, 2004).

En la zona del Alto Loa, en los sitios del Complejo Minero El Abra (SBA518, AB-36, AB 37 y AB-381), se han recuperado algunas semillas de quínoa y escasos restos de maíz, ají, calabazas, algarrobo y chañar, sin embargo, dada las condiciones naturales de estos sitios y donde no es posible desarrollar agricultura, es altamente probable que estos productos cultivados hayan sido introducidos desde las cuencas del Loa Medio y/o el Salar de Atacama (García et al., 2021). En el caso del Loa Medio, se ha establecido que en las quebradas y oasis piemontanos, las primeras comunidades pastoriles y horticultoras, habrían desarrollado patrones de interacción y movilidad intra e interregional (Núñez y Santoro, 1988), y una agricultura de maíz hacia 100-300 d.C., en un contexto de una actividad cazadora-pastoril y con crecientes niveles de sedentarismo (Benavente, 1982; McRostie, 2014).

Hacia el sur, se encuentra la localidad de Quillagua que pasó a constituir un centro regional de intercambio económico y cultural entre las poblaciones de la costa, la Pampa, el río Loa y el Salar de Atacama (Pestle et al., 2019). En sitios cercanos al pueblo de Quillagua (Quillagua 89), donde se han encontrado restos de calabazas, maíz, chañar y algarrobo entre otros restos de vegetales, con influencia de las poblaciones de Tarapacá y ofrendas de restos de maíz, algarrobo, calabaza, chañar y pallares, posiblemente de producción local (Uribe y Ayala, 2004), complementados con productos del intercambio desde y hacia la precordillera, alta puna, región costera, cuenca del Salar de Atacama o del noroeste argentino (Uribe y Ayala, 2004; Ballester y Gallardo, 2011; Berenguer et al., 2011).

Un aspecto importante de destacar durante este periodo, fue la intensificación de las conexiones entre las poblaciones del litoral arreico, de tradición marítima, con la recolectora-cazadora-ganadera-hortícola de los otros pisos ecológicos, lo que logró desarrollar un modelo de subsistencia hortícola-puneño-marítimo (Núñez et al., 2006b). En este modelo 'hortícola-puneño-marítimo', las quebradas de la precordillera y las tierras altas proveían los recursos forrajeros-ganaderos; las terrazas los productos agrícolas y la costa los recursos marinos, todo lo cual era aprovechado por las poblaciones de alta movilidad que realizaban desplazamientos verticales como horizontales a través de todos los pisos ecológicos, incluido el noroeste argentino (Castro, 1988). Esta situación, unida a la introducción de la cerámica, produjo importantes cambios en el sistema culinario y ritual de la población (Llagostera, 1989). A pesar de esta situación, la alimentación de la población continuó basándose principalmente en la colecta de plantas silvestres (Núñez et al., 2006b; Vidal, 2006; McRostie, 2014; McRostie et al., 2019).

Con posterioridad al año 500 a.C. (Periodo Formativo Medio 500 a.C.-100 d.C.), emergieron aldeas y poblaciones estables en todas las localidades y ecozonas del desierto de Antofagasta, lo que se tradujo en la expansión de las prácticas hortícolas y en un desarrollo agroforestal en los oasis del piedemonte y otro agroganadero en las tierras más altas, que produjo excedentes productivos y una importante red de intercambios dentro y fuera de la región (Adán y Urbina, 2007). En este contexto, las poblaciones de las quebradas intensificaron sus labores de caza y pastoreo, y la de los oasis adoptaron el cultivo de frejol, quínoa y maíz, aunque como en el periodo anterior, dominó la recolección de algarrobo y la crianza de camélidos. Durante este periodo, se incorporaron también las actividades mineras y el manejo de rebaños de llamas de carga, lo que facilitó el intercambio a larga distancia como, por ejemplo, con el noroeste argentino (Agüero, 2005; Núñez, 2005; Vidal, 2006).

En un trabajo realizado en el cementerio Topater del oasis de Calama (río Loa), perteneciente al Formativo medio (400 y 200 a.C.), se identificaron varias especies de plantas silvestres, semi-

domesticadas y algunas cultivadas, como amaranto, quínoa, calabaza, pallar, frejol, maíz, y algarrobo (Thomas et al., 1995; McRostie et al., 2019), las que posiblemente se sembraron alrededor de los bosques de algarrobo o fueron producto del intercambio caravanero (García et al., 2014; McRostie, 2014; Planella et al., 2018a; McRostie et al., 2019).

D. San Pedro de Atacama. En el Formativo Tardío (100-400 d.C.), la mayor población se concentró en los oasis bajos de San Pedro de Atacama, a diferencia de las épocas anteriores que ocurrió en las quebradas, lo que podría explicar el cambio de una economía basada en prácticas de caza, pastoreo, recolección y horticultura a otra basada principalmente, en recolección y agricultura de maíz y en menor medida en pastoreo (Agüero, 2005; Adán y Urbina, 2007). En estudios realizados a partir de este periodo y en algunos sitios pertenecientes a los oasis San Pedro de Atacama, se ha detectado la presencia de cucurbitáceas, Chenopodiaseae y maíz (cariopsis y fragmentos de marlo), posiblemente cultivados a partir de este periodo. A pesar de esta situación, la población mantuvo las prácticas de recolección de frutos de algarrobo y chañar como la principal fuente de su alimentación (Vidal, 2006).

A comienzos del Periodo Medio (400-700 d.C.), las comunidades atacameñas utilizaron la recolección, la caza, el pastoreo y la horticultura, como una estrategia diversificada de subsistencia, asociada a una gran movilidad entre los pisos ecológicos. En las zonas más bajas, de mayor potencial agrícola, como en los oasis, se cultivó maíz, frejol, ají, cucurbitáceas y otros productos comestibles con un manejo incipiente de sistemas de regadío, aunque se continuó con la colecta de chañar, algarrobo y otros vegetales silvestres. Respecto de la dieta, los análisis de isótopos realizados en individuos pertenecientes a la población de San Pedro señalan que estos mantuvieron una dieta relativamente rica en maíz (C4) complementada con otras plantas cultivadas (C3) (Nado et al., 2012; Torres-Rouff y Hubbe, 2013; Uribe et al., 2016).

En este periodo, el oasis de San Pedro de Atacama surgió como el centro social y económico más gravitante de la región y como tal, poseía una extensa interacción social y circulación de bienes que abarcaba las selvas orientales, valles trasandinos, altiplano nuclear y meridional de Bolivia, el desierto central y la costa del Pacífico. A pesar de la gran actividad y cambios ocurridos en San Pedro, estos no se vieron reflejados de la misma manera e intensidad en las otras zonas del territorio atacameño, lo que reveló la independencia económica y política de la población asentada en los diferentes pisos ecológicos (Uribe et al., 2016).

Alrededor del 700 d.C., se plantea una posible influencia y vínculos con el Tiwanaku, aunque no existe un consenso en cuanto a la naturaleza de su influencia, supremacía política y supuesta expansión territorial. Se plantea que los grupos de San Pedro habrían mantenido una relación indirecta con el Tiwanaku, la que habría sido mediada a través de otros individuos u otras áreas como Cochabamba, lo que indicaría que San Pedro pasó a ser parte de una amplia red de movimientos e intercambios dentro de la región que habría contribuido a la difusión de la ideología del Estado Tiwanaku, en el sur de los Andes (Uribe et al., 2016).

Durante el periodo Intermedio Tardío (850-1470 d.C.), la presencia Tiwanaku en el oasis de Atacama se fue diluyendo hasta terminar hacia 1.000 a.C., lo que dio paso a los Desarrollos Locales, con la conformación de señoríos locales que establecieron redes interregionales jerarquizadas, de alta movilidad en busca de recursos y bienes entre la costa y la puna buscando mantener el equilibrio entre los diferentes grupos locales (Shiappacasse et al., 1989; Llagostera, 1996; Dillehay et al., 2006).

Estas poblaciones, aparentemente, utilizaron una dieta basada en los recursos presentes en los diferentes pisos ecológicos, utilizando quínoa, papa y oca de pisos altos; maíz, zapallo y calabazas de pisos precordilleranos y productos del mar como peces y moluscos de la costa, como también las semillas de chañar y algarrobo, animales pequeños, aves, camélidos y roedores.

Finalmente, la llegada de los incas a la región de Antofagasta alrededor de 1.380 d. C. (Cornejo, 2014), significó el desarrollo de un sistema minero que fue apoyado, coordinado con las actividades agrícolas, ganaderas y la construcción de una extensa red vial. Este nuevo sistema agro-minero que fue operado desde la cuenca alta del río Salado, tomó la forma de un conjunto diverso de faenas como mineras, agrícolas y ganaderas en torno a Turi, poblado local desde donde los agentes estatales habrían administrado la zona (Berenguer y Salazar, 2017). En el ámbito agrícola, la mejora de los suelos y la construcción de terrazas permitió la ampliación de la superficie agrícola cultivable, el aumento de la producción de maíz, frejol, calabaza, quínoa y tubérculos, lo que dio origen a una producción de excedentes y la construcción de sistemas de almacenaje (Núñez, 1993; Adán y Uribe, 2005). La crianza de animales permitió también proveer a las faenas mineras con productos, tales como; lana, cueros, carne fresca, charqui y a la agricultura con estiércol para abonar el suelo. Finalmente, el sistema vial permitió el transporte de los productos agrícolas y ganaderos que facilitaron la intensificación de la extracción de cobre en la región (Berenguer et al., 2005; Salazar et al., 2013). Un estudio realizado en la cuenca del río Ramadillas, detectó recursos vegetales como quínoa, maíz y amarantos y los animales como camélidos en mayor frecuencia (Díaz et al., 2021).

Relaciones San Pedro-Jujuy (Argentina). Los antecedentes bioantropológicos y la evidencia arqueológica, manifiestan contactos e interacción entre San Pedro de Atacama y poblaciones del Noroeste Argentino, a través de los corredores montañosos ubicados en la triple frontera boliviana, chilena y argentina.

Existen algunas evidencias que aseguran que en el norte chileno y el noroeste argentino la sociedad alcanzó un desarrollo agrario aldeano temprano (210-250 años a.C.), antes de la expansión del Tiwanaku. Efectivamente, tanto las aldeas de Tafí, Alamito (Argentina), Guatacondo y Caserones (Norte de Chile), poseen restos de actividades agropecuarias con cambios económicos y un nuevo patrón de poblamiento, producto del éxito gradual de las labores agropecuarias a comienzos de nuestra Era (Núñez, 1972). Es muy probable que el sur peruano haya alcanzado también una expansión del estadio agrario aldeano, pre-Tiwanaku (Núñez, 1972).

Norte Chico

El norte semiárido se extiende entre los 26 a 32 ° L. S, que incluye a los sectores de Chañaral-río Choapa y Los Vilos-Pichidangue.

Periodo Arcaico Tardío. Los grupos del Periodo Arcaico (3.500 a.C. a 1 d.C.), en su fase tardía, se manifestaron como comunidades cazadoras-recolectoras móviles, que se caracterizaron por hacer un uso intensivo de las cuencas inferiores de los valles y explota los recursos marítimos, a través de la recolección de moluscos, caza de animales marinos y pesca. Sin embargo, hacia el interior se desarrollaron grupos orientados a la explotación del guanaco y la recolección de recursos vegetales como, por ejemplo, el algarrobo (Cornejo et al., 2019; Troncoso, 2019).

Periodo Formativo. Durante el Periodo Formativo, se observaron cambios importantes en la vida de los habitantes como, el paso hacia un modo de vida más aldeano, aparición de la cerámica, implementación de prácticas agrícolas, producción y procesamiento de cultígenos, lo que estuvo representado por el complejo cultural El Molle (Niemeyer et al., 1989; Troncoso et al., 2019).

Complejo cultural El Molle. El complejo cultural El Molle (300 a.C. y el 700 d.C.), ubicado en sus inicios en el Valle del Elqui, se extendió posteriormente desde el Valle de Copiapó hasta el valle del Choapa. Esta cultura se caracterizó por presentar una economía agroganadera, que no abandonó la práctica de caza y recolección, la que empezó a complementar con la incipiente domesticación de camélidos (llamas). Este complejo cultural presentó diferentes niveles de complejidad, un patrón de asentamiento semi-sedentario en los sectores de la costa y del valle (Cornely, 1956; Rivera y Ampuero, 1969; Castillo, 1986; González, 2017a), y una amplia movilidad en el uso del espacio (Méndez et al., 2009; Troncoso et al., 2016).

Debido a esta variada y compleja situación, se postula la presencia de tres sectores, Copiapó-Huasco, Elqui-Limarí y Combarbalá-Choapa que se caracterizaron por presentar diferentes dinámicas de vida, registros de restos de cultígenos e instrumentos agrícolas (Troncoso y Pavlovic, 2013). Es así como, las sociedades del área de Copiapó, presentaron un estado de vida más sedentaria en comparación a las de la región de Coquimbo, que eran más móviles y poseían un sistema de subsistencia más orientado a la caza y la recolección (Troncoso et al., 2019). En Choapa, las sociedades Alfareras Tempranas presentaron un modo de vida móvil con cultígenos y un patrón de asentamiento asociado a las tierras altas, representado mayormente, por el valle de Chalinga (Pavlovic, 2004). En cuanto a los antecedentes agrícolas en el sector de Copiapó-Huasco, se ha encontrado un número importante de herramientas agrícolas líticas, palas, manos y piedras para moler granos y restos de canales de riego (Kuzmanic, 1988; Niemeyer et al., 1988; 1989), por el contrario, en el sector de Elqui-Limarí los instrumentos identificados han sido escasos (Niemeyer et al., 1989), y hasta ahora ausentes en la zona de Combarbalá-Choapa (Iribarren, 1973; Méndez y Jackson, 2008). En relación al registro de cultígenos, en Copiapó, se ha detectado la presencia de maíz amarillo y morado, frejol morado y overo, cucurbitáceas y quínoa (Niemeyer, 1998), sin embargo, en la zona de Elqui/Limarí (San Pedro de Pichasca), se han registrado restos de frejol y maíz (Cornely, 1956; Ampuero y Rivera, 1971; Niemeyer et al., 1989; Rivera, 1995), y en el caso de Combarbalá no se han detectado estas especies (Méndez y Jackson, 2008). En Choapa, se han recuperado solo restos de quínoa en baja escala, asociado mayormente al valle de Chalinga (Belmar y Quiroz, 2003; Pavlovic, 2004).

Otras excavaciones arqueológicas realizadas en la zona han detectado semillas de frejoles de diferentes colores y formas de grano, tales como; negro globoso, negro alargado y amarillo globoso (Iribarren, 1970), en un contexto de cazadores-recolectores de gran movilidad en una amplia extensión, que abarcaría la región precordillerana y el noroeste de Argentina (Ampuero y Rivera, 1971; Ampuero y Rivera, 1972-1973). La semilla de frejol encontrada, presentó características similares a las encontradas en el Perú, especialmente, a las de Cawachi (Nasca), San Nicolás (Supe) y Valle de Ica (Ampuero y Rivera, 1972-1973). Los fechados de 14C por AMS realizadas en muestras de semillas de frejol no carbonizadas, fluctuaron entre 660-780 d.C., para frejol y 540-690 d.C., para frejol 'nuña' (Rivera, 1995). En el caso del maíz, se identificaron cuatro tipos:

un maíz autóctono (Capio chico chileno), otro similar al encontrado en Perú y Bolivia (Negrito chileno), y otra semejante a la raza colombiana, Pira (Galinat, 1972-1973). Los fechados directos de dos muestras de frejol los ubican en los años 850 d.C. y 925 d.C., respectivamente (Rivera, 1995).

A partir de estas evidencias, se plantea que desde temprano se habría practicado la agricultura del maíz, frejol y cucurbitáceas en la región semiárida del norte de Chile, pero que los cultivos no se habrían originado en esta zona, y que podrían haber sido introducidos desde el altiplano peruano-boliviano, vía el noroeste argentino a través de los numerosos pasos fronterizos abiertos a las veranadas que podrían haber vinculado a las poblaciones trashumantes del Norte Chico, con la puna y el territorio argentino (Ampuero, 1972-1973; Ampuero y Rivera, 1972-1973; Ampuero e Hidalgo, 1975; Castillo, 1986; Alé, 2014). Es así como, en Argentina, se han reconocido evidencias de grupos de cazadores-recolectores similares al de San Pedro Viejo de Pichasca, en San Juan (Los Morrillos) y en San Rafael (Rincón de Atuel) (Gambier y Sacchero, 1969; Ampuero y Rivera, 1971; Ampuero e Hidalgo, 1975; Gambier, 1985), con los cuales en una primera etapa se habrían podido intercambiar diferentes productos, como frejol, para posteriormente comenzar con el desarrollo de una agricultura incipiente (Alé, 2014). La influencia argentina en la norte de Chile, se puede observar también en los campamentos semi-sedentarios situados entre la boca de los ríos Loa y Taltal (Núñez, 1989c).

Complejo cultural Las Ánimas. Durante el Periodo Medio (800 a 1.200 d.C.), surgió un nuevo complejo cultural de transición denominado 'Las Ánimas' que se extendió entre los valles de Copiapó y Limarí (Ampuero, 1972-1973; Castillo, 1989), pero que estuvo ausente en las cuencas de los ríos Combarbalá y Choapa (Cantarutti y Solervicens, 2005; Guajardo, 2011), donde las tradiciones alfareras tempranas continuaron hasta la irrupción de la cultura Diaguita en la zona (Pavlovic y Rodríguez, 2006). Las poblaciones de Copiapó presentaron un sistema económico agrícola-ganadero, con una importante actividad minera (Castillo, 1988; Niemeyer, 1998), y relaciones con el noroeste argentino, específicamente, con la Aguada (Iribarren, 1969; González, 2017a).

Este periodo, se caracterizó por el surgimiento de los primeros camélidos domésticos en la región, consolidación de la vida agrícola y sedentaria, centrada en el cultivo de maíz y complementada con frejol, quínoa, recolección de vegetales, moluscos y la caza de animales terrestre y marítimos (Alfonso-Durruty et al., 2017; Troncoso et al., 2019).

Cultura Copiapó. En el Periodo Intermedio Tardío (1.200-1.400 d.C.), se empezaron a observar diferencias en los desarrollos culturales en la zona, lo que permitió la emergencia de la Cultura Copiapó que se distribuyó por los valles de Copiapó y Huasco entre los años 1.100 a 1.450 d.C. (Gaete y Cervellino, 2000), y la cultura Diaguita Chilena, que se extendió desde el litoral de Atacama y los valles de Huasco y Choapa, por el norte (Castillo, 1998; Ampuero, 1989), y el valle del Elqui por el sur, entre 1.000 a 1.450 d.C. (Cornely, 1956; Montané, 1969; Ampuero, 1989; Ampuero, 1994; Troncoso, 1999; González, 2007). Estas comunidades eran esencialmente agrícolas, ubicadas en terrenos de vegas (Troncoso, 1999; Troncoso, 1999-2000; Rodríguez, 2005), donde construyeron canales de regadío, terrazas, silos, y cultivaron maíz, calabaza, frejol, quínoa y posiblemente zapallo, lo que era complementado con actividades marinas, caza, recolección y una ganadería incipiente (Ampuero, 1989; Castillo, 1998; Cervellino y Gaete, 2000; Gaete y Cervellino, 2000; Cabello et al., 2010; Troncoso et al., 2019). En la cultura Diaguita chilena, se pueden distinguir claramente dos momentos: el periodo preincaico, que comprende alrededor

de cinco siglos de desarrollo independiente (900-1.470 d. C.), y el periodo de encuentro con los incas (1.470-1.536 d. C.) que fue de influencia mutua (Cornely, 1944; Alé, 2015).

Estudios realizados en Illapel, señalan que se logró constatar la presencia de diferentes tipos de restos vegetales asociados a diferentes periodos arqueológicos. Es así como, en los sitios Las Burras 2, Las Burras 5, Césped 1, Césped 3 y Alejandro Márquez, se determinó la presencia de quínoa durante las fases I y III, y maíz durante la fase Diaguita III (Belmar y Quiroz, 2001), sin embargo, en sitios ubicados en el curso superior del río Illapel, en el sitio Ranqui (valle de Chalinga), se detectó quínoa en los sitios preincaicos y Diaguita-Incaica y sólo maíz en los sitios incaicos. Por otro lado, se observó también un aumento del tamaño de la semilla de quínoa en los sitios más tardíos, lo que indicaría que la semilla de quinoa estuvo sometida a un proceso de selección por tamaño de grano (Belmar y Quiroz, 2004). Posteriormente, en otro trabajo realizado en el sitio Loma Los Brujos, ubicada en la confluencia del estero Auco con el río Illapel, se detectó la presencia de restos carbonizados de quínoa y maíz, en el contexto Diaguita con influencia incaica (Belmar y Quiroz, 2006).

Los estudios de la dieta de individuos pertenecientes a cazadores recolectores arcaicos, del Complejo 'Las Ánimas', Cultura Copiapó, y de grupos Diaguita-Incaica que comprenden 2.000 años (357 a.C. a 1.447 d.C.), indican diferencias importantes entre los individuos fechados antes de 600 d.C. respecto a los fechados posterior a 1.200 d.C., debido al mayor consumo de plantas C4, como amaranto y/o maíz, pero no se detectaron diferencias en el consumo de carnes entre los grupos estudiados (Díaz et al., 2021).

La llegada de los incas a esta zona ocurrió alrededor de 1.370 d.C. (Cornejo, 2014), en el Periodo Tardío (1.450-1536 d.C.). En relación a la llegada de los incas al Norte Semi Árido existen dos hipótesis: 1) que fue realizada y operada desde el noroeste argentino, vía valle de Aconcagua; 2) que habría ocurrido a través de los valles de Elqui/Limarí (Cantarutti y Mera, 2004; Troncoso y Pavlovic, 2013) y desde allí habría coordinado y establecido la anexión de los territorios (Troncoso y Pavlovic, 2013), designado autoridades imperiales y ubicado a los colonos traídos desde diversos lugares del imperio (González, 2017b).

El Inca controló el territorio utilizando diferentes estrategias específicas, para cada localidad y situación; por ejemplo, actuando como mediadores en localidades de conflicto; controlando los puntos estratégicos de las rutas utilizadas por pastores-caravaneros; explotando en forma descentralizada los recursos valiosos, o integrando directamente a los enclaves al sistema estatal (Cornely, 1956; Ampuero e Hidalgo, 1975; Cantarutti y Mera, 2004; Troncoso et al., 2004; Williams et al., 2009; Berenguer et al., 2011; Pavlovic et al., 2019). La presencia inca en la zona implicó un cambio social, económico y cultural en las comunidades locales, un aumento de la producción agrícola y minera, el pago de tributos, la llegada de poblaciones y bienes desde otros territorios, el desarrollo de una mayor infraestructura y ritualidad y el establecimiento de un sistema económico orientado a la producción de excedentes planificada y dirigida por el Estado (Troncoso, 2004; Williams et al., 2009; Ampuero, 2010; Troncoso, 2019).

Estudios realizados en la región de Coquimbo, concluyeron que los principales aportes agrícolas de los incas a zona fueron: la introducción de nuevas herramientas, sistemas de riego, métodos de explotación agrícola, donde cultivaron principalmente quínoa, maíz, frejol, papas, ajíes y

tomates y criaron vicuñas, alpacas y guanacos (Cornely, 1944; Jorquera, 2001; Belmar y Quiroz, 2004; González, 2018).

Zona Central

La zona central de Chile se extiende desde Valparaíso, (río Aconcagua, 32° 43' L.S.) por el norte hasta el río Biobío (36° L.S.) por el sur e incluye a las regiones de Valparaíso, Metropolitana, del Libertador Bernardo O'Higgins, del Maule, del Biobío y Ñuble.

Investigaciones realizadas en la zona central, indican que mientras se producía una consolidación de las economías agrarias en el norte de Chile, en la zona central y sur se continuó desarrollando un sistema de vida cazador-recolector por un largo tiempo (Castro y Tarragó, 1992).

Durante el Periodo Arcaico (11.000 a.C.-400 d.C.), las poblaciones asentadas en la zona Central de Chile presentaban una gran movilidad y poseían una economía basada en la caza y recolección de vegetales silvestres (Sanhueza y Falabella, 1999-2000). Sin embargo, a fines de este periodo (1.250 a 980 a.C.), se empezaron a observar algunos cambios en esta estrategia de subsistencia como, una menor movilidad de la población, asociada al establecimiento de campamentos de larga duración y una mayor integración con las poblaciones ubicadas en la vertiente oriental y occidental de los Andes (Cornejo y Sanhueza, 2011a; b). En este contexto, se ha podido detectar algunos ejemplares carbonizados de quínoa domesticada en dos sitios cordilleranos, ubicados frente a la ciudad de Santiago, como el sitio Las Morrenas 1 (Cornejo et al., 1998; Planella y Tagle, 2004; Planella et al., 2005), fechados en 1.260 a 941 a.C. (Planella et al., 2005; Planella et al., 2014) y el sitio El Plomo fechado en 1.498-1.280 a.C. (Planella et al., 2005; Planella et al., 2011), posiblemente introducidos desde Argentina (Planella y Tagle, 2004; Planella et al., 2005). Estos hallazgos, permitieron establecer la presencia de los primeros cultígenos asociados a cazadores recolectores en la región central de Chile (Planella et al., 2018b; Planella, 2019), y el inicio de la incorporación gradual de otros cultígenos en la dieta de la población (Sanhueza et al., 2003; Cornejo y Sanhueza, 2011a). La importancia de los cultivos en la dieta de la población, ha quedado confirmada por la ausencia de consumo de proteína animal (Sanhueza y Falabella, 2010), la que era aportada posiblemente por la quínoa y algunos frutos silvestres (Falabella et al., 2007).

Los cambios ocurridos en el Periodo Arcaico Tardío dieron origen a las 'Comunidades Alfareras Iniciales' (300 a.C. a 200 d.C.), que eran poblaciones relativamente independientes y que estaban ubicadas en la costa e interior de la zona central (Falabella y Stehberg, 1989; Sanhueza y Falabella, 1999-2000; Sanhueza et al., 2003; Falabella et al., 2007). Estas comunidades incorporaron la cerámica y continuaron con el uso de la quínoa (Sanhueza et al., 2003; Quiroz y Belmar, 2004; Sanhueza y Falabella, 2010), aunque mantuvieron sus actividades de caza y colecta de vegetales silvestres (Falabella y Stehberg, 1989; Quiroz y Belmar, 2004).

Grupos del Alfarero Temprano (200 a C. 1.000/1.200 d.C.)

La adopción heterogénea de la tecnología en la población de las 'Comunidades Alfareras Iniciales' significó, a fines del 200 d.C., la definición de dos grupos: aquellos que optaron por una vida más bien hortícola y aquellos que continuaron con un sistema de subsistencia ligado a la caza

y la recolección (Sanhueza, 2013). Estos grupos dieron origen al Complejo Llolleo (Falabella et al., 2007), a la Tradición Bato (Planella y Falabella, 1987; Falabella et al., 2007), y a otras unidades culturales (Chacayes y EMI/RML001) que están en proceso de definición. Estos nuevos grupos ocuparon el espacio de la costa, valle central y pre y cordillera de la Costa y de los Andes de manera interdigitada (Falabella y Stehberg, 1989; Sanhueza et al., 2003), utilizando como medio de subsistencia productos silvestres (frutilla silvestre, peumo, lúcumo, leguminosas y gramíneas), y cultivados como quínoa (Quiroz y Belmar, 2004; Planella et al., 2010), y en menor medida animales. Este tipo de consumo, ha sido confirmado por estudios de isotopos estables que señalan que la dieta de estas poblaciones, estuvo basada principalmente en carbohidratos (plantas C3), con un bajo consumo de proteínas (Falabella et al., 2008; Sanhueza y Falabella, 2010).

Grupo Bato. Se postula que las poblaciones Bato son más tempranas (200 d.C. a 900 d.C.) que las Llolleo (350 d.C. a 1000 d.C.), aunque se traslapan con las comunidades alfareras iniciales (300 a.C. a 200 d.C.). La tradición Bato, a pesar de haber tenido una distribución compartida con el Complejo Llolleo en el interior (valle de Aconcagua, cuenca de Santiago y precordillera del Maipo), presentó una disposición más septentrional en la costa, concentrándose principalmente desde la desembocadura del río Aconcagua hasta el río Maipo. Sus asentamientos se emplazaron en lomajes y terrazas litorales cercanas a vertientes o quebradas que bajaban desde la cordillera de la Costa hacia el mar (Rodríguez et al., 1991; Venegas et al., 2011). Los grupos Bato, ubicados más septentrionalmente, tenían varias similitudes con los grupos Molle del Norte Semiárido, a diferencia de los grupos Llolleo de más al sur que tenían similitudes con los grupos Pitrén, debido a las relaciones que mantuvieron a través del tiempo (Fallabela y Planella, 1982).

La economía de esta población Bato estaba basada principalmente en la caza y recolección de frutos silvestres, aunque mostraron un desarrollo incipiente de la horticultura de quínoa y maíz con presencia de algunos artefactos de molienda, lo que podría indicar alguna producción y consumo de harina de maíz y quínoa (Falabella y Planella, 1988-1989; Planella y Falabella, 1987; Sanhueza et al., 2003; Planella y Tagle, 2004; Ramírez, 2019). Es así como, algunos estudios realizados en los sitios El Membrillar 2, ENAP-3 y las Brisas-3, indicaron que estas poblaciones mantuvieron una dieta basada principalmente, en recursos silvestres y en menor proporción en productos cultivados, entre los que destacaban la quínoa y por primera vez, pero en muy baja frecuencia de maíz (Planella y Tagle, 2004; Rivas y González, 2008), la que era complementada por el consumo en una menor proporción de recursos marinos por los pobladores de la costa (Falabella et al., 2007; Falabella et al., 2008).

Grupo Llolleo. Los asentamientos de la población Llolleo (400 d.C. a 1.200 d.C.), se encontraban distribuidos en la costa, desembocadura del río Maipo y ocasionalmente más al norte, en las localidades del interior y precordillera en el curso medio del río Aconcagua, cuenca de Santiago, y Rancagua. El Complejo Llolleo era considerado como una sociedad más homogénea y sedentaria que el Bato (Falabella y Stehberg, 1989; Falabella y Planella, 1991; Sanhueza et al., 2003; Planella, 2005), aunque algunos grupos no llegaron a ser sedentarios, ni adaptaron la horticultura (Cornejo y Sanhueza, 2003).

En general, los grupos Llolleo fueron horticultores, recolectores y cazadores, practicaban el cultivo del maíz, frejol, quínoa, zapallo y calabazas y la molienda de granos. Complementaban su dieta con la caza del guanaco y la recolección de vegetales silvestres. En la costa, practicaban la recolección de recursos del mar, sin una mayor especialización (Planella y Tagle, 1998; Sanhueza

y Falabella, 1999-2000; Sanhueza y Falabella, 2001; Quiroz y Belmar, 2004; Planella y Tagle, 2004; Ramírez, 2019). Sus asentamientos eran dispersos y estaban ubicados en terrenos aptos para los cultivos y en torno a cursos de agua, napas freáticas altas o esteros tributarios de ríos mayores como el Maipo y el Cachapoal (Falabella y Planella, 1991; Falabella et al., 1995-1996; Sanhueza et al., 2003; Sanhueza et al., 2007). La producción de cultivos no estaba sólo destinada a la alimentación o al uso doméstico, sino que también formaba parte de actos rituales que le significaba una consideración social y cultural (Sanhueza et al., 2003; Planella y Tagle, 2004; Ramírez, 2019).

La importancia de la horticultura en estas poblaciones, queda demostrada por la presencia de cultivos en todas las zonas agroecológicas de la zona, lo que permite suponer de un conocimiento compartido, una relación y algún tipo de intercambio entre los diferentes grupos de habitantes y con otros grupos de la vertiente occidental y oriental de la cordillera de los Andes, donde manejaban diversos cultígenos. Es así como, estas poblaciones manejaron además de la quínoa, zapallo, calabaza y frejol (Planella y Tagle, 1998; Quiroz y Belmar, 2004; Planella y Tagle, 2004; Planella et al., 2014), maíz de grano pequeño del tipo 'reventón' o 'curahua' como el detectado en el sitio la Granja (Planella y Tagle, 1998; Planella et al., 2010).

En estudios realizados en restos de cerámicas usadas como ofrenda mortuoria, se han encontrado microfósiles de maíz, quínoa, calabaza y restos de bebidas producida por la fermentación del maíz, llamada 'muday' (Planella et al., 2010). Se plantea que el maíz y la quínoa habrían sido los cultígenos de mayor incidencia en todas las zonas agroecológicas, a diferencia del frejol que se presentaba solo en la costa y el valle, en una menor frecuencia y (Planella y Tagle, 2004). En el caso del maíz, se postula que podría haber ingresado, adaptado y empezado a consumirse por algunas comunidades Llolleo, entre 200-500 d.C., pero su mayor consumo se logró en la población Aconcagua (Falabella et al., 2007; Falabella y Sanhueza, 2019; Falabella et al., 2019), a diferencia del frejol que fue más tardío, fechado entre 1.042-1.157 d.C. (Falabella et al., 2010). En este sentido, las investigaciones arqueológicas han confirmado que el frejol ha estado presente solo en una menor cantidad en el Periodo Alfarero Temprano (Planella y Tagle, 2004). La escasez del frejol, en relación con la quínoa y maíz, se puede deber a que es un alimento complementario, a diferencia del maíz, que llegó a constituir una parte importante de la base alimentaria de la población prehispánica (Falabella et al., 2008).

Los análisis de isotopos estables realizados en la dentadura de algunos individuos de Llolleo confirman que, el mayor componente de la dieta de la población provenía de vegetales, tanto en la costa como en el interior y sólo con una pequeña proporción de recursos marinos, en la costa (Falabella et al., 2007; Falabella y Sanhueza, 2019). El análisis de rayos-X de restos óseos encontrados en el sitio El Mercurio (400-900 d.C.), indican también el consumo de recursos vegetales ricos en Zn, lo que se ha sido interpretado como una dieta basada en legumbres y maíz (Falabella et al., 1995-1996).

Cultura Aconcagua. El desarrollo de las culturas presentes en el Periodo Alfarero Temprano da paso a la Cultura Aconcagua, durante el Periodo Intermedio Tardío (1.000 y 1.450 d.C.), la que se desarrolló entre la ribera sur del valle del río Aconcagua y el río Cachapoal (Durán y Planella, 1989; Sánchez y Massone, 1995; Falabella et al., 2007; Cornejo, 2010). Las poblaciones de la cultura Aconcagua, usaron los mismos espacios que habían sido ocupados por las poblaciones anteriores, con un patrón de asentamiento disperso, ausencia de jefaturas a un nivel mayor, existencia de campamentos estacionales en la cordillera de la costa interior (Falabella et al.,

2003), contactos con grupos de los valles transversales ubicados más al norte, como La Ligua, Petorca y Choapa (Rodríguez y Ávalos, 1993; Rodríguez et al., 1993; Rodríguez et al., 1997), y con poblaciones de la vertiente oriental de los Andes y unidades domésticas localizadas en lugares con buenas fuentes de agua (quebradas, vertientes, ríos, esteros), y de poca pendiente aptos para los cultivos (Planella et al., 2014).

Las poblaciones de la cultura Aconcagua, tenían una economía de subsistencia diversificada con una mayor orientación agrícola basada en maíz, zapallo, y frejol, complementada con actividades de caza y recolección, procesamiento de alimentos, manejo incipiente de camélidos silvestres (guanaco), y recursos provenientes de la costa y la precordillera, lo que significó un mayor manejo de los cultivos, un aumento en la escala de la producción, selección de cultivos, procesamiento de granos, como una respuesta posiblemente al aumento y a las necesidades de la población (Planella y Stehberg, 1997; Massone et al., 1998; Falabella, 2000; Pavlovic et al., 2003; Pavlovic et al., 2004; Planella et al., 2010).

En un estudio realizado en la localidad de Tejas Verdes (Tejas Verdes 4), ubicados en la desembocadura del río Maipo, se pudo detectar un aumento de tamaño de granos de quínoa, de frejol y maíz cultivados por los grupos Aconcagua (Tejas Verde 1), comparado con el grupo Llolleo, posiblemente, debido a un proceso de selección por tamaño de grano, realizado por el grupo Aconcagua (Planella, 2005; Planella et al., 2014). En este sentido, es posible indicar también que en este periodo se comienza a experimentar y utilizar diferentes variedades de quínoa (Planella, 2005), maíz (Planella et al., 2014), y frejoles como las detectadas en La Cueva Cerrillos, en la precordillera de El Pangal (Falabella et al., 2010). Por otro lado, se ha logrado demostrar también un aumento notorio del consumo de maíz, especialmente, entre los hombres del complejo Llolleo, lo que se asocia con un tema de los roles asumidos por los hombres y las mujeres (Fallabela et al., 2008). El análisis de residuos del interior de escudilla en Quillota (Fundo Esmeralda), detectó la presencia de maíz, frejol y cucurbitáceas, entre otros restos (Planella et al., 2018a).

En este periodo, el frejol aparece en mayor cantidad en el sitio La Granja, ubicado en la cuenca de Rancagua, asociado al maíz, zapallo, calabaza y quínoa (Planella y Tagle, 1998), junto al pallar, introducido desde los Andes Centrales (Planella et al., 2014), y a la posibilidad del uso del riego en actividades hortícolas, alrededor de 500 d.C. Es importante considerar que la presencia de estos cultígenos, se puede deber a actividades de intercambio con horticultores de otras áreas o intermediarios (Planella y Tagle, 2004). Una situación similar al sitio La Granja, ocurrió en el sitio Cueva Cerrillos 1, ubicado en la precordillera de Rancagua, donde se encontraron semillas no carbonizadas de frejol, maíz y calabaza dentro de un contenedor de cerámica de estilo Llolleo. El frejol encontrado presentaba una amplia variabilidad de tamaños, forma y colores; por ejemplo, granos de color beige moteado y de tamaño medio; granos café oscuro y de tamaño pequeño y redondeado; granos de color negro moteado de tamaño pequeño y forma redondeada a ovalada, y granos de color negro de tamaño grande de forma ovalada y aplanada. Otro sitio importante en este Periodo es 'Las Pataguas', ubicado en Valdivia de Paine, donde se encontró un mayor número de semillas de frejol que pallar y *Vicia* sp., fechado entre 1.000 a 1.450 d.C. (Durán et al., 1993; Planella, 2005). Estudios posteriores de microfósiles recuperados en los residuos adheridos al interior de las tacitas, confirman el uso de la flora silvestre y también de plantas cultivadas como quínoa, maíz y frejol (Planella et al., 2018b).

A mediados del Periodo Tardío (1.400-1.536 d.C.), las poblaciones que vivían en el Chile Central se vieron enfrentadas a grupos vinculados al Estado incaico, que instalaron diferentes enclaves en distintos puntos estratégicos de la zona (Stehberg, 1976; Falabella et al., 2007). Esta situación, significó la incorporación de parte del territorio chileno al Tawantinsuyo que se extendió desde Colombia hasta Chile Central (Sánchez, 2004), específicamente, hasta las riberas del río Maule, lugar donde fueron detenidos, en su avance hacia el sur, por las poblaciones 'promaucaes'. La fecha de la llegada de los incas al país no está claramente determinada, es así como se propone que fue alrededor de 1.370 d.C. (Cornejo, 2014) o entre 1.460 y 1.500 d.C. (Puerto y Marsh, 2021).

La llegada de los incas al país implicó la incorporación de una nueva cosmovisión, lo que se tradujo en la introducción de una serie de innovaciones en los aspectos culturales, sociales y económicos (Sánchez, 2004; Pavlovic et al., 2019), que se tradujo en una organización diferente del trabajo, en la incorporación de nuevas creencias y rituales asociados a los ciclos anuales de siembra y cosecha (Bauer, 1996), y a la incorporación de algunos nombres quechuas a productos vegetales, instrumentos y espacios para la agricultura, por ejemplo, chocllo, ch´alla, zara, muti, purutu, kinwa, zapallu, humita, ch´arki, lampa, chacara (Planella et al., 2010).

Un apoyo vital a este nuevo sistema político, económico y cultural, fue la construcción de centros administrativos, fortalezas, santuarios de altura, cerros wakas, cementerios y una extensa red vial con un control en el transporte de los suministros y provisiones (Sánchez et al., 2000b; Pavlovic et al., 2004; Garceau et al., 2010). En este sentido, la red vial cubrió al menos dos caminos principales, uno longitudinal que corría de Norte a Sur por la vertiente occidental de Los Andes, y el otro, trasandino que comunicaba Aconcagua con Mendoza, atravesando la Cordillera de Los Andes (Pavlovic et al., 2004).

En el aspecto agrícola, los incas aumentaron y reorientaron la producción y los cuidados agrícolas, como la construcción de nuevos canales de regadío, aprovechando la mano de obra local (Stehberg, 1976) y el almacenaje de productos en respuesta a las necesidades de la nueva administración (Planella y Stehberg, 1997). A pesar de esta situación, la población continuó utilizando el sistema de subsistencia basada en cultígenos preincaicos, tales como; madi, quínoa, frejol, zapallo, maíz, ají; y los recién introducidos; pallar, maravilla (*Helianthus* spp) y tubérculos (Planella et al., 2014; Pavlovic et al., 2019), y realizando actividades de caza y recolección de frutos silvestres (Farga, 1995). En este periodo, el maíz pasó a tener una mayor connotación económica-cultural, lo que llevó a la intensificación de su producción, aunque las poblaciones locales no aumentaron su consumo, lo que podría indicar que la mayor producción estuvo orientada al pago de tributos y redistribución al Tawantinsuyu (Planella et al., 2014).

Al hacer un análisis de la dieta de las poblaciones a través del tiempo, se ha podido constatar que, a finales del Periodo Arcaico, la alimentación descansaba principalmente en el consumo de recursos vegetales C3 y en un menor consumo de camélidos (Sanhueza y Falabella, 2010). Durante el Periodo Alfarero Temprano, el consumo de maíz era bajo (Falabella et al., 2008), para aumentar posteriormente en el Periodo Intermedio Temprano y Tardío, para luego disminuir ligeramente durante el desarrollo de las poblaciones locales (Falabella et al., 2007; Falabella et al., 2008). En este contexto, se ha determinado también que los individuos masculinos presentaron un mayor contenido promedio de carbón, lo cual podría estar relacionado con el consumo de 'chicha' (bebida fermentada) de maíz (Falabella et al., 2008).

El análisis de residuos en vasijas utilizadas como ofrendas funerarias (sitio Quilicura 1, cuenca del Río Mapocho), en el Periodo Tardío registró la presencia de una gran diversidad de taxones y la aparición de algunas plantas domesticadas no identificadas anteriormente, como ají y algunos tubérculos y una mayor frecuencia de maíz. El análisis de isótopos estables de esqueletos de un individuo confirmó una alimentación basada principalmente en vegetales que incluía vegetales (C4) domesticados (maíz) o plantas suculentas y plantas (C3) silvestres y/o domesticadas como ají, quínoa, frejol, pallar, y papa y en menor medida carne (Belmar et al., 2020). Dentro de los grupos Aconcagua, se detectó un mayor consumo de plantas C4 en niños y adultos masculinos, lo que podría estar asociado a algún tipo de división del trabajo realizado (Falabella et al., 2020).

Grupos al norte del río Aconcagua. Estudios realizados en el valle de Putaendo, zona de transición entre los sistemas transversales del Norte Chico asociado a un clima semidesértico y el valle longitudinal de Chile Central, señalan la presencia de un grupo de habitantes diferentes a los de Aconcagua, con fuertes semejanzas a los grupos contemporáneos del Norte Chico-semiárido (Niemeyer et al., 1989; Rodríguez y Ávalos, 1993; Massone et al., 1998) y del centro-oeste argentino (Sánchez et al., 2000a; Sánchez et al., 2000b).

En el periodo Alfarero Temprano (925 y 990 d.C.), estas poblaciones se ubicaron en las terrazas fluviales y en lugares bajos, donde se realizaban actividades agrícolas a baja escala sin contar con obras de regadío, lo cual era complementado con actividades de caza y recolección. En el Periodo Intermedio Tardío (1.040 y 1.565 d.C.), estas poblaciones presentaban contactos con los valles transversales ubicados al norte (La Ligua, Petorca, Choapa), y con la vertiente oriental de los Andes. Durante el Periodo Tardío (1.360-1580 d.C.), se observan algunos indicios de la presencia inca en diferentes instalaciones administrativas, asentamientos defensivos y rituales, sitios funerarios y rutas en lugares densamente poblados que les permitía el control del movimiento y el posible traslado de foráneos al valle (Pavlovic et al., 2004).

Zona Sur

La zona sur de Chile (extremo Sur Andino), se extiende desde el río Biobío (36 ° L.S.) por el norte hasta el seno de Reloncaví (42° L.S.) por el sur y desde la costa del Pacífico, incluyendo la Isla Mocha, por el oeste hasta la región cordillerana por el este (Adán et al., 2019).

En esta zona, la información sobre la presencia de cultivos es más escasa, en comparación con la encontrada en las zonas analizadas anteriormente. Sin embargo, a partir de 1990 los estudios realizados en la zona empezaron a entregar mayor información sobre la actividad hortícola prehispánica de cultivos que tuvieron que adaptarse a condiciones climáticas más frías y húmedas, que los encontrados más al norte del país (Roa et al., 2018; Zavala et al., 2021).

La zona sur del país posee una larga historia de grupos de cazadores y colectores que habitaron en el sitio Monte Verde, ubicado cerca de la ciudad de Puerto Montt y pertenecientes al Periodo Arcaico, fechado alrededor de 14.500 cal BP (Dillehay et al., 2008; Núñez et al., 2019; Adán et al., 2019) o entre 8.200 y 4.200 año B.P (Surovell et al., 2026). Estos pobladores se dedicaron principalmente a la caza y recolección de plantas silvestres y/o recursos marinos (Dillehay et al., 2015).

Las primeras evidencias arqueológicas de la presencia de plantas en la zona centro-sur de Chile, provienen del periodo Alfarero Temprano (0-1.000 d.C.) o (350 d.C. a 1.000 d.C.) (Menghin, 1962;

Adán y Mera, 2011; Roa, 2016; Campbell et al., 2018b; Roa et al., 2018; Adán y Reyes, 2000), lo que está asociado al Complejo Pitrén. A esta secuencia, le sigue el periodo Alfarero Tardío (1.000 d.C.-1.550 d.C.), representado en la parte norte del sur de Chile por el Complejo El Vergel, que mantuvieron algunas características del Complejo Pitrén hasta 1.200 d.C. y el sector sur, que se mantuvo hasta la llegada de los españoles a mediados del siglo XVI (Aldunate, 1989; Quiroz, 2001; Sánchez et al., 2004; Adán et al., 2019).

Complejo Pitrén (350-1.000 d.C.). El Complejo 'Pitrén' constituye la primera tradición agroalfarera del sur chileno, aunque actualmente no se descarta la posibilidad de la existencia de otros complejos más antiguos en la región (Sánchez et al., 2004; Quiroz y Sánchez, 2005; Alfaro y Mera, 2011). La fecha más temprana se ubica alrededor de 350 d.C., en el sitio 'Los Chilcos' y las más tardías en los años 900-1.000 d.C. en Pitrén y Los Lagos (Adán y Mera, 2011).

Este complejo se desarrolló entre el río Biobío y el norte del lago Llanquihue, en sitios de la costa, isla Mocha, valle y cordillera de los Andes en ambas vertientes y al oriente de la cordillera de Nahuelbuta (Adán et al., 2019), manteniendo relaciones con otras culturas formativas chilenas, como los complejos Llolleo, Bato, Molle y la cultura Candelaria del área de Salta y Tucumán, Argentina (Sanhueza y Falabella, 2009). Las poblaciones 'pitrenenes' eran recolectoras y cazadoras, aunque, es posible que hayan mantenido también algunas pequeñas superficies de siembra en las cuencas lacustres en los valles, faldeos precordilleranos cercanos a los cursos fluviales (Aldunate, 1993), y cerca de sus viviendas (Roa, 2016), aunque su principal actividad era la caza y la recolección de productos silvestres (Sánchez et al., 2004; Adán y Mera, 2011).

La evidencia de la Cueva de los Catalanes (región de la Araucanía), ha permitido confirmar el ingreso temprano de cultígenos al sur de Chile y la presencia del frejol y maíz alrededor de los años 680-860 cal. d.C., y posiblemente de quínoa desde el periodo Alfarero Temprano o Complejo Pitrén (Campbell et al., 2018b), aunque el frejol y la quínoa estaban presentes sólo en la parte occidental de los Andes y las calabazas en el oriente de la cordillera (Campbell et al., 2018a). La presencia de cultivos ha quedado demostrada también por el uso de la quínoa en los sitios de los lagos Villarrica y Calafquén, Flor del Lago-1 y Los Chilcos (Solari et al., 2004; Lehnebach et al., 2008; Silva, 2010), y en la isla Mocha, fase I, sitio P-5-1 (Sánchez et al., 2004), y del maíz en el sitio Villarrica W10, hacia 1.000 d.C. (Adán y Mera, 2011), unido a la presencia de fitolitos de maíz en restos de cerámica provenientes del lago Meliquina alrededor del 1.000 d.C.), en contextos cordilleranos (Pérez y Erra, 2011), lo que concuerda con la abundancia de hidratos de carbono en los estudios de dietas de esta población (Adán y Reyes, 2000; Ocampo et al., 2004). Recientemente, un estudio realizado en la Isla Mocha indicó que las comunidades de la Isla en el Periodo Alfarero Temprano habían incorporado preferentemente a su dieta, los recursos silvestres y domésticos disponibles en las distintas zonas ecológicas de la isla, en vez de los recursos domésticos terrestres de origen continental, como es el caso de la quínoa y de los camélidos (Roa et al., 2021).

El periodo Alfarero Temprano dio paso al periodo Alfarero Tardío y al origen del Complejo El Vergel que significó una mayor presencia de cultígenos, comparado con el Complejo Pitrén (Menghin, 1962).

Complejo El Vergel (ca. 1.000-500 años AP). Este complejo se desarrolló entre los ríos Biobío y Toltén y se caracterizó por ocupar el sector costero y los valles centrales, presentar una estrategia económica mixta vinculada a la producción de alimentos, domesticación de camélidos, caza, pesca, recolección de vegetales, además de la práctica de la metalurgia (Aldunate, 1989; Sánchez

et al., 2004; Contreras et al., 2005; Quiroz y Sánchez, 2005). Sus asentamientos, eran relativamente dispersos y estaban ubicados habitualmente en las cercanías de los ríos, lo que facilitaba el abastecimiento del agua, necesaria para los cultivos (Aldunate, 1989; Aldunate, 1993; Orellana, 1994; Quiroz y Sánchez, 2005; Dillehay et al., 2007; Massone et al., 2008; Silva, 2010; Massone et al., 2012; Roa, 2016; Campbell et al., 2018a; Adán et al., 2019).

El trabajo arqueobotánico realizado en diferentes sitios correspondientes al Complejo El Vergel, ha permitido recuperar restos de maíz, quínoa, papa y *Bromus* sp. Es así como, el análisis de restos de cementerios, ubicados en el valle de la Cordillera de Nahuelbuta, indicó el desarrollo de una actividad agrícola rudimentaria y la presencia de papas, maíz y muy probablemente frejol y quínoa (Aldunate, 1993). Otro estudio realizado en la Araucanía detectó restos carbonizados de semillas, posiblemente de quínoa (600 a 1.000 d.C. y 1.000-1.200 d.C.), granos y corontas de maíz y semillas carbonizadas de *Bromus* sp (1.200 a 1.400 d.C.) y papa (1.400 a 1.685 d.C.), sin la presencia de frejol (Sánchez et al., 2004). En los humedales de los valles de Purén y Lumaco (38° L.S.) y en lago Budi (39° L.S.), se han detectado restos de cultivos entre los años 1.050 y 1.300 d.C. (Dillehay et al., 2007). Por otro lado, en la localidad de Calafquén (sitio Los Chilcos), se han encontrado también evidencias de residuos de plantas de quínoa en vasijas, fechados en 1645 ±70 años AP (Adán y Reyes, 2000), y de frejol en el Alero Marifilo I, con fecha estimada en el año 1.410 d.C. (Mera y García, 2004).

Investigaciones realizadas en la isla Santa María, permiten señalar que los habitantes de esta isla poseían una estrategia de subsistencia mixta basada en la caza, pesca, recolección y manejo de algunos animales domésticos, la que era complementada con una agricultura incipiente de maíz, quínoa y frejol, entre 1.030 y 1.460 años d.C. (Rojas y Cardemil, 1995; Massone et al., 2008; Massone et al., 2012; Roa et al., 2015; Roa, 2016; Roa et al., 2018; Campbell, 2020), y *Solanum* sp. (Rojas y Cardemil, 1995). Toda esta información, permite inferir que las poblaciones manejaban sus propios cultivos, producto de largos años de tradición familiar o intercambios de semilla con otros grupos familiares (Roa et al., 2018). Además de plantas cultivadas, se han detectado también plantas silvestres gramíneas (Poaceae), ciperáceas (Cyperaceae), frutilla (*Fragaria chiloensis*), frambuesa (*Rubus* sp), maqui (*Aristotelia chilensis*) y murtilla (*Ugni molinae*), entre otras (Roa, 2016; Campbell et al., 2018b; Roa et al., 2018), con una distribución que no representa diferencias sociales (Campbell, 2020). Por otro lado, la presencia de microrestos en fragmentos cerámicos permite indicar el uso de la fermentación de maíz y frutilla, para preparar bebidas alcohólicas, como la chicha (Godoy, 2018). Otras investigaciones realizadas en la Isla Santa María, indicaron que los españoles al tener los primeros contactos con los mapuches, detectaron indicios de la práctica hortícola de maíz, papa y frejol (sitios SM-6 y SM 26), fechados entre 970 y 1.565 d.C. (Massone et al., 2002), lo que ha sido verificado por la información de los cargamentos de maíz, papa y frejol, provenientes de esta isla hacia el continente en el año 1.550 (Bibar, 1966).

En este punto, es importante señalar que los trabajos arqueológicos realizados sobre el Complejo El Vergel en la costa, indican que las poblaciones desarrollaron prácticas de adaptación y sobrevivencia como la caza, pesca y recolección, las que fueron complementadas con actividades agrícolas y el cuidado de los animales (Massone et al., 2002; Aldunate, 2005; Contreras et al., 2005; Quiroz, 2010; Quiroz et al., 1991; Silva, 2010; Massone et al., 2012). Es así que se indica, que los productos vegetales recolectados eran usados para suplir diferentes necesidades: alimentos, combustibles, medicinas y materias primas, para la confección de artefactos y viviendas,

complementada con el cultivo incipiente de maíz, quínoa, posiblemente frejol, mango (*Bromus mango*), lanco (*Bromus stamineus*), y teca *(Bromus berterianus*) (Silva, 2010).

En este sentido, un trabajo realizado en las comunidades del sur de Chile fechadas entre 200 y 1.850 d.C., en seis zonas geográficas, permitió identificar tres patrones de alimentación entre los años 1.000 a 1.850 d.C. El primero orientado a los recursos marinos, el segundo al uso de plantas C3 y proteínas terrestres y un tercer patrón focalizado en el consumo de plantas C3 y C4, lo que era complementada con la ingesta de proteína proveniente de recursos terrestres y marinos, lo que refleja la complejidad de los hábitos alimenticios de estas sociedades (Campbell et al., 2020).

La expansión inca del Periodo Tardío, no llegó directamente a la zona del Biobío al sur, a pesar de esta situación, se plantea que indirectamente pudieron haber transmitido su conocimiento sobre el manejo de los cultivos y en la organización militar del pueblo mapuche, debido a la presencia de yanaconas en los lavaderos de oro de la zona (Zavala et al., 2021).

Archipiélago de Chiloé y de los Chonos. Un estudio reciente del cálculo dental de individuos del Archipiélago de Chiloé y de los Chonos (~4400 a 300 años cal a.P.), indicó que sus habitantes tuvieron una dieta proteica basada en el consumo de recursos marinos y litorales (Belmar et al., 2021), la que era suplementada por algunos vegetales silvestres: 'taique' (*Desfontainia spinosa*), frutilla (*Fragaria chiloensis*), 'chaura' (*Gaultheria mucronata*), 'nalca' (*Gunnera tinctoria*) y 'latué' (*Latua pubiflora*), Poaceae y Panicoideae, y en menor proporción de plantas domesticadas como frejol, papa y maíz y algas como el 'cochayuyo' (*Durvillaea antartica*) (Belmar et al., 2021). Por otro lado, los hallazgos de microfósiles de frejol en los sitios Nahuelquín 1 (1030±25 AP; 683-537 años cal a.P.) y Puqueldón 1 (210±30 a.P. (280-57 años cal a.P.), de papa en el sitio Isla Benjamín 4 (820±25 a.P.; 516-323 años cal a.P.), y de maíz en los sitios Puerto Repollal (730±25 a.P.; 482-300 años cal a.P.), y Puqueldón 1 (Belmar et al., 2021), coinciden con la presencia del maíz y el frejol en esta zona sur del país (Adán y Mera, 2011; Roa et al., 2018; Campbell et al., 2020).

Resumen. Hasta ahora, la información disponible permite concluir que: a) los cuatro cultivos Andinos (maíz, quínoa, frejol y calabaza) estaban presentes en la zona austral del Cono Sur en el Periodo Formativo Tardío y que la adopción de los cultígenos en las distintas localidades del Sur de Chile ocurrió desde el 900/1.000 d.C. (Roa et al., 2018). El registro más temprano de frejol para esta macro región corresponde al sitio Cueva Los Catalanes, en el área de Angol, datado directamente en 680-860 cal. d.C. (Campbell et al., 2018b; Campbell et al., 2020); b) los cultígenos aparecieron de forma más tardía en comparación con las áreas más septentrionales. Es así como, en la zona central el maíz, frejol, zapallo y calabaza estaban ampliamente distribuidas alrededor del 400 d.C. (Planella et al., 2014); c) la existencia de estos complejos culturales posibilitó la existencia de múltiples procesos de interacción entre ellos que, dieron origen con el tiempo, al sistema sociocultural mapuche (Aparicio y Tilley, 2015); d) las poblaciones en la Patagonia chilena, vivieron de la caza y la recolección sin incorporar cultivos a sus economías hasta la fecha del contacto con los europeos (Belmar et al., 2017; Belmar, 2019).

Referencias

Adán, L., Mera, R. 2011. Variabilidad interna en el alfarero temprano del centro-sur de Chile: El Complejo Pitrén en el valle central del Cautín y el sector lacustre Andino. Chungará 43(1):3-23.

Adán, L., Mera, R., Navarro, X., et al. 2019. Historia prehispánica en la región Centro-Sur de Chile: Cazadores-recolectores holocénicos y comunidades alfareras (*ca*. 10.000 años a.C. a 1.550 años d.C.) (pp. 401-441). En F. Falabella, M. Uribe, Sanhueza, L., et al. (eds.). Prehistoria en Chile. Desde sus primeros habitantes hasta los incas, Santiago de Chile, Editorial Universitaria. 737p.

Adán, L., Reyes, V. 2000. Sitio Los Chilcos. Descripción y análisis de un nuevo cementerio Pitrén en la región de Calafquén. Bol. Soc. Chil. Arqueol. 30:30-40.

Adán, L., Urbina, S. 2007. Arquitectura Formativa en San Pedro de Atacama. Estudios Atacameños 34:7-30.

Adán, L., Urbina, S. 2010. Arquitectura quebradeña del Complejo Pica-Tarapacá: Modos de hacer, opciones de diseño, rasgos significativos y decisiones funcionales (pp. 865–876). En Actas del XVII Congreso Nacional de Arqueología Chilena. Valdivia, Ediciones Kultrun.

Adán, L., Urbina, S., Pellegrino, C., et al. 2013. Aldeas en los bosques de *Prosopis*: Arquitectura residencial y congregacional en el Periodo Formativo Tarapaqueño (900 a.C.-900 d.C.). Estudios Atacameños 45:75-94.

Adán, L., Uribe, M. 2005. El dominio inca en las quebradas altas del Loa Superior: Un acercamiento al pensamiento político Andino. Estudios Atacameños 29: 41-66.

Agüero, C. 2000. Las tradiciones de tierras altas y Valles Occidentales en la textilería arqueológica del valle de Azapa. Chungará 32(2):217-225.

Agüero, C. 2005. Aproximación al asentamiento temprano en los oasis de San Pedro de Atacama. Estudios Atacameños 30:29-60.

Aldunate, C. 1989. Estadio alfarero en el sur de Chile (pp. 329-348). En J. Hidalgo, V. Schiappacasse, H. Niemeyer, et al. (eds.). Prehistoria: Desde sus orígenes hasta los albores de la Conquista. Ed. Andrés Bello, Santiago, Chile.

Aldunate, C. 1993. Estadio alfarero en el Sur de Chile (500 a ca. 1.800 d.C.). (pp. 329-348). En J. Hidalgo, V. Schiappacasse, H. Niemeyer, C., et al. (eds.). Culturas de Chile: Prehistoria: Desde sus orígenes hasta los albores de la Conquista. 2da edición. Editorial Andrés Bello, Santiago, Chile.

Aldunate, C. 2005. Una reevaluación del Complejo Cultural El Vergel. (pp. 331-336). Actas del XVI Congreso Nacional de Arqueología Chilena. Mus. Hist. Nat. Concepción, Concepción.

Aldunate, C., Berenguer, J., Castro, V., et al. 1986. Cronología y asentamiento en la región del Loa Superior. Dir. Inv. Bibliotecas, Univ. de Chile, Santiago.

Alé, A. 2014. Una formación económico social de cazadores-recolectores en el norte semiárido de Chile: Una reevaluación del sitio San Pedro Viejo de Pichasca. La Zaranda de Ideas 11:133-154.

Alé, A. 2015. Complejo Cultural Las Ánimas: Una aproximación al cambio social que permite su surgimiento en el Norte Semiárido chileno (650-1200 d.C.). Memoria para optar al título de arqueólogo. Facultad del Patrimonio Cultural, Universidad SEK. Santiago, Chile.

Alfaro, L., Mera, R. 2011. Variabilidad interna en el alfarero temprano del centro-sur de Chile: El complejo Pitrén en el valle central del Cautín y el sector lacustre Andino. Chungará 43(1):3-23.

Alfonso-Durruty, M., Troncoso, A., Misarti, N., et al. 2017. Maize (*Zea mays*) consumption in the southern Andes (30°-31° S Lat.): Stable isotope evidence (2000 BCE - 1540 CE). Am. J. Phys. Anthropol. 164(1):148-162.

Álvarez, L. 1969. Arqueología del departamento de Arica: Secuencia cultural del Periodo Preagroalfarero (pp. 27-31). En Actas V Congr. Nac. Arqueol. Mus. Arqueol. La Serena, La Serena.

Ampuero, G. 1972-1973. Nuevos resultados de la arqueología del Norte Chico (pp. 311-338). En Actas del VI Congreso de Arqueología de Chile. La Serena.

Ampuero, G. 1989. La agricultura Diaguita chilena. (pp. 277-287). En J. Hidalgo, V. Schiappacasse, H. Niemeyer, et al. (eds.). Prehistoria: Desde sus orígenes hasta los albores de la conquista. Ed. Andrés Bello, Santiago.

Ampuero, G. 1994. Cultura Diaguita chilena. Ministerio de Educación, Santiago.

Ampuero, G. 2010. Prehistoria de la región de Coquimbo. Impresora Andros, Santiago.

Ampuero, G., Hidalgo, J. 1975. Estructura y proceso en la prehistoria y protohistoria del Norte Chico de Chile. Chungará 5:87-124.

Ampuero, G., Rivera, M. 1971. Secuencia arqueológica del alero rocoso de San Pedro Viejo de Pichasca (Ovalle, Chile). Bol. Mus. Arqueol. La Serena 14:45-69.

Ampuero, G., Rivera, M. 1972-1973. Síntesis interpretativa de la arqueología del Norte Chico (pp. 339-344). En Actas VI Congr. Arqueol. Chil. Soc. Arqueol. Chil., Santiago.

Andrade, P., Castro, V., Aldunate, C. 2016. Reconstrucción del modo de vida de individuos del Arcaico de la costa arreica del norte de Chile: Una aproximación bioarqueológica desde el sitio Copaca 1. Chungará 48(1):73-90.

Andrade, P., Salazar, D., Urrea, J., et al. 2014. Modos de vida de los cazadores-recolectores de la costa arreica del Norte Grande de Chile: Una aproximación bioarqueológica a las poblaciones prehistóricas de Taltal. Chungará 43(3):467-491.

Aparicio, J., Tilley, C. 2015. La sociedad mapuche prehispánica: análisis etnohistórico. Rev. Estudios Colombinos 11:75-84.

Ardiles, H., Ballester, B., Clarot, A. 2011. Elección de dieta en poblaciones pasadas de la costa de la II región: Una mirada multidisciplinaria (pp. 83-103). En Informes. Fondo de Apoyo a la Investigación Patrimonial. DIBAM, Centro de Investigación Barros Arana, Santiago.

Arias, M., Herrera, M. 2010. Caracterización del modo de vida, salud y dieta de las poblaciones de los cementerios Caserones-Tarapacá 40 y Cáñamo-3 (Periodo Formativo, región de Tarapacá). (pp. 53-62). Actas del XVIII Congreso Nacional de Arqueología Chilena. Valparaíso, Chile.

Arriaza, B., Huamán, L., Villanueva, F., et al. 2018. Estudio del cálculo dental en poblaciones arqueológicas del extremo norte de Chile. Estudios Atacameños 60:297-312**.**

Aufderheide, A., Kelley, M., Rivera, M., et al. 1994. Contributions of chemical dietary reconstruction to the assessment of adaptation by ancient highland immigrants (Alto Ramírez) to coastal conditions at Pisagua, North Chile. J. Archaeol. Sci. 21:515-524.

Ballester, B., Gallardo, F. 2011. Prehistoric and historic networks on the Atacama Desert coast (northern Chile). Antiquity 85(329):875-889.

Bauer, B. 1996. Legitimization of the State in inca myth and ritual. Am. Anthropol. 98 (2):327-337.

Belmar, C. 2019. Los cazadores-recolectores y las plantas en Patagonia: Perspectivas desde el sitio Cueva Baño Nuevo 1, Aisén. 218p.

Belmar, C., Quiroz, L. 2001. Explotación de recursos vegetales en sitios habitacionales durante el Periodo 1 Intermedio Tardío en el curso superior del río Illapel. En Actas del Cuarto Congreso Chileno de Antropología, Tomo II:1371-1376 Santiago.

Belmar, C., Quiroz, L. 2004. Recursos vegetales y modos de explotación: ¿Qué nos dicen las plantas acerca de sus consumidores? Un estudio de sitios Diaguita en los valles de los ríos Illapel y Chalinga (IV Región). Rev. Werken 5:53-60.

Belmar, C., Quiroz, L. 2006. Recursos vegetales de un asentamiento Inka en territorio Diaguita. Sitio Loma Los Brujos, Valle Illapel, IV región. An. Mus. Hist. Nat. Valparaíso 25:79-97.

Belmar, C., Méndez, C., Reyes, O. 2017. Hunter-gather plant resources exploitation during the Holocene in Central Western Patagonia (Aisén, Chile, Southern South America). Veg. Hist. Archaeobot. 16(6):607-625.

Belmar, C., Quiroz, L., Carrasco, C., et al. 2020. Ofrendas para los difuntos: Rescatando los ritos culinarios desde el interior de los ceramios de Quilicura 1, un sitio del Periodo Tardío de Chile Central. Lat. Am. Antiq. 31(1):40-60.

Belmar, C., Reyes, O., Albornoz, X., et al. 2021. Evaluando el consumo y uso de plantas entre cazadores recolectores pescadores marinos a través del estudio del tártaro dental humano en los canales septentrionales de Patagonia (41°30'-47° S). Chungará 53(3):400-418.

Benavente, M. 1982. Chiu-Chiu 200, una comunidad pastora temprana en la provincia del Loa (II región) (pp. 75-94). En Actas IX Congr. Nac. Arqueol. Chil. Mus. Arqueol. La Serena, La Serena, Chile.

Berenguer, J. 2015. El país del desierto extremo de la tierra. El Norte Grande en la prehistoria (pp. 18-44). En Chile milenario. Mus. Chil. de Arte Precolombino. Santiago, Chile.

Berenguer, J., Cáceres, I., Sanhueza, C., et al. 2005. El Qhapaqñan en el Alto Loa, norte de Chile: Un estudio micro y macromorfológico. Estudios Atacameños 29:7-39.

Berenguer, J., Dauelsberg, P. 1989. El Norte Grande en la órbita de Tiwanaku (400 a 1.200 d.C.) (pp. 129-180). En J. Hidalgo, V. Schiappacasse, H. Niemeyer, et al. (eds.). Prehistoria: Desde sus orígenes hasta los albores de la conquista. Ed. Andrés Bello, Santiago.

Berenguer, J., Salazar, D. 2017. Territorialización del modelo minero inkaico en el río Salado: Una aglomeración productiva entre Lípez y San Pedro de Atacama. Bol. Mus. Chil. Arte Precolomb. 22(1):51-69.

Berenguer, J., Sanhueza, C., Cáceres, I. 2011. Diagonales incaicas, interacción interregional y dominación en el altiplano de Tarapacá, norte de Chile. (pp. 247-283). En L. Núñez, A. Nielsen (eds.). En ruta, arqueología, historia y etnografía del tráfico Sur Andino. Encuentro Grupo Editor, Córdoba.

Bibar, J. de. 1966. Crónica y relación copiosa y verdadera de los reinos de Chile hecha por Gerónimo de Bibar, Santiago, Fondo histórico y bibliográfico José Toribio Medina, Biblioteca Nacional de Chile.

Briones, L., Núñez, L., Standen, V. 2005. Geoglifos y tráfico prehispánico de caravanas de llamas en el Desierto de Atacama (norte de Chile). Chungará 37: 195-223.

Cabello, G., Gallardo, F., Odone, C. 2013. Las pinturas costeras de Chomache y su contexto económico-social (Región de Tarapacá, norte de Chile). Bol. Mus. Chil. Arte Precolomb. 18(1):49-66.

Cabello, G., González, C., Garrido, F. 2010. Revisitando la secuencia cronológica cultural de la región de Atacama. (pp. 30-49). En M. Lorca, (ed.). Identidades en diálogo: articulando actores y construyendo realidades. Copiapó. GORE Atacama.

Campbell, R. 2020. Diferenciación social en Isla Mocha durante el Complejo El Vergel (1000-1550 d.C., sur de Chile). (pp. 17-44). En L. Sanhueza, A. Troncoso, R. Campbell (eds.). Iguales pero diferentes. Trayectorias históricas prehispánicas en el Cono Sur. Dpto. de Antropología, Fac. Ciencias Sociales, Univ. de Chile. Social-Ediciones, Santiago, Chile. 239p.

Campbell, R., Carrión, H., Figueroa, V., et al. 2018a. Obsidianas, turquesas y metales en el sur de Chile. Perspectivas sociales a partir de su presencia y proveniencia en Isla Mocha (1.000-1.700 d.C.). Chungará 50(2):217-234.

Campbell, R., Roa, C., Santana-Sagredo, F. 2018b. Más sureño que los porotos: Primeros fechados 14C AMS para el sitio Cueva de los Catalanes. Bol. Soc. Chil. Arqueol. 48: 85-89.

Campbell, R., Santana-Sagredo, F., Munita, D., et al. 2020. Diet in Southern Chile (36 °-42 °S). A synthesis from the isotopic data. Quat. Int. 548:109-123.

Cantarutti, G., Mera, R. 2004. Estadio fiscal de Ovalle: Redescubrimiento de un sitio Diaguita-inka en el valle del Limarí. En Actas XV Congr. Nac. Arqueol. Chil. Chungará 36 (Tomo II):833-845.

Cantarutti, G., Solervicens, C. 2005. Cultura Diaguita preincaica en el valle del Limarí: Una aproximación a partir del estudio de colecciones cerámicas. (pp. 147-156). En Actas XVI Congr. Nac. Arqueol. Chil. Ed. Escaparate, Concepción.

Carrasco, C., Correa, I., Belmar, C., et al. 2017. Cocinando relaciones interculturales: Residuos adheridos en vasijas cerámicas de cazadores recolectores marinos del Desierto de Atacama (Periodo Formativo, norte de Chile). Estudios Atacameños 55:85-108.

Carrasco, C., Echeverría, J., Ballester, B., et al. 2015. De pipas y sustancias: Costumbres fumatorias durante el Periodo Formativo en el litoral del Desierto de Atacama. Lat. Am. Antiq. 26(2):143-161.

Cartajena, I. 2009. Explorando la variabilidad morfométrica del conjunto de camélidos pequeños durante el Arcaico Tardío y el Formativo Temprano en quebrada Tulán, norte de Chile. Rev. Mus. Antropol. 2:199-212.

Cartajena, I., Loyola, R., Núñez, L., et al. 2014. Problemas y perspectivas en la interpretación del registro espacial de Punta Negra Imilac (pp. 143-162). En F. Falabella, L. Sanhueza, L. Cornejo, L., et al. (eds.). Distribución espacial en sociedades no aldeanas: Del registro arqueológico a la interpretación social. Santiago de Chile: Series Monográficas de la Sociedad Chilena de Arqueología 4.

Carter, C. 2016. The economy of prehistoric coastal northern Chile: Case study: Caleta Vitor. Ph.D. dissertation, School of Archaeology and Anthropology, Australian National University, Australian Capital Territory.

Castillo, G. 1986. Sociedades agropecuarias tempranas y control de recursos en el ambiente semiárido de Chile. Chungará 16/17:173-180.

Castillo, G. 1988. Investigaciones en la hoya hidrográfica del río Choapa. Bol. Soc. Chil. Arqueol. 8:4-5.

Castillo, G. 1989. Agricultores del Norte Chico: el Complejo Las Ánimas (800-1.200 d.C.) (pp. 265-276). En J. Hidalgo, V. Schiappacasse, H. Niemeyer, et al. (eds.). Prehistoria: Desde sus orígenes hasta los albores de la conquista. Ed. Andrés Bello, Santiago.

Castillo, G. 1998. Los periodos Intermedio Tardío y Tardío: Desde la Cultura Copiapó al dominio inca (pp. 163-188). En H. Niemeyer, M. Cervellino, G. Castillo (eds.). Culturas prehistóricas de Copiapó.

Castro, V. 1988. Terrazas agrícolas: viejas tecnologías para las nuevas generaciones. Creces 2:6-12.

Castro, L. 2004. Recursos hídricos altoAndinos, estrategias de desarrollo económico y proyectos de riego: Tarapacá, 1880-1930. Chungará 36 (1):205-220.

Castro, V., Tarragó, M. 1992. Los inicios de la producción de alimentos en el Cono Sur de América. Rev. Arqueol. Americana 6:91-124.

Castro, V., Aldunate, C., Varela, V. 2012. Paisajes Culturales de Cobija, costa de Antofagasta, Chile. Rev. Antropol. 26:97-128.

Cervellino, M., Gaete, N. 2000. Asentamientos del Periodo Intermedio y Periodo Tardío en el sitio 'El Castaño' río Jorquera, Valle de Copiapó, Chile. En Actas XIV Congr. Nac. Arqueol. Chil. Contribuciones arqueológicas 5 (Tomo II):641-653.

Chacama, J. 2004. El horizonte medio en los valles occidentales del norte de Chile. Chungará (N° esp.) 1:227-233.

Contreras, L., Quiroz, D., Sánchez, M., et al. 2005. Ceramios, maíces y ranas… un campamento El Vergel en las costas de Arauco (pp. 357-367). En Actas XVI Congreso Nacional de Arqueología Chilena. Escaparate Ediciones, Concepción, Chile.

Cornejo, L. 2010. Hacia una hipótesis sobre el surgimiento de la cultura Aconcagua. En Actas del XVII Congreso Nacional de Arqueología Chilena Tomo I:341-50.

Cornejo, L. 2014. Sobre la cronología del inicio de la imposición cuzqueña en Chile. Estudios Atacameños 47:101-116.

Cornejo, L., Jackson, D., Saavedra, M. 2019. Cazadores-recolectores arcaicos al sur del desierto (ca. 11.000 a 3.000 años d.C.). (pp. 285-318). En F. Falabella, M. Uribe, Sanhueza, L., et al. (eds.). Prehistoria en Chile. Desde sus primeros habitantes hasta los incas. Ed. Universitaria, Santiago, Chile. 737p.

Cornejo, L., Saavedra, M., Vera, H. 1998. Periodificación del Arcaico en Chile Central: Una propuesta. Bol. Soc. Chil. Arqueol. 25:36-39.

Cornejo, L., Sanhueza, L. 2003. Coexistencia de cazadores recolectores y horticultores tempranos en la Cordillera Andina de Chile Central. Lat. Am. Antiq. 14(4):389-407.

Cornejo, L., Sanhueza, L. 2011a. North and South: Hunter-gatherer communities in the Andes mountains in central Chile. Lat. Am. Antiq. 22 (4):487-504.

Cornejo, L., Sanhueza, L. 2011b. Caminos que cruzan la cordillera: El rol del paso del Maipo en la ocupación de la cordillera en Chile Central. Rev. Chil. Antropol. 23:101-22.

Cornely, F. 1944. Mus. Arqueológico Municipal de La Serena. La Serena, Chile. 64p.

Cornely, F. 1956. Arqueología del Norte Chico. Rev. Chil. Hist. Geogr. 124:83-112.

Correa, I., Carrasco, C., Ballester, B., et al. 2018. Efectos colaterales de la transición al Formativo: Una nueva culinaria entre los cazadores-recolectores marinos del Desierto de Atacama. Chungará 50(1):87-106.

Dauelsberg, P. 1974. Excavaciones arqueológicas en Quani (provincia de Tarapacá, Dpto. de Arica). Chungará 4:7-38.

Dauelsberg, P. 1985a. Desarrollo Regional en los valles costeros del norte de Chile. Diálogo Andino 4:277-285.

Dauelsberg, P. 1985b. Faldas del Morro: fase agroalfarera temprana. Chungará 14:7-44.

Dauelsberg, P. 1992-93. Prehistoria de Arica. Diálogo Andino 11/12:11-31.

Díaz, P., Pacheco, A., Rivas, P., et al. 2021. Contextos mortuorios en la cuenca del río Ramadillas (pre-cordillera de la región de Atacama, Chile): Dataciones y análisis de isótopos estables. Chungará 53(3):420-440.

Dillehay, T., Collins, M. 1998. Early cultural evidence from Monte Verde in Chile. Nat. 332:150-152.

Dillehay, T., Ocampo, C., Saavedra, J., et al. 2015. New archaeological evidence for an early human presence at Monte Verde, Chile. PloS ONE 10 (11):e0141923.

Dillehay, T., Pino, M., Bonzani, R., et al. 2007. Cultivated wetlands and emerging complexity in south-central Chile and long-distance effects of climate change. Antiquity 81:949-960.

Dillehay, T., Ramírez, C., Pino, M., et al. 2008. Monte Verde: Seaweed, food, medicine, and the peopling of South America. Science 320:784-786.

Dillehay, T., Williams, V., Santoro, C. 2006. Áreas periféricas y nucleares. Contextos de interacciones complejas y multidimensionales. Chungará 38(2):249-256.

Durán, E., Planella, M. 1989. Consolidación agroalfarera: Zona central (900 a 1470 d.C.). En Culturas de Chile. (pp. 313-328). En J. Hidalgo, V. Schiappacasse, H. Niemeyer, et al. (eds.). Prehistoria. Desde sus orígenes hasta los albores de la conquista. Editorial Andrés Bello, Santiago.

Durán, E., Rodríguez, A., González, C. 1993. Sistemas adaptativos de poblaciones prehispánicas en el cordón de Chacabuco. En Actas del XII Congr. Nac. Arqueol. Chil. Tomo II: 235-248.

Erices, S. 1979. Evidencias de vegetales en tres cementerios prehispánicos, Arica, Chile. Chungará 5:65-71.

Falabella, F. 2000. El estudio de la cerámica Aconcagua en Chile Central: Una evaluación metodológica. Contribución Arqueol. 5:427-458.

Falabella, F., Aspillaga, E., Morales, R., et al. 1995-1996. Nuevos antecedentes sobre los sistemas culturales en Chile Central sobre la base de análisis de composición de elementos. Rev. Chil. Antropol.13:29-59.

Falabella, F., Cornejo, L., Correra, I., et al. 2010. Los 'escondrijos' en reparos rocosos de la zona de El Pangal y sus componentes culturales. En Actas XVII Congr. Nac. Arqueol. Chil. Tomo II:719-727.

Falabella, F., Cornejo, L., Sanhueza, L. 2003. Variaciones locales y regionales en la cultura Aconcagua del valle del río Maipo. En Actas IV Congr. Chil. Antropol. Tomo II:1411-1419.

Falabella, F., Pavlovic, D., Planella, M., et al. 2019. Diversidad y heterogeneidad cultural y social en Chile Central durante los periodos Alfarero Temprano e Intermedio Tardío (ca. 300 A.C.-1.450

d.C.). (pp. 365-400). En F. Falabella, M. Uribe, L. Sanhueza, et al. (eds.). Prehistoria: Desde sus primeros habitantes hasta los incas. Editorial Universitaria, Santiago, Chile.

Falabella, F., Planella, M. 1982. La problemática Molle en Chile Central (pp.33-52). Actas del VIII Congr. Nac. Arqueol. Chil. Ed. Kultrun, Santiago.

Falabella, F., Planella, M. 1988-1989. Alfarería temprana en Chile Central: Un modelo de interpretación. Paleoetnológica 5:41-64.

Falabella, F., Planella. M. 1991. Comparación de ocupaciones precerámicas y agroalfareras en el litoral de Chile Central. (pp. 95-112). En Actas XI Congreso Nac. Arqueol. Chil. Tomo 3:95-112.

Falabella, F., Planella, M., Aspillaga, E., et al. 2007. Dieta en sociedades alfareras de Chile Central: Aporte de análisis de isótopos estables. Chungará 39:5-27.

Falabella, F., Planella, M., Tykot, R. 2008. El maíz (*Zea mays*) en el mundo prehispánico de Chile Central. Lat. Am. Antiq. 19:25-46.

Falabella, F., Sanhueza, L. 2019. Living on the coast without depending on coastal resources. Isotopic evidence in Central Chile. J. Archaeol. Sci. Rep. 26:101890.

Falabella, F., Sanhueza, L., Abarca, V., et al. 2020. Social differentiation in the horticultural societies of Central Chile. A stable isotope study. Quat. Int. 548:41-56.

Falabella, F., Stehberg, R. 1989. Los inicios del desarrollo agrícola y alfarero: Zona Central (300 a.C. a 900 d.C.). (pp. 295-311). En J. Hidalgo, V. Schiappacasse, H. Niemeyer, et al. (eds.). Prehistoria: Desde sus orígenes hasta los albores de la conquista. Editorial Andrés Bello, Santiago, Chile.

Farga, C. 1995. Los agricultores prehispánicos del Aconcagua. Una muestra de la heterogeneidad Mapuche en el Siglo XVI. Cuad. Hist. 15:65-98.

Focacci, G. 1974. Excavaciones en el cementerio de Playa Millar 7. Chungará 3:23-74.

Focacci, G. 1980. Síntesis de la arqueología del extremo norte de Chile. Chungará 6:3-54.

Focacci, G. 1982. Nuevos fechados para la época de Tiahuanaco en la arqueología del norte de Chile. Chungará 8:63-78.

Focacci, G., Chacón, S. 1989. Excavaciones arqueológicas en los faldeos del Morro de Arica, sitios Morro 1/6 y 2/2. Chungará 22:15-62.

Focacci, G., Erices, S. 1972-1973. Excavaciones en túmulos de San Miguel de Azapa (Arica-Chile) (pp. 47-62). Actas del VI Congreso de Arqueología Chilena. Universidad de Chile, Santiago.

Gaete, N., Cervellino, M. 2000. Asentamientos habitacionales de la cultura Copiapó en el río Jorquera, Formativo del río Copiapó, región de Atacama, Chile. En Actas XIV Congr. Nac. Arqueol. Chil. Contribución Arqueológica 5 (Tomo II):607-630.

Galinat, W. 1972-1973. Identificación de muestras arqueológicas de maíz de San Pedro Viejo. Apéndice de Rivera, M., Nuevos enfoques de la teoría arqueológica aplicada al Norte Chico (pp. 306-307). En Actas del VI Congreso de Arqueología Chilena.

Gambier, M. 1985. La Cultura de Los Morrillos. Instituto de Investigaciones Arqueológicas, Universidad Nacional de San Juan. San Juan, Argentina.

Gambier, M., Sacchero, P. 1969. Excavaciones en los Morrillos de Ansilta (Trabajo Preliminar). Actas del V Congr. Nac. Arqueol. Chil. La Serena.

Garceau, C., Mcrostie, V., Labarca, R., et al. 2010. Investigación arqueológica en el sitio tambo Ojos de Agua, Cordillera del Aconcagua. En Actas XVII Congr. Nac. Arqueol. Chil. Tomo I:351-361.

García, M., Belmonte, E., Salazar, D., et al. 2021. El Complejo minero prehispánico San José del Abra: Arqueobotánica y redes de abastecimiento de una mina incaica en el Collasuyu. Lat. Am. Antiq. 33(3):596-615.

García, M., Santoro, C. 2014. El maíz arqueológico como patrimonio genético y cultural del Valle de Lluta (pp. 19-28). En A. Díaz, E. Bastías (eds.). Lluta. Historia de los cultivos del maíz en un Valle Salado, norte de Chile. Ed. Universidad de Tarapacá.

García, M., Sepúlveda, M. 2011. Contextos vegetales de aleros con pinturas (precordillera de Arica, norte de Chile). Estudios Atacameños 41:97-118.

García, M., Uribe, M. 2012**.** Contextos de uso de las plantas vinculadas al Complejo Pica Tarapacá, Andes Centro Sur: Arqueobotánica y agricultura en el periodo Intermedio Tardío (ca. 1250-1450 d.C). Estudios Atacameños 44:107-122.

García, M., Vidal, A. 2006. Distribución y contexto de uso de las plantas arqueológicas del asentamiento Camina-1 (1.250-1.450 anos DC), región de Tarapacá (pp. 1225-1235). En Actas del XVII Congr. Nac. Arqueología Chilena. Valdivia: Ediciones Kultrun.

García, M., Vidal, A., Mandakovic, V., et al. 2014. Alimentos, tecnologías vegetales y paleoambiente en las aldeas de la Pampa del Tamarugal: Dos expresiones del Chungará Formativo en Tarapacá (ca. 900 a.C.-800 d.C.). Estudios Atacameños 47:33-58.

Gayo, E., Latorre, C., Jordán, T., et al. 2012. Late quaternary hydrological and ecological changes in the hyperarid core of the northern Atacama Desert (21°S). Earth Rev. 113:120-140.

Gayo, E., Latorre, C., Santoro, C. 2015. Timing of occupation and regional settlement patterns revealed by time-series analyses of an archaeological radiocarbon database for the South-Central Andes (16°-25° S). Quat. Int. 356:4-14.

Godoy, C. 2018. Evaluando el procesamiento vegetal y la elaboración de bebidas fermentadas en un contexto El Vergel de Isla Mocha (1000-1300 d.C.). Chungará 50(1):107-120.

González, B. 2015. Movilidad espacial, interacción y formaciones sociales en el Sur Andino. El caso de Isluga y el sistema Altiplano-Precordillera. Arqueol. 21 dossier: 17-31.

González, C. 2007. Qhapaq Ñan en el extremo meridional del despoblado de Atacama, Chile (pp. 511-518). En Actas del XVI Congreso Nacional de Arqueología Argentina.

González, C. 2017a. Arqueología vial del Qhapaq Ñan en Sudamérica: Análisis teórico, conceptos y definiciones. Boletín del Museo Chileno de Arte Precolombino. 22(1):15-34.

González, C. 2018. Síntesis de la prehistoria alfarera tardía del valle de Copiapó: desde las sociedades agrícolas locales (cultura Copiapó) a la presencia del Tawantinsuyu (1000 d. C. aprox.-1536 d. C.). Colecciones Digitales, Subdirección de Investigación, Servicio Nacional del Patrimonio Cultural.

González, P. 2017b. Sitio El Olivar: su importancia para la reconstrucción de la prehistoria de las comunidades agroalfareras del norte semiárido chileno. Colecciones Digitales, Subdirección de Investigación Dibam.

González, C., Jeria, Y., Castells, C. 2014. Reflexiones sobre el patrimonio arqueológico colla de la Región de Atacama. Chile. Bol. Mus. Reg. Atacama 5:37-54.

Grosjean, M., Núñez, L., Cartajena, I. 2005. Paleoindian occupation of the Atacama Desert, Northern Chile. J. Quat Sci. 20(7-8):643-653.

Guajardo, A. 2011. El complejo Cultural Las Ánimas y sus vínculos con la cultura Diaguita en la región de Coquimbo. Una aproximación desde la alfarería. Memoria para optar al título de Arqueóloga. Dpto. de Antropología, Univ. de Chile, Santiago.

Hidalgo, J. 2009. Civilización y fomento: La descripción de Tarapacá de Antonio O'Brien, 1765. Chungará 41(1):5-44.

Instituto Geográfico Militar de Chile, IGM. 2007. Atlas geográfico para la educación. Santiago, Chile.

Iribarren, J. 1969. Culturas trasandinas de dos yacimientos del valle de Copiapó (pp. 135-152). Actas del V Congr. Nac. Arqueol. Mus. Arqueol. de La Serena, La Serena.

Iribarren, J. 1970. Valle del río Hurtado: Arqueología y antecedentes históricos. Mus. Arqueol. La Serena, La Serena. 231p.

Iribarren, J. 1973. La arqueología en el departamento de Combarbalá (provincia de Coquimbo, Chile). Bol. Mus. Arqueol. La Serena, La Serena 15:7-113.

Jorquera, C. 2001. Evolución agropecuaria de la Región de Coquimbo: Análisis contextual para la conservación de la vegetación nativa (pp. 225-219). En F. Squeo, G. Arancio, J. Gutiérrez (eds.). Libro rojo de la flora nativa y de los sitios prioritarios para su conservación: Región de Coquimbo. Ediciones Universidad de La Serena, La Serena, Chile.

King, C., Arriaza, B., Standen V., et al. 2018. Estudio isotópico del consumo de recursos marítimos y terrestres en la prehistoria del Desierto de Atacama. Chungará 50(3):369-396.

Kuzmanic, I. 1988. Un cementerio del Periodo Medio en Chanchoquín Chico, provincia de Huasco, III región, Chile. Bol. Ocasional del Mus. Reg. de Antofagasta 1:4-14.

Larson, G., Piperno, D., Allaby, R., et al. 2014. Current perspectives and the future of domestication studies. Proc. Natl. Acad. Sci. USA 111:6139-6146.

Latorre, C., Santoro, C., Ugalde, P., et al. 2013. Late Pleistocene human occupation of the hyperarid core in the Atacama Desert, Northern Chile. Quat. Sci. Rev. 77:19-30.

Lehnebach, C., Solari, M., Adán, L., et al. 2008. Plant micro-remains from a rock shelter in the temperate forests in southern Chile. Veg. Hist. Archaeobot.17(4):403-413.

Llagostera, A. 1982. Tres dimensiones en la conquista prehistórica del mar (pp. 217-245). Actas VIII Congr. Arqueol. Chil. Ed. Kultrún, Valdivia.

Llagostera, A. 1989. Caza y pesca marítima (9.000 a 1.000 a.C.) (pp. 57-79). En Prehistoria: Desde sus orígenes hasta los albores de la conquista, J. Hidalgo, V. Schiappacasse, H. Niemeyer, C., et al. (eds.). Editorial Andrés Bello, Santiago.

Llagostera, A. 1996. San Pedro de Atacama: nodo de complementariedad reticular (pp. 17-42). En X. Albó, L. Nuñez, J. Hidalgo, et al. (eds.). La integración Surandina cinco siglos después. Centro de Estudios Regionales Andinos. Bartolomé Las Casas, Cusco.

Llagostera, A. 2005. Culturas costeras precolombinas en el norte chileno y subsistencia de las poblaciones arcaicas (pp. 107-148). En E. Figueroa (ed.). Biodiversidad marina: Valoración, usos y perspectivas ¿Hacia dónde va Chile? Ed. Universitaria, Santiago.

Llagostera, A. 2010. Retomando los límites y limitaciones del ´archipiélago vertical´. Chungará 42(1):283-295.

Llagostera, A., Barón, A., Bravo, L. 1984. Investigaciones arqueológicas en Tulor-1. Estudios Atacameños 7:133-151.

Lumbreras, L. 1981. Arqueología de la América Andina. Ed. Milla Batres, Lima.

Mandakovic, V. 2017. Historias de plantas: curso bajo de la Quebrada de Tarapacá entre los periodos Formativo e Intermedio tardío. Los poblados Pircas y Caserones (400 a.C.-1.000 d.C.). Memoria de título inédita, Departamento de Antropología, Universidad de Chile, Santiago.

Massone, M., Contreras, L., Cárdenas, G., et al. 2002. Estudios arqueológicos en la Isla Santa María. Bol. Soc. Chil. Arqeol. 33/34:36-58.

Massone, M., Durán, E., Sánchez, R., et al. 1998. Taller cultura Aconcagua: Evaluación y perspectivas. Bol. Soc. Chil. Arqueol. 25:24-30.

Massone, M., Silva, C., Labarca, R. 2008. La sociedad El Vergel y el manejo de los recursos vegetales en la isla Santa María, entre los siglos X y XVI d.C. Fondo de Apoyo a la Investigación Patrimonial 10: 81-95.

Massone, M., Silva, C., Labarca, R., et al. 2012. Los recursos vegetales de los grupos El Vergel en la Isla Santa María (siglos X al XVI d.C.) (pp. 441-449). En Actas XVIII Congreso Nacional de Arqueología Chilena, SCHA (eds.), Valparaíso, Chile.

McRostie, V. 2007. La transición arcaico-formativa en la quebrada de Tulán, sur del Salar de Atacama, Chile. Evidencias arqueobotánicas. Tesis para optar al grado de Antropología, Universidad de Chile.

McRostie, V. 2014. Arboricultura y silvopastoralismo en el periodo Formativo (1.400 a.c.-500 d.C.) de la cuenca del Salar de Atacama. Chungará 46 (4):543-557.

McRostie, V., Gallardo, F., Vidal, A., et al. 2019. Evidencias arqueobotánicas tempranas en el oasis de Calama, el cementerio Topater 1 (Formativo Medio, 500 ac-100 d.C., Desierto de Atacama, norte de Chile). Darwiniana 7(1):16-38.

McRostie, V., Gayo, E., Santoro, C., et al. 2017. The Pre-Columbian introduction and dispersal of algarrobo (*Prosopis*, Section Algarobia) in the Atacama Desert of northern Chile. PLoS ONE 12(7):e0181759.

Méndez, C., Jackson, D. 2008. La ocupación prehispánica de Combarbalá (Norte semiárido, Chile): Una propuesta sintética. Chungará 40(2):107-119.

Méndez, C., Troncoso, A., Jackson, D., et al. 2009. Movilidad y uso del espacio entre cazadores-recolectores tardíos en espacios cordilleranos del Norte Semiárido de Chile. Intersecc. Antropol. 10:313-328.

Menghin, O. 1962. Estudios de Prehistoria Araucana. Acta Prehistoria II-IV. Centro Argentino de Estudios Prehistóricos. Buenos Aires.

Mera, R., García, C. 2004. Alero Marifilo-1. Ocupación Holoceno Temprana en la costa del lago Calafquén (X Región, Chile). Contra viento y marea (pp. 249-262). En M. Civalero, P. Fernández, A. Guráieb (eds.). Arqueología de la Patagonia. Instituto Nacional de Antropología y Pensamiento Latinoamericano, Sociedad Argentina de Antropología. Buenos Aires, Argentina.

Montané, J. 1969. En torno a la cronología del Norte Chico (pp. 167-183). Actas V Congr. Nac. Arqueol. Mus. Arqueol. La Serena, La Serena.

Moraga, M., Aspillaga, E., Santoro, C., et al. 2001. Análisis de ADN mitocondrial en momias del norte de Chile avala hipótesis de origen amazónico de poblaciones andinas. Rev. Chil. Hist. Nat. 74:719-726.

Moragas, C. 1995. Desarrollo de las comunidades prehispánicas del litoral Iquique-desembocadura Río Loa. Hombre y Desierto 9(I):65–80.

Moragas, C., Méndez-Quiroz, P. 2022. La secuencia cronológica de Punta Patache y la ocupación de la costa arreica del Desierto de Atacama (21ºS). Estudios Atacameños 68:e5060.

Moreno, K., Bostelmann, J., Macías, C., et al. 2019. A late Pleistocene human footprint from the Pilauco archaeological site, northern Patagonia, Chile. Plos ONE 14 (4):e0213572.

Muñoz, I. 1980. Investigaciones arqueológicas en los túmulos funerarios del valle de Azapa (Arica). Chungará 6:57-95.

Muñoz, I. 1982. Las sociedades costeras en el litoral de Arica durante el periodo Arcaico Tardío y sus vinculaciones con la costa peruana. Chungará 9:14-151.

Muñoz, I. 1985. Tempranos cultivos de plantas en poblaciones prehispánicas del valle de Azapa (Arica, Chile). Idesia 9: 57-62.

Muñoz, I. 1987. Enterramientos en túmulos en el Valle de Azapa: Nuevas evidencias para definir la fase Alto Ramírez en el extremo Norte de Chile. Chungará 19: 93–127.

Muñoz, I. 1989. El Periodo Formativo en el Norte Grande (100 a.C. a 500 d.C.) (pp. 107-128). En J. Hidalgo, V. Schiappacasse, H. Niemeyer, et al. (eds.) Prehistoria: Desde los orígenes hasta los albores de la conquista. Ed. Andrés Bello, Santiago.

Muñoz, I. 1995-1996. Poblamiento humano y relaciones interculturales en el valle de Azapa: Nuevos hallazgos en torno al Periodo Formativo y Tiwanaku. Diálogo Andino 14/15:241-278.

Muñoz, I. 2001. Uso de plantas en rituales funerarios del Periodo Formativo en Arica. Chungará 33:155-160.

Muñoz, I. 2004a. El periodo formativo en los valles del norte de Chile y sur del Perú: Nuevas evidencias y comentarios. Chungará 36 (Supl.):213-225.

Muñoz, I. 2004b. Ocupación del espacio doméstico y áreas de actividad generadas en el asentamiento prehispánico de San Lorenzo. Diálogo Andino 24:53-97.

Muñoz, I. 2011. Persistencia de la tradición pescadora recolectora en la costa de Arica: Identificación de rasgos culturales y discusión sobre su alcance en el contexto de las poblaciones agrícolas tempranas. Chungará 43(N° esp. Tomo I):469-485.

Muñoz, I. 2019. Cronología del Periodo medio en el valle de Azapa, norte de Chile: Estilos, fechados y contextos culturales del poblamiento humano. Chungará 51(4):595-611.

Muñoz, I. 2020. Paisaje cultural y vialidad en la puna del extremo norte de Chile: El caso del asentamiento Pueblo Viejo de Parinacota y su conexión con asentamientos carangas e inca al otro lado de la cordillera. Chungará 52(3):461-484.

Muñoz, I., Agüero, C., Valenzuela, D. 2019. Poblaciones prehispánicas de los Valles Occidentales del norte de Chile: Desde el Periodo Formativo al Intermedio Tardío (ca. 1.000 años a.C. a 1.400 años d.C.). (pp. 181-237). En F. Falabella, M. Uribe, L. Sanhueza, et al. (eds.). Prehistoria: Desde sus Primeros habitantes hasta los incas. Editorial Universitaria y Sociedad Chilena de Arqueología, Santiago.

Muñoz, I., Briones, L. 1996. Poblados, rutas y arte rupestre precolombinos de Arica: Descripción y análisis de sistemas de organización. Chungará 28(1):47-84.

Muñoz, I., Chacama, J. 1991. El inca en la sierra de Arica (pp. 269-284). En actas del XII Congr. Nac. Arqueol. Chil. Tomo I. Museo Regional de La Araucanía, Temuco, Chile.

Muñoz, I., Chacama, J. 2012. Transformación del paisaje social en Arica: De pescadores arcaicos a agricultores incipientes, norte de Chile. Estudios Atacameños Arqueología y Antropología Surandinas 44:123-140.

Muñoz, I., Chacón, S., Rocha, R. 1991. Camarones 15: Sentamiento de pescadores correspondiente al Periodo Arcaico y Formativo en el extremo norte de Chile (pp. 1-24). Actas XI Congr. Nac. Arqueol. Chil. Mus. Nac. Hist. Nat., Soc. Chil. Arqueol., Santiago.

Muñoz, I., Focacci, G. 1985. San Lorenzo: Testimonio de una comunidad de agricultores y pescadores post-Tiwanaku en el valle de Azapa (Arica-Chile). Chungará 15:7-30.

Muñoz, I., Gordillo, J. 2016. Organización del espacio y uso de los recursos naturales en la conformación de aldeas y campamentos en el periodo medio en los valles de Azapa, norte de Chile y Caplina, sur del Perú. Chungará 48(4):531-555.

Muñoz, I., Peña, M. 2018. El asentamiento prehispánico de San Lorenzo: arquitectura y paisaje del Periodo medio en el valle de Azapa (norte de Chile). Chungará 50(1)5-28.

Muñoz, I., Zalaquett, F. 2015. El paisaje en el ordenamiento territorial prehispánico durante el Periodo Medio, valle de Azapa, norte de Chile. Rev. Geografía Norte Grande 60:21-62**.**

Nado, K., Marsteller, S., King, L., et al. 2012. Examining local social identities through patterns of biological and cultural variation in the Solcor ayllu, San Pedro de Atacama, Chile. Chungará 44:341-357.

Nielsen, A. 2008. Una arqueología de los 'espacios vacíos' de los Andes circumpuneños. Novedades en Antropología 59:3-6.

Niemeyer, H. 1989. El escenario geográfico. (pp. 1-12). En J. Hidalgo, V. Schiappacasse, H. Niemeyer, et al. (eds.). Prehistoria: Desde los orígenes hasta los albores de la conquista. Ed. Andrés Bello, Santiago.

Niemeyer, H. 1998. El Periodo Medio. Complejo Las Ánimas. (pp. 115-162). En H. Niemeyer, M. Cervellino (eds.), Culturas prehistóricas de Copiapó. MRA, Copiapó.

Niemeyer, H., Castillo, G., Cervellino, M. 1989. Los primeros ceramistas del Norte Chico: complejo El Molle (0 - 800 d.C.) (pp. 227-263). En J. Hidalgo, V. Schiappacasse, H. Niemeyer, et al. (eds.). Prehistoria: Desde sus orígenes hasta los albores de la conquista. Editorial Andrés Bello, Santiago, Chile.

Niemeyer, H., Cervellino, M., Castillo, G. 1988. El Periodo Temprano del horizonte Agroalfarero en Copiapó (pp. 61-114). En H. Niemeyer, M. Cervellino, G. Castillo (eds.). Mus. Reg. Atacama, Copiapó.

Niemeyer, H., Schiappacasse, V. 1963. Investigaciones Arqueológicas en las Terrazas de Conanoxa, Valle de Camarones (Provincia de Tarapacá). Revista Universitaria 48. An. Acad. Chil. Ciencias Nat. 26:101-166.

Niemeyer, H., Schiappacasse, V. 1969. Análisis cuantitativo de un sitio habitacional. Sitio el Pimiento. Provincia de Coquimbo (pp. 207-220). En Actas del V congreso de Arqueología. 16-20 de octubre 1968. Mus. Arqueol. La Serena. Dirección de Bibliotecas, Archivos y Museos (Chile).

Núñez, L. 1965. Desarrollo cultural prehispánico del Norte de Chile. Estudios Arqueológicos 1:37-115.

Núñez, L. 1966a. Recientes fechados radiocarbónicos de la arqueología del norte de Chile. Bol. Univ. de Chile 64/65:32-41.

Núñez, L. 1966b. Caserones-I, una aldea prehispánica del Norte de Chile. Estudios Arqueológicos 2:25-29.

Núñez, L. 1969. Sobre los complejos culturales Chinchorro y Faldas del Morro del norte de Chile (pp. 111-142). Actas VI Congr. Nac. Arqueol. Universidad de Concepción, Concepción.

Núñez, L. 1971. Secuencia y cambio en los asentamientos humanos de la desembocadura del río Loa en el norte de Chile. Bol. Univ. de Chile 112:3-25.

Núñez, L. 1972. Sobre el Comienzo de lo agricultura prehistórica en el norte de Chile. Estudio de arqueología andina. Centro de Investigaciones Arqueológicas en Tiwanaku N°104. Publicación No. 4 La Paz, Bolivia. 24p.

Núñez, L. 1974. La Agricultura Prehistórica en los Andes Meridionales. Colección Testimonios. Ediciones Orbe y Universidad del Norte. Arica, Chile. 197p.

Núñez, L. 1976. Registro regional de fechas radiocarbónicas del norte de Chile. Estudios Atacameños 4:69-111.

Núñez, L. 1979. Emergencia y desintegración de la sociedad tarapaqueña: Riqueza y pobreza en una quebrada del norte chileno. Atenea 439:163-213.

Núñez, L. 1982. Temprana emergencia de sedentarismo en el desierto chileno. Proyecto Caserones. Chungará 9:80-122.

Núñez, L. 1984. Pircas: Ocupación temprana en el Norte de Chile. Gaceta Arqueol. Andina 11:8-12.

Núñez, L. 1986. Evidencias arcaicas de maíces y cuyes en Tiliviche: Hacia el semi-sedentarismo en el litoral fértil y quebradas del norte de Chile. Chungará 16-17: 25-47.

Núñez, L. 1989a. Los primeros pobladores (20.000? a 9.000 a.C.). (pp. 13-31). En Prehistoria: Desde sus orígenes hasta los albores de la conquista (pp. 13-32). En J. Hidalgo, V. Schiappacasse, H. Niemeyer, et al. (eds.) Prehistoria: Desde los orígenes hasta los albores de la conquista. Ed. Andrés Bello, Santiago.

Núñez, L. 1989b. Perfil de la organización económica social en la desembocadura del río Camarones. Periodo Intermedio Tardío en Inca. Chungará 22:85-112.

Núñez, L. 1989c. Hacia la producción de alimentos y la vida sedentaria (5.000 a.C. a 500 d.C.). (pp. 81-105). En J. Hidalgo, V. Schiappacasse, H. Niemeyer, C. Aldunate, I. Solimano. (eds.). Culturas de Chile, Prehistoria. 2da edición. Editorial Andrés Bello. Santiago, Chile.

Núñez, L. 1992. La sociedad tarapaqueña al tiempo de la invasión europea. Campus 3(20):60-71.

Núñez, P. 1993. Posibilidades agrícolas y población del incaico en el área atacameña, Norte de Chile. Actas de XII Congreso Nacional de Arqueología Chilena. Bol. Mus. Reg. Araucanía 4:259-267.

Núñez, L. 1997. Los recursos agropecuarios del norte de Chile al tiempo de la invasión europea (pp. 255-267). En Actas II Simposio Internacional de estudios altiplánicos. 19-21 oct, 1993. Univ. de Chile, Santiago.

Núñez, L. 2005. La naturaleza de la expansión aldeana durante el Formativo Tardío en la cuenca de Atacama. Chungará 37:165-193.

Núñez, L. 2006. Asentamientos Formativos complejos en el Centro-Sur Andino: Cuando la periferia se constituye en núcleo. Bol. Arqueol. PUCP 10:321-356.

Núñez, L., Briones, L. 2017. Tráfico e interacción entre el oasis de Pica y la costa arreica en el desierto tarapaqueño (norte de Chile). Estudios Atacameños 56:133-161.

Núñez, L., Cartagena, I., Carrasco, C., et al. 2006a. El templete Tulán de la Puna de Atacama: Emergencia de complejidad ritual durante el Formativo Temprano (norte de Chile). Lat. Am. Antiq. 17(4):445-473.

Núñez, L., Cartagena, I., Carrasco, C., et al. 2006b. Emergencia de comunidades pastoralistas formativas en el sureste de la puna de Atacama. Estudios Atacameños 32:93-117.

Núñez, L., Dillehay, T. 1979. Movilidad giratoria, armonía social y desarrollo en los Andes Meridionales: Patrones de tráfico e interacción económica. Universidad del Norte, Dpto. de Arqueología, Antofagasta.

Núñez, L., Grosjean, M., Cartajena, I. 2002. Human occupations and climate change in the Puna de Atacama, Chile. Science 298:821-824.

Núñez, L., Jackson, D., Dillehay, T., et al. 2019. Cazadores-recolectores tempranos y los primeros poblamientos en Chile hacia finales del Pleistoceno (ca.13.000 a 10.000 años a.p.) (pp. 71-116). En F. Falabella, Uribe, M., Sanhueza, L., et al. (eds). Prehistoria en Chile. Desde sus primeros habitantes hasta los incas. Ed. Universitaria, Sociedad Chilena de Arqueología, Santiago, Chile. 737p.

Núñez, L., Moragas, C. 1977-1978. Ocupación arcaica temprana en Tiliviche, norte de Chile. I región. Bol. Mus. Arqueol. La Serena 16:53-76.

Núñez, L., Moragas, C. 1983. Cerámica temprana en Cañamo (costa desértica del norte de Chile): Análisis y evaluación regional. Chungará 11:31-61.

Núñez, L., Santana-Sagredo, F. 2023. Tráfico, movilidad y dieta entre el oasis de Pica y la costa árida del Desierto de Atacama durante el Periodo Intermedio tardío (norte de Chile) Lat. Amer Antiq. 34(2):259-275.

Núñez, L., Santoro, C. 1988.Cazadores de la puna seca y salada del área Centro-Sur Andina (norte de Chile). Estudios Atacameños 9:11-60.

Núñez, L., Santoro, C. 2011. El tránsito Arcaico-Formativo en la circumpuna y valles occidentales del Centro-Sur Andino: Hacia los cambios ´neolíticos´. Chungará 43:487-531.

Núñez, L., McRostie, V., Cartajena. I. 2009. Consideraciones sobre la recolección vegetal y la horticultura durante el Formativo Temprano en el Sureste de la Cuenca de Atacama. Darwiniana 47(1):56-75.

Núñez, L., Varela, J. 1967-1968. Sobre los recursos de agua y el poblamiento prehispánico de la costa del Norte Grande de Chile. Estudios Arqueol. 3/4:7-41.

Ocampo, C., Mera, R., Rivas, P. 2004. Cementerios Pitrén en el bypass de Temuco (pp. 1462-1475). En Actas IV Congr. Chil. Antropol. Tomo II.

Orellana, M. 1994. Prehistoria y etnología de Chile. Santiago, Chile: Bravo y Allende Editores.

Pavlovic, D. 2004. Dejando atrás la tierra de nadie: Asentamientos, contextos y movilidad de las comunidades alfareras tempranas del Choapa. Werken 5:39-46.

Pavlovic, D., Rodríguez, J. 2006 Nuevas proposiciones sobre el Periodo Alfarero Temprano en la cuenca del Choapa (pp. 121-130). En Actas del XVI Congreso Nacional de Arqueología Chilena. Tomé.

Pavlovic, D., Sánchez, R., Pascual, D., et al. 2019. Rituales de la vida y de la muerte: Dinámicas de interacción entre el Tawantinsuyu y las poblaciones locales en la cuenca del Maipo-Mapocho, Chile Central. Estudios Atacameños 63:43-80.

Pavlovic, D., Sánchez, R., Troncoso, A. 2003. Prehistoria de Aconcagua. Ediciones del Centro Almendral Corporación CIEM Aconcagua, San Felipe, Chile. 106p.

Pavlovic, D., Troncoso, A., González, P., et al. 2004. Por cerros, valles y rinconadas: Investigaciones arqueológicas en el valle del río Putaendo, cuenca superior del río Aconcagua. Chungará 36 (Vol. Esp):847-860.

Pellegrino, C., Adan, L., Urbina, S. 2016. La arquitectura formativa de Guatacondo y Caserones: Diseño, organización y configuración del espacio arquitectónico. Rev. Chil Antropol. 34(2):41-63.

Pérez, A., Erra, G. 2011. Identificación de maíz en vasijas recuperadas en la Patagonia Noroccidental Argentina. Magallania 39(2):309-316.

Pestle, W., Torres-Rouff, C., Hubbe, M., et al. 2015. Explorando la diversidad dietética en la prehistoria del Desierto de Atacama: Un acercamiento a los patrones regionales. Chungará 47:201-209.

Pestle, W., Torres-Rouff, C., Gallardo, F., et al. 2019. The interior frontier: Exchange and interculturation in the Formative Period (1000 B.C.-A.D. 400) of Quillagua, Antofagasta region, northern Chile. Quat. Int. 533:25-36.

Pino, 2008. Pilauco, Un sitio complejo del Pleistoceno Tardío, Osorno, Norpatagonia chilena. Universidad Austral de Chile. 165p.

Pino, M., Abarzúa, A., Astorga, G., et al. 2019. Sedimentary record from Patagonia, southern Chile supports cosmic-impact triggering of biomass burning, climate change, and megafaunal extinctions at 12.8 ka. Sci. Rep. 9 (4413):1-27.

Planella, M. 2005. Cultígenos prehispanos en contextos Llolleo y Aconcagua en el área de desembocadura del río Maipo. Bol. Soc. Chil. Arqueol. 38:9-23.

Planella, M. 2019. Quinoa in pre-Hispanic central Chile: Contributions from archaeology and cultural processes. Cien. Inv. Agr. 46(2):69-81.

Planella, M., Castro, V., Vidal, A., et al. 2018a. Tiempo, cultura y significado en los modos de uso de *Chenopodium quinoa*. Bol. Mus. Nac. Hist. Nat., Chile 67(1):103-131.

Planella, M., Cornejo, L., Tagle. B. 2005. Alero Las Morrenas 1: Evidencias de cultígenos entre cazadores recolectores de finales del periodo Arcaico en Chile Central. Chungará 37(1):59-74.

Planella, M., Falabella, F. 1987. Nuevas perspectivas en torno al periodo Alfarero Temprano en Chile Central. Clava 3:43-110.

Planella, M., Falabella, F., Belmar, C., et al. 2014. Huertos, chacras y sementeras. Plantas cultivadas y su participación en los desarrollos culturales de Chile Central. Rev. Esp. Antropol. Am. 44(2):495-522.

Planella, M., Falabella, F., Tagle, B. 2010. Reconstruyendo cocinas y recuperando sabores de Chile Central prehispano (pp. 63-85). En C. Sciolla (comp.). Historia y cultura de la alimentación en Chile, Editorial Catalonia, Santiago.

Planella, M., Tagle, B. 1998. El sitio Agroalfarero Temprano de La Granja: Un aporte desde la perspectiva arqueobotánica. Publ. Ocasional Mus. Nac. Hist. Nat. 52:5-64.

Planella, M., Tagle, B. 2004. Inicios de presencia de cultígenos en la zona central de Chile, periodos Arcaico y Agroalfarero Temprano. Chungará 36 (Vol. Esp. Tomo I):387-399.

Planella, M., Santander, G., McRostie, V. 2018b. Estudio morfo-tecnológico y análisis de microfósiles en piedras tacitas de Chile Central (pp. 261-295). En S. Rojas-Mora; C. Belmar (eds.). De las muchas historias entre las plantas y la gente. Alcances y perspectivas de los estudios arqueobotánicos en América Latina. Instituto Colombiano de Antropología e Historia, Bogotá, Colombia.

Planella, M., Scherson, R., McRostie, V. 2011. Sitio El Plomo y nuevos registros de cultígenos iniciales en cazadores del Arcaico IV en Alto Maipo, Chile Central. Chungará 43 (2):189-202.

Planella, M., Stehberg, R. 1997. Intervención inka en un territorio de la cultura local Aconcagua de la zona centro-sur de Chile. Tawantinsuyu 3:58-78.

Puerto, S., Marsh, E. 2021. La Expansión Tawantinsuyu en Chile Central: bases para la construcción de una cronología arqueométrica e integración etnohistórica. En Actas del XXI Congr. Nac. Arqueol. Chil. Tomo I:859-890.

Quiroz, D. 2001. Ocupaciones El Vergel en las costas de la Araucanía. En Actas IV Congr. Chil. Antropol. Tomo II:1456-1465.

Quiroz, D. 2010. Ocupaciones El Vergel en las costas septentrionales de La Araucanía: Una secuencia cronológica por termoluminiscencia. En Actas del XVII Congr. Nac. Arqueol. Tomo I:441-450.

Quiroz, L., Belmar, C. 2004. Estrategias de explotación de recursos vegetales: Evidencia arqueobotánica de tres sitios de la región central de Chile, Radio Estación Naval, El Cebollar y Lonquén (E 80-4). Chungará (Vol. Esp. Tomo II):1109-1119.

Quiroz, D., Sánchez, M. 2005. La secuencia Pitrén-El Vergel en Isla Mocha: Soluciones de continuidad y distinciones culturales (pp. 369-378). En Actas del XVI Congr. Nac. de Arqueol. Chil.

Quiroz, D., Sánchez, M., Zumaeta, H., et al. 1991. Estrategias adaptativas de los mapuches de la Isla Mocha: Una aproximación interdisciplinaria. Bol. Mus. Reg. La Araucanía 4(1):199-204.

Ramírez, J. 2019. Del periodo Arcaico a la llegada del inca: Breve síntesis arqueológica de la Región de Valparaíso. Bajo la Lupa, Subdirección de Investigación, Servicio Nacional del Patrimonio Cultural. 34p.

Ramírez, L., Bryson, R., Bryson, R. 2001. Paleoclimatic and material cultural perspective on the Formative Period of northern Chile. Chungará 33(1):5-12.

Ramírez de Bryson, L. 2005. Ancient agricultural fields at Ramaditas, Northern Chile. En M. Rivera (ed.). Arqueología del Desierto de Atacama. La etapa Formativa en el Área de Ramaditas/ Guatacondo Ed. LOM.

Rivas, P., González, J. 2008. Las Brisas-3, sitio Agroalfarero Temprano en Santo Domingo. V Región, Chile. Clava 7:27-49.

Rivera, M. 1975. Una hipótesis sobre movimientos poblaciones altiplánicos y transaltiplánicos a las costas del norte de Chile. Chungará 5:7-31.

Rivera, M. 1995. Recientes fechados de C-14 por AMS de muestras de porotos del alero San Pedro Viejo de Pichasca. Bol. Soc. Chil. Arqueol. 21:27

Rivera, M. 2004. Una sinopsis de la prehistoria del Cono Sur: El concepto de marginalidad desde el formativo al momento de contacto europeo. Diálogo Andino 24:115-130.

Rivera, M., Ampuero, G. 1969. Excavaciones en Quebrada El Encanto, nuevas evidencias (pp. 185-206). En Actas del V Congr. Nac. Arqueol. Mus. Arqueol. de La Serena, La Serena.

Rivera, M., Dodd, J. 2013. Domesticando el Desierto. Medio ambiente y ocupaciones humanas en Ramaditas, Desierto de Atacama. Diálogo Andino 41:45-60.

Rivera, M., Rothhammer, F. 1986. Evaluación biológica y cultural de las poblaciones Chinchorro. Nuevos elementos para la hipótesis de contactos transaltiplánicos: Cuenca Amazonas-Costa Pacífico. Chungará 16/17:295-306.

Rivera, M., Shea, D., Caveric, A., et al. 1995-1996. En torno a los orígenes de las sociedades complejas andinas. Excavaciones en Ramaditas, una aldea Formativa del Desierto de Atacama, Chile. Diálogo Andino 14/15:205-239.

Roa, C. 2016. De la quinua mapuche a la frutilla silvestre: El aprovechamiento de recursos vegetales de importancia alimenticia en Isla Mocha (1.050- 1.685 d.C.). Memoria para optar al título de Arqueóloga. Facultad de Ciencias Sociales, Universidad de Chile.

Roa, C., Bustos, D., Ramírez, H., et al. 2018. Entre la pampa y el Pacífico Sur. Evaluando la dispersión más austral de cultígenos en el Cono Sur americano desde la evidencia arqueobotánica y radiométrica de Isla Mocha y Cueva de Los Catalanes (Sur de Chile). An. Arqueol. Etnol. 73(2):189-220.

Roa, C., Martínez, I., Montalvo-Cabrera, J., et al. 2021. Apuntes sobre comidas y dietas en Isla Mocha: Integrando resultados de recursos vegetales, animales, residuos orgánicos e isótopos estables (Provincia de Arauco, Chile). En Actas XXI Congr. Nac. Arqueol. Chil. Tomo I:327-360.

Roa, C., Silva, C., Campbell, R. 2015. El aporte de isla Mocha al conocimiento sobre el aprovechamiento de plantas con valor alimenticio en el sur de Chile (1000-1700 D.C.). (pp. 549-560). En Actas del XIX Congr. Arqueol. Chil.

Roberts, A., Pate, F., Petruzzelli, B., et al. 2013. Retention of hunter-gatherer economies among maritime foragers from Caleta Vitor, northern Chile, during the late Holocene: Evidence from stable carbon and nitrogen isotopic analysis of skeletal remains. J. Archaeol. Sci. 40:2360-2372.

Rodríguez, J. 2005. La cultura Diaguita en la frontera meridional (pp. 139-146). En Actas del XVI Congr. Nac. Arqueol. Chil. Ed. Escaparate, Concepción.

Rodríguez, J., Ávalos, H. 1993. Los Coiles 136: Evidencias de contactos entre poblaciones alfareras del Norte Chico y Chile Central. Bol. Mus. Reg. La Araucanía 5:27-40.

Rodríguez, J., Ávalos, H., Falabella, F. 1991. La tradición Bato al norte del Aconcagua. En Actas del XI Congr. Nac. Arqueol. Chil. Tomo 3:69-79.

Rodríguez, J., Becker, C., Solé, L., et al. 1997 Nuevas consideraciones del cementerio de Valle Hermoso. En Actas del XIII Congr. Nac. Arqueol. Chil. Tomo II:207-216.

Rodríguez, A., Morales, R., González, C., et al. 1993. Cerro La Cruz: un enclave económico administrativo incaico, curso medio del río Aconcagua. En Actas del XII Congreso Nac. Arqueol. Chil. Tomo II:201-222.

Rojas, J. 2024. Los Pueblos indígenas y sus comunidades en Chile. Reconocimiento y distribución geográfica. Asesoría Técnica parlamentaria. Biblioteca Congreso Nacional de Chile, BCN 18p.

Rojas, G., Cardemil, A. 1995. Estudio arqueobotánico en Isla Mocha. Museos 20:16-17.

Romero, A., Santoro, C., Valenzuela, D., et al. 2004. Túmulos, ideología y paisaje de la Fase Alto Ramírez del valle de Azapa. Chungará 36 (Supl):221-272.

Rothhammer, F., Puddu, G., Fuentes-Guajardo, M. 2017. ¿Puede el ADN mitocondrial proporcionar información sobre la etnogénesis de los pueblos originarios chilenos? Chungará 49(4):635-642.

Rothhammer, F., Santoro, C., Poulin, E., et al. 2009. Archaeological and *mt*DNA evidence for tropical lowland migrations and cultural change during the Late Archaic Formative in northern Chile. Rev. Chil. Hist. Nat. 82:543-552.

Salazar, D., Berenguer, J., Vega, G. 2013. Paisaje minero-metalúrgicos incaicos en Atacama y el altiplano sur de Tarapacá (norte de Chile). Chungará 45(1):83-103.

Salazar, D., Figueroa, V., Andrade, P., et al. 2015. Cronología y organización económica de las poblaciones arcaicas de la costa de Taltal. Estudios Atacameños 50:7-46.

Sánchez, R. 2004. El Tawantinsuyu en Aconcagua (Chile Central). Chungará 36 (2):325-336.

Sánchez, R. 2000a. Investigaciones arqueológicas en el curso superior del río Aconcagua (Su repercusión en la prehistoria de Chile Central (pp. 423-430). En Actas del III Congr. Chil. Antropol.

Sánchez, R. 2000b. Cultura Aconcagua en el valle del río Aconcagua, una discusión sobre su cronología e hipótesis de organización dual. En Actas del XIV Congr. Nac. Arqueol. Chil. Tomo II:147-160.

Sánchez, R., Massone, M. 1995. Cultura Aconcagua. Dirección de Bibliotecas, Archivos y Museos, Santiago. 61p.

Sánchez, M., Quiroz, D., Massone, M. 2004. Domesticación de plantas y animales en La Araucanía: Datos, metodologías y problemas. Chungura 36 (supl. esp.):365-472.

Sanhueza, L. 2013. Niveles de integración sociopolítica, ideología e interacción en sociedades no jerárquicas: Periodo Alfarero Temprano en Chile Central. Tesis de Doctorado, Universidad de Tarapacá-Universidad Católica del Norte, Arica-San Pedro de Atacama.

Sanhueza, L., Cornejo, L., Falabella, F. 2007. Patrones de asentamiento en el periodo Alfarero Temprano de Chile Central. Chungará 39 (1):103-115.

Sanhueza, L., Falabella, F. 1999-2000. Las comunidades alfareras iniciales en Chile Central. Rev. Chil. Antropol.15:29-47.

Sanhueza, L., Falabella, F. 2001. Las comunidades alfareras iniciales de Chile Central: Continuidades y cambios desde el arcaico tardío a las sociedades hortícolas y alfareras. En Actas del IV Congreso Chil. Antropol. Tomo II: 1405-1410.

Sanhueza, L., Falabella, F. 2009. Descomponiendo el complejo Llolleo: Hacia una propuesta de sus niveles mínimos de integración. Chungura 41(2):229-239.

Sanhueza, L., Falabella, F. 2010. Analysis of stable isotopes: From the Archaic to the horticultural communities in Central Chile. Curr. Anthropol. 51(1):127-136.

Sanhueza, L., Vásquez, M., Falabella, F. 2003. Las sociedades alfareras tempranas de la cuenca de Santiago. Chungará 35(1):23-50.

Santana-Sagredo, F., Lee-Thorp, J., Schulting; R., et al. 2015. Isotopic evidence for divergent diets and mobility patterns in the Atacama Desert, northern Chile, during the Late Intermediate Period (AD 900– 1450). Am. J. Physical Anthropol. 156: 374-387.

Santana-Sagredo, F., Schulting, R., Méndez-Quiroz, P., et al. 2021. 'White gold' guano fertilizer drove agricultural intensification in the Atacama Desert from AD 1000. Nat. Plants 7:152-158.

Santana-Sagredo, F., Uribe, M., Herrera, M., et al. 2014. Brief communication: Dietary practices in ancient populations from northern Chile during the transition to agriculture (Tarapacá region, 1000 BC-AD 900). Am. J. Phys. Anthropol. 158(4):751-758.

Santoro, C. 1980a. Fase Azapa, transición del Arcaico al desarrollo agrario inicial en los valles bajos de Arica. Chungará 6:46-56.

Santoro, C. 1980b. Estratigrafía y secuencia cultural funeraria. Fase: Azapa, Alto Ramírez y Tiawanaku (Arica-Chile). Chungará 6:24-45.

Santoro, C. 1981. Formativo Temprano en el extremo norte de Chile. Chungará 8:33-62.

Santoro, C., Chacama, J. 1982. Secuencia cultural de las tierras altas del área Centro-Sur Andina. Chungará 9:22-45.

Santoro, C., Capriles, J., Gayo, E., et al. 2017. Continuities and discontinuities in the socio-environmental systems of the Atacama Desert during the last 13,000 years. J. Anthropol. Archaeol. 46:28-39.

Santoro, C., Hidalgo, J., Osorio, A. 1987. El estado inca y los grupos étnicos en el sistema de riego de Socoroma. Chungará 19:71-92.

Santoro, C., Muñoz, I. 1981. Patrón habitacional incaico en el área de Pampa Ramírez (Arica, Chile). Chungará 7:44-170.

Santoro, C., Núñez, L., Standen, V., et al. ,1998. La fertilización del desierto, proyectos prehispánicos de irrigación. Estudios Atacameños 16:321-336.

Santoro, C., Romero, A., Standen, V., et al. 2004. Continuidad y cambio en las comunidades locales, Periodos intermedio Tardío y Tardío, valles Occidentales del área sur andina. Chungará (Supl. esp. t19) 36:235-247.

Santoro, C., Ugalde, P., Latorre, C., et al. 2011. Ocupación humana pleistocénica en el Desierto de Atacama: Primeros resultados de la aplicación de un modelo predictivo de investigación interdisciplinaria. Chungará 43 (Nº esp. 1):353-366.

Santoro, C., Ulloa, L. (eds.). 1985. Culturas de Arica. División de Extensión del Ministerio de Educación, Santiago.

Schiappacasse, V., Castro, V., Niemeyer, H. 1989. Los desarrollos regionales en el Norte Grande (1.000-1.400 d.C.) (pp. 181-220). En J. Hidalgo, V. Schiappacasse, H. Niemeyer, et al. (eds.). Prehistoria: Desde sus orígenes hasta los albores de la Conquista. Ed. Andrés Bello, Santiago.

Schiappacasse, V., Chacama, J., Muñoz, I., et al. 1993. Dispersión del depósito arqueológico en un yacimiento de recolectores arcaicos, con énfasis en el microdepósito. En Actas del XII Congr. Nac. Arqueol. Chil. Tomo 1:1-14.

Segura, C., Vidal, A., Maldonado, A., et al. 2021. Soil use in pre-hispanic and historical crop fields in the Guatacondo Ravine, northern Chile (2400 years BP): A geoarchaeological and paleobotanic approach. Geoarchaeology 2021:1-16.

Sepúlveda, M., Cornejo, L., Osorio, D., et al. 2018. Cazadores recolectores en tiempos formativos. Trayectoria histórica local en la precordillera del extremo norte de Chile. Chungará 50(1)29-50.

Silva, C. 2010. El Complejo El Vergel y su vergel: Vegetales domésticos prehispanos en la costa septentrional araucana. En Actas del XVII Congreso Nacional de Arqueología Chilena (Valdivia 2006), Tomo I:1279-1289.

Silva-Pinto, V., Salazar-García, D. 2015. Bioarqueología de un cementerio HUAQUEADO (pp. 87-110). En P. Méndez-Quiros, V. Silva-Pinto (Eds.). Poblados maiceros y arquitectura funeraria en el valle de Lluta (1200 – 1600 d.C.). Santiago, Chile. 214p.

Sinclaire, C. 2004. Prehistoria del Periodo Formativo en la cuenca alta del río Salado (región del Loa superior). Chungará 36(Tomo II):619-639.

Solari, M., Lehnebach, L., Adán, L. 2004. Metodologías compartidas para el estudio de carbones y semillas de los periodos Arcaico y Formativo del alero 'Marifilo I' (Lago Calafquén, 39 °S). Bol. Mus. Nac. Hist. Nat. 53:125-137.

Standen, V., Arriza, B., Romero, A., et al. 2007. Violencia letal y conflictos intergrupales en el Formativo del valle de Azapa, norte de Chile. Andes 7:11-23.

Standen, V., Santoro, C., Arriaza, B. 2004. Síntesis y propuestas para el periodo Arcaico en la costa del extremo norte de Chile. Chungará 36 (N° esp. Tomo I):201-212.

Stehberg, R. 1976. La Fortaleza de Chena y su relación con la ocupación incaica de Chile Central. Publicación Ocasional Mus. Nac. Hist. Nat. 23:3–37.

Surovell, T., Méndez, C., Garcia, J., et al. 2026. A Mid-Holocene age for Monte Verde challenges the time-line of human colonization of South America. Science 391(6791):1283-1288.

Szpak, P., Millaire, J., White, C., et al. 2012. Influence of seabird guano and camelid dung fertilization on the nitrogen isotopic composition of field-grown maize (*Zea mays*). J. Archaeol. Sci. 39:3721-3740.

Tartaglia, L. 1980. An analysis of cutivated plant remains from Guatacondo, Chile (pp. 127-234). In C. Meighan, D. True (eds.). Prehistoric trails of Atacama: Archaeology of northern Chile. Monumenta Archaeologica, 7. Institute of Archaeology, University of California. 228p.

Thomas, C., Benavente, A., Cartagena, I., et al. 1995. Topater, un cementerio temprano. En Actas del XIII Congr. Nac. Arqueol. Chil. Hombre y Desierto 9 (Tomo I):159-170.

Torres-Rouff, C., Hubbe, M. 2013. The sequence of human occupation in the Atacama oases, Chile: A radiocarbon chronology based on human skeletal remains. Lat. Am. Antiq. 24:330-344.

Torres-Rouff, C., Knudson, K. 2009. Investigating cultural heterogeneity in San Pedro de Atacama, Northern Chile, through biogeochemestry and bioarchaeology. Am. J. Phys. Ant. 138:473-485.

Troncoso, A. 1999. La cultura Diaguita en el valle de Illapel, una perspectiva exploratoria. Chungará 30(2):125-142.

Troncoso, A. 1999-2000. La agricultura Diaguita y el Periodo Intermedio Tardío en la costa de Los Vilos, provincia de Choapa. Rev. Chil. Antropol. 15:49-62.

Troncoso, A. 2004. Relaciones socioculturales de producción, formas de pensamiento y ser en el mundo: Un acercamiento a los Periodos Intermedio Tardío y Tardío en la cuenca del río Choapa. Werken 5:61-67.

Troncoso, A. 2019. Una historia de los cuerpos en el arte prehispánico de la Región de Coquimbo. Bajo la Lupa, Subdirección de Investigación, Servicio Nacional del Patrimonio Cultural.26p.

Troncoso, A., Cantarutti, G., González, P. 2019. Desarrollo histórico espacial de las comunidades alfareras del Norte Semiárido (ca.300 años a.C. a 1.450 años d.C.). (pp. 319-364). En F. Falabella, M. Uribe, L. Sanhueza, et al. (eds.). Prehistoria: Desde sus primeros habitantes hasta los incas. Ed. Universitaria, Santiago, Chile. 737p.

Troncoso, A., Pavlovic, D. 2013. Historias, saberes y prácticas: un ensayo sobre el desarrollo de las comunidades alfareras del norte semiárido de Chile. Rev. Chil. Antropol. 27:101-140.

Troncoso, A., Pavlovic, D., Becker, C., et al. 2004. Césped 3, asentamiento del Periodo Diaguita-Incaico sin cerámica, Diaguita fase III en el curso superior del río Illapel, IV región, Chile. Chungará 36:893-906.

Troncoso, A., Vergara, F., Pavlovic, D., et al. 2016. Dinámica espacial y temporal de las ocupaciones prehispánicas en la cuenca hidrográfica del río Limarí (30° Lat. S.). Chungará 48(2):199-224.

Ugalde, P., McRostie, V., Gayo, E., et al. 2021. 13,000 years of sociocultural plan use in the Atacama Desert of northern Chile. Veg. Hist. Archaeobot. 30:213 L.S.-230.

Urbina, S., Adán, L., Pellegrino, C. 2012. Arquitecturas formativas de las quebradas de Guatacondo y Tarapacá a través del proceso aldeano (ca. 900 a.C.-1000 d.C.). Bol. Mus. Chil. Arte Precolomb. 17(1):31-60.

Urbina, S., Adán, L., Pellegrino, C., et al. 2018a. Historia arquitectónica de Tarapacá: Estrategias residenciales y formación de asentamientos, siglos X AC a XVII DC (Andes Centro Sur). Estudios Atacameños 58:125-149.

Urbina, S., Adán, L., Uribe, M., et al. 2018b. Asentamientos costeros tardíos en los valles occidentales (norte de Chile): Pisagua en el contexto Pica-Tarapacá (900-1540 D.C.). An. Arqueol. Etnol.73(1):59-91.

Urbina, S., Uribe, M., Agüero, C., et al. 2019. De provincia inca a repartimiento: Tarapacá en los siglos XV y XVI (Andes Centro Sur). Estudios Atacameños 61:219-252.

Uribe, M. 2002. Sobre alfarería, cementerios, fases y procesos durante la prehistoria tardía de Atacama (800-1600d.C.). Estudios Atacameños 21:7-31.

Uribe, M. 2009. El periodo Formativo de Tarapacá y su cerámica: Avances sobre complejidad social en la costa del Norte Grande de Chile (900 AC-800 DC). Estudios Atacameños 37:5-27.

Uribe, M., Adán, L. 2005. Arqueología e Historia... cultura y evolución social en el Desierto de Atacama (900-1700d.C.). (pp. 263-274). En Actas del XVI Congreso Nacional de Arqueología Chilena (Tomé). Sociedad Chilena de Arqueología. Ediciones Escaparate. Chile.

Uribe, M., Agüero, C., Cabello, G., et al. 2020a. Pampa Iluga y las 'chacras' de los ancestros (Tarapacá, norte de Chile): Tensionando materialidades y ontologías desde la arqueología. Rev. Chil. Antropol. 42:371-398.

Uribe, M., Agüero, C., Catalán, D., et al. 2015. Nuevos fechados del Cementerio Tarapacá-40: Comentarios cronológicos y culturales sobre un sitio clave del periodo Formativo del norte de Chile (1110 a.C.2950 d.C.). Ñawpa Pacha J. Andean Archaeol. 35:57-89.

Uribe, M., Ángelo, D., Capriles, J., et al. 2020b. El Formativo en Tarapacá (3000-1000 a.P.): Arqueología, naturaleza y cultura en la Pampa del Tamarugal, Desierto de Atacama, norte de Chile. Lat. Am. Antiq. 31(1):81-102.

Uribe, M., Ayala, P. 2004. La alfarería de Quillagua en el contexto Formativo del Norte Grande de Chile (1.000 a.C. a 500 d.C.). Chungará 36(III):585-597.

Uribe, M., Sanhueza, L., Bahamondes, F. 2007. La cerámica prehispánica tardía de Tarapacá, sus valles interiores y costa desértica, norte de Chile (ca. 900-1.450 d.C.): Una propuesta tipológica y cronológica. Chungará 39(2):143-170.

Uribe, M., Santana-Sagredo, F., Maturana, A., et al. 2016. San Pedro de Atacama y la cuestión Tiwanaku en el norte de Chile: impresiones a partir de un clásico estudio cerámico y la evidencia bioarqueológica actual (400-1.000 d.C.). Chungará 48(2):173-198.

Uribe, M., Urbina, S., Vidal, E. 2020c. Arqueología y complejidad social en la Pampa del Tamarugal: Revisando los asentamientos del Periodo Formativo de Tarapacá, Norte de Chile (p 211-236). En L. Sanhueza, R. Campbell, A. Troncoso (eds.). Iguales pero diferentes. Fac. Ciencias Sociales, Universidad de Chile, Santiago.

Uribe, M., Vidal, A. 2012. Sobre la secuencia cerámica del Periodo Formativo de Tarapacá (90 a.C.-900 d.C.): Estudios en Pircas, Caserones, Guatacondo y Ramaditas, norte de Chile. Chungará 44(2):209-245.

Varas, V. 2014. Una virgen amarrada a un trapito. Análisis de las evidencias vegetales registradas en el sitio Guasilla-2, II región de Antofagasta. Memoria para optar al título de arqueóloga, Depto. de Antropología, Universidad de Chile.

Venegas, F., Ávalos, H., Saunier, A. 2011. Arqueología e historia del curso medio e inferior del río Aconcagua. Ed. Univ. Valparaíso, Valparaíso. 259p.

Vidal, A. 2006. Patrones de uso de los recursos vegetales durante el Periodo Formativo (1000 AC-500 DC) en San Pedro de Atacama: Oasis y Quebradas. Memoria de título Carrera de Arqueología, Facultad de Ciencias Sociales, Universidad de Chile. 204p.

Vidal, A., Méndez-Quirós, P. 2015. ¿Maíz o maíces? Discusión sobre la producción de variedades de maíz en el sector valle fértil de Lluta (pp. 138-154). En P. Méndez-Quiros, V. Silva-Pinto (eds.). Poblados maiceros y arquitectura funeraria en el valle de Lluta (1200-1600 d.C.). Santiago, Chile. 234p.

Vidal, A., García, M., Vega, G. 2004. Trabajando con plantas que estaban haciendo uso de recursos locales y alimenticios en la localidad arqueológica de Pisagua, I Región. Bol. Soc. Chil. Arqueol. 37:49-59.

Vidal, A., García, M., Méndez-Quirós, P. 2012. Producción anual versus estacional: Dos estrategias de producción agrícola durante el periodo Formativo en Tarapacá, Norte de Chile. En Sociedad Chilena de Arqueología, Actas del XIX Congreso Nacional de Arqueología Chilena (pp. 183-192). Sociedad Chilena de Arqueología.

Vidal, A., García, M., Méndez, P. 2015. Producción anual versus estacional: Dos estrategias de producción agrícola durante el periodo Formativo en Tarapacá, Norte de Chile (pp. 183-192). En Actas del Congreso XIX de Arqueología Chilena 2012. Arica-Chile. Santiago, Chile.

Vidal-Elgueta, A., Hinojosa, F., Pérez, M., et al. 2019. Genetic and phenotypic diversity in 2000 years old maize (*Zea mays* L.) samples from the Tarapacá region, Atacama Desert, Chile. PLoS ONE 14(1):1-20.

Vidal-Elgueta, A., Navarro, N., Uribe, M., et al. 2021. 2000 years of agriculture in the Atacama Desert led to changes in the distribution and concentration of iron in maize. Sci. Rep. 11:17322.

Vidal-Elgueta, A., Salazar, E., Hinojosa, F., et al. 2016 Variabilidad fenotípica en maíz (*Zea mays*) del sitio de Caserones-1, región de Tarapacá. Rev. Chil. Antropol. 34:31-39.

Watson, J., Muñoz, I., Arriaza, B. 2010. Formative adaptations, diet, and oral health in the Azapa valley of northwest Chile. Lat. Am. Antiq. 21(4):423-439.

Williams, L. 1980. Analysis of coprolites recovered from six sites in northern Chile. In C. Meighan, D. True (eds.). Prehistoric trails of Atacama: Archaeology of northern Chile. Monumenta Archaeologica 7. Institute of Archaeology, University of California. 228p.

Williams, V., Santoro, C., Romero, A., et al. 2009. Dominación inca en los Valles Occidentales (Sur del Perú y Norte de Chile) y el Noroeste Argentino. Andes 7:615-654.

Zavala, J., Dillehay, T., Stewart, D., et al. 2021. Los mapuches de Concepción y la frontera inca: Revisión de fuentes tempranas y nuevos datos. Rev. Hist. 28(2):138-168.

Zlatar, V. 1984. Cementerio prehispánico Pica-8. Universidad de Antofagasta, Antofagasta.

Capítulo 4. Historia del frejol en Chile: 1500-2025

Viviana Becerra V., Mario Paredes C.

Producción de frejoles: 1500-1600

A la llegada de los españoles a Santiago durante el año 1541, los indígenas ubicados al norte del río Maule, estaban sometidos al incanato y en un proceso de cambio cultural, a diferencia de los indios ubicados al sur del Maule (mapuches), que vivían su propia cultura (Villalobos et al., 1974a).

El cronista Diego de Bibar, que acompañó a Pedro de Valdivia en su llegada a Chile, señaló que los cultivos encontrados en las diferentes localidades del país eran los siguientes (Cuadro 1).

Cuadro 1. Cultivos presentes en el país a la llegada de los españoles al país y cultivos introducidos.

Localidad	Especies
Entre el valle de Tarapacá y Atacama	Maíz
Valle de Atacama	Maíz, papa, frejol, quínoa
Valle el Chañar	Maíz
Valle de Copiapó	Maíz, frejol, papa
Valle del Huasco	Algodón (*Gossypium hirsutum y Gossypium babadense)*, maíz, frejol, quinoa, zapallo (*C. pepo*)
Valle del Limarí	Zapallo
Valle de Coquimbo	Maíz, frejol, papa, quínoa, zapallo
Valle de Choapa.	Maíz
Valle de Combarbalá a Aconcagua	Maíz
Valle del Mapocho	Frejol, maíz, trigo, cebada
Ciudad de Concepción	Frutilla, maíz, frejol, papa, *Bromus mango*
Isla Santa María	Maíz, papa, frejol
Isla de Amocha	Papa, frejol
Ciudad de Valdivia	Frutilla, maíz, papa
Río Bueno	Maíz, frejol, papa
Archipiélago en 45°	Papa, maíz
Ancón en altura 46° y 2/3	*Bromus mango*, papa, maíz

Fuente: Muñoz, 1975.

Los indígenas de la zona central vivían en caseríos semipermanentes, separados los unos de los otros, ubicados principalmente en la ribera de ríos, y donde utilizaban las inundaciones, por ejemplo, del río Mapocho, para sembrar maíz, frejol (Mc Bride, 1973), y otros cultivos, para su alimentación (Gay, 1862; Barros Arana, 2000), aunque una parte importante de la población indígena se encontraba ubicada en la región de la Araucanía (Bengoa, 1996).

Durante esta época, la agricultura nativa se basaba en la recolección, caza, pesca y en una agricultura incipiente (Gay, 1862; Millar, 1988; Bengoa, 1996). En los valles del norte y centro del país, se observaba un mayor desarrollo de la agricultura, con la presencia y uso de canales de regadío y la siembra del maíz (*Zea mays*), quínoa (*Chenepodium quínoa*), ají (*Capsicum annum* y *C. baccatum*), frejol (*Phaseolus vulgaris*) y pallar (*Phaseolus lunatus*), papas (*Solanum tuberosum*) y madi (*Madia sativa*) (Gay, 1862; Amunátegui, 1925; Correa, 1938; Bauer, 1975; Barros Arana, 2000; Pardo y Pizarro, 2005), zapallo (*Cucurbita máxima*), calabaza (*Legenaria siceraria*), Oca (*Oxalis tuberosa*), mango (*Bromus mango*) y teca (*Bromus beteorianus*) (Montaldo, 1988; Montaldo, 2004), vestían ropas confeccionadas con lana y usaban vasijas de barro y maderas pulida, posiblemente producto de la interacción con el pueblo inca (Correa, 1938).

Los indígenas de la zona central realizaban las siembras en los 'claros de los bosques' y en las vegas fértiles y húmedas. Sin embargo, en la zona norte debido a la escasa pluviometría, desarrollaron y utilizaron sistemas de riego apoyados por los incas. En los valles se realizaban siembras, en suelos húmedos o en la 'falda' de las colinas o en riveras de ríos que proveían el agua para regar. En esta zona, las terrazas, en las laderas de los cerros fueron escasas en la época, posiblemente, por la ausencia de mano de obra (Gay, 1862).

El proceso de la siembra, comenzaba con el despeje y la quema de la vegetación existente. Luego, se utilizaba 'masas' y cuchillones para el corte de las malezas remanentes. Para la preparación del suelo, se utilizaba una especie de azuela, llamada 'mauchahue' y una especie de pala llamada 'lluci' (Gay, 1862; Medina, 1887; Latchman, 1936; Montaldo, 2004). En el sur, especialmente, en la Isla de Chiloé, se utilizaban unos palos largos puntiagudos ('lumas') en un extremo y que poseían una bola plana cubierta con piel de carnero. Este palo puntiagudo era enterrado en el suelo haciendo fuerza con el pecho y mediante diferentes movimientos levantaban el suelo. Las mujeres y los niños terminaban mullendo el suelo con la 'hualata', para dejarlo listo para la siembra (Gay, 1862) (Foto 1).

El sistema de siembra 'Pitón', consistía en hacer un hoyo en el suelo con un palo puntiagudo, para depositar seis a ocho granos de frejol por cada hoyo ('mata') a una distancia de 40 cm entre matas, para luego taparlo con suelo, sin usar ningún tipo de abono. Las mujeres realizaban la siembra, ya que representaba la fertilidad y los hombres realizaban la preparación del suelo (Montaldo, 2004). La siembra y la cosecha se realizaban en forma comunitaria (Gay, 1862; Medina, 1887; Villabobos et al., 1974a).



Fuente: Agricultura Chilena (https://www.memoriachilena.gob.cl/602/w3-propertyvalue-159454.html).

Foto 1. Herramientas y dibujos representativos del sistema de siembra.

Los mapuches usaban diferentes nombres para el frejol ('degul'), de acuerdo a su uso. Es así como, el frejol utilizado para el consumo en verde, lo llamaban 'capi', mientras que el usado para el consumo como grano seco, lo llamaban 'cului'. En esa época, las variedades de frejol se clasificaban de acuerdo a su precocidad. Los tipos 'tempranos' (precoces), se llamaban 'hiludos' o 'huerteros' y los tardíos, cuyo grano se podía almacenar eran conocidos con los nombres de 'arvejillos', 'canarios' y 'ojo negro'. Durante el desarrollo del cultivo, cortaban malezas con cuchillones, realizaban tres a cuatro riegos y la cosecha era manual (Fernández, 1817; 1867).

Entrega de mercedes de tierra. La principal forma que tuvo la Corona española para premiar los servicios de los conquistadores, fue la concesión de 'mercedes de tierra' que incluyó diversas formas: 1) el solar que era un terreno ubicado en la ciudad destinado a la construcción de casas; 2) las chácaras o chacra que era una superficie de mayor extensión para la producción de algunos cultivos introducidos (trigo, cebada) y nativos (maíz, frejol, papa, zapallos); 3) un terreno común, destinado al pastoreo de animales para el autoconsumo (Gay, 1862).

A principios de la conquista, la explotación de la tierra tenía una escasa importancia (Villalobos, 1974a), a pesar de que existían grandes extensiones de terreno desmontados listos para ser utilizadas (Gay, 1862), debido a que la principal actividad económica del siglo XVI y comienzos del siglo XVII, fue la explotación del oro (Mellafe, 1981).

En 1544, se creó el sistema de 'encomiendas', que era un sistema colonial español de asignar grupos de indígenas a un usuario (un español), para su protección, instrucción y recibir tributos. Desde 1553, muchos de los indígenas de la parte central del país, específicamente, de los oasis del norte, valles de Copiapó, Huasco y Coquimbo, zona central (Aconcagua a Maule) y zona sur (Concepción al sur), fueron entregados en encomienda a los conquistadores, con excepción a las localidades de Valdivia y Osorno, donde no se llegó a concretar este sistema, debido a que los indios expulsaron a los españoles de su territorio (Mc Bride, 1973; De Ramón y Larraín, 1982; Villalobos et al., 1974a). En este sentido, la entrega de las 'mercedes de tierra' incluía a todos sus habitantes indígenas de encomienda, de tal manera que el producto del trabajo y de la tierra era del dominio del encomendero (Gay, 1862; Greve, 1941; Góngora, 1970; Mc Bride, 1973; Villalobos et al., 1974a; Bauer, 1975; Barros Arana, 2000). Este sistema de encomienda duró todo el siglo XVI, periodo en el cual sufrió varias modificaciones, tendiente a mejorar el trato recibido por los indígenas (Villalobos et al., 1974a).

El desarrollo de la agricultura en la zona central y sur, se vio enfrentada a constantes enfrentamientos entre indios y españoles, debido a la defensa del territorio por los indígenas y a la ocupación del territorio por los españoles. Este tipo de confrontaciones, se manifestaba quemando las siembras y/o dejando de sembrar los campos, para evitar la producción y el suministro de alimentos a los españoles. A pesar de esta situación, se producía una pequeña cantidad de alimentos para el consumo de la escasa población española ya que el comercio estaba muy poco desarrollado (Correa, 1938).

Posteriormente, los indígenas del valle central utilizando su conocimiento agrícola, empezaron lentamente a sembrar pequeñas superficies con cereales introducidos (trigo o 'cachilla', cebada o 'cahuella'), legumbres importadas (habas, garbanzos, arvejas), y a plantar algunos frutales como el manzano, en conjunto con los cultivos tradicionales lo que contribuyó a diversificar la producción y el consumo de alimentos (Gay, 1862; Guevara, 2000).

En el valle central, la cosecha de los cultivos era usada principalmente, para la subsistencia de los meses de invierno, la que era complementada por la colecta de productos silvestres y la caza de animales en las otras estaciones del año. En la costa, la población continuó con sus actividades

de pesca, extracción de moluscos y algas marinas, en combinación con la siembra de pequeñas superficies para su autoconsumo, en los terrenos próximos a sus habitaciones (Bengoa, 1996). Sin embargo, a fines del siglo XVI, producto de la introducción del caballo, vacunos, ovejas y aves de corral, los indígenas se empezaron a dedicar a la crianza de animales y algunos de ellos empezaron a ser usados en los trabajos agrícolas (Guevara, 2000).

Es así como, la conquista española permitió la introduccion de nuevos cultivos, la diversificación de la alimentación de los indígenas con producción de nuevos cultivos, sin embargo, esta situación favoreció a la vez, la marginación de la siembra de algunas especies nativas, debido a la escasa valoración de estos productos por los españoles, quienes consideraban a estos productos como 'alimentos para indios', dándoles de esta manera un escaso valor social y económico (Montaldo, 1988; Pardo y Pizarro, 2005). Es así como, en 1548, la producción de trigo y los productos de origen animal con especies introducidas, eran tan importantes que habían permitido la instalación de los primeros molinos mecánicos y carnicerías. En 1551, se cultivaban las primeras vides en Santiago y en 1553, se empezaba a fabricar el vino en La Serena (www.bibliotecanacional.cl, 2015).

Como una manera de promover las siembras a mayor escala, se prohibió la siembra de frejol, maíz, papa y zapallos en los espacios cercanos a las casas, y se empezó a regularizar el uso del agua con el nombramiento de un alarife, quién proporcionaba castigos o multas a quienes usaran el agua en forma ilegal (Barros Arana, 2000). Esta situación, produjo un aumento de la producción, del comercio nacional y de las primeras exportaciones de productos de origen animal al Perú, alrededor del año 1575 (De Ramón y Larraín, 1982). Sin embargo, este aumento de producción se tradujo en una reducción de los precios en los productos agrícolas (Gay, 1862; Correa, 1938; Góngora, 1960), lo que significó una disminución de la superficie sembrada de cultivos y un aumento de la producción animal, transformando a Chile en un país ganadero (Gay, 1862).

En 1580, debido a los constantes enfrentamientos con los indígenas y a la reducción en la producción de oro en la zona sur, se llegó a la conclusión que la colonización del sur del país era poco viable, por lo cual, se decidió concentrar los esfuerzos y el trabajo en la zona central del país. Esta decisión, trajo como consecuencia, el reforzamiento de la entrega de 'mercedes de tierra' en la zona de Santiago, Quillota, Melipilla y Colchagua, donde los conventos y monasterios de Santiago jugaron un rol importante en el financiamiento de las actividades agrícolas de los nuevos colonos, principalmente, de aquellos que se ubicaron en la parte oriente de Santiago, que tenía los mejores suelos de riego de la capital. Esta situación, se tradujo en un gran aumento en las siembras y producción de trigo, productos de chacarería, hortalizas y frutas en la zona oriente de Santiago, y de la ganadería en las estancias que estaban ubicadas al sur poniente de Santiago, donde se encontraban los suelos de menor calidad (De Ramón y Larraín, 1961). A medida que aumentaba la población, el comercio de productos agropecuarios fue aumentando lentamente, y se empezó a expandir y concentrar en los lugares cercanos a los principales depósitos, debido al mal estado de los caminos y al alto costo del transporte, que se realizaba en esta época a través de mulas y carretas (Mc Bride, 1973).

En 1595, se produjo la abolición en Perú del almojarifazgo (impuesto aduanero), a sebos y cordobanes provenientes de Chile, lo que dio un nuevo impulso al proceso exportador del país, ya que los principales productos exportados al Perú (Lima y Potosí) eran: carnes ahumadas, cueros, cordobanes, sebo, jarcia, cereales, cáñamo para la fabricación de cuerdas y aparejos de navíos, y frutas secas y vinos (Góngora, 1970; Mellafe, 1981). Paralelo a esta situación, se continuaba sembrando maíz, frejol y papas en las chacras y estancias (Schejtman, 1971).

El alzamiento general indígena de 1598, conocido como el 'Desastre de Curalaba', significó el abandono de todos los asentamientos españoles ubicados al sur de Concepción, y la fijación

del límite sur del país en el río Biobío. El despoblamiento del sur y la pérdida de la principal fuente de riqueza española, favoreció la entrega de nuevas mercedes de tierras y el comercio de ellas en la zona central del país (Santiago y sus regiones aledañas), lo que consagró su vocación agropecuaria durante el siglo XVII. Paralelamente, en la zona que rodea Concepción y Chillán, se empezaron a desarrollar actividades agrícolas de carácter familiar en las localidades de Itata, Cauquenes, Puchacay y Huilquilemo. Con excepción a la zona central, en el resto de las regiones de Chile, no había actividades productivas de importancia por parte de los españoles, debido a que la población colonizadora en aquellas zonas era nula o muy escasa y estaba reducida a misioneros o personal militar en los fuertes de batalla (Góngora, 1970).

Esta nueva estructura productiva, permitió abastecer la demanda del Virreinato del Perú con productos de origen animal como sebo, cordobanes, cueros y charqui, y al el ejército fronterizo del reino de Chile, que mantenía la frontera sur del reino (Mellafe, 1981). Es así como, a finales del siglo XVI, prácticamente todos los cultivos de España estaban siendo producidos en el país (Gay, 1862; Muñoz, 1975).

Producción de frejol: 1600 al 1800

A principios del siglo XVII, los militares involucrados en la guerra de Arauco, empezaron a solicitar tierras, lo que aumentó: a) el otorgamiento de nuevas mercedes de tierra; b) el valor de la propiedad agrícola; c) las actividades agrícolas y ganaderas en los distintos corregimientos (Quillota, Melipilla, Colchagua, Maule y otros); d) la ocupación real del campo; e) el uso más intensivo del suelo (Mc Bride, 1973; Villalobos et al., 1974b; De Ramón y Larraín, 1982), lo que logró a su vez, posicionar la actividad agropecuaria sobre la minera (Villalobos et al., 1974a).

Cabe destacar que, hasta la primera mitad del siglo XVII, la agricultura se encontraba en un estado muy atrasado, donde las máquinas eran completamente desconocidas y las faenas agrícolas se realizaban con equipos muy primitivos.

En este periodo, la agricultura se desarrollaba en tres zonas definidas. Una zona norte, semi árida que se extendía desde el Despoblado de Atacama (límite norte del reino de Chile), hasta el río Aconcagua. La actividad económica en esta zona giraba alrededor de la ciudad de La Serena (1543) y en los poblados del valle del río Copiapó, Huasco, Elqui, Limarí y Choapa, con actividades agrícolas y pecuarias de subsistencia y, principalmente, actividades mineras. Hasta el año 1610, los indios de Atacama no conocían los instrumentos de hierro y utilizaban sólo palos puntiagudos para la siembra. La siembra y la cosecha se realizaban en forma comunitaria, aunque en algunas localidades se usaba un cuadrúpedo llamado 'chilihueque' (auquénido), para arar el suelo con una especie de arado llamado 'quiñelvoqui' (Gay, 1862).

La segunda zona central, incluía la ciudad de Valparaíso (1554), Santiago (1541) y otras ubicadas hasta el río Maule. La agricultura en esta zona era de riego y estaba presente principalmente en el valle de Aconcagua con viñas, frutas y hortalizas que abastecían la población de Santiago y Valparaíso. En esta zona se producía también trigo, maíz, cebada, frejol, vino, aguardiente y charqui (carne seca), entre otros productos. Las actividades ganaderas, se realizaban en las haciendas y estancias, con tecnologías primitivas en la producción de algunos cultivos (Villalobos et al., 1974b; Guevara, 2000). La labranza, se realizaba con un arado de madera, un rodillo y una rastra de rama de espino sobre la cual, se colocaban algunas piedras para darle peso. Prácticamente, no se realizaba un control de malezas y los pocos que lo hacían, lo realizaban en forma manual o utilizando una 'espaldilla de carnero' para cortar las malezas, no se utilizaban fertilizantes inorgánicos o abonos orgánicos. La siembra de trigo, se realizaba en forma manual y se cubría la semilla con un rastrillo de ramas. El frejol, arvejas, maíz y papas se sembraban en surcos y la semilla se tapaba con los pies. Los terrenos se regaban utilizando pequeñas acequias o inundando

el suelo y dirigiendo el agua con una pala. Los suelos se sembraban, por cuatro a cinco años seguidos, y después, se realizaba un barbecho como descanso. Para la siega del trigo y otros cereales de grano pequeño, se empleaba la echona y la trilla se realizaba con yeguas en 'eras' de tamaño pequeño, la que se completaba aventando el producto de la trilla con horquetas al viento, para la separación del grano de la paja (Correa, 1938; Villalobos et al., 1974b).

En la zona sur y austral (río Maule hasta el extremo sur de Chile continental), se encontraban las ciudades de Chillán (1580), Concepción (1550), Osorno (1553), Villarrica (1552), Imperial (1551), Angol (1553), Valdivia (1552), Cañete (1558), Arauco (1552) y Castro (1567), aunque el control del territorio estaba en Concepción y Chiloé. La producción agrícola y pecuaria, se basaba principalmente en siembras de trigo, cebada, y la producción de algunas frutas como manzana para consumo en fresco y sidra, la producción animal y la explotación de los recursos forestales. En los alrededores de Concepción, la producción agrícola y pecuaria se destinaba al consumo interno y al abastecimiento del ejército fronterizo, que estaba financiado directamente por el Virreinato del Perú, a través del 'Real Situado'. En el caso de Chiloé, como los resultados de la explotación agrícola y del oro habían sido muy pobres, el desarrollo económico de esta región era muy escaso y sólo se empezó a observar un mejoramiento de su situación, cuando sus habitantes empezaron a explotar los recursos forestales (Mellafe, 1981).

Durante este periodo, los productos agrícolas más cultivados eran el trigo, debido a su exportación al Perú, seguido de la cebada y el maíz. El frejol, la lenteja y la papa ocupaban un lugar secundario debido a su menor consumo (Correa, 1938; Montaldo, 2004), aunque el maíz, el frejol y el zapallo ya habían empezado a ser considerados en la dieta hispánica, al crear nuevos guisos, como producto del sincretismo entre estas dos culturas (Montaldo, 2004).

La ganadería seguía siendo la actividad más importante de la economía debido a la exportación del cuero, sebo, suela, hilo y jarcia, aunque también se exportaban pequeñas cantidades de frutas secas, trigo, frejol y lentejas (Gay, 1862). Sin embargo, esta situación cambió en 1687 con el terremoto ocurrido en Perú y la presencia del 'polvillo negro' que destruyeron gravemente la infraestructura productiva y la producción de trigo de ese país, respectivamente. Ante este nuevo escenario, los productores chilenos reorganizaron su sistema de producción ganadero, ampliando la superficie sembrada con trigo para satisfacer la demanda de trigo, harina y productos de origen animal al Perú (Gay, 1862; Góngora, 1960; 1970; Villalobos et al., 1974b). La necesidad de aumentar la producción de trigo, condujo a la utilización de tierras no cultivadas, sin necesidad de grandes inversiones, gastos, y el trabajo de los inquilinos, principalmente en las zonas de Santiago y Concepción debido a la cercanía de los puertos de embarque de Valparaíso y Talcahuano, ya que el transporte a través de tropas de mulas o caravanas de carretas era muy lento y costoso. El incremento de las exportaciones de trigo (1690-1700), aumentó también la superficie de siembra de trigo en las chacras (Góngora, 1960). Esta situación, transformó la economía pastoril-ganadera del siglo XVII, por una de tipo mixto, ganadera-cerealera que dio origen posteriormente a la hacienda del siglo XVIII, que poseía grandes extensiones de suelo. De esta forma, las 'mercedes de tierra' dieron origen a las 'encomiendas' y estas a la 'estancia' y posteriormente a la 'hacienda' (Schejtman, 1971).

Producción de frejol siglo XIX

Los esfuerzos económicos y de la población dedicados a lograr la independencia del país afectaron la agricultura, sin embargo, una vez lograda la independencia, la agricultura continuó siendo una actividad económica bastante tradicional que usaba muy poca tecnología. De ahí, el interés de algunos privados para formar una 'Sociedad de Agricultura' que, a través de un boletín difundiera algunos adelantos técnicos a los agricultores. Posterior a esta iniciativa, el gobierno

compró un terreno en la Quinta Normal, Santiago, para establecer un centro de enseñanza de la agricultura (Le Fevre, 1901), se comenzaron a mejorar los caminos, realizar obras de riego e introducir nuevos cultivos como la remolacha, el sorgo y el lúpulo y establecer una oficina de estadística (Gay, 1862).

En la primera mitad del siglo XIX, el sector agrario chileno estaba dominado, por grandes haciendas que se dedicaban principalmente a la crianza de ganado. Estas haciendas se caracterizaban, por una baja productividad, ausencia de maquinaria, escaso uso de fertilizantes, rotaciones y ausencia de grandes inversiones. A pesar de ello, la agricultura producía alimentos para el consumo interno y se exportaba trigo, harina y otros productos como cebada, frejol, lana, charqui y cueros. En las haciendas, se sembraba trigo, cebada y alfalfa, en mayores superficies y en las chacras maíz, frejol y papa, y otras legumbres como habas, lentejas, garbanzos, hortalizas (lechugas, tomates), entre otros cultivos. Las haciendas de menor tamaño y chacras, combinaban la siembra de cultivos con la crianza de animales (Vicuña Mackenna, 1857; Gay, 1862; Braun et al., 2000).

Sin embargo, esta situación cambió con el descubrimiento de las minas de Oro en California, la colonización de Australia, el auge minero del norte del país y el mayor comercio con Argentina, todo lo cual, permitió la exportación de trigo, harina, frejol, charqui y otros productos alimenticios (Schneider, 1904; Bengoa, 1996). La mayor demanda, por estos productos agrícolas aumentó los precios y la superficie de siembra, especialmente de trigo, para abastecer a los nuevos mercados internos y externos, reduciendo la importancia del sector ganadero (Bauer, 1994; Schneider, 1904; Robles, 2009). Sin embargo, esta prosperidad duró muy poco debido a la incorporación de nuevos países al mercado mundial y a la modernización de la industria triguera-molinera, en los países competidores, con lo cual el país no pudo seguir exportando estos productos en grandes cantidades (Bauer, 1970; Montaldo, 2004). Debido a esta situación, el cultivo del trigo se desplazó al sur del país y los suelos menos productivos de la zona central fueron abandonados, lo que significó un nuevo estancamiento agricultura, entre los años 1876 y 1895 (Bauer, 1970).

Los principales equipos de labranza usados en esta época continuaban siendo el arado de madera con incrustaciones de fierro, un rastrillo de ramas, a las que se agregaban piedras para darle peso y tapar la semilla sembrada, la echona, la guadaña, el azadón, la pala y la barreta, entre otras. En 1848, se solicitó que la Escuela de Artes y Oficios empezara a fabricar equipos agrícolas nacionales (Gay, 1862). Entre 1840 y 1860, la Sociedad de Agricultura y varios agricultores, intentaron mejorar la mecanización agrícola, al introducir varios tipos de máquinas trilladoras, sin mayor éxito. Sin embargo, la exposición agrícola de 1868, contribuyó a demostrar y reforzar la necesidad de mecanizar las diversas faenas agrícolas, como también introducir diferentes tipos de máquinas como trilladoras, arados, aventadoras y limpiadoras, proceso que fue acompañado por la instalación de grandes empresas comerciales extranjeras, especialmente europeas, especializadas en la importación y difusión de maquinarias y herramientas agrícolas, ligadas al comercio y exportación de trigo, cobre y otros productos primarios (Bellisario, 2013).

Sistema de producción de frejol en el siglo XIX

En el siglo XIX, se sembraba frejol desde la ciudad de Copiapó por el norte, hasta la ciudad de Osorno por el sur (Gay, 1862). Debido a su susceptibilidad a las bajas temperaturas, se realizaba una siembra al año, cuya fecha de siembra dependía de la zona, el tipo de suelos, disponibilidad de riego y tipo de variedades (Tornero, 1872).

Rotación. Las rotaciones más utilizadas a fines del siglo XIX, eran de tres y cuatro años, donde se incluía un año de barbecho, y un par de cultivos como el cultivo de trigo, papa, cáñamo, remolacha, lino, cebada, maíz y frejol (Tornero, 1872).

Preparación del suelo. La preparación del suelo consistía en una aradura y una cruza. Para la siembra se utilizaba una especie de azuela, llamada 'mauchahue', semejante al 'hualato' usado en Chiloé y una especie de pala llamada 'lluci' y dos palos puntiagudos que, eran empujados con el vientre para la preparación del suelo (Medina, 1887).

Sistema de siembra. Para la siembra, en el norte se empleaba con mucha frecuencia el pitón, mientras que en las provincias centrales, el frejol se sembraba a mano en los terrenos de 'rulo' (secano), y a razón de diez 'almudes' (paralelepípedo de madera utilizado para medir granos, papas, legumbres y otros productos, con una capacidad entre 6 y 8 kilos por 'cuadra' (125m) o en hileras, separadas unas de otras, por melgas de una 'vara' (0,84 m) de ancho colocando seis a ocho granos en los hoyos realizados previamente (Mier, 1857; Gay, 1862; Tornero, 1872). En el caso de siembra de variedades guiadoras de frejol, se intercalaban algunos granos de maíz en la hilera (rodrigón) (Gay, 1862) o bien se instalaban tutores, para sostener el desarrollo de la planta y favorecer la cosecha (Tornero, 1872).

Las siembras de frejoles, para consumo como grano seco, se realizaban a fines de octubre, después de las primeras heladas, pero los frejoles para consumo como vaina verde se realizaba a fines del mes de agosto, para cosechar las vainas en noviembre. En este caso, las plantas jóvenes debían ser cubierta con ramas, para protegerla de las heladas (Gay, 1862).

En las chacras o suelos de riego ubicados cerca de las ciudades, se solía sembrar el primer año frejol u otras legumbres y el segundo año se sembraba trigo o cebada. Después de cada cosecha, se incorporaban los animales al potrero, para aprovechar el rastrojo (Gay, 1865). Todas las siembras y las cosechas se realizaban en forma comunitaria. Cuando la siembra se realizaba en suelos más húmedos o en la falda de las colinas, se usaba el agua de los ríos para regar (Medina, 1887).

Variedades. Los indígenas tenían diferentes denominaciones para el frejol, de acuerdo a su uso. Es así como, a los destinados al consumo en verde los indígenas les llamaban, 'capi', y eran consideradas como variedades 'tempranas', 'hiludas' o 'huerteras'. Mientras que aquellas destinadas a producir grano seco, las identificaban como 'cului', 'tardías', 'arvejillos', 'canarios' y 'ojo negro' (Mier, 1857).

En 1860, en la zona norte, la variedad más usada era la 'alto huasquina', debido a su altura rendimiento y calidad. Sin embargo, en la zona central, las variedades más comunes eran 'Ayayo' o 'Ailladito', frejol muy mantecoso, menos susceptible a las heladas y destinado a la alimentación de los peones. Por otro lado, estaba la variedad 'alberjilla', de grano color blanco grande, y de excelente calidad; los 'bayos rancagüinos' que poseían un grano más blando y eran preferidos por los comerciantes de Valparaíso para enviarlos al norte; 'canarios', 'ojos- negros' y 'cascarones', ésta última considerada como de mala calidad (Gay, 1865).

En 1872, las variedades de frejol cultivado se dividían en: tableados o payares (*Ph. lunatus*) y los frejoles comunes de grano largo y los de grano redondo. El frejol de grano largo incluía a: 'Bayos grandes' y 'Bayos chicos', 'Azufrados' (verdosos), 'Bayones grandes', 'Imperiales', 'Caballeros' (blancos), 'Peumo' (morado), 'Aquiles', 'Chamusca' (amarillo), 'Colejiales' (blanco con extremo morado) y 'Catapilco' o California (blanco). Entre estas variedades, 'Aquiles' y 'Catapilco' eran recomendadas para consumo en vaina verde y desde el punto de vista culinario los frejoles 'Azufrados' eran considerados como variedades tardías y consumidas principalmente en las faenas agrícolas, por su buen sabor y aumento de volumen después de cocidos. Por otro lado, los frejoles 'Caballeros' eran también muy apetecidos para su consumo, pero de menor aceptación que los 'Azufrados' (Tornero, 1872).

El frejol redondo tenía diversas variedades como: 'Canarios' (amarillos), 'Arvejillas' (blancos), 'Cabritos' (overos), 'Burritos' (plomo), 'Bolitas' (café barroso), 'Maqui' (negro), 'Canaritos', 'Triguitos'

(blancos pequeños), y los de vaina larga y delgada para escabeche. Estas variedades, tenían un alto rendimiento, pero no eran muy aceptadas en la alimentación de los peones, pues eran menos sabrosas y rendidoras después de cocidas, comparadas con el frejol de grano largo (Tornero, 1872).

En 1880, el catálogo de venta de semillas de la Quinta Normal de Agricultura ofrecía diferentes tipos de frejol (5cts/paquete): 'Sable vaina larga', 'Soissons', 'Blanco de España', 'Enano Emilio', 'Mantecoso blanco', 'Amarillento de Canadá', 'Jaspeado de Praga', 'Coco blanco', 'Predome', 'Negro de Arjel', 'Mantecoso blanco', 'Monte de Oro', 'Chocolate' (Anónimo, 1883).

Sistema de riego. Se continuaba regando los potreros por medio de pequeñas acequias o inundando el suelo y dirigiendo el agua con una pala (Mier, 1857; Gay, 1862). Terminada la siembra, se daba un riego, y a las cuatro o cinco semanas se realizaba la aporca, es decir, se cubrían los tallos de la planta con suelo (Tornero, 1872), y se podía continuar con tres a cuatro riegos durante la temporada (Fernández, 1817; 1867).

Control de malezas y fertilización. Durante el cultivo, se realizaban dos o tres controles de malezas manuales durante la temporada. La fertilización de la planta no era una práctica comúnmente utilizada (Tornero, 1872).

Cosecha. En el caso de las variedades enanas, se esperaba que la planta madurara completamente, luego se arrancaba la planta en forma manual y se llevaban a una era donde se trillaban. La trilla, se realizaba mediante el pisoteo de dos o tres caballos o mulas amarradas por una soga, la cual era dirigida por un peón. La paja resultante de la cosecha, se destinaba a la alimentación animal (Gay, 1865). En el caso de tener una pequeña superficie de siembra, las plantas eran apaleadas para desprender la semilla de la vaina. Para el frejol trepador o de enrame que presentaba varias 'cuajas' (floración y formación de vainas más prolongadas), durante el desarrollo de la planta, la cosecha se realizaba en forma manual y escalonada a medida que iban madurando las semillas (Tornero, 1872).

La cosecha del frejol, se realizaba mediante la 'minga', que daba origen a una fiesta llamada 'mingajo'. La minga era un trabajo colectivo, que era utilizado en todo Chile, donde el 'hacendado' pagaba con comida y alcohol el trabajo realizado en la trilla. Debido a que la fiesta y la diversión se tornó un ambiente peligroso, se prohibió su uso en la zona norte y central del país, aunque se ha mantenido hasta ahora en algunas localidades de la zona sur del país, especialmente, en la Isla Grande de Chiloé. Debido a esta situación, en la zona central la cosecha se realizaba con los inquilinos y peones (trabajador estable y temporal, respectivamente), los que recibían una remuneración por este trabajo (Gay, 1865).

Los rendimientos eran de 50, 60 y hasta de 100:1 (medida que relaciona la cantidad de semilla sembrada con la cantidad de grano cosechado), dependiendo de la localidad del país, sin embargo, el rendimiento promedio nacional en 1841 en frejol fue de 17:1, en trigo 16:1, cebada 21:1, maíz 40:1 y papas 14,5:1 (Gay, 1862). Este sistema de medición rigió desde la llegada de Pedro de Valdivia hasta el año 1848, donde entró en vigencia el sistema métrico decimal (De Ramón y Larraín, 1961).

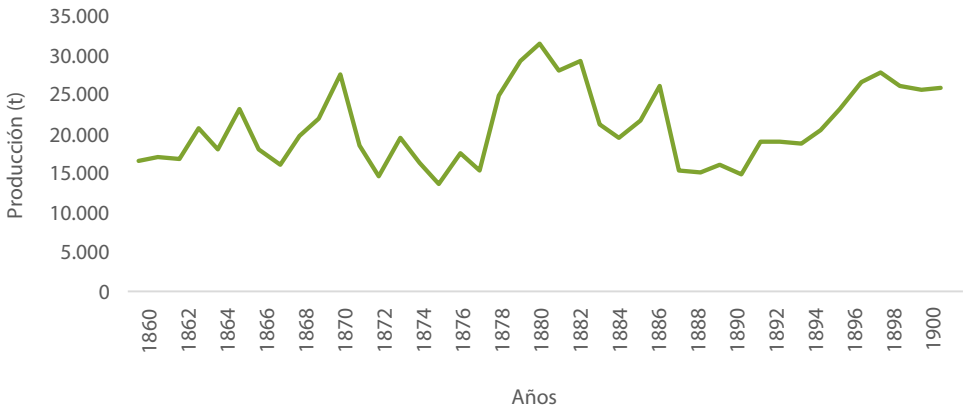
Producción de frejol: 1800-1900

La creación de la Oficina Central de Estadísticas de Chile el 27 de marzo de 1843, inició el registro formal de las estadísticas en el país (https://www.ine.gob.cl/institucional/nuestra-institucion/historia), cifras que desde ahora nos ayudaran a mostrar la evolución de la producción y el comercio del frejol en el país.

En 1850, los principales cultivos en el país eran el trigo (1millón has), cebada (200 mil has); frejol (120-150 mil has), maíz (30-40 mil has), papas (50 mil has), arvejas (30 mil has), lentejas (4 mil has) y garbanzos (4 mil has) (Schneider, 1904).

La producción de frejol se destinaba al consumo nacional y a la exportación. La producción se estimaba entre 1 a 1,5 millones de hectólitros, de los cuales exportaba un total de 60 a 80.000 hectólitros. En este periodo, los principales productos agrícolas de exportación eran el trigo, frejol, cebada y maíz (Schneider, 1904).

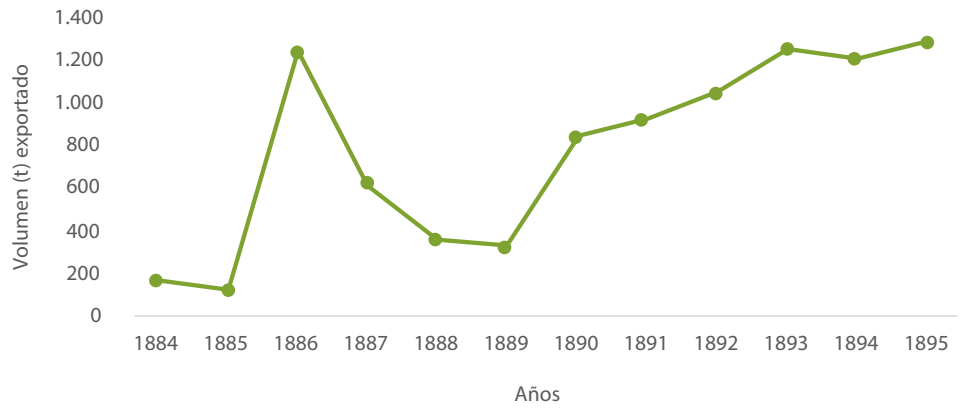
Producción de frejol. Durante el periodo 1860 y 1900, la producción de frejol fue bastante variable. Es así como, en 1860 fue de 16.754 t, en 1882 alcanzó las 29.320 t y en 1900 25.960 t, observándose algunos periodos de producción bajo las 20 mil t. Entre los años 1866 y 1868 la producción estuvo entre 16.180 t y 19.870 t; entre los años 1871 y 1877 entre los 14.700 t y 19.690 t, mientras que entre 1887 y 1893 se produjo entre 15.210 t y 19.170 t (Fig. 1).



Fuente: Braun et al., 2000.

Figura 1. Producción de frejol en Chile durante los años 1860 y 1899.

Exportaciones de frejol. La primera información disponible sobre la exportación de frejoles señala que en 1884, fue de 168 t la que aumentó a 1.246 t en el año 1886, para disminuir a 330 t en el año 1889. A partir de este año se observó un aumento sostenido de las exportaciones, para llegar a 1.287,8 t en el año 1895 (Fig. 2).



Fuente: Miquel, 1857.

Figura 2. Producción de frejol exportada por Chile, entre los años 1884 y 1896.

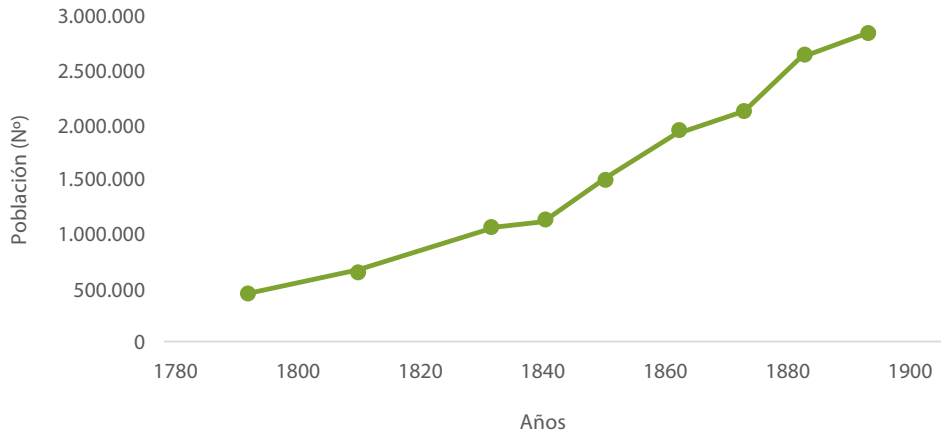
Población chilena

Para dar un contexto de la composición de población que habitaba el país durante el periodo comprendido entre 1540 y 1620, se entregaran algunos datos considerados como importantes. Esta información indica, para el año 1540 indica la presencia de sólo 154 españoles, europeos y criollos en el país, en comparación al millón de indios y a una decena de negros y mestizos. Al considerar, la evolución de las diferentes poblaciones podemos indicar que los españoles, europeos y criollos, mestizos y blancos y negros y mestizos de color, aumentaron su población desde 164 personas en 1540 a 77 mil personas en 1620, en un periodo de 80 años, por el contrario, al considerar la población de indios rebelados, se redujo significativamente de un millón a 250 mil individuos, lo mismo que los indios en encomienda y otros que disminuyeron de 450 mil a 230 mil individuos. Dada esta situación, la población total de indios, se redujo casi en un 45 %, de alrededor un millón a 557 mil habitantes (Cuadro 2).

Cuadro 2. Composición de la población en Chile, entre los años 1540-1620.

Años	Españoles, europeos y criollos	Mestizos blancos	Negros y mestizos de color	Indios de paz en encomiendas y otros	Indios rebelados	Total
1540	154		10		1.000.000	1.000.164
1570	7.000	10.000	7.000	450.000	150.000	624.000
1590	9.000	17.000	16.000	420.000	120.000	582.000
1600	10.000	20.000	19.000	230. 000	270.000	549.000
1620	15.000	40.000	22.000	230.000	250.000	557.000

Fuente: Mellafe, 1984.



Fuente: ONE, 1920; DGE, 1925.

Figura 3. Población nacional entre 1796 y 1895.

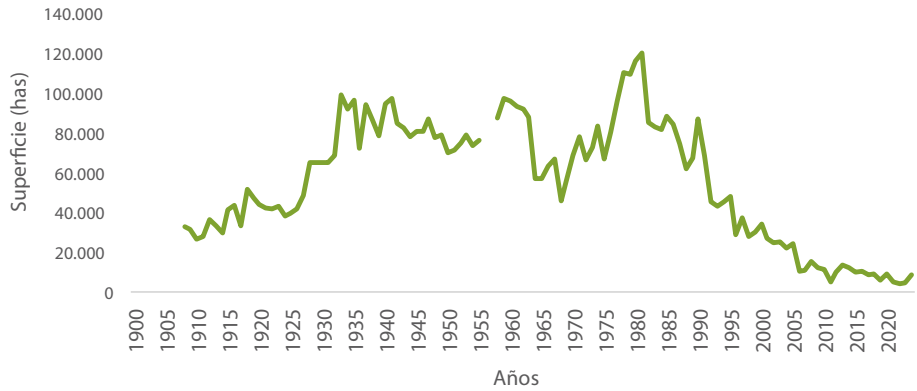
En 1796, la población estimada, era aproximadamente 404.350 habitantes, en 1813, era de 660 mil habitantes (Fig. 3). En 1865, la población total del país, era de 1,8 millones de personas,

de las cuales un 28,6 %, era urbana y un 71,4 % rural, sin embargo, en 1895, la población total había aumentado a 2,7 millones, con una población urbana de un 45,5% y una población rural de un 54,5% (ONE, 1920; DGE, 1925).

Producción de frejoles: 1900-2025

A partir de esta fecha existe una mayor disponibilidad de información, lo que permite hacer un análisis más detallado de la producción de frejol en el país.

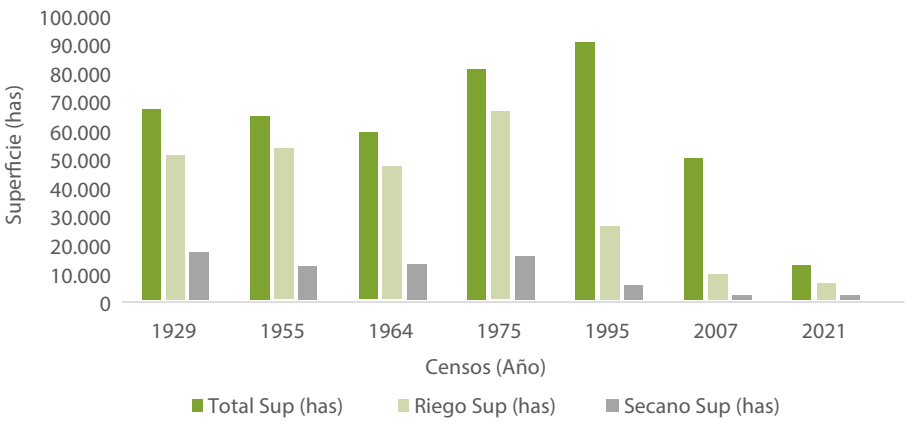
Superficie sembrada. La superficie sembrada con frejol desde 1900, fue bastante variable, con periodos de mayor y menor superficie sembrada. A partir de 1908, la superficie sembrada de esta legumbre aumentó de 33 mil has a 100 mil has en 1936. Entre 1937 y 1975, la superficie sembrada se mantuvo entre los 60 a 80 mil has, con algunos años bajo las 60 mil has. En 1975, se observó nuevamente un aumento de la superficie sembrada, hasta alcanzar un máximo histórico de 120 mil has en el año 1981, para luego empezar una disminución constante, hasta llegar al año 2022 a 5.5 mil has, y luego aumentar a 9,9 mil has en el año 2024 (Fig. 4).



Fuente: FAO, 2005; ODEPA, 2025

Figura 4. Superficie (has) sembrada de frejoles en Chile. 1900-2024.

Superficie total, riego y secano. Los siete censos agrícolas realizados durante este periodo, permiten separar la superficie sembrada con frejol de riego y de secano.

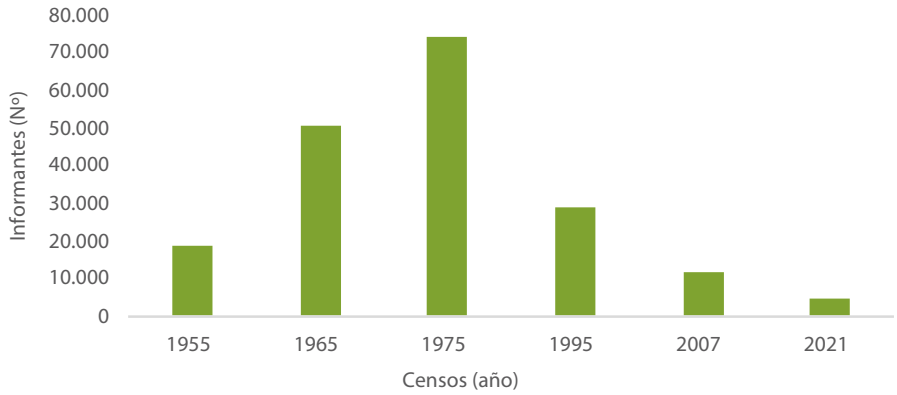


Fuente: INE, Censos indicados en el gráfico.

Figura 5. Superficie sembrada con frejol: total (has), en condiciones de riego (has) y secano (has), según Censos Silvoagropecuarios, 1929-2021Chile.

Es así como, los censos realizados en el año 1929, 1955, 1975 muestran que, los porcentajes de siembras realizadas con riego variaron entre un 75 y un 83 %. En los censos 1975, 1995 y 2007 estos porcentajes variaron entre un 81,3, 83,4 y 82,7%, respectivamente (Fig. 5).

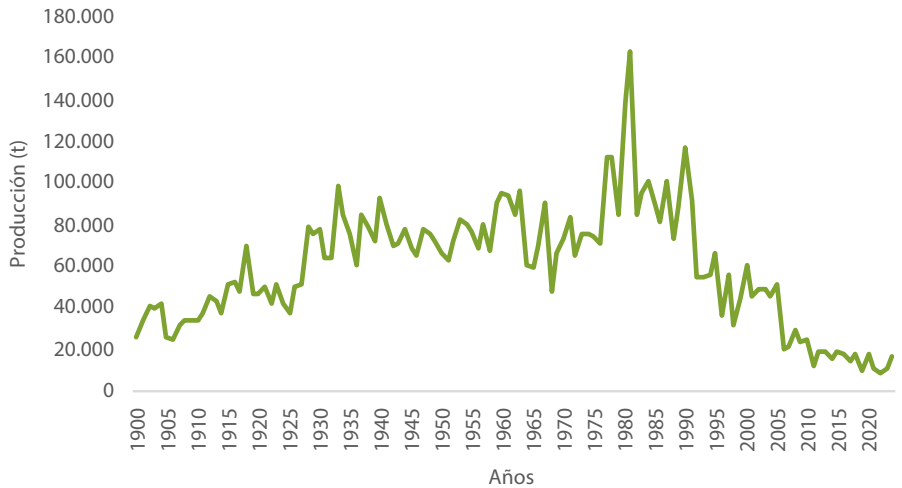
Informantes. Otro indicador que nos revela la variación de la superficie sembrada con frejol, es el número de informantes que declararon sembrar frejol en cada o algunos de los censos realizados. En este caso, en el censo realizado en el año 1955, el número de informantes fue de 18.437 personas, el que aumentó a 50.574 en el año 1965, para alcanzar un máximo a 74.093 personas en 1975. Desde ahí este número se redujo a 29.028 en el censo de 1995, y a 11.627 en el censo de 2007. Mientras que en el censo del 2021 se informa que 4.314 unidades productivas declararon sembrar frejol (Fig. 6).



Fuente: INE, Censos indicados en el gráfico.

Figura 6. Informantes (N°) de siembras de frejol según Censos Silvoagropecuarios. Chile.

Producción. La producción de frejol durante este periodo, tuvo un comportamiento más o menos similar al de la superficie de siembra.

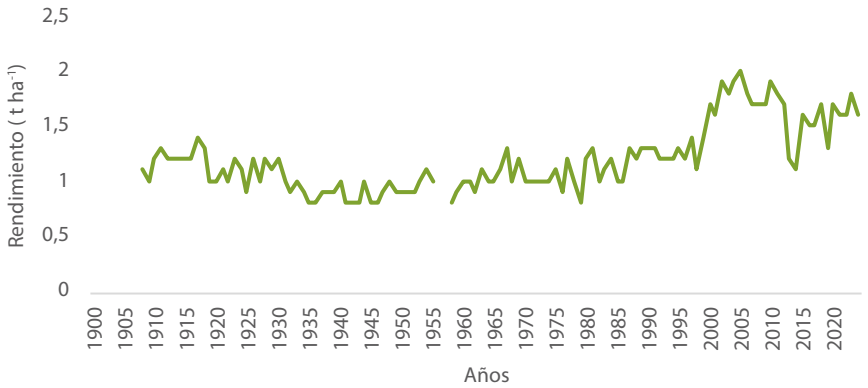


Fuente: FAO, 2005; ODEPA, 2025.

Figura 7. Producción (t) de frejol en Chile. 1900-2024.

Es decir, a partir del año 1900, se observa una tendencia al aumento de la producción de 25 mil t a 98 mil t al año 1933. Entre los años 1934 y 1976, la producción varió en un rango entre los 70 y 90 mil t, para sobrepasar las 100 mil t en el año 1977 y llegar a 162 mil t en el año 1981. Posteriormente, se produjo una reducción paulatina y constante de la producción, hasta llegar a las 8,5 mil t en el año 2022 y aumentar posteriormente a 16 mil t en el año 2024 (Fig. 7).

Rendimiento. El rendimiento promedio general del frejol, se mantuvo entre 0,8 y 1,2 t ha^{-1}, entre los años 1908 y 1998. Sin embargo, a partir de 1999, se produjo un aumento a 1,7 ton ha^{-1} para llegar a 1,9 t ha^{-1} en el año 2010. Posteriormente, el rendimiento se ha mantenido entre 1,6 t ha^{-1} y 1,7 t ha^{-1}, con excepción al año 2013, donde disminuyó a 1,3 t ha^{-1} (Fig. 8). En general, el rendimiento en siembras de secano es aproximadamente un 50 % menor que el obtenido en las siembras realizadas bajo condiciones de riego.



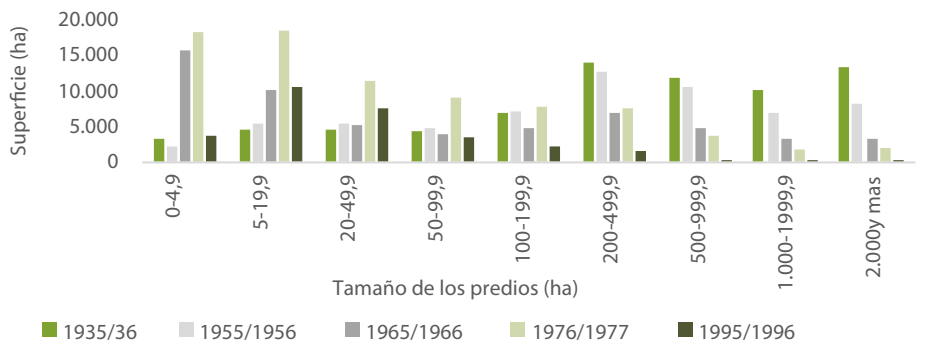
Fuente: FAO, 2025; ODEPA, 2025.

Figura 8. Rendimiento (t ha^{-1}) de frejol en Chile. 1900-2024.

Distribución de la producción de frejoles en Chile

Tamaño de los predios

Superficie sembrada de frejoles por tamaño de los predios agrícolas. La distribución de la superficie sembrada de frejol ha variado también con el tiempo (Fig. 9).

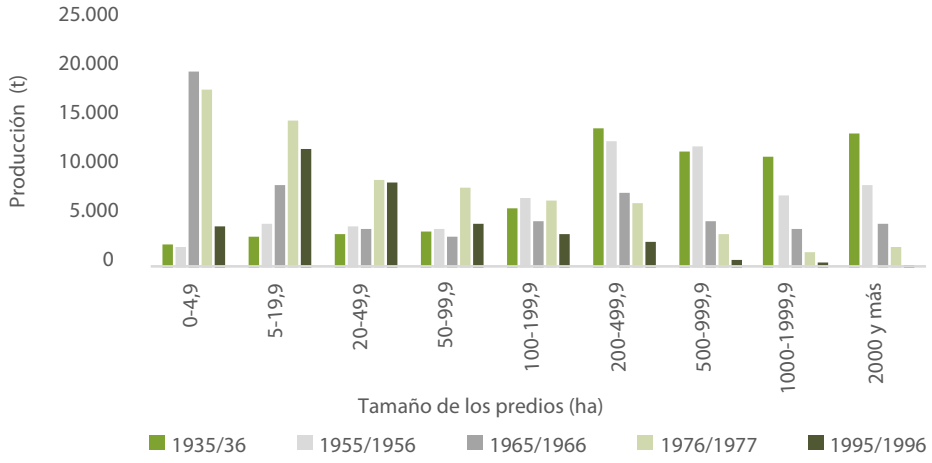


Fuente: INE, Censos indicados en el gráfico.

Figura 9. Superficie (has) sembrada de frejol según tamaño de los predios.

En el censo de 1935 y 1955, las mayores superficies de siembras de frejol, se ubicaron en los predios con superficies mayores a 200 has, con un 67,8 % y un 60,7 %, respectivamente. Sin embargo, en los censos de 1965, 1976 y 1995, la mayor superficie sembrada de frejol se concentró en los predios con superficies menores a 50 has, con un 50,6 %, 60,3 % y un 72,8 %, respectivamente (Fig. 9). A pesar de que no hay información actualizada, es factible postular que hoy día, la mayor superficie sembrada de frejol se concentra en predios de menor superficie.

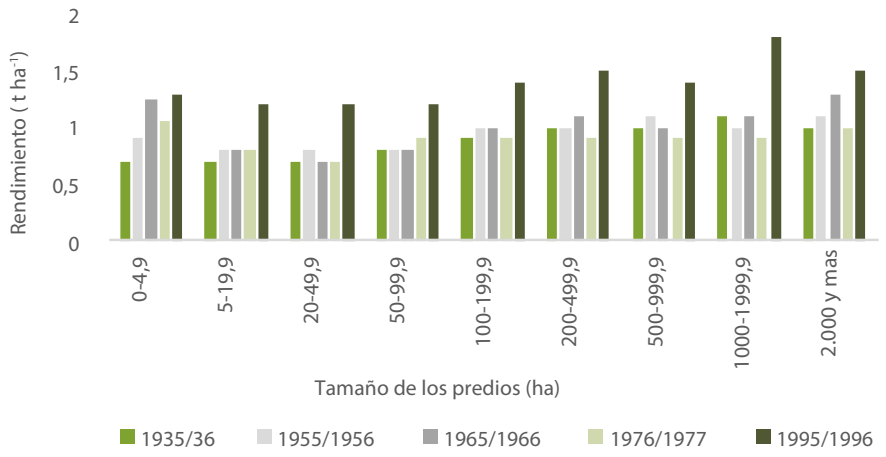
Producción de frejol por tamaño de los predios agrícolas. La producción de frejol siguió la misma tendencia que la distribución de la superficie sembrada. En el Censo de 1955, los predios mayores a 200 has aportaron con un 73,0 % y un 65,8 % de la producción, respectivamente. En los censos de 1965, 1976 y 1995, el aporte de la producción de los predios menores a 50 has fue de un 37,2 %, 49,6 % y un 72,6% (Fig. 10).



Fuente: INE, Censos indicados en el gráfico.

Figura 10. Producción (t) de frejol según tamaño de los predios.

Rendimiento de frejol por tamaño de los predios agrícolas. En general, en los tres primeros censos considerados, el rendimiento de frejol fue superior en los predios de mayor tamaño, variando entre 1 y 1,1 t ha-1 (Fig. 11).



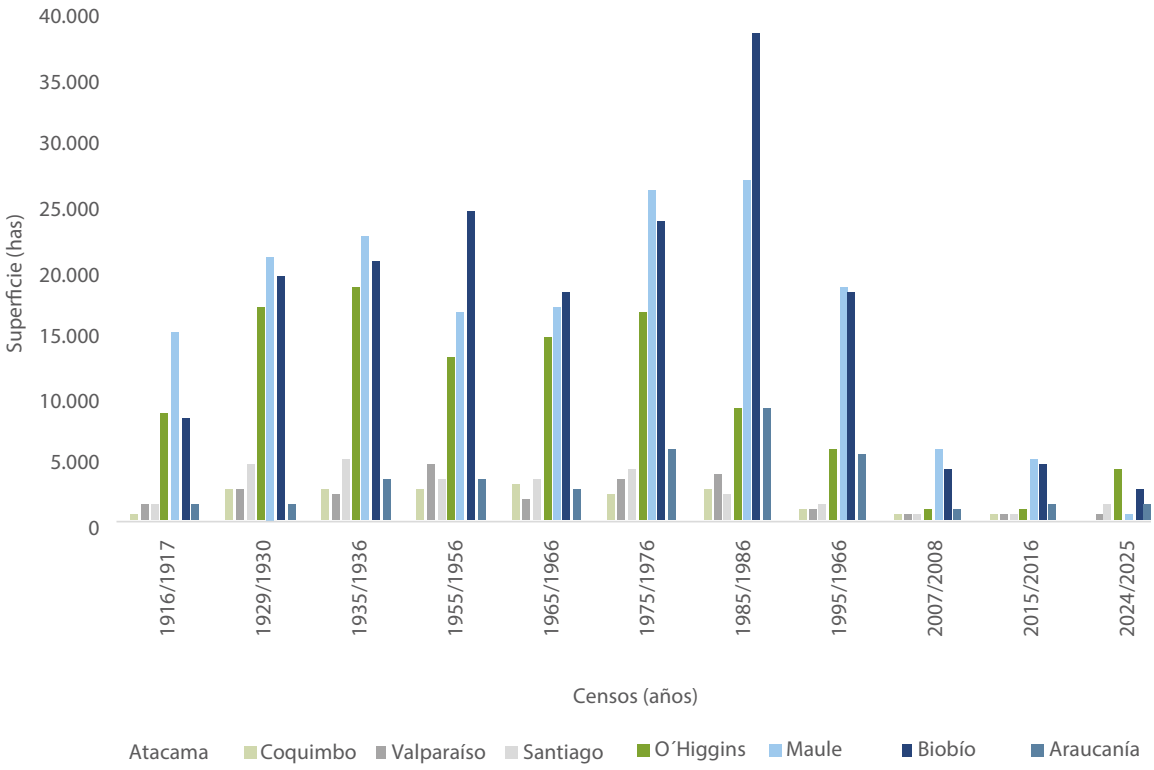
Fuente: INE, Censos indicados en el gráfico.

Figura 11. Rendimiento (t ha^{-1}) de frejol según tamaño de los predios.

En el censo de 1976, el rendimiento de frejol fue similar en todos los tamaños de predios, aunque levemente superior en los predios menores a 5 has. Sin embargo, en el censo de 1995, el mayor rendimiento, se observó en los predios de mayor superficie, llegando a 1,8 t ha^{-1} en predios entre 1 y 2 mil has, con un rendimiento promedio de 1,3 t ha^{-1} (Fig. 11).

Distribución por regiones administrativas

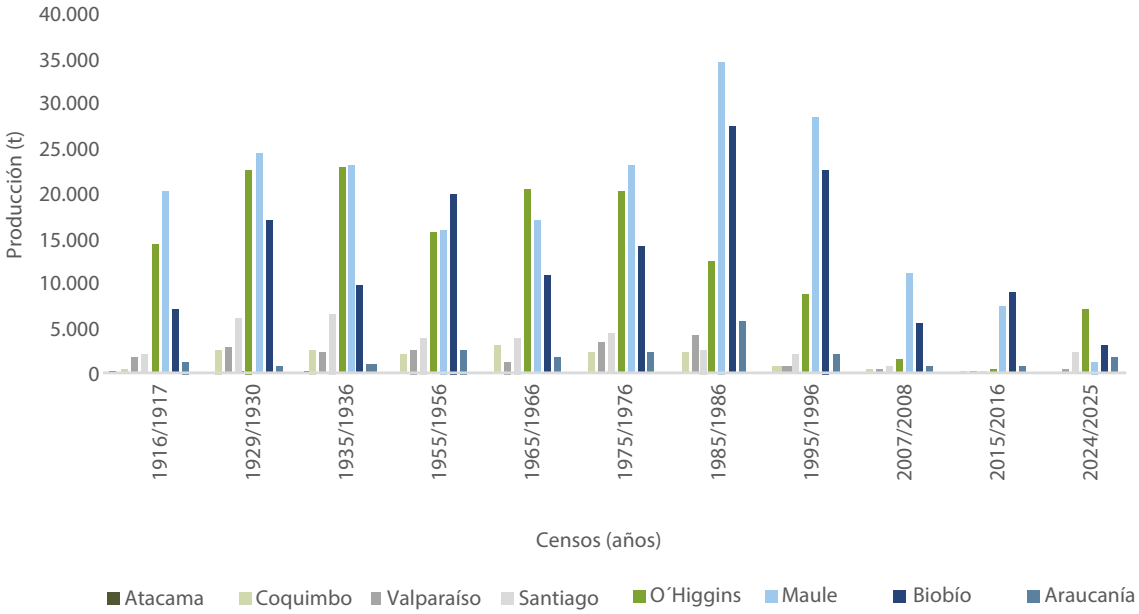
Superficie sembrada de frejol por regiones administrativas. En general, hasta 1975, la superficie de frejol se extendió desde la región de Atacama por el norte, hasta la región de Los Lagos por el sur. Sin embargo, en este censo, las regiones extremas mantuvieron una pequeña superficie sembrada, en el caso de Atacama por el norte de 100 has y por el sur de 136 has en la región de Los Lagos. La mayor superficie sembrada de frejol, se concentró entre la región de O'Higgins y el Biobío, lo que representó un 82 % y 85 % de la superficie total, respectivamente (Fig. 12).



Fuente: INE, Censos indicados en el gráfico.

Figura 12. Superficie (has) sembrada de frejol por regiones administrativas.

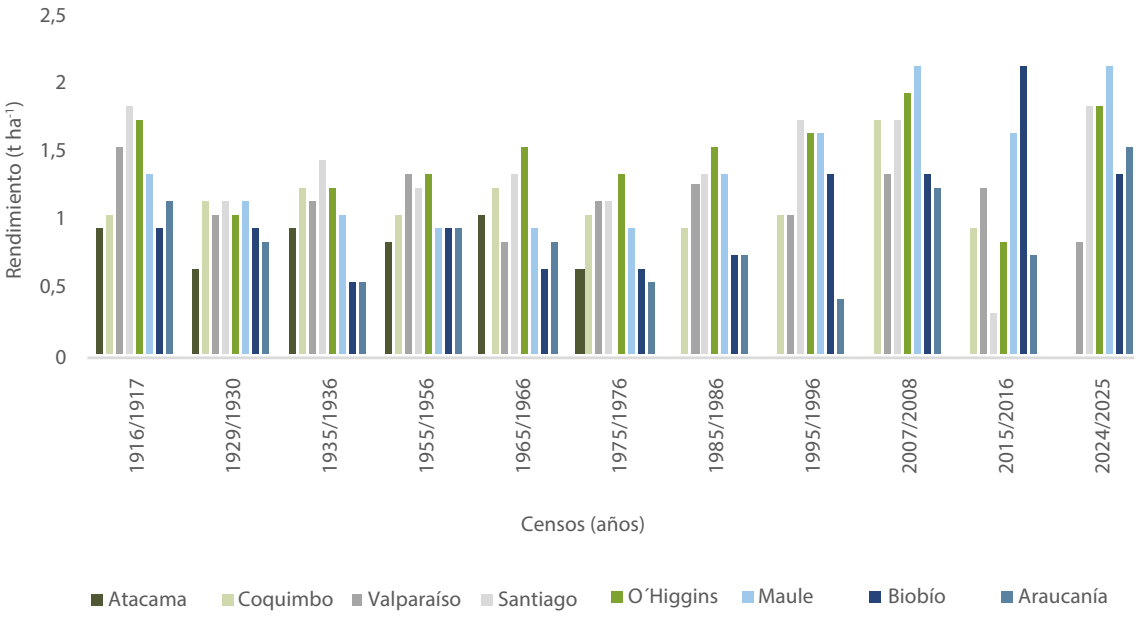
Producción de frejol por provincia. La producción de frejol siguió la misma tendencia que la distribución de la superficie sembrada. El porcentaje de producción durante este periodo, se concentró entre un 80 a un 95 % entre las regiones de región de O'Higgins y el Biobío (Fig. 13).



Fuente: INE, Censos indicados en el gráfico.

Figura 13. Producción (t) de frejol por regiones administrativas.

Rendimiento de frejoles por provincia. El rendimiento por regiones, durante este periodo varió entre 0,6 t ha^{-1} y 2,1 t ha^{-1}, para las tres regiones que presentaron la mayor superficie sembrada y nivel de producción. El rendimiento observado en la temporada 2024-2025, varió entre 1,8 t ha^{-1}y 2,1 t ha^{-1}, en las regiones de O`Higgins y Maule, respectivamente (Fig. 14).

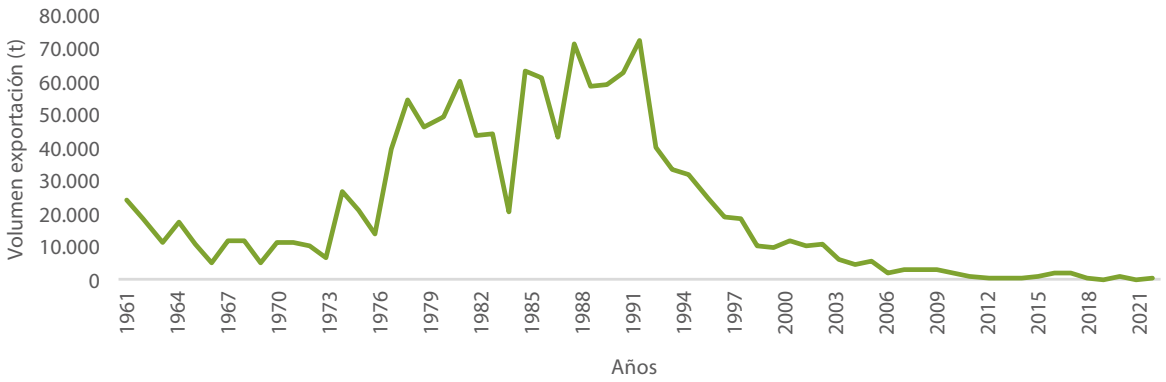


Fuente: INE, Censos indicados en el gráfico.

Figura 14. Rendimiento (t ha^{-1}) de frejol por regiones administrativas.

Comercio exterior del frejol

Exportaciones. El frejol ha sido un producto tradicional de exportación de la agricultura chilena. La información disponible, para el periodo entre los años 1929 y 1935, muestra que en el año 1929 y 1930, se exportaron entre 22 y 24 mil t, y que en los años 1932 y 1933, la exportación se redujo a 8 y 9 mil t, para aumentar a 25 y 37 mil t en los años 1934 y 1935. A partir de 1961, donde la información disponible está más completa, se observa una exportación de 25 mil t en el año 1961, la que luego disminuyó a 6 mil t en 1969, para luego aumentar a 60 mil t en 1980. En el año 1984, la exportación de frejoles nuevamente se redujo a 21 mil t, para aumentar a 73 t en el año 1992. A partir de 1993, las exportaciones de frejol muestran un descenso constante, hasta el menor nivel en el año 2022 con 758 t, el que aumentó a 1.600 t en el año 2023 (Fig. 15).



Fuente: INE, Censo 1935/1936; FAO, 2025.

Figura 15. Exportaciones (t) de frejol. 1961-2023.

El valor (USD) de las exportaciones ha seguido la misma tendencia del volumen de frejol exportado a partir de 1961 (Fig. 16).

Principales clases comerciales de frejol exportadas. La información de las clases de frejol exportada es muy escasa, y está disponible sólo para un periodo acotado.

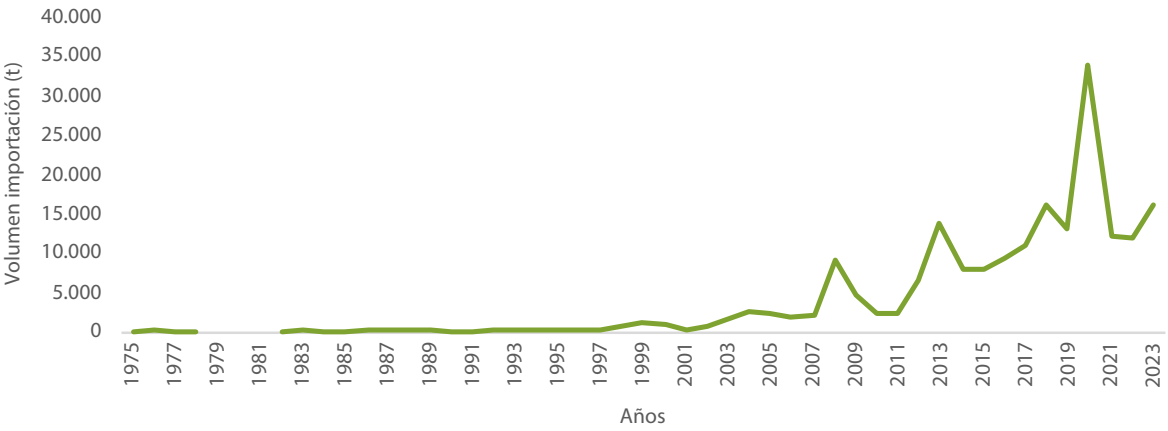


Fuente: FAO, 2025.

Figura 16. Valor (USD) de frejol importado. 1961-2023.

A pesar de esta situación, es posible mencionar que las principales clases comerciales exportadas de frejol han sido y son: arroz, negro pequeño, 'Pinto', 'Cranberry', 'Great northern', 'Cristal' y 'Kidney', entre otras.

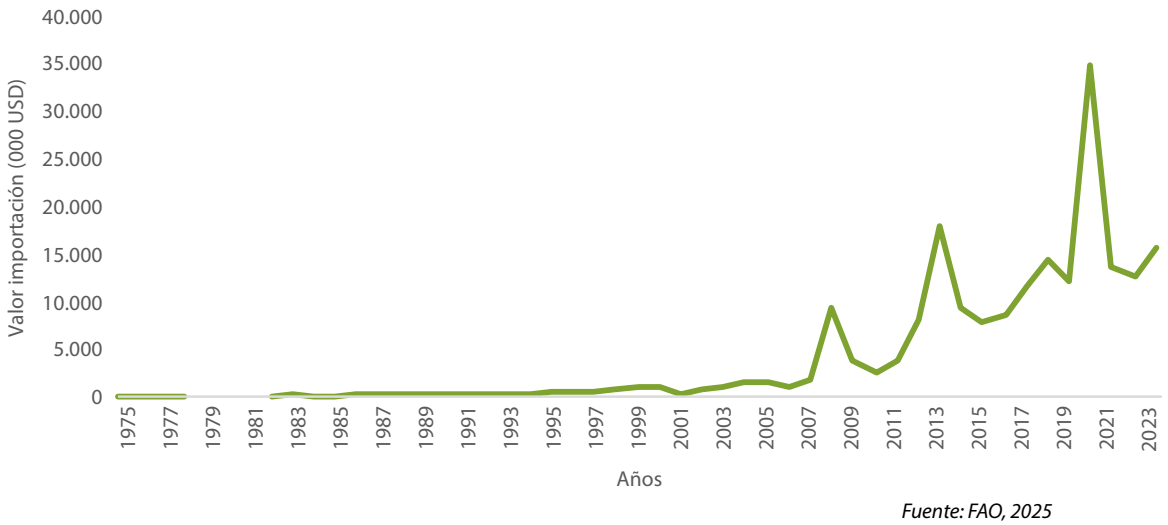
Importaciones de frejol. La información disponible de la FAO señala ausencia de importaciones de frejol seco entre los años 1961 y 1974 y entre los años 1979 y 1981. En general, los volúmenes de frejol importado son bastante bajos, desde 1975 hasta el año 2020, aunque en este periodo se observa un aumento constante del volumen importado, desde tres a 14 t en los años 1975 y 1978 y a 21 t en el 1982, para continuar este aumento a las 980 t en el año 1999, y para luego descender a las 320 t en el año 2001. A partir del año 2001, el nivel de importaciones de frejol alcanzó las 34 mil t en el año 2020, para luego estabilizarse entre los 12 y 15 mil t entre los años 2021 y el 2023 (Fig. 17).



Fuente: FAO, 2025.

Figura 17. Volumen (t) importado de frejol. 1961-2023.

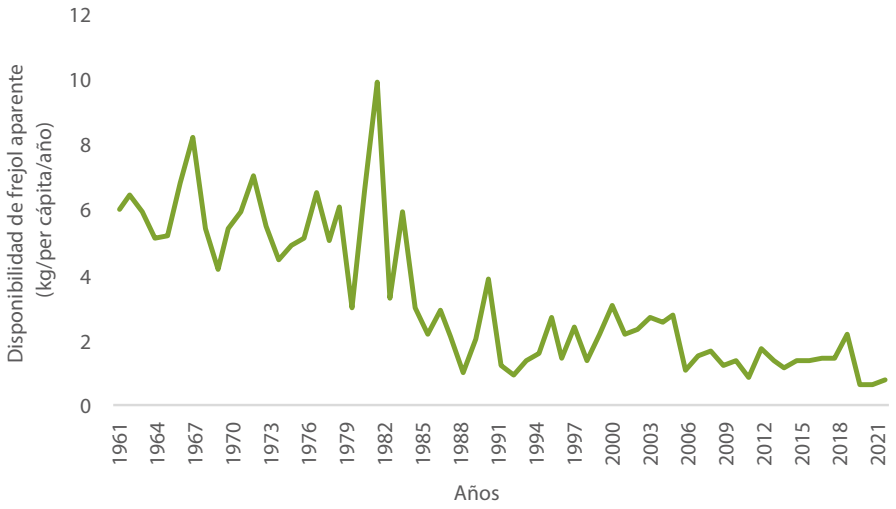
El valor de las importaciones de frejol siguió la tendencia del volumen de frejol importado (Fig. 18).



Fuente: FAO, 2025

Figura 18. Valor (USD) de frejol importado. 1975-2023.

Disponibilidad aparente de frejol para el consumo de la población. Sumando los valores de producción nacional, las importaciones y restando las exportaciones de frejol, se obtiene la disponibilidad aparente. Al dividir la disponibilidad, por la población del país es posible obtener la disponibilidad aparente en kg/per cápita/año. Esta información indica que, en el año 1961, había una disponibilidad de seis kg/per cápita/año, la cual aumentó a ocho kg/per cápita/año en el año 1967, para luego reducirse a un kg/per cápita/año en el año 1989 y, finalmente, aumentar a 3,9 kg/per cápita/año en el año 1991. Sin embargo, a partir del año 1992, la disponibilidad aparente disminuye constantemente hasta llegar a 0,6 y 0,8 kg/per cápita/año en los últimos tres años (Fig. 19).

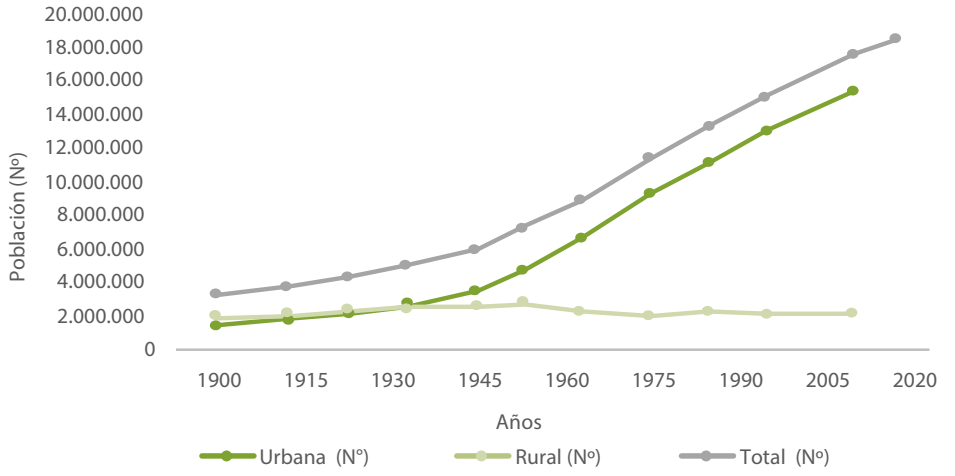


Fuente: FAO, 2025.

Figura 19. Disponibilidad aparente (kg/per cápita/año) de frejol. 1961-2023.

Población total, urbana y rural

La información de los distintos censos, indica que la población chilena ha crecido desde los 3,24 millones consignados en el censo de 1907, a los 18,48 millones contabilizados en el último censo del 2024 (Fig. 20).



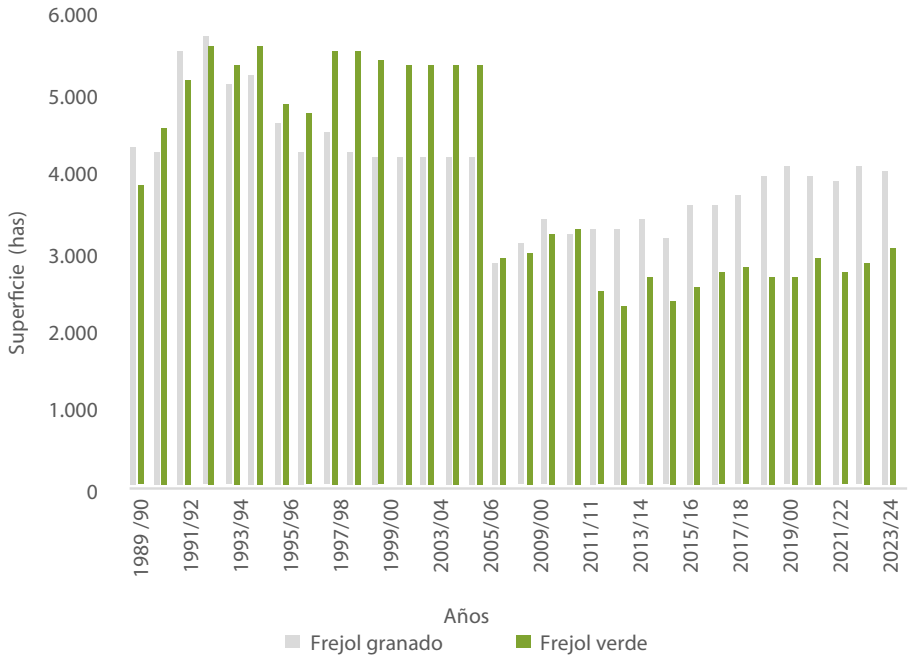
Fuente: Censos de población y vivienda. INE. (www.ine.cl)

Figura 20. Población chilena total, urbana y rural. 1907-2017.

La población urbana ha aumentado rápidamente desde los 1,4 millones en el año 1907 a los 15,4 millones en el año 2017. Sin embargo, la población rural ha aumentado a un ritmo menor, desde los 1,8 millones en 1907 a 2,1 millones en el año 2017. Estos datos representan un aumento de la población urbana desde un 43,3 % en 1907 a un 87,8 % en el año 2017 y una disminución de la población rural desde un 56,7 % en 1907 a un 12, 2 % en el año 2017 (Fig. 20).

Producción y comercialización de frejol para consumo verde, granado e industrializado

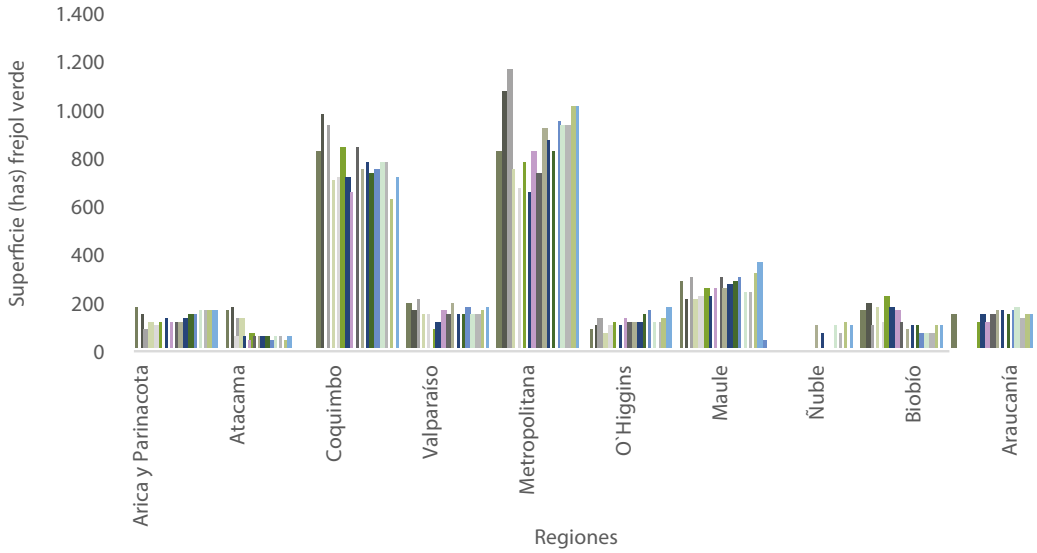
Superficie de frejol verde y granado (has). Desde la temporada 1989/90 a 2005/06, la superficie de frejol para consumo verde ha fluctuado entre cuatro y cinco mil has, para luego disminuir a tres y cuatro mil has (Fig. 21). En el caso del frejol para granado, la superficie sembrada tuvo una tendencia similar en el periodo 1989/90 hasta la temporada 1996, para luego aumentar a cinco mil has hasta la temporada 2005, donde la superficie de siembra se ha mantenido entre dos y tres mil has (Fig. 21).



Fuente: ODEPA, 2025.

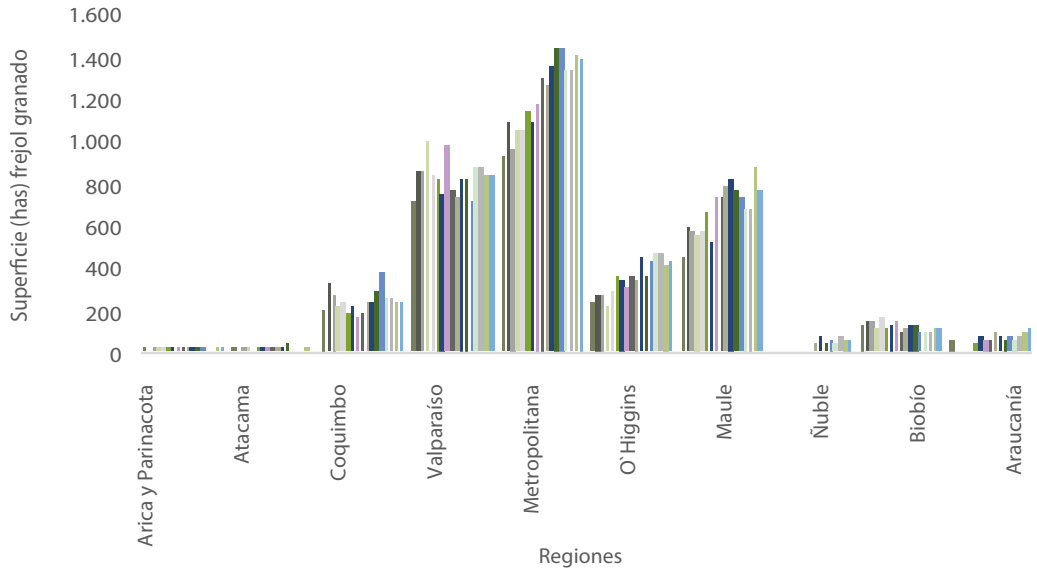
Figura 21. Superficie (has) sembrada de frejol verde y granado. 1989-2024.

Distribución de la superficie sembrada por regiones. La superficie sembrada de frejol, para consumo verde está concentrada principalmente en las regiones Metropolitana y Coquimbo (Fig. 22a). Sin embargo, la mayor superficie sembrada de frejol, para granado está en la región Metropolitana y Valparaíso (Fig. 22b).



Fuente: ODEPA, 2025.

Figura 22a. Superficie (has) sembrada de frejol verde en diferentes regiones del país. 2007-2024.

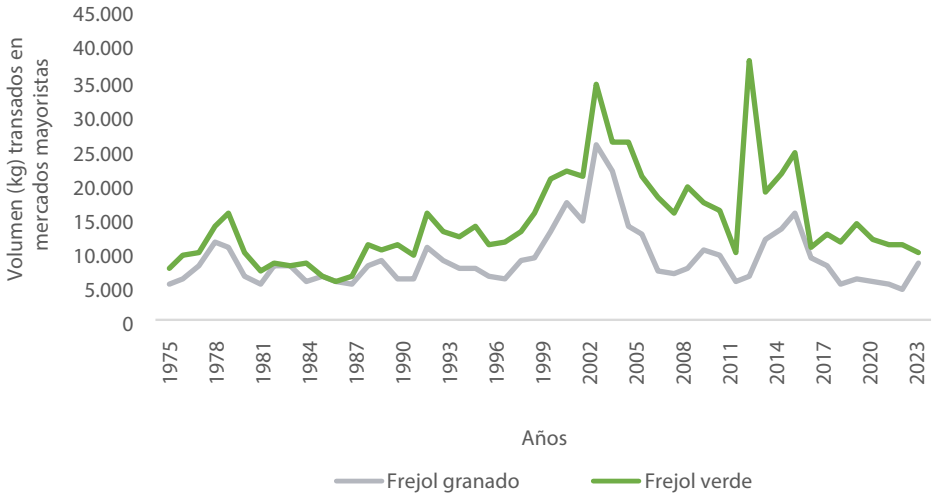


Fuente: ODEPA, 2025.

Figura 22b. Superficie (has) sembrada de frejol granado en diferentes regiones del país. 2007-2024.

Comercio nacional

Volumen de frejol verde y granados transados en mercados mayoristas. El volumen (kg) de la producción nacional transada en los mercados mayoristas de frejol, para consumo verde y granado es bastante baja, ya que gran parte de la producción se transa en los mercados locales y ferias libres. Sin embargo, los volúmenes de frejol verde transado son mayores a los volúmenes transados de frejol para granado (Fig. 23).



Fuente: ODEPA, 2025.

Figura 23. Volúmenes (kg) de frejol verde y granado transado en los mercados mayoristas. 1975-2024.

Comercio internacional

De acuerdo a las estadísticas oficiales en el comercio internacional, se tranzan cinco tipos de productos: frejoles congelados, en conserva, deshidratados, frescos y semillas**.**

Exportaciones

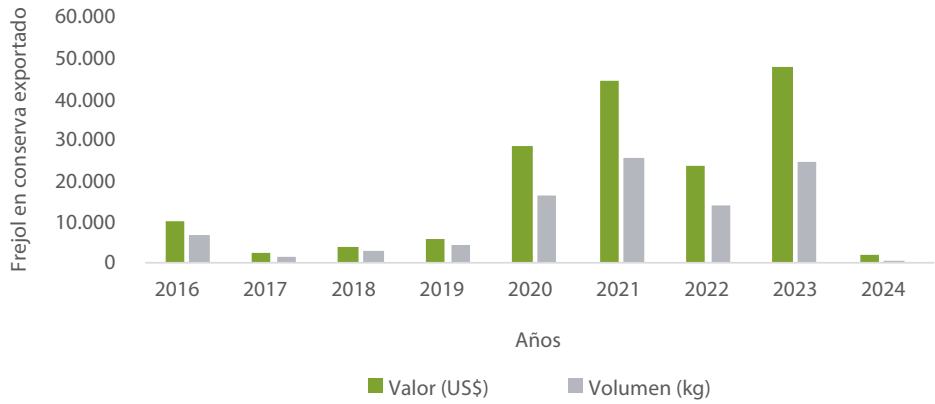
Exportaciones de frejol congelado. Las cifras indican que los volúmenes exportados de frejol congelado son bajos y con alta variabilidad entre las temporadas. En relación al volumen exportado, éste varió entre los 39 mil kilos en el año 2016, y los 216,2 en el año 2020, y entre los 17,4 mil kilos en el 2021, a los 105,2 mil kilos en el año 2024 (Fig. 24). Este producto ha sido exportado a diferentes países, entre los que se destacan Paraguay y Panamá, por su mayor estabilidad en la cantidad exportada.



Fuente: Muñoz, 2025.

Figura 24. Volumen (kg) y valor (USD$) de frejol congelado exportado. 2016-2024.

Exportaciones de frejol en conserva. El volumen exportado ha variado entre los 6 mil kilos en el año 2016, a los 24 mil kilos en el año 2023 (Fig. 25). En la exportación de frejol en conserva, se observa un aumento importante del valor de este producto a partir del 2020, lo que ha estado asociado a los aumentos de los volúmenes exportados. De acuerdo a las cifras disponibles, el mercado de este producto ha sido bastante variable y disperso en el tiempo considerado. Los países que han comprado con mayor frecuencia frejol en conserva al país son: Paraguay, Panamá, Ecuador y Estados Unidos.



Fuente: Muñoz, 2025.

Figura 25. Volumen (kg) y valor (USD$) de frejol en conserva exportado. 2016-2024.

Exportaciones de frejol deshidratado. Los volúmenes exportados de frejol deshidratado han fluctuado entre los 2 millones de kilos en el año 2018 y los 33 mil kilos en el año 2024 (Fig. 26). Al igual que los productos anteriores, existe una gran variabilidad en los países compradores, aunque Perú y Venezuela han presentado una mayor regularidad en la demanda.

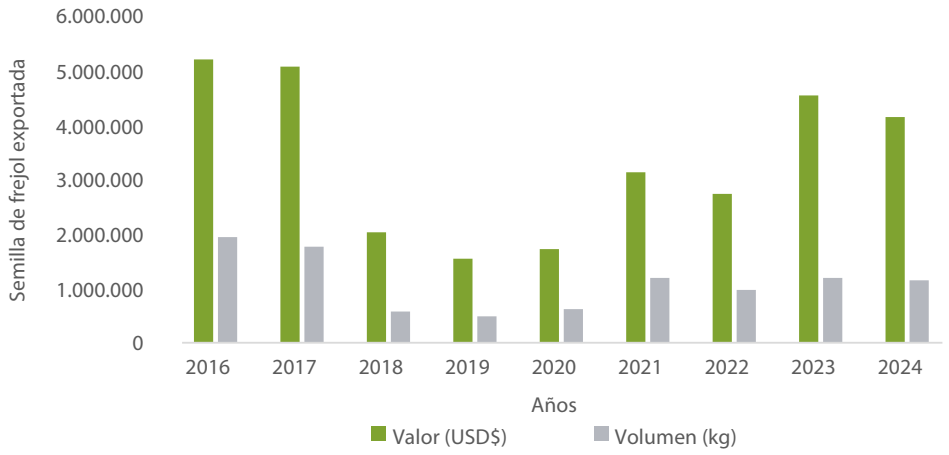


Fuente: Muñoz, 2025.

Figura 26. Volumen (kg) y valor (USD$) de frejol deshidratado exportado. 2016-2024.

Exportación de frejol fresco. En este caso, se informó sólo una transacción en el año 2018, con un volumen de 240 kg por un valor de 1.678 dólares.

Exportaciones de semillas de frejol. La exportación de semilla de frejol, se debe a las multiplicaciones en contra estación que utilizan algunos países, para avanzar generaciones en el desarrollo de nuevas variedades. Los volúmenes exportados son también variables, entre los años, con un rango entre los 400 mil kilos en el año 2019, a los 2 millones de kilos en el año 2016 (Fig. 27). Los países más estables en su demanda exportadora de semilla en el tiempo, han sido Alemania, Colombia, Estados Unidos, Francia, Holanda, Hungría e Italia.



Fuente: Muñoz, 2025.

Figura 27. Volumen (kg) y valor (USD$) de semilla de poroto exportada. 2016-2024.

Importaciones

Importaciones de frejol congelado. El volumen de frejol congelado importado, ha sido bastante bajo entre los años 2016 y 2020. A partir de este año, se observa un aumento hasta el año 2023, para luego disminuir el volumen de la importación congelado en el año 2024. Los valores de la importación, han seguido la misma tendencia al volumen importado. El volumen importado de frejol congelado, ha variado entre 1,2 millones de kilos en el año 2016 a 4,6 millones de kilos en el año 2023 (Fig. 28). Los países que han importado frejol congelado al país en forma más estable son: Bélgica, China y España.



Fuente: Muñoz, 2025.

Figura 28. Volumen (kg) y valor (USD$) de frejol congelado importado. 2016-2024.

Importaciones de frejol en conserva. La importación de frejol en conserva ha sufrido un aumento a partir del año 2021, aunque este aumento se ha mantenido entre los 1,5 y 2,5 millones de kilos al año (Fig. 29). Los países desde donde se ha importado frejol en conserva en forma más estable, han sido España, Italia, China y Estados Unidos, aunque en los últimos años se ha incorporado Argentina a este mercado. Los valores de las importaciones han fluctuado entre 370 mil dólares en el año 2016 y los 3,4 millones de dólares en el año 2022.



Fuente: Muñoz, 2025.

Figura 29. Volumen (kg) y valor (USD$) de poroto en conserva importado. 2016-2024.

Importaciones de frejol deshidratado. La importación de frejol deshidratado se ha mantenido más o menos constante, si se excluye el año 2020, donde se produjo un aumento importante en la importación de frejol deshidratado (Fig. 30).

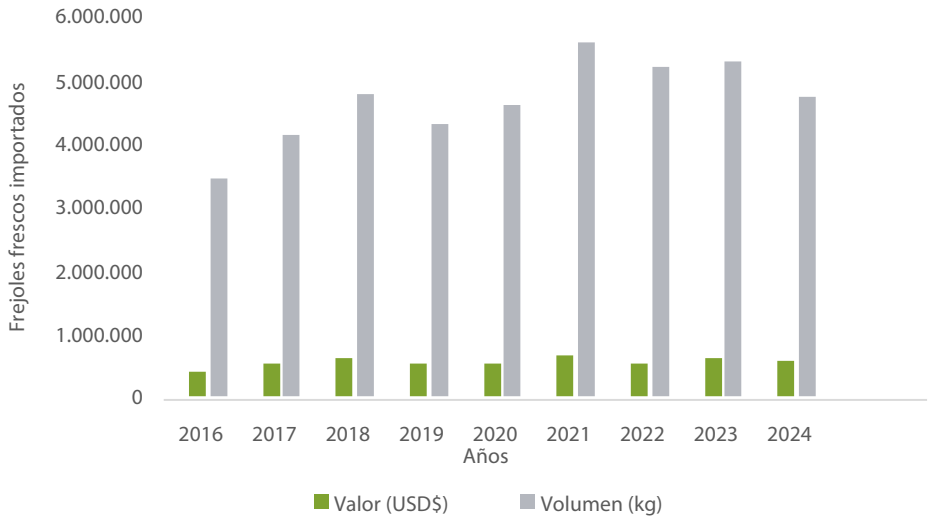


Fuente: Muñoz, 2025.

Figura 30. Volumen (kg) y valor (USD$) de frejol deshidratado importado. 2016-2024.

Los valores importados en este producto han fluctuado entre los 7,8 millones de USD$ en el año 2016 a los 15,2 millones de USD$ en el año 2024. Los principales países importadores son: Estados Unidos, Perú, China, México, Bolivia y Brasil.

Importación de frejol fresco. El volumen importado de frejol fresco ha fluctuado entre 3,4 millones de kg en el año 2016 y 5,2 millones de kg en el año 2023, por otro lado, el valor de las importaciones ha variado entre 360 mil dólares en el año 2016 y 571 mil dólares en el año 2023 (Fig. 31). El principal país importador de frejol fresco ha sido Perú.



Fuente: Muñoz, 2025.

Figura 31. Volumen (kg) y valor (USD$) de frejol fresco importado. 2016-2024.

Importación de semillas de frejol. La importación y exportación de semillas de frejol se asocia a la multiplicación de semillas en contra estación (Fig. 32).



Fuente: Muñoz, 2025.

Figura 32. Volumen (kg) y valor (USD$) de semilla de frejol importado. 2016-2024.

El volumen de semilla de frejol importado ha fluctuado entre los 104 mil kilos en el año 1018 y los 280 mil kilos en el año 2016. Por otro lado, el valor de estas importaciones ha fluctuado entre 490 mil dólares en el año 2018 y 1,1 millón de dólares en el año 2022 (Fig. 32). Los principales países importadores de semilla de frejol son: Estados Unidos, Francia China y Holanda.

Referencias

Amunátegui, D. 1925. Historia de Chile. La dominación española (1520-1808). Universidad de Chile. Barcells & Co. Santiago, Chile. 339p.

Anónimo, 1883. Semillas de hortalizas (p. 7). En Catálogo de las semillas, legumbres, plantas de flores, árboles y arbustos de frutales y forestales; huevos de aves de corral, animales domésticos, peces, y diversos productos elaboradores en venta en la Quinta Normal de Agricultura, Santiago de Chile. 55p.

Barros Arana, D. 2000. Historia general de Chile. Tomo I. Segunda Edición. Ed. Univ., Santiago, Chile. 347p.

Bauer, A. 1970. Expansión económica en una sociedad tradicional: Chile Central en el siglo XIX. Historia (Chile) 1:137-235.

Bauer, A. 1975. Sociedad rural chilena. Desde la conquista española hasta nuestros días. Ed. Andrés Bello, Santiago, Chile. 297p.

Bauer, A. 1994. La sociedad rural chilena: Desde la conquista española a nuestros días. Santiago: Andrés Bello. 430p.

Bellisario, A. 2013. La reforma agraria chilena. Reformismo, socialismo y neoliberalismo, 1964-1980. Historia Agraria 59:159-190.

Bengoa, J. 1996. Historia del pueblo mapuche (Siglo XIX y XX). Ed. Sur. Colección Estudios históricos, Santiago, Chile, 5ª Ed. 430p.

Biblioteca Nacional. 2015. Cronología del vino en Chile. (pp. 246-254). En Patrimonio vitivinícola. Aproximaciones a la cultura del vino en Chile. Ed. Biblioteca Nacional. Santiago, Chile. 284p.

Braun, J., Braun, M., Briones, I., et al. 2000. Economía chilena 1810-1995. Estadísticas históricas. Documento de trabajo Nº 187. Santiago: Instituto de Economía, Pontificia Universidad Católica de Chile. 379p.

Correa, L. 1938. Agricultura chilena. Vol. I. Nascimento, Santiago. 410p.

De Ramón, A., Larraín, J. 1961. Una metrología colonial para Santiago de Chile: De la medida castellana al sistema métrico decimal. El Instituto (Chile) 14:5-69.

De Ramón, A., Larraín, J. 1982. Orígenes de la vida económica chilena 1659-1808. Centro de Estudios Públicos, Santiago, Chile. 416p.

Dirección General de Estadísticas, DGE. 1925. Censo de población de la República de Chile. Levantado 15 de dic 1920. Soc. Impr. Lit. Universo, Santiago.

FAO. 2005. Crops and livestock products. Production, trade, annual population. https://www.fao.org/faostat/en/#data/QCL

FAO. 2025. Production. Crops and livestock products. https://www.fao.org/faostat/en/#data/QCL

FAO. 2025. Trade. Crops and livestock products. https://www.fao.org/faostat/en/#data/TCL

Fernández, P. 1817. Cartilla de campo y otras curiosidades, dirigida a la enseñanza y buen éxito de un hijo. Trabajaba en Chicureo desde el 1 de enero de 1808 hasta 1817. Colección Biblioteca Nacional, Santiago, Chile. 451p.

Fernández, P. 1867. Cartilla de campo. Escrita para el uso de los agricultores. Segunda edición aumentada y corregida. Imprenta de la Independencia, Santiago, Chile. 119p.

Gay, C. 1862. Historia física y política de Chile. Agricultura. Tomo I. Paris en Casa del autor; Chile, Museo de Historia Natural. 487p.

Gay, C. 1865. Legumbres y otras plantas alimenticias, Frejoles (pp. 100-103). Historia física y política de Chile. Agricultura. Tomo II. Paris Casa del autor. Museo de Historia Natural de Santiago, Chile. 443p. Reimpresión Instituto de Capacitación e Investigación en Reforma Agraria 1973. Proyecto Gobierno de Chile/FAO, 2ª Edición, Santiago, Chile.

Góngora, M. 1960. Origen de los inquilinos de Chile Central. Seminario de historia colonial, Univ. de Chile. Ed. Universitaria, Santiago, Chile. 168p.

Góngora, M. 1970. Encomenderos y estancieros. Estudio acerca de la constitución social aristocrática de Chile después de la Conquista. 1580-1660. Univ. de Chile, Valparaíso. Santiago, Chile. 443p.

Greve, E. 1941. Mensuras de Gines de Lillo. Colección de historiadores de Chile y de documentos relativos a historia nacional. Tomo XLVIII. Imp. Universitaria, Santiago, Chile. 89p.

Guevara, T. 2000. El pueblo mapuche. Alicante. Biblioteca Virtual Miguel de Cervantes.

INE, Instituto Nacional de Estadísticas 2007. VII Censo Nacional agropecuario y forestal. Santiago, Chile.

INE, Instituto Nacional de Estadísticas. 1998. VI Censo nacional agropecuario, 1997. Santiago, Chile. Imp. Universitaria, S.A. 473p.

INE, Instituto Nacional de Estadísticas. 1980. V Censo nacional agropecuario. 1975-1976. Santiago, Chile.

INE. Censos de Población y vivienda. 1952, 1960, 1970, 1982, 1992, 2002, 2017, 2024. https://www.ine.gob.cl/estadisticas/sociales/censos-de-poblacion-y-vivienda/censo-de-poblacion-y-vivienda.

INE. Instituto Nacional de Estadísticas. Censos de Población 1813,1835,1865,1875,1885,1895, 1907,1920,1930,1940. https://www.ine.gob.cl/estadisticas/sociales/censos-de-poblacion-y-vivienda/censo-de-poblacion-y-vivienda.

Latchman, R. 1936. La agricultura precolombina en Chile y los países vecinos. Ed. Univ. de Chile, Santiago. 336p.

Le Fevre, R. 1901. Breve reseña sobre la Quinta Normal de Agricultura, Santiago, Chile. Imprenta Moderna. 40p.

Mc Bride, J. 1973. Chile su tierra y su gente. Instituto de Capacitación e Investigación en Reforma Agraria. ICIRA. Proyecto Gobierno de Chile/FAO. Santiago, Chile. 308p.

Medina, J.T. 1887. Los aborígenes de Chile. Impr. Gutemberg, Santiago, Chile. 413p.

Mellafe, R. 1981. Latifundio y poder rural en Chile de los siglos XVII y XVIII. Cuadernos de Historia 17:87-108.

Mellafe, R. 1984. La introducción de la esclavitud negra en Chile: Tráfico y rutas. (2a ed.). Santiago, Chile. Universitaria.

Mier, Y. 1857. La agricultura de Chile en 1825. El Mensajero de la Agricultura (Chile) Tomo II:118-131. (Traducción del inglés por Washington Carvallo).

Millar, W. 1988. Historia de Chile. Ed. Zig-Zag, Santiago, Chile. 337p.

Miquel, M. 1857. Datos estadísticos sobre los productos agrícolas de Chile (pp. 291-294). El Mensajero de la Agric. Tomo I. Chile.

Montaldo, P. 1988. La agricultura americana durante el siglo XVI y sus antecedentes. Ediciones Universidad Austral de Chile. 240p.

Montaldo, P. 2004. Antecedentes históricos y anecdóticos de la agricultura chilena. Ediciones Universidad Austral de Chile. 287p.

Muñoz, M. 1975. Gerónimo de Bibar, notable observador naturalista en la alborada de La Conquista. Bol. Mus. Nac. Hist. Nat. Chile 34:5-27.

Muñoz, M. 2025. Boletín de hortalizas. Odepa, Ministerio de Agricultura, Santiago, Chile. https://apps.odepa.gob.cl/powerBI/boletin_hortalizas_2024.html.

ODEPA, 2025. Información nacional de superficie sembrada, producción y rendimientos anuales. https://www.odepa.gob.cl/estadisticas-del-sector/estadisticas-productivas.

Oficina Nacional de Estadísticas, ONE. 1920. Sesto censo jeneral de la población de Chile. Tomo I. Imp. La Patria Nº16.

Pardo, O., Pizarro, J. 2005. Especies botánicas consumidas por los chilenos prehispánicos. Colección Chile Precolombino. Ed. Mare Nostrum. 228p.

Robles, C. 2009. La producción agropecuaria chilena en la ´Era del Salitre´ (1880-1930). América Latina en la Historia Económica. Rev. Inv. 32:113-36.

Schejtman, A. 1971. El inquilino en Chile. Instituto de Capacitación e Investigación en Reforma Agraria. ICIRA. Proyecto Gobierno de Chile/ Naciones Unidas/FAO. Santiago, Chile. 246p.

Schneider, T. 1904. La agricultura en Chile en los últimos cincuenta años. Imprenta Barcelona, Santiago, Chile. 218p.

Tornero, S. 1872. Cultivo de las leguminosas y de las papas. Sección III. De los frejoles (pp. 223-225). En El agrónomo suramericano. Tratado teórico-práctico de agricultura general. Imprenta del Mercurio de Tornero y Letelier. Valparaíso, Chile. 627p.

Vicuña Mackenna, B. 1857. Chile considerado con relación a su agricultura. El Mensajero de la Agricultura (Chile) Tomo II: 14-55.

Villalobos, S., Silva, O., Silva, F., et al. 1974a. Historia de Chile. Tomo I. Décima sexta edición. Editorial Universitaria, Santiago, Chile. 127p.

Villalobos, S., Silva, O., Silva, F., et al. 1974b. Historia de Chile. Tomo II. Décima sexta edición. Editorial Universitaria, Santiago, Chile. 127p.

Capítulo 5. Consumo de frejol en Chile

5.1. Mercado Chileno – Análisis del mercado medible (Supermercados)

Andrei Brezinsky., Rodrigo González., Eduardo Lagos.

El consumo aparente de legumbres en Chile, está en torno a las 45.500 toneladas, de las cuales un tercio aproximadamente se comercializa en el canal de supermercados, 14.700 ton en 2024 y 13.800 ton en 2025 (UTT, 2005). Si bien, la venta en este canal no es representativa de todo el mercado, los datos observados del canal permiten analizar diversas tendencias, que reflejan el comportamiento del consumidor de legumbres en Chile.

Antes de revisar cifras, cabe destacar que la penetración de las legumbres supera levemente el 50% en los hogares en Chile, medido a través de Panel de Hogares de Kantar. Vale decir, casi la mitad de los hogares en Chile no compraron ninguna legumbre durante todo un año. Lo anterior, indica que existe un tremendo potencial de crecimiento en el consumo de legumbres en Chile.

La información detallada a continuación sólo hace referencia al mercado de legumbres secas envasadas, y no incluye legumbres en conserva.

Consumo por tipo de legumbre. La participación en el volumen por tipo de legumbre, en el canal supermercados, la lenteja es claramente la más consumida, representando cerca del 50 % del consumo total, seguida por el frejol, con un 35 % (Cuadro 1).

Cuadro 1. Tipo de legumbre y consumo nacional (%).

Especie	Consumo (%)	
	2024	2025
Arvejas	5,6	5,3
Garbanzos	11,3	11,3
Lentejas	48,2	49,3
Frejol	34,8	34,1

La diferencia entre el precio público promedio de los frejoles y el de las lentejas durante estos últimos dos años (2004-2005) ha sido leve, estando los frejoles un 2 % - 3 % por sobre las lentejas (UTT, 2025). Por lo cual, la diferencia en el consumo no estaría explicada, por un precio significativamente menor de las lentejas, sino que, se podría asociar a un comportamiento del consumidor.

Consumo por tipo de frejol. Es muy interesante observar la información en relación al consumo, por variedad de frejol en los supermercados en los últimos 15 años (Fig. 1). Si bien existen otras variedades ocasionales, el análisis considera sólo aquellas que, consistentemente tienen mayor presencia en el mercado que son cuatro: 'Tórtola', 'Negro', 'Hallado' (o Pinto) y 'Blanco' (o español). De estos frejoles, el 'Tórtola' es 100 % de producción nacional, mientras que los otros tres corresponden a variedades importadas.

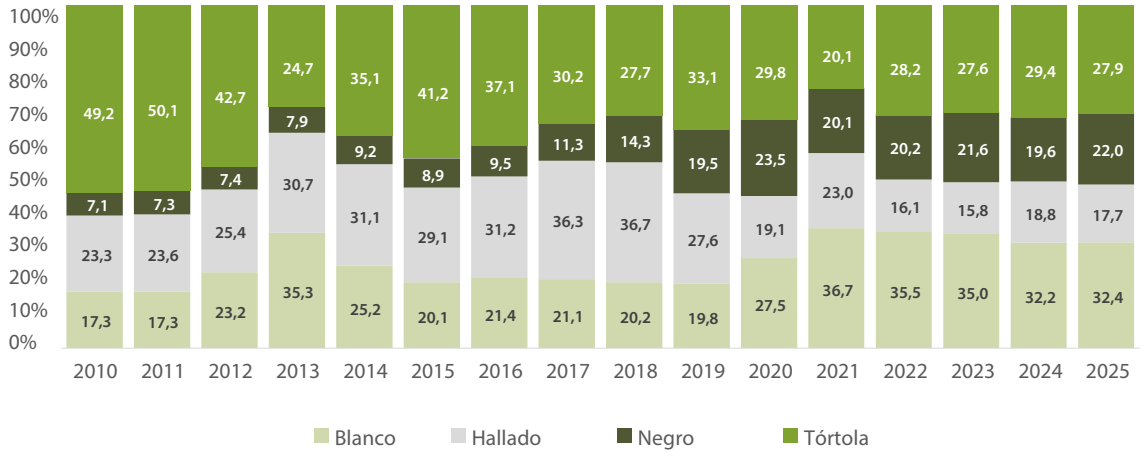


Figura 1. Consumo (%) de variedades 'Tórtola', 'Negro', 'Hallado' y 'Blanco' entre el 2010 y el 2025.

Los datos permiten concluir:

Al inicio del periodo evaluado, se aprecia la importancia que llegó a tener el frejol 'Tórtola' en el consumo, un 50 %. Hoy se ha consolidado en torno al 28 %, casi la mitad de la participación que tuvo en 2010-2011. La competitividad del frejol 'Tórtola' en relación a las otras variedades se ha visto mermada progresivamente, lo que podría explicar en parte este fenómeno. Durante el año 2021 su consumo alcanzó solo un 20 % principalmente, por escasez del frejol después de una cosecha afectada por temas agroclimáticos.

Por otro lado, el frejol 'Negro' ha mostrado una tendencia contraria a la del 'Tórtola', creciendo de manera significativa en este periodo (7 % en 2019 y 22 % en 2025).

El frejol 'Blanco' se ha consolidado en los últimos cuatro años como la variedad más consumida, por sobre el 32%.

Participación en el volumen por marca. Al ver las participaciones de mercado en el volumen por marca en la Fig. 2., indica que en el canal de supermercados hay una marca que destaca en el mercado de los frejoles (UTT, 2025). Se trata de la marca Banquete, perteneciente a Empresas Tucapel.

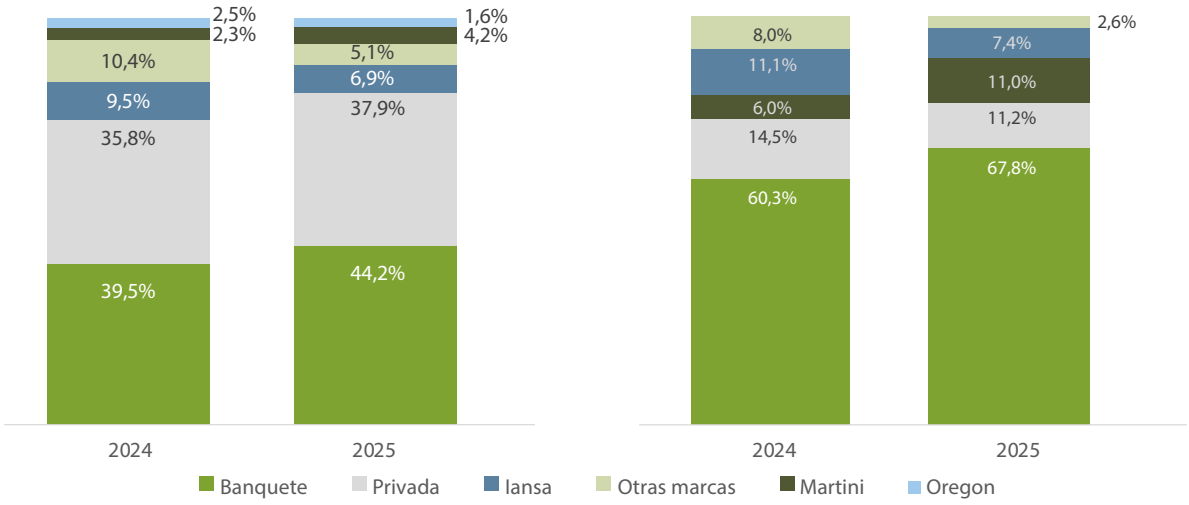


Figura 2. Volumen (%) por marca en el Mercado de frejoles - Participantes en Supermercados.

Banquete tiene un porción de mercado o consumidores que ha logrado conquistar de un 34,6 % en el total legumbres, y de un 44,2 % en total de frejoles, participación que sube a 67,8 % cuando se enfoca al mercado del frejol Tórtola específicamente (Fig. 2). Esta posición de mercado es el resultante de varios factores, como la experiencia y calidad percibida de la marca en la mente de los consumidores, y un modelo de abastecimiento estratégico, el cual integra: optimización de compras, reducción de costos, evaluación constante de proveedores y estimación de la demanda. Además de integrar tecnologías, agilizar procesos y relaciones estables, lo cual permite tener insumos eficientes sin interrupciones. Aspectos claves para la productividad y competitividad, tanto para el producto local como el importado, y una serie de acciones comerciales que, en conjunto con los supermercados, permiten hacer más visibles y atractivos los productos para el consumidor en los puntos de venta (Fig. 3)



Figura 3. Banquete ofrece a las familias chilenas una oferta de legumbres extensa, incluidas los cuatro variedades de frejoles de mayor consumo.

La empresa está constantemente preocupada de innovar y presentar soluciones prácticas y nutritivas a los consumidores, la marca Banquete lanzó hace unos años las Perlitas de Porotos y de Garbanzos, producto único en Chile (Fig. 4). Productos que no necesitan cocción, y después de hidratar están listas en 10 y 15 minutos respectivamente, manteniendo el sabor y la potencia nutricional que poseen.



Figura 4. Perlitas de porotos y garbanzos.

Nuestra visión

Si bien todos los estudios confirman que la población está cada vez más preocupada de alimentarse de forma sana y nutritiva, el consumo de legumbres en Chile se ha visto estancado durante varios años, con indicadores de consumo per cápita preocupantes. Creemos firmemente en el valor alimenticio que tienen las legumbres, y estamos convencidos que la proteína vegetal será cada vez más relevante en la dieta de las familias chilenas. Lo que se requiere es un esfuerzo multisectorial, para fomentar el consumo de legumbres en el país, partiendo por mejorar la competitividad de la producción nacional y fortaleciendo la cadena completa, visibilizando al consumidor todas las propiedades nutricionales y culinarias de las legumbres en general, y de los frejoles en particular.

De parte de Empresas Tucapel, se cuenta con la mayor disposición a trabajar colaborativamente para este fin, siendo la marca Banquete una palanca fundamental desde su posición de liderazgo en el mercado. Son muchas las iniciativas de marketing de la marca que, a través de las redes sociales y de los puntos de venta, han buscado para dinamizar la categoría y fomentar el consumo.





Referencias

Up the Trade, UTT, 2025.

5.2. Antecedentes del consumo de frejol en Chile

Viviana Becerra V., Mario Paredes C.

Dieta de los pueblos originarios

La dieta de los pueblos originarios fue influenciada por la llegada de los incas, con sus técnicas de cultivos y riego que permitieron el desarrollo agrícola del valle central y, por otro lado, con sus colonias de 'mitimaes' que difundieron las formas de preparación de ciertos alimentos, como el uso de las piedras calientes, el hervido, la fermentación, el tostado y la cocción en hojas y técnicas de conservación del alimento como asoleo, tostado, molido; fermentación-asoleo, congelado-asoleo, entre otras .

La dieta que mantenían los pueblos aborígenes a la llegada de los conquistadores, era rica en productos vegetales. Los principales cultivos alimenticios eran el maíz, los frejoles y las papas, y otras plantas autóctonas como zapallo, quínoa, ají, y los frutos del algarrobo (*Prosopis chilensis*), arrayán (*Luma apiculata*), maqui (*Aristotelia chilensis*), quilo (*Muehlenbeckia hastulata*) y frutilla (*Fragaria chiloensis*, fruto blanco). Por otro lado, el pehuén, fruto de la araucaria (*Araucaria araucana*), constituyó el principal sustento del pueblo mapuche que lo utilizó para la fabricación de sopas, tortillas y bebidas. Las comunidades costeras consumían generalmente productos marinos como pescados (congrios, tollos, jureles, atunes y pulpos, entre otros), aunque también lo hacían algunos grupos del interior producto del intercambio que mantenían con poblaciones costeras.

Los aborígenes también consumían algas marinas como ulte, luche y cochayuyo, que asaban a las brasas y luego lo cocían por largas horas. Como fuente de grasa, usaban la semilla de madi (*Madia sativa*), de la cual obtenían aceite hasta el siglo XVII, donde se cambió a la grasa de vacuno. Por otro lado, el consumo de carnes era poco frecuente, ya que dependía de la caza ocasional de alguna especie salvaje, como el guanaco (Pereira, 1997; https://www.memoriachilena.gob.cl/). Antes de la conquista, los indígenas fabricaban bebidas fermentables desde los frutos y semillas del litre (*Lithea caustica*), maqui (*Aristotelia chilensis*), luma (*Amomyrtus luma*), murtilla (*Ugni molinae*), quínoa y de la frutilla silvestre. Sin embargo, la bebida araucana por excelencia fue la chicha de maíz fermentada, el 'mudai', que obtenía la levadura para la fermentación desde la saliva de las mujeres al masticar los granos (Barraza, 2010).

Cambios en la dieta de los chilenos

Al principio, algunos de los productos locales fueron resistidos por los españoles, pero debido a los reiterados problemas con las quemas de las siembras y destrucción de los cultivos causadas por los indígenas, los españoles sufrieron algunos periodos de escasez y hambre en los primeros años de la Conquista, por lo cual fueron adoptando de a poco el consumo de productos nativos (Barraza, 2010), pero con el paso del tiempo, se empezó a desarrollar la cocina criolla como resultado de la fusión de tres tradiciones culinarias: indígena e hispana en primer lugar y luego y la influencia de la cultura francesa de fines del siglo XIX, todo lo cual fue ayudado por la incorporación de hombres y mujeres indígenas al servicio doméstico de los españoles y el sincretismo cultural. En este sentido, el indígena, aportó con las especies autóctonas como el maíz, la papa, el poroto, el zapallo y el ají. Los españoles, contribuyeron con la introducción de

nuevas especies como la cebolla, el ajo, lentejas, garbanzos y las frutas como la uva y manzanas, entre otros. El trigo terminó desplazando al maíz como materia prima para la confección de pan, y el consumo de animales como el cerdo, vacuno y gallina. Por otro lado, la cocina hispana impuso el hervido como mecanismo de cocción predominante y el sofrito como base de sabor. En las casas mantenían corrales con gallinas, lo que aseguraba el abastecimiento de carne de ave y huevos (Pereira, 1997; https://www.memoriachilena.gob.cl/).

Durante los primeros años de la Conquista, la carne fue un producto muy escaso, cuyo abastecimiento se regularizó durante las últimas décadas del siglo XVI, con el consumo principalmente de la carne de cordero y de cerdo, y posteriormente con la de vacuno y carnero, a través de la venta en la plaza pública. Solo en los hogares más acomodados se preparaban prietas, arrollado, costillares y perniles, con grandes cantidades de sal y condimentos como preservantes (Pereira, 1997; https://www.memoriachilena.gob.cl/).

Las bebidas más comunes eran el agua de paico (*Dysphania ambrosioides*), quelen/quelen (*Polygala gnidioides*), o duraznillo (*Polygonum* sp.). En 1551, se cultivaban viñas en Santiago y Concepción; y en 1603, se distribuyó hasta Angol. En 1555, se producía vino para los sacerdotes. En 1558, se estableció Ley seca, para prohibir el consumo de vino, la cual fracasó.

Durante el siglo XVI y XVII, el plato de resistencia era generalmente carne acompañado por alguna legumbre, zapallo o guisos condimentadas con ají. Posteriormente, se servía un guiso abundante como humita, chuchoca, pilco o locro, porotos granados (con mazamorra o pilco), empanadas, carbonada, chanfaina y pantrucas. Para la vigilia de cuaresma se comía el 'vailcan', que era una gran fuente de mariscos guisado con ají. Del término 'can', provienen otros alimentos como el 'charquicán', 'luchicán', entre otros; legumbres (lentejas, frejoles, garbanzos y habas guisadas) o productos marinos (pescados, mariscos, algas como ulte, luche y cochayuyo). El pan era de tres tipos: el pan subcinericio, o sea la tortilla chilena al rescoldo; el pan español, con mucha grasa y miga, y el pan chileno, aplastado y cascarudo. Se preparaban panes grandes que eran partidos en trozos en la mesa (Pereira, 1997; https://www.memoriachilena.gob.cl/).

Los postres de fruta: murtilla, avellana, peumo, maqui, molle, guijan, y liuto, etc., y más adelante postres españoles como 'suspiros de monja', 'alfajor moro', 'mantecados', 'polvorones de manjar blanco', 'rosquillas', 'sopaipillas', 'cajuelas' y 'hojaldres' (Pereira, 1997). El aporte de las monjas fue fundamental en el desarrollo de la repostería local. Sus dulces adquirieron una fama asociada al nombre de la orden religiosa. Las más reconocidas fueron las Claras, por sus huevos chimbos, cajetillas y alfajores altos; las del Carmen Alto de San Rafael por su mazamorra y sus bizcochuelos; las Capuchinas por una receta de tortilla y las Clarisas por su aromática y refrescante aloja de culén (Pereira, 1997; https://www.memoriachilena.gob.cl/).

A fines del siglo XVII, ya se puede hablar de una cocina chilena, fruto de una mezcla entre la tradición indígena, española. A mediados del siglo XIX, se marca una influencia de la cocina francesa, con cocineros traídos a las casas aristocráticas y que abren sus propios restaurantes, lo que se suma posteriormente a los aportes de las colonias alemanas en el sur, italianas y otras más recientes recientes (https://www.memoriachilena.gob.cl/602/w3-article-3340.html).

En 1860, el frejol, la papa, el trigo y el maíz constituian los productos básicos en la alimentación de la población chilena (Gay, 1862; Bauer, 1970; Tornero, 1972; De Ramón y Larraín, 1982). El frejol, era un alimento casi exclusivo de los mineros, obreros y peones que trabajan en las minas, ciudades o en los campos (Gay, 1862).

La alimentación de los trabajadores en el campo era sencilla, pero bien condimentada con ají, condimento que consumían los pobladores desde temprana edad. La comida consistía en un plato de frejol en el norte y uno de arvejas en el sur, cocidos en agua, grasa o con chicharrones y un pan (`tortilla`). Tomaban normalmente agua y en la 'vendimia' y fiestas bebían chicha ('chacolí') y vino, comían algunos platos especiales como 'pastel de pino de carne', de cordero o pollo, cubierto con una capa de maíz molido con azúcar y condimentado con ají y otros condimentos; frejol con cebollas y aceitunas, arrollado de 'chancho' (carne de cerdo cocido en agua y aliñado con ají) (Gay, 1862).

Los marineros y pasajeros de las embarcaciones consumían o 'miniestras' o 'menestras', que consistían en legumbres secas cocidas con carne o jamón. A los peones, les daban dos comidas al día, la primera a medio día que consistía en dos platos, una sopa hecha de frejol cocidos en agua con zapallo con un agregado de grasa, ají y un pan de tres onzas. Al anochecer, se repetía el mismo plato de frejol, al cual se le agregaba, algunas veces un trozo de carne de vacuno o carnero (De Ramón y Larraín, 1982). La mayoría de la población del centro de Chile consumía granos, legumbres y escasamente carne. Estas dietas, eran suplementadas durante la estación con frutas, vino, chicha y hacia finales del siglo, con cerveza local. A los peones de la construcción, se les suministraba medio litro de harina tostada revuelta con agua en una de las comidas y frejol cocido con manteca y ají en la otra ración. Las clases bajas, rara vez comían carne fresca y la forma mas común de carne era el charqui, hasta principios del siglo XX (Bauer, 1970).

A continuación, se incluye una lista de nombre de 'platos' preparados con frejoles en el país en orden de la fecha de la publicación (Cuadro 1).

Cuadro 1. Recetas que incluyen frejoles en su preparación.

Nombre de la receta*	Autor/año publicación.
Periodo. Siglo XIX.	
Porotos verdes picados, a la paisana o en salsa de huevos.	Anónimo, 1896.
Sopa puré de frejoles, garbanzos, lentejas arvejas i habas, sopa de frejoles viejos, porotitos verdes, salsa de arvejas i frejoles granados, ensalada de frejoles viejos, frejolitos verdes a la italiana, tortilla de frejolitos verdes, frejoles granados i viejos.	M.M., 1880.
Puré de frejoles, lentejas, arvejas, habas, porotitos verdes a la paisana, porotitos verdes con cebolla, porotitos verdes rehogados, porotitos verdes en salsa de huevos.	Tornero, 1882.
Porotos verdes saltados, porotos verdes a la inglesa, porotos a la marsellesa, porotos a la bretona.	Tìa pepa, 1899.
Ensalada de porotitos verdes, conservas en legumbres, porotos verdes.	Egaña, 1898.

Siglo XX.	
Sopa de frejoles, porotos verdes o arvejas, pure de porotitos verdes, porotos a la maitre d'hotel, porotos verdes a la Lionesa.	Prado, 1903.
Sopa de puré de guisantes, lentejas, judías, potaje económico, judías a la 'bargoñona'.	Martell, 1904.
Porotitos verdes a la 'Poulette', porotitos verdes a la inglesa, fritos de porotitos verdes, frejoles a la casera, porotos granados a la chilena, porotos granados a la peruana.	Lawe, 1911.
Sopa de poroto en fuente de barro, porotos verdes con mantequilla, sopa de legumbres, sopa de porotos, porotos con salsa crema, porotos pelados, porotos chilenos, granados con choclos, porotos en fuente, porotos con salchichas, porotos con salsa de pan, porotos con mote, croquetas de porotitos verdes, porotos con salsa de mantequilla, porotos con chuchoca, bocadillos de porotos, frejoles con chuchoca, porotos pelados con nata, y huevo duro y queso, huevos duros amoldados con puré de porotos.	Larraín, 1913.
Los porotos se deben remojar el día antes, se lavan y se ponen a cocer en agua fría a fuego lento; no conviene que hiervan fuerte, se endurecen; en seguida se lavan en agua tibia. Porotos con salsa de ají, con salsa de cebolla o con salsa de crema; porotos con leche, porotos peruanos, porotos con arroz, porotos con salchichas, queso, con jugo, o con mantequilla, Porotos con crema de zapallo, Porotos pelados, porotos con mote, porotos especiales, alemanes, al jugo, al jugo con huevo, granados con tallarines.	Larraín, 1925.
Porotitos verdes en ensalada, Porotitos verdes en escabeche, porotitos verdes rebozados, porotitos verdes con salsa de tomate, porotitos verdes con caldo, porotitos verdes con crema, porotitos verdes cocidos en leche, porotos a la chilena, porotos en fuente, porotos con mote, porotos con salsa de pan, porotos con chuchoca, porotos con carne, porotos con carne de chancho, porotos con tocino, porotos con costillas de vaca, porotos con arroz, porotos exquisitos, porotos granados con choclos, porotos granados paisanitos, porotos granados a la minuta, granados en ensalada, granados con tomate, granados con jamón, granados a la francesa, granados con aceite, granados con huevo duro.	Brunet, 1931.
Sopa de porotos, frejoles con escabeche.	Vergara, 1931.
Carbonada cuyana, 'cassoulet', carbonada, cazuela de vaca, charquicán, frejoles candelaria, frejoles dinamita, frejoles exquisitos, frejoles frescos a la chilena, frejoles Pudahuel. Frejoles candelaria, frejoles dinamita, frejoles exquisitos, frejoles frescos a la chilena (granados con choclos), frejoles Pudahuel.	Budge, 1935.

Porotos en escabeche, porotos verdes con tallos, porotos verdes con caldo, porotos verdes con cebolla, porotos verdes con choclos, porotos granados con zapallo, porotos secos, granados, porotos granados con choclos, porotos granados con tomates, porotos con arroz, porotos con chuchoca, porotos con jamón, porotos con mote y entre los purés estaba el de arvejas, habas, garbanzos, frejoles y lentejas.	Cenicienta, 1949.
Siglo XXI.	
Sopa de porotos a la chillaneja, hervido de porotos para la trilla, poroto cachiporra con trigo colincao, poroto con locro de trigo sancocho.	Manzur,1916.
Porotos con trigo majado versión 1 y 2, porotos con trigo y chicharrones, porotos con cebada y cuero de chancho, porotos con mote, porotos con mote y cuero de chancho, porotos con mote y chicharrones, porotos con cochayuyo.	Montecino y Alvear, 2018.
Porotos con 'napor' (yuyo).	MCAP, 2020.
Poroto pelado, porotos con rienda, porotos con habas viejas, poroto con harina dorada, poroto verde, porotos quebrados.	Alarcón y Cavalli, 2022.
Platos de fondo: Porotos con riendas de verduras, hamburguesas de porotos, pastel negro mar y tierra, porotos con mote, porotos con trigo majado, hamburguesas de porotos negros y berenjena, porotos granados con mazamorra a la 'Olguité', los porotos del parque, 'feijao' de los González. **Ensaladas y sopas:** Ensalada de porotos 'Maillencos', ensalada veraniega de porotos, ensalada exótica con aderezo agridulce, ceviche de porotos granados, el poroto campesino, ensalada arco iris de porotos negros, ensalada de poroto y pulpo, crema de porotos, papas y puerros, ceviche de porotos. **Postres:** 'Snickers' de poroto negro, 'chocoporotos', el negro 'brownie', 'brownie' tórtola-zorzal, granados en su tartaleta, tronco de porotos, 'brownie' vegano de porotos con naranja, flan de porotos negros, 'cupcakes' de porotos negros choco-naranja.	Belmar et al., 2023.
Poroto pejerrey, poroto con chuchoca, porotos con trigo mote partido o locro, porotos granados con choclo picado.	Alarcón y Leclerc, 2025.
Porotos con locro de chícharo Cullicao.	Gajardo et al., 2025.

* En las publicaciones se puede encontrar la descripción de como preparar el plato descrito en el cuadro.

En resumen, el frejol tiene una identidad nacional cuyo origen se remonta antes de la llegada de los españoles a Chile, y que a pesar de resistencia inicial en su consumo por los españoles pasó a ser un componente importante de la alimentación hispano/indígena de los mestizos, indígenas y españoles que se basaba en maíz, frejoles y papas (Montaldo, 2004). Sin embargo, para fines del siglo XIX y principios del XX, el frejol adquiere una nueva identidad, como un alimento para 'rotos', es decir para la gente pobre, aunque no dejó de consumirse en otros estratos sociales (De Rokha, 1969; Barros, 2015; Aguilera, 2018; Belmar et al., 2023).

Finalmente, a partir de finales del 1900 y comienzos del 2000, el poroto tiene una nueva revalorización ya que comienza a ser considerado en la cocina chilena de vanguardia, que pretende rescatar productos chilenos olvidados o poco valorizados dentro de una nueva propuesta gastronómica multicultural en conjunto con las curadoras de semillas (Aguilera, 2018). Esta identidad del frejol con el pueblo chileno queda establecida en el refrán popular 'mas chileno que los porotos' que simboliza identidad y tradición.

Frejoles a los consumidores

El frejol, se consume como grano seco (Foto 1-2), luego cocido y preparado de diversas formas (Fotos 3-8). Una innovación observada en el mercado es la relacionada con la venta de comidas preparadas, donde se ofrecen varios tipos de preparaciones de consumo inmediato. Adicionalmente, se observa en el comercio que, tanto los frejoles en grano seco como las preparaciones, incluyen variedades de diferentes colores a las que consumían normalmente los chilenos, ello debido a la mayor presencia de extranjeros en el país.



Foto 1. Mercados locales, variedades a granel (por kilo o sacos). 2025.



Foto 2. Producto envasado en supermercados, grano seco



Foto 3. Frejol en perlitas.



Foto 4. Frejoles granados.



Foto 5. Frejoles cocidos, con y sin sal.



Foto 6. Frejoles en conserva.



Foto 7. Platos preparados.



Foto 8. Frejoles para consumo en vaina verde

Referencias

Aguilera, I. 2018. Historia e identidad. Elementos para pensar el consumo de porotos en Chile. Interciencia 43(5):379-384.

Anónimo, 1896. Guisos de verduras (pp.91-92). Novísimo manual del cocinero práctico chileno: Colección escogida de guisos y postres de la cocina francesa, española, alemana, italiana y chilena. Arreglada especialmente para el uso de las dueñas de casa chilenas. Imp. Lit. Nacional, Santiago, Chile. 180p.

Alarcón, L., Cavalli, P. 2022. Poroto (pp. 97-101). En Patrimonio alimentario de Chile. Productos y preparaciones de la región del Libertador General Bernardo O Higgins. FUCOA. Gobierno Regional de O'Higgins. FIA.

Alarcón, P., Leclerc, C. 2025. Tubérculos y leguminosas. Poroto (pp. 73-77). En Patrimonio alimentario de Chile. Productos y preparaciones de la región del Maule. FUCOA. Gobierno del Maule, FIA. Santiago, Chile. 256p.

Barraza, D. (Coord.). 2010. La sazón y el gusto. Un menú en tres ciudades de Chile. DuocUC, SERCOTEC. Ed. Digital DuocUC., Santiago, Chile. 81p.

Barros, M. El poroto como metáfora de la nación. Los sujetos populares y la revolución en 'rotología' del poroto de Pablo de Rokha. Rev. Chil. Literatura 90:55-78.

Bauer, A. 1970. Expansión económica en una sociedad tradicional: Chile Central en el siglo XIX. Historia (Chile) 1:137-235.

Belmar, C., Jara, N., Baginsky, C., et al., (eds.). 2023. Recetas del Concurso 'Gánate un poroto' y sus historias familiares (pp. 35-120). En La gran porotada. Recetas e historias del poroto en Chile. Facultad de Ciencias Sociales; Medicina, INTA; Ciencias Agronómicas. Universidad de Chile. Social-Ediciones. Santiago, Chile. 125p.

Brunet, M. 1931. Las verduras y las legumbres (pp. 112-149). En La hermana hormiguita. Tratado de arte culinario. Ed. Nascimiento. Santiago, Chile.

Budge, O. 1935**.** Guisos de almuerzo (pp. 166/198). En La buena mesa. Imp. Universitaria. Santiago, Chile. 732p.

Cenicienta, M. 1949. Entradas y frejoles (pp. 55-58). En 365 recetas de cocina práctica. Una para cada día del año. Ed. Cultura. Santiago, Chile. 67p.

De Ramón, A., Larraín, J. 1982. Orígenes de la vida económica chilena 1659-1808. Centro de Estudios Públicos., Santiago, Chile. 416p.

De Rokha, P. 1961. Rotología del poroto (pp.15-20). En Acero de invierno. Ed. Multitud. Santiago, Chile. 80p.

Egaña, R. 1898. Ensaladas, fiambres i conservas. (pp.137-156). En Enciclopedia del hogar de la tía Pepa. Imp. Esmeralda. Santiago, Chile. 365p.

Gajardo, E., Guerrero, P., Rojas, A., et al. 2025. De hierro y greda: Olletas del trabajo campesino - machero del territorio Putú, Huenchullamí (pp. 17-37). En El menú de Chile. Reconocimiento a las cocinas patrimoniales 2024. Santiago, Chile. 104p. Ministerio de las Culturas, las Artes y el Patrimonio.

Larraín, L. 1913. Manual de cocina, a beneficio de Lourdes. Imp. Claret. Santiago, Chile. 465p.

Larraín, L. 1925. Manuel de cocina. Colección de recetas variadas y económicas. Imp. Lit Universo. Santiago, Chile. 891p.

Lawe. 1911. Legumbres, hortalizas i ensaladas (pp.166-200). En La negrita Doddy. Nuevo libro de cocina. Imp. Universo, Santiago, Chile. 427p.

Manzur, M. 2016. Leguninosas. Porotos (pp.43-55). En Patrimonio alimentario de Chile. Productos y preparaciones. de la región del Biobio. Ministerio de Agricultura, FIA. Santiago, Chile. 439p.

Martell, D. 1904. Cocina de cuaresma. Imp. Guillermo E. Miranda. Segunda Edición. Santiago, Chile. 56p.

MCAP, Ministerio de las Culturas, las Artes y el Patrimonio. 2020. Recetas pueblos originarios. Ministerio de las Culturas, las Artes y el Patrimonio. Santiago, Chile. 14p.

Mena, M. 1880**.** El consejero doméstico, o sea un paso hacia la verdad hijiénica. Colección de instrucciones, consejos, recetas i advertencias útiles a la familia i al alcance popular. Imp. El Correo. Santiago, Chile. 414p.

Montaldo, P. 1988. La agricultura americana durante el siglo XVI y sus antecedentes. Ediciones Universidad Austral de Chile. 240p.

Montecino, S., Alvear, A. 2018. Poroto (pp. 148-152). En Patrimonio alimentario de Chile. Productos y preparaciones de la región de Coquimbo. Ministerio de Agricultura, FIA, Facultad de Ciencias Sociales, Univ. de Chile. Santiago, Chile. 342p.

Pereira, E. 1977. Apuntes para la historia de la cocina chilena. Ed. Universitaria. 145p.

Prado, A. 1903. Legumbres, i guisos de viernes (pp. 73-84). En La dueña de casa. Cocina i economía doméstica. Imp. Universitaria. Santiago, Chile. 184p.

Tía pepa. 1899. Legumbres i platos de viernes (pp.104-122). En Enciclopedia del hogar. Imp. Esmeralda. Santiago, Chile. 365p.

Tornero, S. 1872. Cultivo de las leguminosas y de las papas. Sección III. De los frejoles (pp. 223-225). En El agrónomo suramericano. Tratado teórico-practico de agricultura general. Imprenta del Mercurio de Tornero y Letelier. Valparaiso, Chile. 627p.

Tornero, O. 1882. El libro de las familias. Nuevo manual de cocina. Imp. Nuevo Mercurio. Valparaíso, Chile. 101p.

Vergara, L. 1931. Sopas (pp. 92-109). En Manual de cocina vegetariana chilena. 191p.



Índice

SECCIÓN III

Recursos genéticos y mejoramiento del frejol



Capítulo 6. ¿Hay recursos genéticos de *Phaseolus* en Chile?

Daniel Debouck.

Abstract

In this essay a compilation of botanical evidence and field work indicate that *Phaseolus* beans are not present in the native flora of Chile. Historically and of agricultural significance only are present landraces of *P. lunatus* and *P. vulgaris*, the former with a Quechuan vernacular name ('pallar') and the latter with both an Araucanian vernacular name ('dengüll') and a Quechuan one ('purutu'). North of the Atacama Desert, it is possible that landraces of *P. lunatus* and *P. vulgaris* were introduced from the Peruvian coast. In the central zone, in a spite of limited sampling, there are indications of landraces sharing a *cp*DNA polymorphism with a wild *P. vulgaris* population from Jujuy, Argentina. In central Chile for two millennia or more common bean under the selective pressures of the environment and people evolved into a unique race. However, over the last two centuries the Chilean germplasm of common bean has experienced multiple introductions and introgression, blurring the original genetic landscape. The role of the race 'Chile' moved through the Strait of Magellan since the late 1.500s into the post-Columbian agricultures of the Mediterranean area is highlighted.

¿Hay diversidad genética de poroto en Chile? ¿Cuál es su significado? Para abordar estas preguntas que tienen una doble importancia primero, para la gestión de estos recursos fitogenéticos y luego para su aprovechamiento en fitomejoramiento, debemos considerar sucesivamente: I) el contexto biológico; II) la duración de la acción de las fuerzas evolutivas, y; III) el ambiente ecológico para el cultivo. Ligadas a este ambiente también jugarán un rol fundamental las selecciones de parte de los grupos humanos (Debouck, 2000). Las condiciones físicas, para conservar las semillas de una temporada a otra, a través de milenios, también serán clave en la búsqueda de recursos fitogenéticos originales (Debouck et al., 1989).

El contexto biológico: ¿No hay porotos silvestres?

Uno de los primeros puntos a considerar es saber si existe frejol silvestre en Chile. En el entendimiento actual del género *Phaseolus* (Leguminosae, Papilionoideae, Phaseoleae) (Debouck, 2021), sabemos que este grupo de leguminosas es migrante desde Mesoamérica hacia Suramérica, a través del Istmo de Panamá (Chacón-Sánchez et al., 2007; Serrano-Serrano et al., 2010; Rendón-Anaya et al., 2017a).

Mientras que, en las revisiones de Hassler (1923) y Piper (1926), la primera enfocada sobre Paraguay y la segunda sobre el continente americano, no hay mención de especímenes provenientes de Chile. Sin embargo, el primero menciona dos especies, *Phaseolus asellus* Molina y *P. pallar* Molina, sobre las cuales se conoce muy poco (Hassler, 1923), un comentario ya hecho por de Candolle (1825) y por Don (1832), quien indicó 'native of Chili'. De igual manera, Bentham (1837), expresa sus dudas y no las coloca en alguna de las secciones del género que reconoce.

Por otro lado, Molina (1782), en su ensayo sobre la Historia Natural de Chile, indicó que los habitantes cultivaban el frejol (*Phaseolus vulgaris* L., reportado como 'degul') antes de la llegada

de los españoles, y con varias variedades poco diferentes a las europeas. Entre las variedades escandentes mencionó los *pallari*, para enseguida dar la descripción de una nueva especie, *Phaseolus pallar*, y luego, otra nueva especie *P. asellus*. Las descripciones respectivas y repetidas en la segunda edición (Molina, 1810) son:

- *Phaseolus asellus*: Phaseolus caule volubili, foliis sagittatis, seminibus globosis.
- *Phaseolus pallar*: Phaseolus caule volubili, legum[inibus] pendulis cylindricis, torulosis.

En ambos casos, no hay indicación de especímenes de herbario de referencia (o tipos), y esta situación junto con las descripciones incompletas, condujo a confusiones como lo señaló Hauman (1923).

Mientras, Gay (1846), propuso que ambas especies deben unirse a *P. multiflorus* Willd. (= *P. coccineus* L.); e indicó que las semillas de *P. pallar* tienen 'media pulgada de largo'. También reportó un *Phaseolus cumingii* Benth., 'que cultivaban los araucanos antes de la conquista'. Esta especie, escrita 'cummingii' por Bentham (1837), es *Leptospron adenanthum* (G. Meyer) A. Delgado (Martius, 1859; Maréchal et al., 1978; Delgado-Salinas et al., 2011).

Philippi (1863), consideró que *P. asellus* y *P. vulgaris* tenían semillas globosas, y que fueron introducidos desde Europa. Para *P. pallar*, la situación es un poco más delicada, pues dos autores (Don, 1832; Dietrich, 1847), podrían haber visto un espécimen, al ampliar la descripción sobre los foliolos, racimos y flores; siendo estos dos autores europeos y sin indicación de viaje a Chile es más lógico pensar en un espécimen estudiado por ellos. Philippi (1859), indicó que la descripción original de Molina no correspondía a la planta cultivada por varios pueblos indígenas de Chile bajo el nombre de *pallar*, y cambió la descripción. Pero no era necesario, pues Linnnaeus (1753), había descrito esta planta bajo el nombre de *P. inamoenus* L. Varios autores (Piper, 1926; van Eseltine, 1931; Westphal, 1974), mostraron luego su identidad con *P. lunatus* L., indicando que el tamaño mayor de las semillas fue producto de la selección humana (Mackie, 1943). Estudios con marcadores moleculares (Fofana et al., 1999; Delgado-Salinas et al., 2006), confirmaron esta identidad, indicando las diferencias a nivel de acervos genéticos.

Para Gunckel-Luer (2020), el primer taxon corresponde a *Phaseolus vulgaris* L. y es señalado como 'introducida', y el segundo, corresponde a *Phaseolus lunaris* L., igualmente 'introducida'. *Phaseolus caracalla* L. (ahora *Cochliasanthus caracalla* (L.) Trew: Delgado-Salinas et al., 2011) o 'caracollo' es reportado como cultivado en los jardines chilenos en Molina (1810). Con su distribución principal al oriente de los Andes, es frecuentemente cultivada como ornamental en regiones tropicales (Maréchal et al., 1978). En su revisión del género, Lackey (1983), reporta a *Phaseolus* como ausente en la flora chilena nativa; esta opinión es compartida por Sousa-Sánchez y Delgado-Salinas (1993).

Para salir de cualquier duda, en febrero de 1996, y en base a un modelo probabilístico de nicho ecológico (Fig. 1) (Jones et al., 1997), se hizo un trabajo de bioprospección en las Regiones del Maule, Libertador General Bernardo O'Higgins, Metropolitana y Valparaíso (parte sur). No se encontraron poblaciones de *Phaseolus*, pero sí poblaciones de los géneros *Lathyrus* y *Vicia* (Paredes, Becerra, Debouck y Matus, resultados no publicados). Fue el mismo modelo que predijo la presencia para el departamento de Norte de Santander en Colombia (Jones et al., 1997) y de Francisco Morazán en Honduras (Beebe et al., 1997). Basado en este modelo, Berglund-Brücher y Brücher (1976) y Freytag y Debouck (2002), encontraron poblaciones de *P. vulgaris* silvestre en Colombia y Honduras, respectivamente. Se observa en la Fig. 1 que el modelo indica con

el mismo nivel de precisión la presencia de *P. vulgaris* silvestre en las provincias argentinas de Jujuy, Salta, Tucumán y Catamarca, donde se encontraron accesiones silvestres (Toro-Chica et al., 1990; Palacios y Vilela, 1993). Una posible explicación, por la ausencia de frejol silvestre en la zona central de Chile, en contraste con la situación en Argentina, puede ser la distribución de las lluvias *versus* los cambios de las temperaturas favorables para la especie. Básicamente, para las especies silvestres de *Phaseolus* ambas distribuciones deben estar sincronizadas (Debouck, 2021), considerando luego una sequía para la dispersión de las semillas, la cual no está presente en los climas mediterráneos. En estos climas, las precipitaciones no ocurren en los meses de temperaturas favorables (veranos sin lluvias) (Miller, 1976). El cultivo del frejol cultivado se basará entonces, en la humedad residual o en las posibilidades de riego.

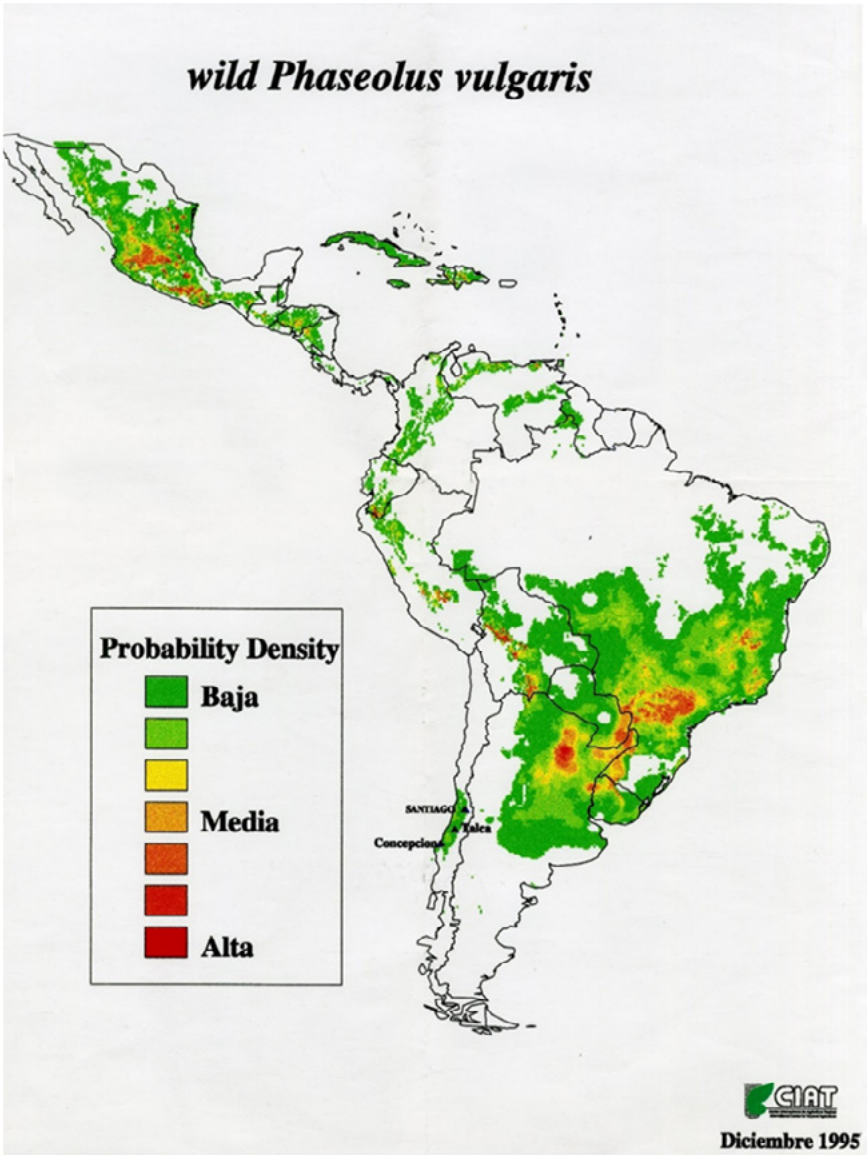


Figura 1. Mapa original de probabilidades que usaron M. Paredes; V. Becerra; D.G. Debouck; I. Matus en febrero de 1996, para buscar poblaciones de *Phaseolus vulgaris* L. silvestre en la zona central de Chile, elaborado por el Programa de Uso de Tierras del CIAT, en diciembre de 1995.

Puede ser útil terminar esta parte con dos consideraciones. Por un lado, contrario a una opinión frecuente (e.g. Brücher, 1988), sí hay especies silvestres de *Phaseolus* en la vertiente Pacífica de los Andes. Está la forma silvestre de *P. lunatus* del acervo Andino (su sinónimo es *P. rosei* Piper: Freytag y Debouck, 2002) (Motta-Aldana et al., 2010; Serrano-Serrano et al., 2010), distribuida desde el Río Quinde en Ecuador (latitud 00° 16'N), hasta el Río Jequetepeque en el Perú (lat. 07° 10'S) (CIAT, 2022). Además *P. debouckii* A. Delgado (Rendón-Anaya et al., 2017b), está distribuido desde la vertiente sur del Chimborazo (lat. 01° 58'S), hasta el Río Jequetepeque (lat. 07° 10'S). ¿Por qué estas dos especies silvestres no se extendieron más hacia el sur en el lado Pacífico? Cabe destacar que la distribución de ambas especies, termina hacia el sur cuando la Corriente marítima de Humboldt termina su curso a lo largo de las costas de Chile y Perú (aproximadamente lat. 5° S: Shimada, 1999). Se puede formular la hipótesis de que, en la migración inicial desde la América al norte de Panamá estas especies no encontraron condiciones favorables de bosques estacionales, si no al oriente de los Andes.

Por el otro lado, al oriente de los Andes, la forma silvestre de *P. lunatus* (MII, con semillas de menor tamaño: Serrano-Serrano et al., 2010), se extiende desde la costa caribeña de Venezuela (Maquet y Baudoin, 1997), hasta Salta, Argentina (Burkart, 1941) (lat. 23° 10'S). La forma silvestre de *P. vulgaris* se extiende desde los Andes venezolanos (Berglund-Brücher y Brücher, 1976), hasta la sierra de Córdoba en Argentina (Drewes, 2008) (lat. 31° 20'S). Pero, pese a un muestreo aún incompleto, no parece ser una distribución continua, existiendo varias rupturas cuando las condiciones ecológicas no son favorables (Debouck, 2021), y estas rupturas se reflejan en diferencias genéticas reveladas por marcadores moleculares (Khairallah et al., 1992; Tohme et al., 1996; Chacón-Sánchez et al., 2007; Ariani et al., 2017).

Si tanto el frejol común, como el frejol pallar son introducciones en estado cultivado en el territorio chileno, entonces surgen las siguientes preguntas: ¿cuándo?, y ¿de dónde?, y vamos ahora examinar a otras evidencias.

El marco temporal para la acción de las fuerzas evolutivas: Evidencias arqueológicas, históricas y lingüísticas

En los hallazgos arqueológicos de Bird (1988) en el Norte de Chile, se encontró frejol (diferenciados de los pallares), de color rojo oscuro en el basural 'Playa Miller' y en el cementerio 'Playa de los Gringos' al sur de Arica; ambos son de un periodo cerámico (2.500 años a.P.). Estas fechas, fueron también mencionadas por Pearsall (1992). Kaplan y Lynch (1999), revisaron dos muestras de *Phaseolus vulgaris* encontradas en Pichasca (Región de Coquimbo, lat. 30° 25'S), anteriormente fechadas en 4.700 años, y rectificadas a 1.350 años a.P., mediante el acelerador atómico de masa. Puede ser relevante mencionar que, una de las muestras era de tipo reventón (nuña), con fecha de 1.400 años a.P., e igualmente que las mazorcas de maíz en Playa Miller, de 5 a 12 cm de largo, eran de tipo 'pop corn', algunas con granos rojos. Mazorcas de este tamaño y para tostado fueron encontradas en la Costa peruana con fechas de 5.500 años a.P. (Grobman et al., 2012). Cabe recordar que, en la Costa Peruana fueron encontradas las vainas más antiguas de *P. lunatus*: 5.600 años a.P. (Kaplan y Lynch, 1999), precerámicas y de tamaño igual a las contemporáneas. Pero, si en estos tiempos ya hay pallares y frejoles en la Costa peruana (Engel, 1987), aún no aparecen en el norte de Chile (Bird, 1946). Tarrago (1980), reporta para el Noroeste argentino en el Formativo Inferior hace 2.000 años a.P., la presencia de maíz, frejol, cucúrbita y maní. También reporta fechas más tempranas (8.000 años a.P.), pero no calibradas para frejol en Jujuy;

no descarta que pudiera tratarse de frejol silvestre (lo cual está presente en la zona: Toro-Chica et al., 1990). La presencia de frejol en la zona de La Plata, Uruguay, con fecha de 3.000 años a.P. (Iriarte et al., 2004), es notable, porque se debe únicamente al cultivo. Cabe mencionar que, luego de un análisis de diversidad de secuencias génicas en trece *loci* (Mamidi et al., 2011), se estima que el inicio de la domesticación del acervo Andino ocurrió en 8.500 años a.P.

Ruiz (1777-1788), reporta la presencia de frejol en la provincia de Concepción y de Santiago en el primer semestre de 1783, sin dar detalles. En agosto de 1834, en el valle de Quillota (Región de Valparaíso) se menciona la importancia del frejol en la alimentación de la población, especialmente los mineros, los trabajadores del campo y la gente de escasos recursos (Darwin, 1845). Gay (1865), reporta la presencia del pallar en las provincias del Norte (Regiones de Arica y de Tarapacá), y es una de las primeras plantas cultivadas en ese sector. En particular, cabe destacar que Gay (1862), sólo menciona el pallar dentro de los cultivos de los indios, junto con el maíz, la papa, la quinoa, el madi y el ají, dejando entender que los frejoles fueron introducidos por los españoles.

En su 'Botánica Indígena de Chile' escrita entre 1944 y 1955, el padre Wilhelm de Mösbach (1992), reporta la presencia de *P. vulgaris* en la zona araucana (37° a 42° de latitud sur), con nombres mapuches, tales como; 'dengüll' y 'cüllhui'. También reporta la presencia del pallar (*P. lunatus*), pero con nombres comunes quechuas, más no mapuche, dejando entender un origen fuera de esta zona, no obstante, tiene importancia en la alimentación humana. Llama la atención que, pese a tener un nombre mapuche varios autores (Gay, 1862; Philippi, 1863), pensaron que *P. vulgaris* era una introducción desde el mundo mediterráneo. Al respecto, puede ser útil indicar que el frejol común estaba presente en Francia en 1508 (Camus, 1894), en Italia en 1528 (Toussaint-Samat, 1992), y en Alemania en 1542 (Fuchs, 1542). Con el descubrimiento del Estrecho de Magallanes en 1520, era posible llevar granos (comida que se conserva bien en los barcos), desde Chile hasta España y el Mediterráneo, donde el frejol se difundió y fue aceptado muy rápidamente. La prueba del uso temprano del Estrecho de Magallanes para viajar entre Chile y Europa occidental, fue dada por el ejemplo de la papa (Ríos et al., 2007), y el vino desde 1580 (Hobhouse, 2005). Luego de las observaciones de Darwin en 1835 sobre el nitrato de sodio en el área de Tarapacá (Darwin, 1845), era de esperar la explotación de los nitratos y su exportación vía el sur del continente, hasta la apertura del canal de Panamá en 1914 (McCullough, 1977), y los procesos artificiales de fijación del nitrógeno en 1904-1913 (Leigh, 2004). Por eso este periodo 1840-1860, se vieron muchos cambios en la zona central mediterránea de Chile (Gay, 1862).

Finalmente, los datos de glotocronología indican la presencia de *P. vulgaris* en la zona guaraní 1.000 años a.P. (Brown, 2006), y en la Araucanía 600 años a.P. (Brown et al., 2014b). Este trabajo demostró que en el occidente del Chaco, el frejol tiene nombre propio en Matacoan hace 2.400 años. Estas fechas y lugares cobran fuerza bajo el supuesto que estos pueblos no migraron de manera drástica en el Holoceno; este supuesto parece aceptable (Willerslev y Meltzer, 2021). Cabe notar la validez del argumento lingüístico de de Candolle (1883), donde la presencia de un nombre mapuche –propio, de raíz 'den-il', y no derivado – para el frejol deja entender su presencia temprana y previo a la llegada de los españoles a Chile (establecimiento de la ciudad de Santiago en 1541: Coe et al., 1986).

Puede ser relevante terminar esta parte con dos informaciones adicionales. Primero, es importante recordar la presencia humana en Monte Verde al oeste de Puerto Montt hace 15.000 años (Dillehay et al., 2015), con nomadismo y alimentación a partir de recursos pre-agrícolas. Otras fechas y más antiguas en América del Sur (Gruhn, 2020), dejan suponer que Monte Verde no es un artefacto

o 'accidente' excepcional. Es decir, hay presencia humana en Chile unos 5.000 años antes de índices de prácticas agrícolas. Segundo, la presencia del maní y de la yuca, en la Costa peruana como cultivos, hace 8.000 años (Piperno y Dillehay, 2008; Isendahl, 2011, respectivamente), deja suponer un transporte por humanos desde el oriente de los Andes. Actualmente, se piensa que los primeros pasos de la domesticación del maní y de la yuca se dieron en lo que es hoy Tarija en Bolivia (Kochert et al., 1996), y Rondônia en Brasil (Olsen y Schaal, 2001), respectivamente (asumiendo que los parientes silvestres respectivos no experimentaron un cambio drástico en su distribución geográfica). Parodi (1935), reportó el cultivo del maní y de la yuca en las zonas cálidas de Jujuy y en Salta (lat. S 23° a 24° 30'), en periodos prehispánicos. Montaldo-Bustos (1988), mencionó el cultivo del maní y de la yuca por parte de los agricultores atacameños precolombinos (lat. S 18° a 22° 20'). La transferencia hacia el occidente de ambos cultivos, se ve más factible donde la Cordillera de los Andes es más estrecha, es decir, en Chile (ej. Paso Jama, Paso Sico, Paso San Francisco). La migración de semillas desde el oriente es entonces plausible (Rivera, 1999), y con ésta la migración de modos de siembra, manejo, cosecha y consumo.

Las evidencias genéticas y un ramal ancestral de los frejoles chilenos

Ya que no hubo domesticación a partir de una forma silvestre local de *P. vulgaris*, se puede pensar en una introducción del frejol, donde Argentina es opción verosímil, pues unos trabajos (Sonnante et al., 1994; Becerra et al., 2011), mostraron una relación entre la raza 'Chile' (ver abajo), y los silvestres de este país. En este último trabajo, sobre evidencia de polimorfismos en ADN cloroplástico de herencia materna (*cp*DNA) (Corriveau y Coleman, 1988), revelados por PCR-RFLP, llama la atención que una población silvestre de Jujuy (G16796), se confunde entre las variedades cultivadas de la raza 'Chile'. Un trabajo anterior (Chacón-Sánchez et al., 2005), había mostrado que las variedades tradicionales de las tres razas andinas (Singh et al., 1991), incluyendo la raza 'Chile', compartían un haplotipo del *cp*DNA llamado 'C'. En los silvestres del Perú (de Junín hasta Cusco), Bolivia y Argentina (de Jujuy hasta Tucumán), el haplotipo 'C' se encontró en Junín, Apurimac y Cusco (Chacón-Sánchez et al., 2007); también se encontró en un silvestre de Jujuy (G21197), pero no en los silvestres de Bolivia. Cabe mencionar que, hasta un pasado muy reciente, los silvestres eran consumidos por la gente en Catamarca, Argentina (Brücher, 1954), y en Junín, Apurimac y Cusco, Perú (Debouck, 1990). El noroeste argentino ha sido mencionado como foco inicial de la domesticación del germoplasma Andino de *P. vulgaris* (Bitocchi et al., 2013; Rodríguez et al., 2016).

Aparte de su herencia materna, la lenta evolución del *cp*DNA (Schaal et al., 1991; Downie y Palmer, 1992), *versus* la duración de la domesticación, lo convierte en un marcador útil para apuntar a poblaciones originalmente implicadas y su zona de distribución geográfica (asumiendo que estas poblaciones no hayan cambiado de lugar sobre esta misma duración). Este supuesto es aceptable, aunque *P. vulgaris* silvestre ha sido un migrante en tiempos geológicos (Chacón-Sánchez et al., 2007; Rendón-Anaya et al., 2017a). Igualmente, *P. lunatus* silvestre ha sido otro gran migrante (Serrano-Serrano et al., 2010). Puede ser relevante recordar que, la domesticación pudo haber arrancado con la siembra intencional de silvestres (Debouck, 2016). La siembra al occidente de los Andes, lejos de los silvestres originales y de los flujos génicos desfavorables, por ejemplo, con el regreso del carácter dominante de la dispersión de semillas (Koinange et al., 1996), permitió una evolución distinta de *P. vulgaris* ya bajo cultivo y selecciones humanas (Chacón-Sánchez et al., 2021).

La evolución dual del pallar y del frejol

En la agricultura precolombina del Norte (Regiones de Tarapacá y de Antofagasta hasta el Río Loa, limitando con el Desierto de Atacama, 18° 20' a 22° 30' de latitud sur), los agricultores Atacameños cultivaron el pallar y el frejol en los oasis costeros y en las quebradas, gracias a las aguas de avenida (Montaldo-Bustos, 1988). Este autor, también menciona la práctica de hacer canchones, muy semejante a los mahamaes de Chilca y de Villacurí aún en uso en la Costa peruana al sur de Lima, como lo fueron en tiempos precolombinos en Chan Chan y el valle del Virú (Parsons, 1968; Shimada, 1999). La presencia arqueológica del camote, la lúcuma y el pacay deja suponer muchas afinidades con la Costa peruana (Piperno y Pearsall, 1998); para la región atacameña (Montaldo-Bustos, 1988). Cabe notar que hasta la fecha en ambas zonas del Perú y de Chile todas las semillas de pallar y de frejol aparecen como 'modernas', es decir, con los tamaños de las semillas que se conservan hoy en bancos de germoplasma (CIAT, 2022), sin transición desde el estado silvestre.

La diversidad en pallares puede entenderse como una extensión de las variedades cultivadas en las zonas costeras de los departamentos de Ica y Arequipa en el Perú (Sauer, 1950; Valladolid-Chiroque y Voysest-Voysest, 2006), y puede haberse extendido hasta la Araucanía (Montaldo-Bustos, 1988; Wilhelm de Mösbach, 1992). En la colección conservada en Palmira (CIAT, 2022), hay una variedad (G27622), con grano blanco (peso 100 semillas 33.6 g), de hábito voluble encontrada en el municipio de Purén, al noroeste de la Región de Araucanía (38° lat. S), que marcaría el límite por temperatura favorable al crecimiento y extensión de la estación seca (Baudoin, 1989). Esta variedad podría haber sido introducida recientemente (no se reporta nombre vernacular) en Chile, pues tiene lectina M1 (CIAT, 2022), característica del acervo Mesoamericano (Gutiérrez-Salgado et al., 1995). La palabra 'recientemente' debe contextualizarse; Towle (1961), reporta el hallazgo de un *P. lunatus* 'Sieva' en el valle del Río Chicama (La Libertad; Costa peruana) hace 2,700 años a.P., junto con cerámica, maíz, maní y frejol.

En contraste, los frejoles tuvieron un desarrollo particular en la parte central de Chile, al punto de generar allí una raza particular (Singh et al., 1991). Esta raza 'Chile' tiene las siguientes características:

- hábito de crecimiento III: el hábito que mejor tolera el estrés de calor o sequía, en contexto de ausencia de maíz, pues la cantidad de humedad en el suelo no permitió la asociación de ambos cultiuvos
- entrenudos cortos, usualmente menores de 6 cm.
- foliolos terminales pequeños a medianos rómbicos.
- bractéolas triangulares o lanceoladas, de largo menor o igual al cáliz.
- flor con alas y cara interna del estandarte de color lila muy claro o blanco.
- vaina con 4-5 semillas en posición central, con valvas con estrías coloradas de rojo o morado en madurez fisiológica.
- grano usualmente ovalado con peso 100 semillas superior a los 40 g (Fig. 2).
- faseolinas de tipo 'C' o 'H' u otras variantes andinas (Gepts, 1988; Toro-Chica et al., 2007).

La existencia de una raza en una planta cultivada reportada como autógama (Webster et al., 1977; Bliss, 1980), sólo se puede explicar por una tasa real, aunque baja, de polinizaciones cruzadas (Chacón-Sánchez et al., 2021), seguidas por selecciones originales de parte del ambiente y de los

agricultores del lugar, y la duración de las mismas presiones de selección (Debouck, 2000). Varios trabajos han mostrado la validez de esta raza (Blair et al., 2007; Kwak y Gepts, 2009), aunque se puede anticipar en que sea, sobre todo desde el periodo colonial (1536-1817) y la independencia de Chile (1818), una raza pequeña del punto de vista demográfico. De hecho, la llegada de los europeos en la parte central de Chile ha traído los cereales (trigo, avena), la vid y los frutales (Gay, 1862; 1865), que han competido con los frejoles, por una superficie limitada. Por otra parte, desde el establecimiento de Santiago en 1541 y durante el periodo colonial, los intercambios comerciales no han parado de aumentar, y con ellos la introducción de granos de frejol *inter alia* desde Mesoamérica. Los mismos mecanismos que, antes contribuyeron a la constitución de la raza 'Chile', en estos nuevos tiempos aumentaron su heterogeneidad genética; esta situación se reveló mediante marcadores enzimáticos (Paredes y Gepts, 1995), RAPDs (Johns et al., 1997), y microsatélites (Kwak y Gepts, 2009). Desde allí, y durante los dos últimos siglos, la raza 'Chile' ha perdido identidad como lo han mostrado unos análisis genéticos (Beebe et al., 2001; Mamidi et al., 2011). El consumo como 'granados' (en grano verde antes de la madurez fisiológica de la vaina o chaucha) (Singh et al., 1991), puede verse como compromiso entre valor nutricional y digestibilidad, y/o puede reflejar el interés para un menor tiempo de cocción. También, podría ser testigo de la época antigua del consumo de los silvestres en proceso de domesticación, antes de la acumulación de los compuestos antinutricionales (fitohemaglutininas, inhibidor de tripsina: van der Poel, 1990; Sotelo et al., 1995), hacia la madurez de la chaucha y los granos.

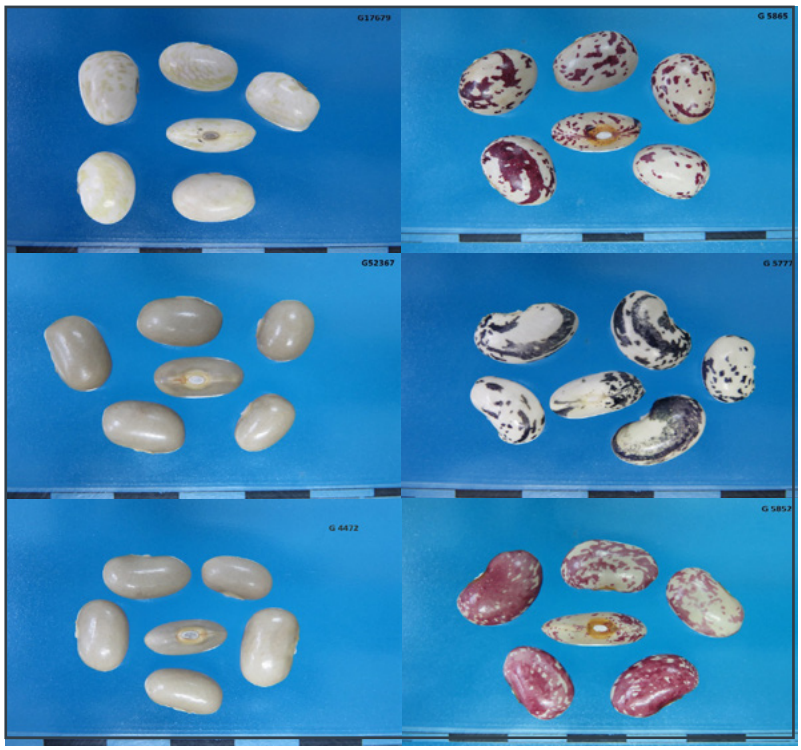


Figura 2. Granos de algunas variedades tradicionales de frejol en Chile y sus respectivos tipos de faseolina. Arriba: 'Coscorrón' (C) y 'Araucano' (H_1). Medio: 'Manteca' (H_1) y 'Sapito' (C). Abajo: 'Tórtola' (To_1, C) y 'Frutilla' (C, H) (Fuente: CIAT, 2022).

La mayoría de las variedades tradicionales de la región de Chillán tienen faseolina 'C' (Paredes y Gepts, 1995), y esta dominancia vuelve a presentarse en la Península Ibérica (Gepts, 1988;

Ocampo et al., 2005), y en Italia (Piergiovanni y Lioi, 2010; Raggi et al., 2013). Una variedad apetecida en Italia llamada 'Borlotto' (Piergiovanni y Lioi, 2010) con grano grande (> 65g) es de la clase 'Cranberry' (Valladolid-Chiroque y Voysest-Voysest, 2006) y tiene faseolina 'C' (CIAT, 2022). Una de las razones de la difusión de la raza 'Chile' hacia la Península Ibérica e Italia, podría ser el color claro de los granos que domina en esta raza (Paredes et al., 2010). Beebe et al., (2001), reportan la presencia de la raza 'Chile' en Turquía y en Irán (¿debido a una misma preferencia sociocultural?). Otra razón, podría estar en el fotoperiodo (importante para la floración y formación de semillas antes de la llegada de temperaturas desfavorables) (Masaya y White, 1991), los puertos del lado occidental de la Península están entre 36° y 41° y de Italia entre 39° y 43° de latitud norte, mientras una zona importante de producción en Chile (con los puertos de Valparaíso y Talcahuano-Concepción), se extiende de 33° a 37° de latitud sur. Cabe notar que, en la zona mediterránea de adopción los frejoles chilenos volvieron a encontrar periodos de temperaturas favorables con escasa o nula precipitación (lluvias en invierno).

Algunas nuevas pistas

Se necesita saber más sobre la antigüedad de la presencia del frejol y del pallar en Chile, 2.000 años a.P. o 4.000 años a.P. o más, no significan lo mismo en términos de variabilidad única y probabilidades de encontrar características agronómicas propias a esta parte de Suramérica. Como características de interés podemos mencionar, por ejemplo, frejoles reventones con hábito de crecimiento propio a la raza Chile u otra reacción al fotoperiodo. A medida que vamos hacia fechas más antiguas y/o zonas menos favorables (más lluviosas, al sur de la Región de Atacama), para restos de mayor tamaño como semillas o vainas, las probabilidades disminuyen. En contraste con el maíz (Brown et al., 2014a) y la yuca (Brown et al., 2013), la glotocronología en frejol (Brown et al., 2014b), y en pallar no ha podido regresar muy atrás en comparación a los datos genéticos (Mamidi et al., 2011). Por lo tanto, para progresar en arqueología, es importante señalar la utilidad de los microfósiles tales como granos de almidón (Piperno, 2012), y pelos uncinados silicificados (Bozarth, 1986). Cabe mencionar que en Italia, sólo en 440 años, ya aparecieron nuevas variantes entre acervos detectados a nivel molecular (Angioi et al., 2010; Gioia et al., 2013; Lioi et al., 2019).

No se ha estudiado suficientemente los pallares de Chile, especialmente, aquellos cultivados al sur del Desierto de Atacama. Varios autores (Philippi, 1863; Reiche, 1898; Hauman, 1923), señalaron un origen en el Perú, pero más allá de las modificaciones de fronteras políticas obvias al final del siglo XIX, las evidencias siguen tenues. Hubo presencia de *P. lunatus* de semillas grandes en el Valle Cinteño, en Chuquisaca, Bolivia, con el nombre de *pallar* (Freyre et al., 1996); este nombre vernacular fue también reportado para los valles de Cochabamba en este país (Cárdenas, 1989). ¿Entonces, hubo también un movimiento de semillas desde el sur boliviano? De hecho, queda la duda en *P. lunatus* si hubo una o dos introducciones, como parece haber sucedido en *P. vulgaris* con los *purutus*, llegando del Perú vía el norte chileno y los *dengüll*, llegando del noroeste argentino. Por otro lado, el interés por los pallares que parecen haber sido frecuentemente cultivos de huertas (Gay, 1865), tuvieron un menor comercio a distancia, lo que podría justificar otras pistas sobre la propia evolución de los frejoles.

El mapeo comparativo (García et al., 2021; Moghaddam et al., 2021), y la edición de genes (Bhatta y Malla, 2020; Ku y Ha, 2020), actualmente en pleno auge, se podrían usar sobre la extensión completa de la variación real (que no es sinónimo de la variación en colecciones). En los recursos genéticos del pallar chileno, entre Arica y Purén, es obvio que hay un 'hueco'. Más que disertar sobre el hueco, habría que llenarlo. Tratándose de plantas cultivadas, el mejor retorno para los genotipos únicos es mediante las encuestas etnobotánicas.

Agradecimientos

La invitación de parte de los colegas Viviana Becerra y Mario Paredes de presentar este ensayo, es calurosamente agradecida por el autor. El autor expresa un gran agradecimiento a las siguientes personas por su apoyo y/o confirmación de un dato: Rupert Best, Francesca Giampieri, Peter Jones, Isaac Maldonado, Inés Meza, Umberto Mossetti, Chiara Nepi, Marcela Santaella, Luis Guillermo Santos, Orlando Toro y Eliana Urquijo. Es muy grato extender un especial agradecimiento a Josefina Martínez, por su cuidadosa revisión del manuscrito y a Yurany García para la preparación de la Figura 2. El autor agradece al Centro Internacional de Agricultura Tropical y al Instituto de Investigaciones Agropecuarias, por el apoyo para el viaje de 1996 al centro de Chile. El apoyo de Fondecyt (Chile), para el proyecto (Fondecyt Regular 1980164), "Origen y base genética del frejol tradicional chileno: sus implicaciones para el mejoramiento y la conservación de este recurso", es muy agradecido. El autor también agradece a las bibliotecas de Missouri Botanical Garden, Real Jardín Botánico de Madrid y Biblioteca Nacional de Chile, por su colaboración para acceder a varios documentos antiguos. Todos los errores anteriores son del autor y no comprometen en nada a las instituciones y personas aquí mencionadas.

Referencias

Angioi, S., Rau, D., Attene, G., et al. 2010. Beans in Europe: Origin and structure of the European landraces of *Phaseolus vulgaris* L. Theor. Appl. Genet. 121(5):829-843.

Ariani, A., Berny-Mier y Terán, J., Gepts, P. 2017. Spatial and temporal scales of range expansion in wild *Phaseolus vulgaris*. Mol. Biol. Evol. 35(1):119-131.

Baudoin, J. 1989. L'amélioration de *Phaseolus lunatus* L. en zones tropicales. 2. Ecologie et physiologie. Bull. Rech. Agron. Gembloux 24(1):5-32.

Becerra, V., Paredes, M., Debouck, D. 2011. Genetic relationships of common bean (*Phaseolus vulgaris* L.) race Chile with wild Andean and Mesoamerican germplasm. Chilean J. Agric. Res. 71(1):3-15.

Beebe, S., Castro, A., Rodríguez, F., et al. 1997. The use of geographical information systems to locate wild *Phaseolus vulgaris* in Honduras. Annu. Rep. Bean Improv. Coop. (USA) 40:26-27.

Beebe, S., Rengifo, J., Gaitán, E., et al. 2001. Diversity and origin of Andean landraces of common bean. Crop Sci. 41(3):854-862.

Bentham, G. 1837. Commentationes de leguminosarum generibus (pp. 72-78). J.P. Sollingeri. Vienna, Austria.

Berglund-Brücher, O., Brücher, H. 1976. The South American wild bean (*Phaseolus aborigineus* Burk.) as ancestor of the common bean. Econ. Bot. 30(3):257-272.

Bhatta, B., Malla, S. 2020. Improving horticultural crops via CRISPR/ Cas9: Current successes and prospects. Plants 9(1360):1-19.

Bird, J. 1946. The cultural sequence of the north Chilean coast. Bur. Am. Ethnol. Bull. 143(2):587-594.

Bird, J. 1988. Excavaciones en el Norte de Chile (traducción de M.A. Rivera-Díaz). Ediciones Universidad de Tarapacá. Arica, Chile. 140p.

Bitocchi, E., Bellucci, E., Giardini, A. 2013. Molecular analysis of the parallel domestication of the common bean (*Phaseolus vulgaris*) in Mesoamerica and the Andes. New Phytol. 197(1):303-313.

Blair, M., Díaz, J., Hidalgo, R., et al. 2007. Microsatellite characterization of Andean races of common bean (*Phaseolus vulgaris* L.). Theor. Appl. Genet. 116(1):29-43.

Bliss, F. 1980. Common bean (pp. 273-284). In Fehr, W., Hadley, H. (eds.). Hybridization of crop plants. American Society of Agronomy and Crop Science Society of America. Madison, Wisconsin, USA.

Bozarth, S. 1986. Morphologically distinctive *Phaseolus*, *Cucurbita*, and *Helianthus annuus* phytoliths (pp. 56-66). In I. Rovner (ed.). Plant opal phytolith analysis in archaeology and paleoecology. Proceedings of the 1984 phytolith research workshop. North Carolina State University. Raleigh, North Carolina, USA.

Brown, C. 2006. Prehistoric chronology of the common bean in the New World: The linguistic evidence. Am. Anthropol. 108(3):507-516.

Brown, C., Clement, C., Epps, P., et al. 2013. The paleobiolinguistics of domesticated manioc (*Manihot esculenta*). Ethnobiol. Lett. 4:61-70.

Brown, C., Clement, C., Epps, P., et al. 2014a. The paleobiolinguistics of maize (*Zea mays* L.). Ethnobiol. Lett. 5:52-64.

Brown, C., Clement, C., Epps, P., et al. 2014b. The paleobiolinguistics of the common bean (*Phaseolus vulgaris* L.). Ethnobiol. Lett. 5:104-115.

Brücher, H. 1954. Argentinien – Urheimat unserer Bohnen. Umschau Wiss. u Technik 54(1):14-15.

Brücher, H. 1988. The wild ancestor of *Phaseolus vulgaris* in South America. (pp. 185-214). In P. Gepts (ed.). Genetic resources of *Phaseolus* beans: Their maintenance, domestication, evolution and utilization. Kluwer Academic Publishers. Dordrecht, Holland.

Burkart, A. 1941. Sobre la existencia de razas silvestres de *Phaseolus vulgaris* y *P. lunatus*. Resoluciones y Resumenes de Botánica, Primera Reunión Argentina de Agronomía. Buenos Aires, Argentina. p.52.

Camus, J. 1894. Les noms des plantes du livre d'Heures d'Anne de Bretagne. J. Bot. 8: 325-335, 345-352, 366-375, 396-401.

Cárdenas, M. 1989. Manual de plantas económicas de Bolivia. 2da edición. Editorial Los Amigos del Libro. Cochabamba, Bolivia. 291p.

Chacón-Sánchez, M., Martínez-Castillo, J., Duitama, J., et al. 2021. Gene flow in *Phaseolus* beans and its role as a plausible driver of ecological fitness and expansion of cultigens. Front. Ecol. Evol. 9(618709):1-25.

Chacón-Sánchez, M., Pickersgill, B., Debouck, D. 2005. Domestication patterns in common bean (*Phaseolus vulgaris* L.) and the origin of the Mesoamerican and Andean cultivated races. Theor. Appl. Genet. 110 (3):432-444.

Chacón-Sánchez, M., Pickersgill, B., Debouck, D., et al. 2007. Phylogeographic analysis of the chloroplast DNA variation in wild common bean (*Phaseolus vulgaris* L.) in the Americas. Pl. Syst. Evol. 266(3-4):175-195.

CIAT. 2022. *Phaseolus* genebank at International Center for Tropical Agriculture, Cali, Colombia: passport data of *Phaseolus* accessions. Available from: https://ciat.cgiar.org/what-we-do/crop-conservation-and-use/; accessed on:7 January 2022.

Coe, M., Snow, D., Benson, E. 1986. Atlas of ancient America. Equinox Books. Oxford, England. 240p.

Corriveau, J., Coleman, A. 1988. Rapid screening method to detect potential biparental inheritance of plastid DNA and results for over 200 angiosperm species. Am. J. Bot. 75(10):1443-1458.

Darwin, C. 1845. The voyage of the Beagle: Journal of researches into the natural history and geology of the countries visited during the voyage of H.M.S. Beagle round the world. John Murray. London, England. 412p.

Debouck, D. 1990. Wild beans as a food resource in the Andes. Annu. Rep. Bean Improv. Coop. (USA) 33:102-103.

Debouck, D. 2000. Genetic resources of *Phaseolus* beans: Patterns in time, space, and people. (pp. 17-39). In M.A. Fueyo Olmo, A.J. González Fernández, J.J. Ferreira Fernández, et al. (eds.). La judía en un nuevo marco de calidad. 2nd Seminario de Judía de la Península Ibérica, Asturgraf. Villaviciosa, Asturias, Spain.

Debouck, D. 2016. Your beans of the last harvest and the possible adoption of bright ideas (pp. 367-387). In R. Lira, A. Casas, J. Blancas (eds.). Ethnobotany of Mexico: Interactions of people and plants in Mesoamerica. Springer. New York, New York, USA.

Debouck, D. 2021. *Phaseolus* beans (Leguminosae, Phaseoleae): A checklist and notes on their taxonomy and ecology. J. Bot. Res. Inst. Texas 15(1):73-111.

Debouck, D., Araya-Villalobos, R., Ocampo-Sánchez, R., et al. 1989. Collecting *Phaseolus* in Costa Rica. FAO/IBPGR Plant Genet. Resour. Newsl. 78/79:44-46.

de Candolle, A. 1825. Prodromus systematis naturalis regni vegetabilis. Pars II. Treuttel y Würtz. Paris, France. 644p.

de Candolle, A. 1883. Origine des plantes cultivées. Librairie Germer Baillière et Cie. Paris, France, 378p.

Delgado-Salinas, A., Bibler, R., Lavin, M. 2006. Phylogeny of the genus *Phaseolus* (Leguminosae): A recent diversification in an ancient landscape. Syst. Bot. 31(4):779-791.

Delgado-Salinas, A., Thulin, M., Pasquet, R., et al. 2011. *Vigna* (Leguminosae) *sensu lato*: the names and identities of the American segregate genera. Am. J. Bot. 98(10):1694-1715.

Dietrich, D. 1847. Synopsis plantarum seu enumeratio systematica plantarum plerumque adhuc cognitarum cum differentiis specificis et synonymis selectis ad modum Persoonii elaborata (pp. 731-1692). Sectio Quarta. Bernhard Friedrich Voigth. Weimar, Germany.

Dillehay, T., Ocampo, C., Saavedra, J., et al. 2015. New archaeological evidence for an early human presence at Monte Verde, Chile. PLoS ONE 10(11):1-27. (e0141923).

Don, G. 1832. A general system of gardening and botany containing a complete enumeration and description of all plants hitherto known. J.G., F. Rivington. London, England. 2:349-356.

Downie, S., Palmer, J. 1992. Use of chloroplast DNA rearrangements in reconstructing plant phylogeny (pp.14-35). In P.S. Soltis, D.E. Soltis, J.J. Doyle (eds.). Molecular systematics of plants. Chapman and Hall. New York, New York, USA.

Drewes, S. 2008. Prospección y colecta de germoplasma silvestre de *Phaseolus vulgaris* en la zona central de Argentina. Plant Genet. Resour. Newsl. 155:9-14.

Engel, F. 1987. De las begonias al maíz: Vida y producción en el Perú antiguo. Centro de Investigaciones de Zonas Áridas. Universidad Nacional Agraria. La Molina, Lima, Perú. 255p.

Fofana B., Baudoin, J., Vekemans, X., et al. 1999. Molecular evidence for an Andean origin and a secondary gene pool for the Lima bean (*Phaseolus lunatus* L.) using chloroplast DNA. Theor. Appl. Genet. 98(2):202-212.

Freyre, R., Ríos, R., Guzmán, L., et al. 1996. Ecogeographic distribution of *Phaseolus* spp. (Fabaceae) in Bolivia. Econ. Bot. 50(2):195-215.

Freytag, G., Debouck, D. 2002. Taxonomy, distribution, and ecology of the genus *Phaseolus* (Leguminosae-Papilionoideae) in North America, Mexico and Central America. SIDA Bot. Misc. 23:1-300.

Fuchs, L. 1542. De historia stirpium commentarii insignes, maximis impensis et vigiliis elaborati. Isingrin. Basel, Switzerland. 900p.

García, T., Duitama, J., Smolenski-Zullo, S., et al. 2021. Comprehensive genomic resources related to domestication and crop improvement traits in Lima bean. Nat. Commun. 12(702):1-17.

Gay, C. 1846. Historia física y política de Chile. Botánica. Tomo segundo. Museo de Historia Natural de Santiago. Santiago, Chile. 534p.

Gay, C. 1862. Historia física y política de Chile. Agricultura. Tomo primero. Museo de Historia Natural de Santiago. Santiago, Chile. 340p.

Gay, C. 1865. Historia física y política de Chile. Agricultura. Tomo segundo. Museo de Historia Natural de Santiago. Santiago, Chile. 450p.

Gepts, P. 1988. Phaseolin as an evolutionary marker (pp. 215-241). In P. Gepts (ed.). Genetic resources of *Phaseolus* beans: Their maintenance, domestication, evolution and utilization. Kluwer Academic Publishers. Dordrecht, Holland.

Gioia, T., Logozzo, G., Attene, G., et al. 2013. Evidence for introduction bottleneck and extensive inter-gene pool (Mesoamerica x Andes) hybridization in the European common bean (*Phaseolus vulgaris* L.) germplasm. PLoS ONE 8(10):1-14(e75974).

Grobman, A., Bonavia, D., Dillehay, T., et al. 2012. Preceramic maize from Paredones and Huaca Prieta, Peru. Proc. Natl. Acad. Sci. USA 109(5):1755-1759.

Gruhn, R. 2020. Evidence grows for early peopling of the Americas. Nat. 584:47-48.

Gunckel-Luer, H. 2020. Plantas chilenas descritas como nuevas por Juan Ignacio Molina y sus concordancias con la nomenclatura actual. Chloris Chilensis 23(2):80-93.

Gutiérrez-Salgado, A., Gepts, P., Debouck, D. 1995. Evidence for two gene pools of the Lima bean, *Phaseolus lunatus*, in the Americas. Genet. Resour. Crop Evol. 42(1):15-28.

Hassler, E. 1923. Revisio specierum austro-americanarum generis *Phaseoli* L. Candollea 1: 417-472.

Hauman, L. 1923. Notes sur le saule sud-américain et sur la valeur des espèces botaniques décrites par Molina. Physis (Buenos Aires) 7(24):67-81.

Hobhouse, H. 2005. Seeds of wealth: Five plants that made men rich. Shoemaker y Hoard. New York, New York, USA. 313p.

Iriarte, J., Holst, I., Marozzi, O., et al. 2004. Evidence for cultivar adoption and emerging complexity during the mid-Holocene in the La Plata basin. Nat. 432(7017):614-617.

Isendahl, C. 2011. The domestication and early spread of manioc (*Manihot esculenta* Crantz): A brief synthesis. Latin Am. Antiq. 22(4):452-468.

Johns, M., Skroch, P., Nienhuis, J., et al. 1997. Gene pool classification of common bean landraces from Chile based on RAPD and morphological data. Crop Sci. 37(2):605-613.

Jones, P., Beebe, S., Tohme, J., et al. 1997. The use of geographical information systems in biodiversity exploration and conservation. Biodivers. Conserv. 6(6-7):947-958.

Kaplan, L., Lynch, T. 1999. *Phaseolus* (Fabaceae) in archaeology: AMS radiocarbon dates and their significance for pre-Colombian agriculture. Econ. Bot. 53(3):261-272.

Khairallah, M., Sears, B., Adams, M. 1992. Mitochondrial restriction fragment length polymorphisms in wild *Phaseolus vulgaris* L.: Insights on the domestication of the common bean. Theor. Appl. Genet. 84(7-8):915-922.

Kochert, G., Stalker, H., Gimenes, M., et al. 1996. RFLP and cytogenetic evidence on the origin and evolution of allotetraploid domesticated peanut, *Arachis hypogea* (Leguminosae). Am. J. Bot. 83(10):1282-1291.

Koinange, E., Singh, S., Gepts, P. 1996. Genetic control of the domestication syndrome in common bean. Crop Sci. 36(4):1037-1045.

Ku, H.-K., Ha, S.-H. 2020. Improving nutritional and functional quality by genome editing of crops: Status and perspectives. Front. Plant Sci. 11(577313):1-14.

Kwak, M., Gepts, P. 2009. Structure of genetic diversity in the two major gene pools of common bean (*Phaseolus vulgaris* L., Fabaceae). Theor. Appl. Genet. 118(5):979-992.

Lackey, J. 1983. A review of generic concepts in American Phaseolinae (Fabaceae, Faboideae). Iselya 2(2):21-64.

Leigh, G. 2004. The world's greatest fix - A history of nitrogen and agriculture. Oxford University Press. New York, New York, USA. 242p.

Linnaeus, C. 1753. Species Plantarum. Tomus II (pp. 723-725). A facsimile (1957-1959) of the first edition. Ray Society, London, England.

Lioi, L., Zuluaga, D., Pavan, S., et al. 2019. Genotyping-by-sequencing reveals molecular genetic diversity in Italian common bean landraces. Diversity 11(9):1-14.

Mackie, W. 1943. Origin, dispersal, and variability of the Lima bean, *Phaseolus lunatus*. Hilgardia 15(1):1-24.

Mamidi, S., Rossi, M., Annam, D., et al. 2011. Investigation of the domestication of common bean (*Phaseolus vulgaris*) using multilocus sequence data. Funct. Plant Biol. 38(12):953-967.

Maquet, A., Baudoin, J. 1997. Aperçu de la distribution néotropicale de *Phaseolus lunatus*. Belg. J. Bot. 130(1):93-116.

Maréchal, R., Mascherpa, J., Stainier, F. 1978. Etude taxonomique d'un groupe complexe d'espèces des genres *Phaseolus* et *Vigna* (Papilionaceae) sur la base de données morphologiques et polliniques, traitées par l'analyse informatique. Boissiera 28:1-273.

Martius, C. 1859. Flora brasiliensis: Enumeratio plantarum in Brasilia hactenus detectarum. Vol. 15 part 1 (pp. 180-193). Lipsiae. Munchen, Germany.

Masaya, P., White, J. 1991. Adaptation to photoperiod and temperature (pp. 445-500). In A. van Schoonhoven, O. Voysest (eds.). Common beans: Research for crop improvement. Commonwealth Agricultural Bureaux International. Wallingford, United Kingdom.

McCullough, D. 1977. The path between the seas. The creation of the Panamá canal 1870-1914. Simon and Schuster. New York, New York, USA. 698p.

Miller, A. 1976. The climate of Chile (pp. 113-145). In W. Schwerdtfeger (ed.). Climates of Central and South America. Elsevier. Amsterdam, Holland.

Moghaddam, S., Oladzad, A., Koh, C., et al. 2021. The tepary bean genome provides insight into evolution and domestication under heat stress. Nat. Commun. 12(2638):1-14.

Molina, G. 1782. Saggio sulla Storia naturale del Chili. Stamperia de San Tommaso d'Aquino. Bologna, Italia. 367p.

Molina, G. 1810. Saggio sulla Storia naturale del Chili. 2da edizione. Fratelli Masi y Co. Bologna, Italia. 306p.

Montaldo-Bustos, P. 1988. Agricultura precolombina en Chile. Agro Sur 16(2):132-139.

Motta-Aldana, J., Serrano-Serrano, M., Hernández-Torres, J., et al. 2010. Multiple origins of Lima bean landraces in the Americas: Evidence from chloroplast and nuclear DNA polymorphisms. Crop Sci. 50(5):1773-1787.

Ocampo, C., Martín, J., Sánchez-Yélamo, M., et al. 2005. Tracing the origin of Spanish common bean cultivars using biochemical and molecular markers. Genet. Resour. Crop Evol. 52(1):33-40.

Olsen, K., Schaal, B. 2001. Microsatellite variation in cassava (*Manihot esculenta*, Euphorbiacae) and its wild relatives: further evidence for a southern Amazonian origin of domestication. Am. J. Bot. 88(1):131-142.

Palacios, R.A., Vilela, A. 1993. Las especies argentinas de *Phaseolus,* un recurso genético que necesita protección (pp. 123-139). In A.M. Clausen, E.L. Camadro, A.F. López Camelo et al. (eds.). Recursos genéticos hortícolas - Actas del II Simposio Latinoamericano sobre Recursos Genéticos de Especies Hortícolas, Instituto Nacional de Tecnología Agropecuaria. Mar del Plata, Argentina.

Paredes, M., Becerra, V., Tay, U., et al. 2010. Selection of a representative core collection from the Chilean common bean germplasm. Chilean J. Agric. Res. 70(1):3-15.

Paredes, O.M., Gepts, P. 1995. Extensive introgression of Middle American germplasm into Chilean common bean cultivars. Genet. Resour. Crop Evol. 42(1):29-41.

Parodi, L. 1935. Relaciones de la agricultura prehispánica con la agricultura actual. An. Acad. Nac. Agron. Veter. Buenos Aires 1:115-167.

Parsons, J. 1968. The archaeological significance of *mahamaes* cultivation on the coast of Peru. Am. Antiq. 33(1):80-85.

Pearsall, D. 1992. The origins of plant cultivation in South America (pp. 173-205). In C.W. Cowan and P.J. Watson (eds.). The origins of agriculture: An international perspective. Smithsonian Institution Press. Washington, D.C., USA.

Philippi, R. 1859. Ueber die Chilenische Palme und den Pallar Molina's. Botanische Zeitung 43: 361-364.

Philippi, R. 1863. Comentario sobre las plantas chilenas descritas por el abate D. Juan Ignacio Molina, por el Doctor R. A. Philippi. An. Univ. Chile 22(6):699-741.

Piergiovanni, A., Lioi, L. 2010. Italian common bean landraces: History, genetic diversity and seed quality. Diversity 2(6):837-862.

Piper, C. 1926. Studies in American Phaseolinae. Contr. U.S. Natl. Herb. 22(9):663-701.

Piperno, D. 2012. New archaeobotanical information on early cultivation and plant domestication involving microplant (phytolith and starch grain) remains (pp. 136-159). In P. Gepts, Th.R. Famula, R.L. Bettinge, et al. (eds.). Biodiversity in agriculture – Domestication, evolution, and sustainability. Cambridge University Press. Cambridge, United Kingdom.

Piperno, D., Dillehay, T. 2008. Starch grains on human teeth reveal early broad crop diet in northern Peru. Proc. Natl. Acad. Sci. USA 105(50):19622-19627.

Piperno, D., Pearsall, D. 1998. The origins of agriculture in the lowland Neotropics. Academic Press. San Diego, California, USA. 400p.

Raggi, L., Tiranti, B., Negri, V. 2013. Italian common bean landraces: Diversity and population structure. Genet. Resour. Crop Evol. 60(4):1515-1530.

Reiche, K. 1898. Flora de Chile. Tomo Segundo. Imprenta Cervantes. Santiago, Chile. 397p.

Rendón-Anaya, M., Montero-Vargas, J., Saburido-Alvarez, S., et al. 2017a. Genomic history of the origin and domestication of common bean unveils its closest sister species. Genome Biol. 18(60):1-17.

Rendón-Anaya, M., Herrera-Estrella, A., Gepts, P., et al. 2017b. A new species of *Phaseolus* (Leguminosae, Papilionoideae) sister to *Phaseolus vulgaris*, the common bean. Phytotaxa 313(3):259-266.

Ríos, D., Ghislain, M., Rodríguez, F., et al. 2007. What is the origin of the European potato? Evidence from the Canary Island landraces. Crop Sci. 47(3):1271-1280.

Rivera, M. 1999. Prehistory of the Southern Cone (pp. 734-768). In F. Salomon, S.B. Schwartz (eds.). The Cambridge history of the native peoples of the Americas. Vol. 3, South America, part 1. Cambridge University Press. Cambridge, United Kingdom.

Rodríguez, M., Rau, D., Bitocchi, E., et al. 2016. Landscape genetics, adaptative diversity and population structure in *Phaseolus vulgaris*. New Phytol. 209(4):1781-1794.

Ruiz, H. 1777-1788. Relación del viaje hecho a los reynos del Perú y Chile. Transcribed by J. Jaramillo-Arango. Translated by R.E. Schultes, M.J. Nemry von Thenen de Jaramillo-Arango. 1998. Timber Press. Portland, Oregon, USA. 357p.

Sauer, C. 1950. Cultivated plants of South and Central America (pp. 487-543). In J.H. Steward (ed.). Handbook of South American Indians. Smithsonian Institution, Bureau of American ethnology. Bull. 143, Vol. 6. Washington, D.C., USA.

Schaal, B., O'Kane S., Rogstad, S. 1991. DNA variation in plant populations. Trends Ecol. Evol. 6(10):329-333.

Serrano-Serrano, M., Hernández-Torres, J., Castillo-Villamizar, G., et al. 2010. Gene pools in wild Lima beans (*Phaseolus lunatus* L.) from the Americas: Evidences for an Andean origin and past migrations. Molec. Phylogenet Evol. 54(1):76-87.

Shimada, I. 1999. Evolution of Andean diversity: regional formations (500 b.c.e - c.e. 600), (pp. 350-517). In F. Salomon, S.B. Schwartz (eds.) The Cambridge history of the native peoples of the Americas. Vol. 3, South America, part 1. Cambridge University Press. Cambridge, United Kingdom.

Singh, S., Gepts, P., Debouck, D. 1991. Races of common bean (*Phaseolus vulgaris*, Fabaceae). Econ. Bot. 45(3):379-396.

Sonnante, G., Stockton, T., Nodari, R., et al. 1994. Evolution of genetic diversity during the domestication of common bean (*vulgaris* L.). Theor. Appl. Genet. 89 (5):629-635.

Sotelo, A., Sousa, H., Sánchez, M. 1995. Comparative study of the chemical composition of wild and cultivated beans (*Phaseolus vulgaris*). Plant Foods Hum. Nutr. 47(2):93-100.

Sousa-Sánchez, M., Delgado-Salinas, A. 1993. Mexican Leguminosae: phytogeography, endemism, and origins (pp. 459-511). In T.P. Ramamoorthy, R. Bye, A. Lot, J. Fa (eds.). Biological diversity of Mexico: Origins and distribution. Oxford University Press, Inc. New York, USA.

Tarrago, M. 1980. El proceso de agriculturización en el noroeste argentino, zona valliserrana (pp. 181-218). Actas V Congreso Nacional de Arqueología Argentina, Tomo 1. Univ. Nac. San Juan, Inst. Invest. Arqueol. Mus.

Tohme, J., González, D., Beebe, S., et al. 1996. AFLP analysis of gene pools of a wild bean core collection. Crop Sci. 36(4):1375-1384.

Toro-Chica, O., Ocampo, C., Debouck, D. 2007. Phaseolin: Variability and reference materials in wild and cultivated common bean. Annu. Rep. Bean Improv. Coop. (USA) 50:69-70.

Toro-Chica, O., Tohme, J., Debouck, D. 1990. Wild bean (*Phaseolus vulgaris* L.): Description and distribution. International Board for Plant Genetic Resources, Rome, Italy and Centro Internacional de Agricultura Tropical, Cali, Colombia. 106p.

Toussaint-Samat, M. 1992. A history of food. Blackwell Publishing Ltd. Oxford, England. 801p.

Towle, M. 1961. The ethnobotany of pre-Columbian Peru. Aldine Publishing Company. Chicago, Illinois, USA. 180p.

Valladolid-Chiroque, A., Voysest-Voysest, O. 2006. Clases comerciales de leguminosas de grano: Catálogo para orientar la comercialización en los mercados nacionales e internacionales. Promenestras Tex. Chiclayo, Peru. 107p.

van der Poel, A. 1990. Effect of processing on antinutritional factors and protein nutritional value of dry beans (*Phaseolus vulgaris* L.). A review. Anim. Feed Sci. Technol. 29(3-4):179-208.

van Eseltine, G. 1931. Variation in the Lima bean, *Phaseolus lunatus* L., as illustrated by its synonymy. New York Agric. Exp. Sta. Techn. Bull. 182:3-24.

Webster, B., Tucker, C., Lynch, S. 1977. A morphological study of the development of reproductive structures of *Phaseolus vulgaris* L. J. Am. Soc. Hort. Sci. 102(5):640-643.

Westphal, E. 1974. Pulses in Ethiopia, their taxonomy and agricultural significance. Agric. Res. Rep. 815. (pp. 129-151). Wageningen, The Netherlands.

Wilhelm de Mösbach, E. 1992. Botánica indígena de Chile. Editorial Andrés Bello. Santiago de Chile, Chile. 140p.

Willerslev, E., Meltzer, D. 2021. Peopling of the Americas as inferred from ancient genomics. Nat. 594:356-364.

Capítulo 7. Caracterización de la raza ecográfica Chile

Viviana Becerra V., Mario Paredes C., Paul Gepts.

Diversos estudios bioquímicos y moleculares han permitido establecer la existencia de dos acervos genéticos con accesiones silvestres y cultivadas: el Mesoamericano, que se ubica desde México a Colombia y Venezuela, y el Andino que se extiende desde el sur del Perú hasta Chile (Becerra y Gepts, 1994; Debouck, 1996; Beebe et al., 1997; 2001; Chacón et al., 2005; Kwak y Gepts, 2009). Además de dos centros, los frejoles silvestres pueden contener un tercer acervo genético ubicado en la región entre Ecuador y el norte de Perú (Debouck et al., 1993; Kami et al., 1995; Tohme et al., 1995; Beebe et al., 1997; Islam et al., 2001; Rendón-Anaya et al., 2017a; b) y la posibilidad de algunos centros secundarios de domesticacion (Tohme et al.,1996; Beebe et al., 1997; Santalla et al., 2002). Los dos acervos genéticos, se pueden subdividir en siete grupos de 'landraces' relacionadas, los que comparten algunas características morfológicas, agronómicas, fisiológicas, bioquímicas y moleculares, denominadas razas ecogeográficas domesticadas. En el acervo genético Mesoamericano, se encuentran las razas Mesoamérica; Durango, Jalisco (Singh et al., 1991a) y Guatemala (Beebe et al., 2000; Diaz y Blair, 2006), y en el acervo genético Andino, las razas Chile, Nueva Granada y Perú (Singh et al., 1991a) y la posibilidad de algunos centros secundarios de domesticación (Tohme et al., 1996; Beebe et al., 1997; Santalla et al., 2002).

Posible origen del frejol chileno

Estudios recientes ubican el posible origen del frejol chileno en el noroeste de Argentina (Trucchi et al., 2021; Arriagada et al., 2024). En este sentido, se plantea que la introducción del frejol a Chile, se realizó a través de la Cordillera de los Andes, producto de los contactos entre las poblaciones de la vertiente occidental y oriental, como lo demuestran los datos arqueológicos y genéticos (Blair et al., 2007b). Por otro lado, se menciona también que, aunque el origen del frejol puede ser argentino y que las poblaciones chilenas y argentinas evaluadas podrían estar relacionadas con poblaciones peruanas (Arriagada et al., 2024; Becerra et al., 2011; Debouck, Cap 6 en este libro). En este sentido, es importante mencionar que las poblaciones prehispánicas asentadas en la zona norte del Chile, pudieron haber recibido incluso, influencias desde Bolivia (Becerra et al., 2011), a través de las culturas Tiwanaku e inca que estuvieron presente en esta zona y considerando que el Imperio inca llegó hasta la región del Maule, zona central del país (ver Capítulo 3, en este libro).

Colección, conservación, caracterización del germoplasma colectado en Chile

Frejol silvestre. Exploraciones en búsqueda de frejol silvestre en Chile. Con el objetivo de detectar la posible presencia de frejol silvestre, se realizaron dos exploraciones: la primera,

en la zona norte de Arica basada en la historia de la presencia del frejol en esa zona (Becerra y Paredes, 2001; Informe técnico Proyecto Fondecyt 1980) y la segunda, en la zona central del país, guiada por el mapa de probabilidades de condiciones agroclimáticas realizado por CIAT, el cual indicaba una baja probabilidad de la presencia de frejol silvestre en esta zona (Debouck, Cap. 6 en este libro).

En la primera exploración realizada en año 1999 participaron los investigadores de INIA Viviana Becerra y Mario Paredes, en conjunto con investigadores de la Universidad de Tarapacá, ubicada en la ciudad de Arica, región Arica-Parinacota (18° 28´ S.Lat.). Esta exploración permitió colectar información histórica de la presencia del frejol en la zona, y prospectar el valle de Azapa, la pampa de Chaca, Codpa, la quebrada de Vitor, el Valle de Quisma, Colonia de Pintado, Pozo Almonte, las quebradas de Teliviche y Tana y las localidades de Suca y Miñe-Miñe. Además, de visitar y conversar con los especialistas a cargo del Museo Arqueológico San Miguel de Azapa que posee colecciones de diversos materiales arqueológicos, incluyendo algunas semillas de frejol (Becerra y Paredes, 2001; Informe técnico, Proyecto Fondecyt 1980).

Producto de esta visita, el director del Museo proporcionó algunos ejemplares de semillas de frejoles fechadas entre 1.000 y 1.400 d.C., para realizar un análisis molecular en el Smithsonian Museum Support Center, Maryland, USA, en colaboración con la Dra. Elizabeth Zimmer, Botánica y la Dra. Noreen Tuross, experta en ADN arqueológico. En este caso, aunque se extrajo ADN de las muestras, su estado de degradación no permitió estudiar a nivel ribosomal las muestras. Probablemente, el ADN degradado se debió a las malas condiciones de las semillas analizadas (Becerra y Paredes, 2001; Informe técnico Proyecto Fondecyt 1980).

En la segunda exploración del frejol, participaron los investigadores Viviana Becerra, Mario Paredes, Daniel Debouck e Iván Matus. En esta exploración, se recorrieron diferentes localidades ubicadas entre la cordillera de la costa, valle y precordillera andina, desde la región de Ñuble (36° 36´S) hasta el Cerro la Campana (32° 55´ S), región de Valparaíso (Debouck, Cap. 6 en este libro). Estas dos exploraciones permitieron confirmar la ausencia de frejol silvestre en el país (Becerra y Paredes, 2001; Informe técnico, Proyecto Fondecyt 1980).

Adaptación de frejol silvestre a la zona centro y centro-sur del país. Dada la presencia del frejol en la época prehispánica, en la zona norte de Chile, y el informe del CIAT que indicaba una escasa probabilidad de la presencia de frejol silvestre en la zona central del país, se solicitó a la Unidad de Recursos Genéticos del Centro Internacional de Agricultura Tropical (CIAT) Cali, Colombia, una muestra representativa de frejol silvestre de la zona limítrofe del norte de Chile, con el objetivo de evaluar su adaptación a la zona central. Para cumplir con este objetivo, se evaluaron a nivel de campo 11 accesiones de frejol silvestre pertenecientes al acervo Andino [G16796, G19892 y G21195 provenientes de las localidades de Jujuy, Salta y Tucumán (Argentina); G23425 y G12856A de Apurimac y Huanuco (Perú); G23445, G23442 de Tarija y Cochabamba (Bolivia), dos accesiones pertenecientes al acervo genético Perú/Ecuador; G23581, G23726 de Azuay y Chimborazo (Ecuador), y dos accesiones pertenecientes al acervo Mesoamericano; G12865; G23530, provenientes de Jalisco y México (Foto 1A). Las accesiones fueron sembradas en tres temporadas y localidades del país, Santiago (33° 34' Lat.S.; 70° 38' Long.O.); Talca (35° 26' Lat.S.; 71° 40' Long.O.); y Chillán (36° 31' Lat. S.; 71° 54' Long.O.).

La capacidad de adaptación de estas accesiones se evaluó en base a: días a emergencia, floración y capacidad de producir grano. La semilla fue escarificada para favorecer la germinación y la emergencia de las plántulas, ya que en la época de siembra de frejoles en estas localidades, prácticamente no llueve. Los resultados, indicaron que los días a emergencia de las plántulas dependió de la localidad, en Chillán la emergencia ocurrió entre 12 y 15 días, en Talca a los 26 días y en Santiago a los 29 días después de la siembra. Las diferencias de emergencia entre las localidades, se pueden haber debido a la mayor o menor disponibilidad de humedad en el suelo, presente en las diferentes localidades posterior a la siembra.

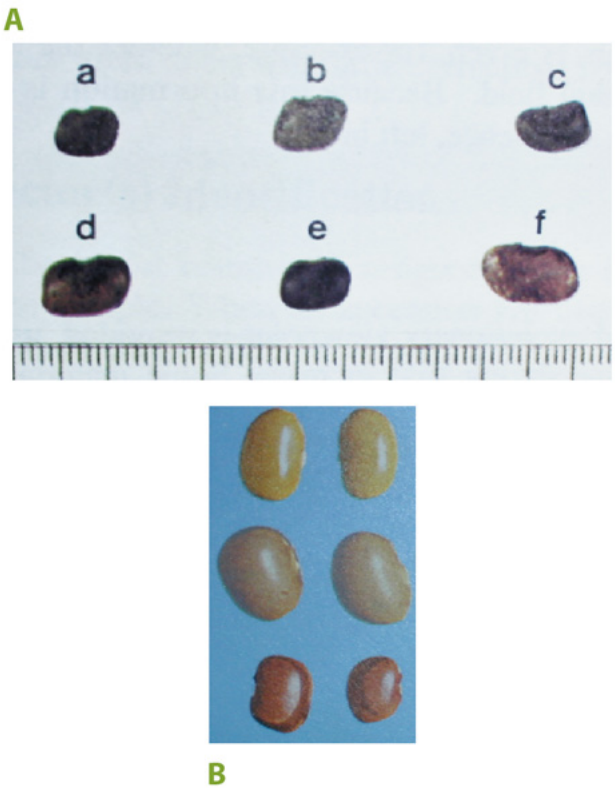


Foto 1. Comparación entre **(A)** Semillas de frejol silvestre Mesoamericano y Andino (A) y semillas de frejol cultivado Andino **(B)**.

En relación a la etapa reproductiva, las únicas accesiones que florecieron y produjeron grano en forma consistente en las tres localidades y temporadas, fueron las accesiones G12856A, originaria del Perú y proveniente de Huanuco, San Rafael (10°20'S, 73°28'W) (Foto 2. A) y la G-21195 proveniente de Tucumán (25º09`S, 65º32`W, Trancas), Argentina.

Las accesiones G12865 y G23530 de México, G23581 (Foto 2. B) y G23726 de Ecuador, y G23425 de Perú, no florecieron y no produjeron semilla en ninguna de las tres localidades ni temporadas (Flores, 2000).

Estos resultados sugieren que, por las condiciones agroclimáticas adversas de la zona central del país, tales como; la escasa disponibilidad de humedad en el suelo al momento de la siembra, presencia de semillas duras y de un fotoperiodo de 14 horas, es muy poco probable que el frejol

silvestre haya prosperado en esta zona del país. Por otro lado, es muy probable que el material chileno se haya originado del material Andino, específicamente de materiales provenientes de Perú y Argentina que presentaron una mayor adaptación a la zona.



A B

Foto 2. (A) Accesión G12856A, del Perú y proveniente de Huánuco, San Rafael (10° 20'S, 73° 28'W). **(B)** Accesión silvestre mesoamericana germinó, se desarrolló vegetativamente, pero no produjo flores.

Frejol cultivado

Colección del germoplasma de frejoles en Chile. Para conservar y caracterizar el germoplasma chileno de frejol, se realizó una colecta de germoplasma desde el norte, Arica (18° 28´ S.Lat.), hasta Chiloé (42° 29´S.Lat.), sur del país. Esta colección fue realizada por el Instituto de Investigaciones Agropecuarias (INIA), con el apoyo del International Board for Plant Genetic Resources (IBPGR) y el Centro Internacional de Agricultura Tropical (CIAT). En este trabajo, se colectaron 1.239 genotipos en 207 localidades (Bascur y Tay, 2005).

De acuerdo a las zonas agroecológicas, la colección representó la siguiente distribución: Secano interior y costero (37%), Valle central secano (28%), Valle Central de riego (17%), valles transversales (13%) y precordillera andina (6%) (Bascur y Tay, 2005). En el secano costero e interior, el cultivo del frejol se realiza en pequeñas superficies, en huertos familiares que se riegan con escasas cantidades de agua. En el valle central de riego, se concentra la mayor producción de frejol comercial, sin embargo, la cantidad de accesiones colectadas fue relativamente pequeña en comparación con su importancia, debido a que en esta zona prevalecen las siembras de

variedades comerciales mejoradas. El valle central de secano, ubicado principalmente en la zona sur del país, presenta una menor superficie sembrada de frejol, debido a la escasa disponibilidad de agua, prevalencia de bajas temperaturas y presencia de heladas, situación similar a lo que sucede en los valles transversales y en la precordillera andina.

Conservacion del germoplasma colectado en Chile

Conservacion del germoplasma de frejol en Chile. En una evaluación realizada sobre el estado de conservación de los recursos genéticos del Cono Sur, se concluyó que esta era insuficiente (Cubillos, 1992). Para abordar esta situación, el INIA Chile y la Agencia de Cooperación Internacional de Japón (JICA), desarrollaron un proyecto sobre la 'Conservación de Recursos Genéticos', entre 1989 y 1995, con el objetivo de fortalecer la conservación del germoplasma chileno y promover su uso en los programas de mejoramiento genético (Cubillos, 1992).

Rescate de semillas

Bancos de germolasma de semillas. El proyecto INIA-JICA incluyó entre otras actividades, capacitación y entrenamiento de personal técnico y la construcción de un Banco base (-18 °C, 15 % humedad relativa), ubicado en INIA Intihuasi [(Vicuña, 30° 01'S, Región de Coquimbo)], y tres Bancos activos (-5 °C, 40-45 % humedad relativa), ubicados en INIA La Platina [(33° 26'S), Santiago (Región Metropolitana)], INIA Quilamapu [36°36'S, Chillán (Región de Ñuble)], e INIA Carillanca [38° 41'S, Temuco (Región de La Araucanía)], más un invernadero de cuarentena, ubicado en INIA La Platina (Zuzuki, 1994; León et al., 2010; Paredes et al., 2010a).

El Banco Base mantiene alrededor de 48.000 accesiones de diferentes especies de cereales (65%), leguminosas (23%), hortalizas, oleaginosas, forrajeras, frutales y flores. En el caso de frejol, hay 1.389 accesiones almacenadas y conservadas en el banco base de INIA (León-Lobos et al., 2010, 2022; Paredes et al., 2010a).

Actualmente, la colección de frejoles se encuentra caracterizada por algunos descriptores agronómicos básicos, y sólo un bajo porcentaje de las accesiones conservadas cuenta con una caracterización bioquímica y/o molecular (INIA-FAO, 2008; PROCISUR, 2010).

Rescate de semillas locales y Curadoras locales

En el país, existen tambien algunas experiencias en el rescate de semillas locales y del conocimiento del uso tradicional, auspiciadas por algunas instituciones del gobierno como: el Consejo Nacional de la Cultura y las Artes (CNCA, 2014); la Fundación para la Innovación Agraria (FIA, 2018) y por organizaciones de la sociedad civil, como la Fundación de Sociedades Sustentables (Manzur, 2016); la Asociación Nacional de Mujeres Rurales e Indígenas en la Región del Biobio y las Curadoras de semillas de Pitrufquén; curadoras de las comunas de Curarrehue, Padre Las Casas, Pucón, y Villarrica, entre otras. Todas estas organizaciones han promovido el concepto de 'mujeres guardadoras', 'curadoras' o 'cuidadoras de semillas' y han mantenido la tradición de sus padres y abuelos de

guardar, cultivar e intercambiar semillas de cultivos antiguos (Rivas et al., 2010; Carcamo, 2013; Peralta e Isla, 2013; PNUD, 2016; CETSUR, 2020; CONADI, 2020, https://laderasur.com).

Colección núcleo del germoplasma de frejol en Chile

Una de las razones del escaso uso de las colecciones conservadas en los bancos de germoplasma, es la caracterización incompleta de las accesiones que las componen (Paredes et al., 2010b). Dada esta situación, se decidió desarrollar y establecer una colección núcleo, que es una alternativa que a bajo costo permite promover su evaluación y mejorar el uso de los materiales conservados en los bancos de germoplasma. La colección núcleo es una muestra reducida y representativa de la colección general, que incluye la máxima variabilidad genética del cultivo y las especies emparentadas con un mínimo de repeticiones (Frankel, 1984; Frankel y Brown, 1984). La evidencia experimental sugiere que, la variabilidad no se encuentra dispersa al azar, sino que se distribuye dentro y entre poblaciones con diferentes grados de organización, en función de la localización geográfica y de la composición genotípica (Kuzay et al., 2020). En base a estos conceptos, es importante realizar un agrupamiento de los materiales según sus grados de similitud, previo a realizar la selección de las accesiones que formarán la colección núcleo. Las accesiones que no están incluidas en la colección núcleo, pasan a conformar una colección de reserva.

Una de las principales ventajas de las colecciones núcleo es su tamaño reducido, lo que permite una evaluación más detallada de las accesiones que la componen, en comparación a la colección completa, lo que facilita finalmente la selección de los materiales a usar en los programas de mejoramiento genético. El tamaño de la colección núcleo debe ser tal que permita retener la mayor cantidad de alelos posibles, con un muestreo adecuado. Se estima que un 10 % de la población podría retener, por lo menos un 70 % de los alelos presentes en la colección base, con un 95 % de confianza (Brown, 1989). Una vez elaborada la colección núcleo, ésta debe evolucionar en forma dinámica junto a la colección base, ya que necesita ser mejorada a medida que aparezcan nuevas accesiones que incorporen variabilidad a la colección base y, por otro lado, la colección núcleo podría indicar la necesidad de aumentar el tamaño de la colección base, como una forma de incorporar accesiones provenientes de áreas de escasa representación dentro de la colección total (Brown, 1989; 1995).

La formación de la colección núcleo del germoplasma de frejol conservado en el Banco de Germoplasma del INIA siguió los siguientes criterios: a) incluir un 22 % de los genotipos (246) de la colección total (1.117 accesiones); b) mantener la proporción de genotipos provenientes de las diferentes zonas agroecológicas en que fueron colectadas; c) seleccionar proporcionalmente los genotipos en base al acervo genético y raza ecogeográfica, y d) seleccionar al azar los genotipos dentro de cada raza. Las características morfológicas y agronómicas utilizadas en la selección de los genotipos fueron: hábito de crecimiento, largo del folíolo de la hoja, color de la flor, tamaño y forma de la bractéolas florales, largo de la vainas y su posición en el tallo, peso de 100 granos, forma del grano y clase comercial (Paredes et al., 2010b) (Fig. 1).

El concepto de colección núcleo se ha utilizado previamente en frejol (Gepts, 1995; Tohme, 1995; Skroch et al., 1998; Miklas et al., 1999; Rodiño et al., 2003; Blair et al., 2009; Kuzay et al., 2020),

para abordar diferentes problemas y los porcentajes usados, para representar la colección base han variado desde un 10 % (Miklas et al., 1999) a un 13 % (Rodiño et al., 2003).

Caracterización genotípica de la colección de germoplasma colectado en Chile

El germoplasma perteneciente al acervo Andino posee una amplia diversidad morfológica, como también una gran adaptación a diferentes condiciones agroecológicas (Beebe et al., 2001).



Fuente: Paredes et al., 2010b.

Figura 1. Accesiones de una parte de la colección núcleo de frejol, Raza ecogeográfica Chile.

El análisis, por acervo genético de la colección chilena, indicó que poseía un 61 % de genotipos pertenecientes al acervo genético Andino, un 23,4 % perteneciente al acervo Mesoamericano y un 15,6 % sin clasificar. En relación a la composición por raza, se determinó que la colección chilena estaba conformada por un 26 % de genotipos de la raza Chile, un 8 % de la raza Perú, un 27 % de la raza Nueva Granada, un 4 % de la raza Mesoamérica, un 19 % de la raza Durango y sólo un genotipo de la raza Jalisco (0,4 %), y un 15,6 % sin clasificar. Esta situación, podría representar la adaptación agronómica del germoplasma Andino a las diferentes condiciones agroecológicas del país, la preferencia de los agricultores y consumidores nacionales y las condiciones comerciales internacionales, ya que Chile fue un país exportador de frejoles entre los años 1980 y 1990 (Paredes et al., 2010b).

La escasa presencia de germoplasma de la raza Jalisco, se puede explicar en que esta raza agrupa principalmente genotipos trepadores que crecen en una región húmeda de altura de México y América Central, que no se adaptan al sistema de cultivo ni a a las necesidades comerciales chilenas, donde predominan veranos calurosos, secos, fotoperiodo de 12 a 14 horas y genotipos con hábitos de crecimiento II y III. Además, esta raza presenta accesiones sensibles al fotoperiodo, lo que limita su capacidad de adaptación y diseminación fuera de su zona de origen en México. Observaciones similares se han conseguido en otras regiones con las razas Jalisco, Guatemala y Perú (Parker y Gepts, 2021). Por otro lado, una mayor presencia de genotipos de la raza Mesoamérica, se debe a su buena capacidad de adaptación, presencia de hábitos arbustivos y de granos con potencial exportable como los negros y blancos pequeños. Por otro lado, la presencia de genotipos de la Raza Durango, adaptados a condiciones áridos del norte de México (Gepts, 1995), se justifica por su similitud con la raza Chile en características morfológicas, tamaño de semilla y adaptación a los sectores secos de Chile (Singh et al., 1991b).

La presencia de accesiones de otros acervos genéticos y razas en el germoplasma de frejol colectado en Chile, fue confirmada posteriormente por quienes han planteado que el germoplasma chileno está compuesto, por accesiones provenientes de los acervos genéticos Andino y Mesoamericano (Paredes y Gepts, 1995a; Blair et al., 2007a), y quienes señalaron que las características típicas de la raza Chile, se podían encontrar en genotipos sembrados en otras latitudes como Turquía, Irán y China (Beebe et al., 2001).

Caracterización morfológica del germoplasma colectado en Chile

El germoplasma de frejol colectado en Chile, se caracteriza por poseer un hábito de crecimiento indeterminado, semi-arbustivo (58 %) o indeterminado, con guías cortas o medianas (29 %), con el foliolo central de la hoja de forma ovalada (55 %) o cordada (30 %), entrenudos cortos, bractéolas de tamaño pequeño (49 %) o mediano (30 %), de forma ovalada (56 %) o cordada (26 %) y flores de color lila (52 %) y blanco (37 %) (Bascur y Tay, 2005).

El análisis de las características de la vaina y semillas muestra que este germoplasma posee un tamaño de vaina variable: con un 44 % menor a 12 cm y un 42 % entre 12 y 16 cm; con escaso contenido de fibra y con tres a cinco granos por vaina. Las vainas son de color verde (57 %) y con un jaspeado rojo (27 %). Los granos son arriñonados (45 %), ovalados (36 %) o romboides (10 %),

y con un peso de 100 granos superior a 40 g (74 %), y entre 25 y 40 g (24, 0 %). Las accesiones de esta raza son intermedias a tardías. Algunas accesiones poseen el alelo *DI-2* y tienen un potencial de rendimiento entre 2.5 a 3.0 t ha^{-1}. Este tipo de accesiones están distribuidas también en regiones de secano a bajas latitudes en el sur del Perú, Bolivia y Argentina (Singh et al., 1991a), son susceptibles a las enfermedades causadas por virus, como el mosaico común, amarillo, del pepino y de la alfalfa, y se desarrollan en condiciones de fotoperiodo largo (Paredes, 1994). La sensibilidad del fotoperiodo está asociada a bajo rendimiento, índice de cosecha y retraso de la madurez dependiendo del ambiente (White et al., 1992b). En general, sólo un 26 % de las accesiones poseen las características típicas de la raza Chile (Paredes, 1994; Bascur y Tay, 2005).

Morfológicamente, el germoplasma de la raza Chile tiene algunas similitudes al germoplasma de otras razas. Es así como, las accesiones de la raza Chile poseen un hábito de crecimiento y tamaño de los granos, similares a los de la raza Durango, con la excepción a la forma de los granos, ya que los granos de los genotipos de la raza Chile son redondos u ovales y la fructificación es más escasa (Singh et al., 1991a). Por otro lado, las accesiones de las razas Chile y Nueva Granada se caracterizan, por tener un mayor peso del grano, poseen una menor tasa relativa de crecimiento, índice de cosecha y rendimiento de semilla, comparadas con las accesiones de la raza Mesoamérica, que son de grano pequeño (White y González 1990; White et al., 1992b). Aunque se ha planteado también que es posible seleccionar accesiones de grano grande con alto potencial de rendimiento (White et al., 1992a).

Caracterización agronómica del germoplasma colectado en Chile

La evaluación de 116 accesiones pertenecientes a las clases comerciales 'Tórtola', 'Coscorrón', 'Sapito', 'Manteca', 'Cuyano', 'Frutilla', 'Pinto' y 'Bayo', por rendimiento y precocidad en dos localidades (Santiago y Chillán), mostró que existe una alta interacción genotipo por ambiente, donde las accesiones presentaron un menor periodo (número de días) de siembra a floración y madurez de cosecha en la localidad de Santiago, debido posiblemente a la presencia de mayores temperaturas y a la menor capacidad de retención de humedad del suelo en comparación a la localidad de Chillán (Saravia, 2011). Las accesiones tipo 'Tórtola', 'Coscorrón', 'Sapito', 'Manteca' y 'Cuyano', florecieron en Santiago entre los 52 y 54 días después de la siembra, en comparación con Chillán, donde florecieron entre los 61 y 62 días después de la siembra. Esta información, concuerda con otras investigaciones que indican que los genotipos de hábito de crecimiento tipo III presentan una fuerte interacción con el ambiente (Acosta et al., 1996), y que la alta temperatura reduce el periodo de siembra a floración y madurez de las plantas (Acosta et al., 1996; Esquivel et al., 2002).

La fecha de cosecha en Santiago ocurrió entre 104 y 108 días después de la siembra, mientras que en Chillán ocurrió entre 110 y 118 días después de la siembra. Sin embargo, esta situación no se reflejó en diferencias significativas en el rendimiento en las clases comerciales 'Tórtola' con un rendimiento de 3,9 *vs.* 4,2 t ha^{-1}, 'Coscorrón' y 'Sapito' ambos con 3,8 *vs.* 3,7 t ha^{-1}, en Santiago y Chillán rindió respectivamente. Cabe señalar, que estas tres clases comerciales presentaron un alto potencial de rendimiento (Saravia, 2011), superior a los 2.5 a 3.0 t ha^{-1}, informado en otras investigaciones (Singh et al., 1991a).

Caracterización genética, bioquímica y molecular del germoplasma de frejol colectado en Chile

Evaluación genética

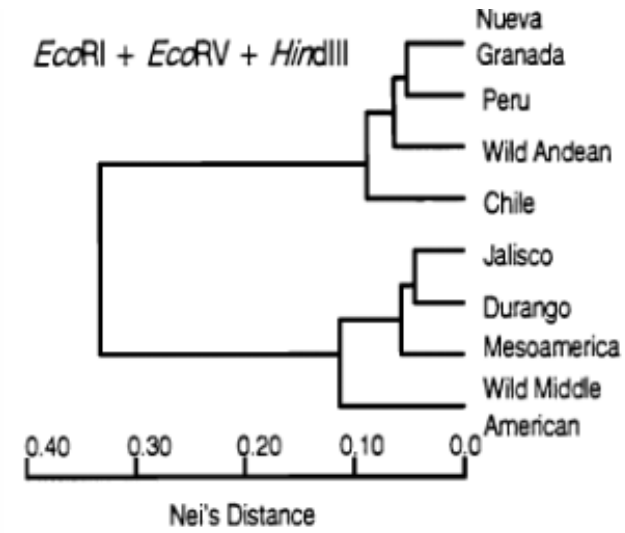
Color de la semilla. Las principales clases comerciales de frejol en Chile son el tipo 'Tórtola', cuyo color de grano es gris claro, 'Coscorrón', de color de grano blanco con estrías amarillas muy claras y vainas con vetas rojas en la vaina y en menor grado el tipo 'Manteca', entre otros. Un estudio del color del grano gris y el tipo 'Coscorrón' señaló que la herencia del color gris del grano 'Tórtola' estaba regulado por *gri*, que corresponde a un alelo del *locus P* (P^{gri}), que reduce la intensidad del color en la cáscara del grano, dando origen al color gris claro (*griseoalbus*) en el grano (Bassett, 1994). El alelo p^{gri} en un 'background' [*C R*], *J*, *V*, *G*, *B*, y *Rk* produce un color blanco a gris en el grano y con un color de flor violeta pálido (casi blanco), con dos puntos violetas en la parte superior del estandarte de los pétalos de la flor (Bassett 1992, 1994). En el caso de 'Coscorrón', se determinó que el genotipo del color del grano es *P C d j g b v* (Leakey, 1992). Para el caso del frejol tipo 'Manteca', que posee una semilla de color amarillo limón pálido, el estudio de Leakey (1998), señaló que el genotipo del color del grano era el mismo del tipo 'Coscorrón', con excepción de un alelo en *C* que controla el patrón moteado. Sin embargo, otro estudio realizado en la variedad 'Prim', que posee un color de semilla similar al tipo 'Manteca', determinó que el genotipo del color de la cáscara del grano era *P* [*C r*] *d j G b* v^{lae}, con *Asp* llevado crípticamente (Bassett, 1999).

Heredabilidad y avance genético. Se evaluó la heredabilidad y avance genético entre algunas características agronómicas, como rendimiento de grano seco, precocidad y peso de 100 semillas en cruzamientos entre 'Coscorrón Corriente', 'Frutilla Corriente' y 'Tórtola Diana' y 14 selecciones provenientes de otras razas de origen Andino y Mesoamericano. Las evaluaciones, se realizaron en dos localidades INIA La Platina (Región Metropolitana) e INIA Quilamapu (Región de Ñuble) y en 15 familias en generaciones F_2 y F_4 y 17 progenitores. La estimación de heredabilidad para rendimiento obtenida en Chillán, fue de un 24 %, y en Santiago de un 31 %, para días a madurez entre 35 y 45 % y, para peso de semillas entre un 47 y un 64 %, lo que indica que la selección por rendimiento se debe realizar en generaciones tardías, a diferencia de la selección por precocidad y peso del grano que podría realizar en generaciones más tempranas, ya que tiene un mayor componente genético. El avance genético, en las tres características evaluadas dependió de la localidad, lo que podría indicar que los factores ambientales influyen en forma diferente en la expresión de estas características (Paredes et al., 1998).

Evaluación molecular

Relaciones genéticas entre la raza de Chile con los acervos genéticos. El primer trabajo molecular que incluyó genotipos de la raza Chile, tuvo como objetivo estudiar la diversidad genética de *Phaseolus vulgaris*, mediante el uso de los Fragmentos de Restricción Polimórficos (RFLP). Este estudio, confirmó los resultados obtenidos previamente con faseolina e isoenzimas, que indicaban la presencia de los acervos genéticos, Mesoamericano y Andino, las razas descritas

en cada acervo, como también la agrupación de las accesiones silvestres junto a las accesiones cultivadas de su mismo origen geográfico, y que la diferenciación genética en el frejol, había alcanzado el nivel de subespecie. Por otro lado, se confirmó también que las accesiones de la raza Chile pertenecían al acervo genético Andino (Becerra y Gepts, 1993; Becerra-Velásquez y Gepts, 1994) (Fig. 2).

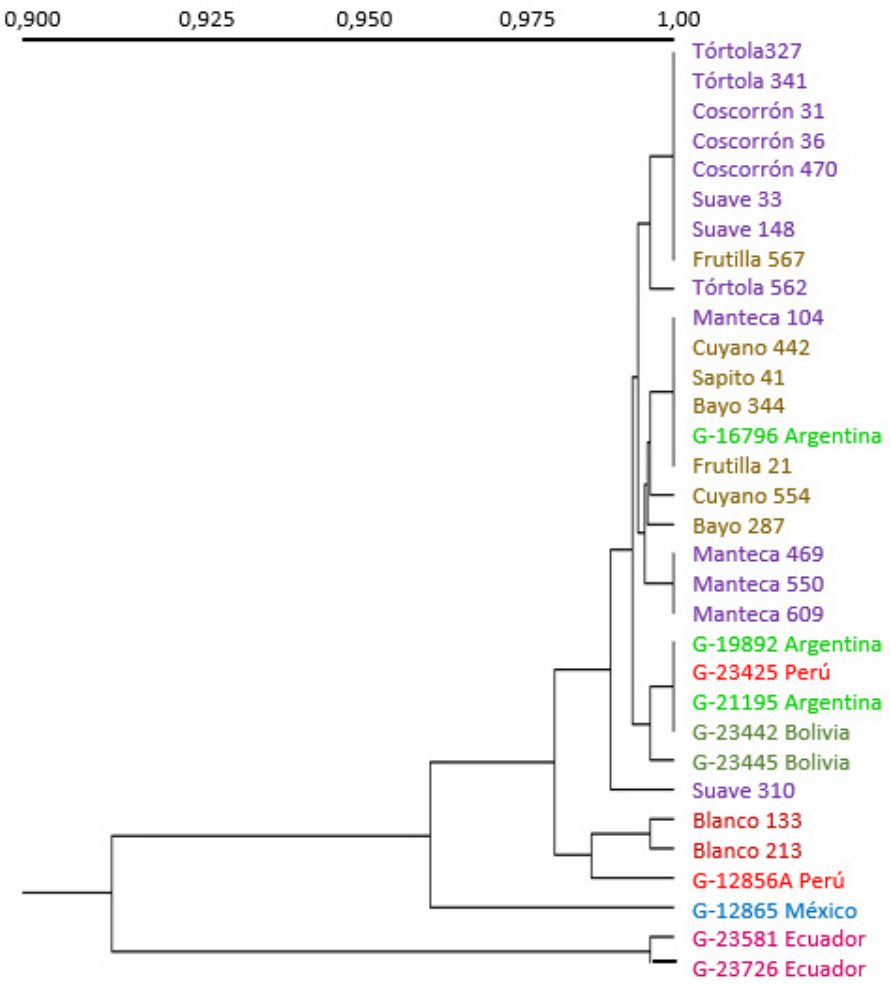


Fuente: Becerra y Gepts, 1994.

Figura 2. Dendrograma UPGMA basado en las distancias de Nei derivadas de RFLP entre razas cultivadas y germoplasma silvestre de *Phaseolus vulgaris*. EcoRI + EcoRV + HindIII (representan la combinación de los datos generados con las tres enzimas de restricción).

Posteriormente, un estudio tendiente a estudiar las relaciones genéticas de las accesiones chilenas tipo 'Tórtola', 'Coscorrón', 'Sapito', 'Cuyano', 'Frutilla', 'Manteca', 'Bayo' y 'Blanco grande' con accesiones silvestres perteneciente a los acervos genéticos Andinos provenientes de Perú (Apumirac, Huanuco), Bolivia (Cochabamba y Tarija) y Argentina (Jujuy, Salta y Tucumán) y Mesoamericano (Jalisco, México) y de Ecuador (Azuay y Chimborazo, utilizando partidores universales de *cp*ADN y *mt*ADN. Los resultados, confirmaron un bajo nivel de polimorfismo en *cp*ADN (23 %) y en *mt*ADN (24 %) en las accesiones silvestres y cultivadas chilenas (Becerra et al., 2011) lo que confirmó el alto grado de conservación del ADN de estos organelos (Khairallah, et al., 1992). En general, las accesiones chilenas presentaron una mayor similitud genética con las accesiones silvestres colectadas en Argentina, Bolivia y Perú, lo que confirmó su origen Andino (Becerra et al., 2011). En este sentido, las accesiones silvestres de Argentina, Bolivia y la accesión peruana G23425 proveniente de Pumarac (Perú), presentaron una mayor similitud genética con las accesiones chilenas con los marcadores de *cp*ADN y *mt*ADN, a diferencia de la accesión peruana proveniente de Huanuco que presentó una mayor distancia genética con las accesiones chilenas con ambos marcadores. Las dos accesiones silvestres ecuatorianas, se agruparon juntas en ambos análisis, pero separadas del resto de las accesiones, lo mismo ocurrió y a mayor distancia genética con la accesión mexicana, proveniente de Jalisco (Becerra et al., 2011). De esta forma, el análisis de similitud genética señaló una vez más la existencia de una

base genética estrecha en los genotipos endémicos y naturalizados de la raza Chile, tanto a nivel de cloroplasto como de mitocondrias (Becerra et al., 2011). La agrupación de las accesiones utilizando *mt*ADN no se presenta debido a su comportamiento similar al logrado con el *cp*ADN. Esta situación, se ha observado previamente en estudios de diversidad genética a nivel de ADN nuclear utilizando marcadores moleculares (Vera et al., 1999) (Fig. 3) y marcadores bioquímicos (Paredes y Gepts, 1995a).

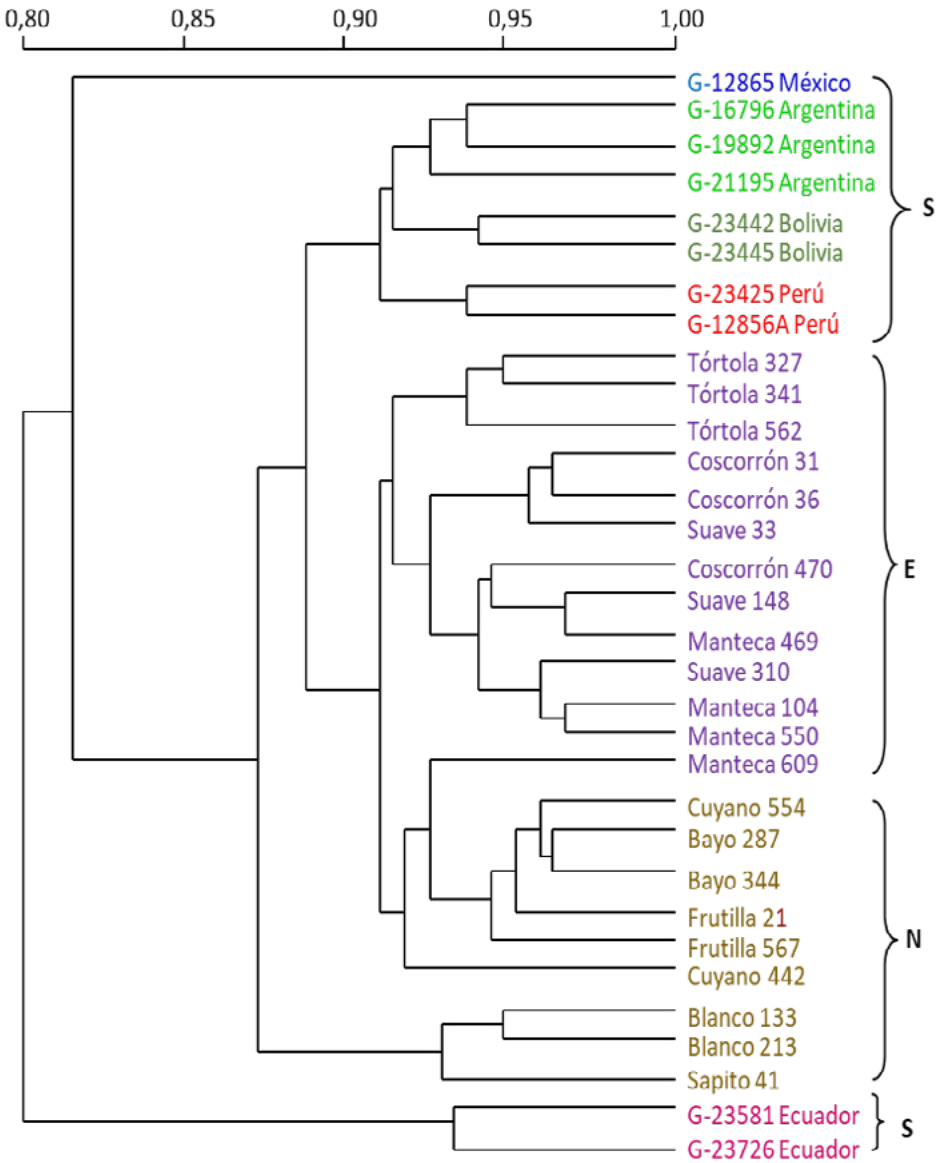


Fuente: Becerra et al, 2011.

Figura 3. Relaciones genéticas entre accesiones cultivadas de la Raza Chile y accesiones silvestres del pool de genes Mesoamericano y Andino, mediante RFLP-PCR de ADN de cloroplasto.

Un nuevo estudio genético molecular que, utilizó ocho combinaciones de AFLP (Polimorfismo de longitud de fragmentos amplificados) en una muestra de germoplasma cultivado y silvestre similar al usado con *cp*ADN y *mt*ADN, confirmó nuevamente la pertenencia de las accesiones de la raza Chile al acervo genético Andino. En este caso nuevamente, las accesiones silvestres provenientes de Ecuador y de Mesoamérica, se ubicaron en forma separada de las accesiones de la raza Chile. Las tres accesiones silvestres argentinas, las dos bolivianas y las dos peruanas,

se ubicaron en forma intercalada con las accesiones chilenas, pero la mayoría de las silvestres andinas se agruparon juntas. En el caso de las accesiones chilenas, estas se agruparon de acuerdo a su clase comercial, lo que podría indicar una pequeña diferenciación genética entre las clases comerciales (Bustamante, 2001). Los AFLP fueron capaces de separar a los materiales chilenos cultivados endémicos de los naturalizados y agruparlos por clases comerciales (Fig. 4).

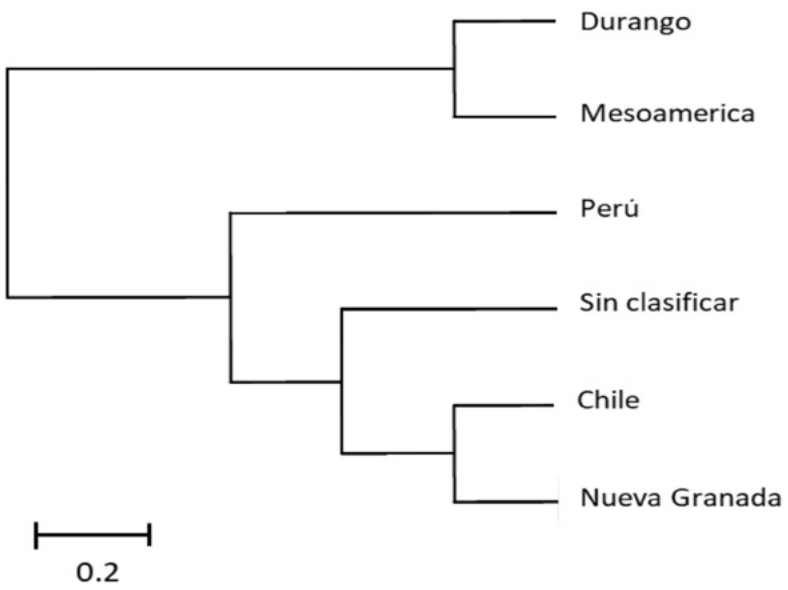


Fuente: Bustamante, 2001.

Figura 4. Relaciones genéticas entre accesiones cultivadas de la Raza Chile y accesiones silvestres de *Phaseolus vulgaris* mediante AFLP. S= silvestres, E= Endémicas, N= Naturalizadas.

Relaciones genéticas del germoplasma colectado en Chile con otras razas. El estudio realizado con RFLP, indicó una baja distancia genética entre las accesiones de la raza Chile y las accesiones silvestres andinas (0,006), y con la raza Nueva Granada (0,06), y con la raza Perú (0,08), en comparación a la distancia genética entre la raza Chile con las accesiones silvestres Mesoamericano (0,34), la raza Mesoamérica fue de 0,25, la raza Durango 0,56 y con la raza Jalisco de 0,39 (Becerra y Gepts, 1993; Becerra-Velásquez y Gepts, 1994). Esta situación se podría explicar por el uso de un reducido número de acciones chilenas, accesiones clasificadas como mesoamericanas (Bascur y Tay, 2010) y a que en el germoplasma colectado en Chile existen introgresiones del material Mesoamericano (Paredes y Gepts, 1995a).

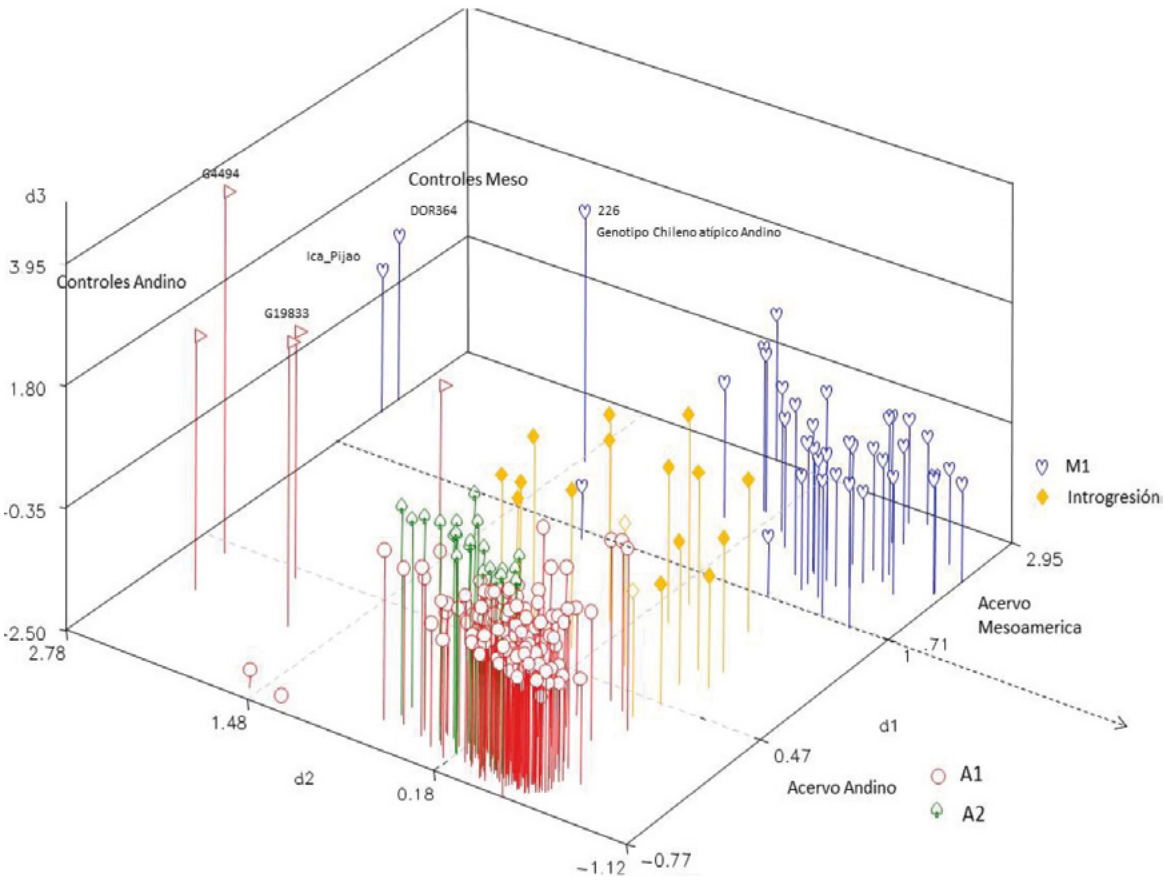
Otro estudio de diversidad genética del material colectado en Chile, utilizando SSR, determinó nuevamente una estrecha distancia genética entre la raza Chile y las accesiones de otras razas del acervo genético Andino, por ejemplo con la raza Nueva Granada de 0.12 %, y de 0,31 % con la raza Perú (Becerra et al., 2010) (Fig. 5). Esta estrecha relación genética entre las razas andinas, se podría deber a la presencia de un sólo evento de domesticación y a la posterior diferenciación en diferentes razas producto de la selección humana (Beebe et al., 2001) y/o por ejemplo, la mayor cercanía genética con la Raza Nueva Granada por la presencia de frejol tipo Cranberry, Frutilla, Pajaritos u otro tipo de frejol similares a la raza Nueva Granada. La mayor cercanía genética de la raza Chile con la raza Nueva Granada, concuerda también con otros resultados (Blair et al., 2007a). Por otro lado, muchos de los genotipos no asignados a un acervo genético o raza en la colección núcleo, presentaron una menor distancia genética con la raza Chile (0,19) y Nueva Granada (0,20) que con la raza Perú (0,38) lo que podría ayudar a asignar a estos genotipos a estas razas (Becerra et al., 2010) (Fig. 5).



Fuente: Becerra et al., 2010.

Figura 5. Dendrograma de germoplasma de frejol común chileno basado en un análisis de SSR, clasificación morfológica en razas y coeficiente de distancia Euclidiana.

En general, se observó la presencia de los dos acervos genéticos Andino y Mesoamericano (Fig. 6). En cada acervo genético, los controles se ubicaron lejos de la mayoría de las accesiones. La mayoría de los genotipos chilenos, se agruparon estrechamente con 47 genotipos de Nueva Granada (A1), con el subgrupo A2 y con dos genotipos de la raza Perú y la mayoría de las accesiones no clasificadas. En el acervo genético Mesoamericano (M), se agruparon los genotipos de la raza Mesoamérica y la raza Durango y algún material de la raza Chile y de la raza de Nueva Granada. Un grupo de genotipos introgresados mostró una posición intermedia entre los acervos Andino y Mesoamericano (Fig. 6).



Fuente: Becerra et al., 2010.

Figura 6. Análisis de correspondencia múltiple, que muestra la distribución espacial de 249 accesiones andinas y mesoamericanas de genotipos de frejol común chileno y sus accesiones control.

Por otro lado, la raza Chile presentó una mayor distancia genética con la raza Durango (0,56 %) y con la raza Mesoamérica (0,71 %), pertenecientes al acervo genético Mesoamericano. A pesar que la raza Chile y la raza Durango son genéticamente diferentes, algunas accesiones de la raza Chile se agruparon con esta raza, lo cual podría deberse a que ambas comparten algunas características morfológicas, como hábito de crecimiento postrado, tamaño medio y colores claros de semilla, están adaptados a ambientes áridos y poseen una baja frecuencia de

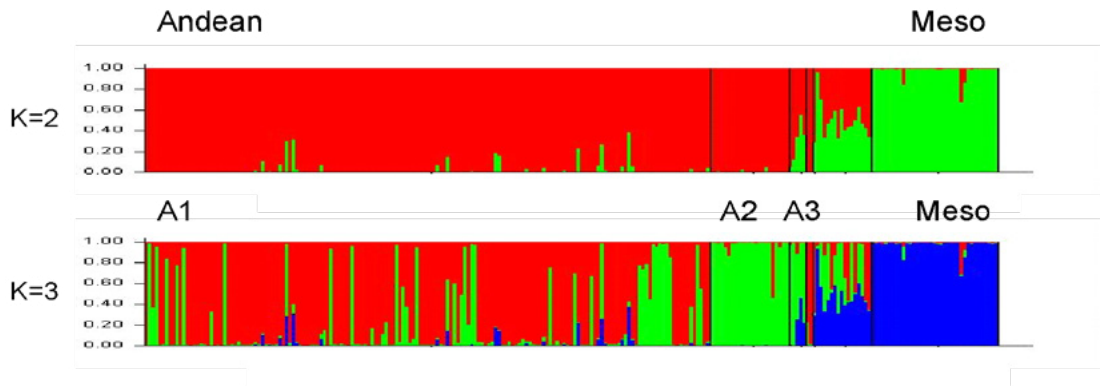
los genes *Dl-2* (Singh et al., 1991a), están sometidas a la aplicación de similares presiones de selección en similares ambientes, y a la presencia en Chile de variedades de la clase comercial Pinto, destinado a la exportación (Becerra-Velásquez y Gepts, 1994; Becerra et al., 2010). Las accesiones mesoamericanas, se caracterizan por su insensibilidad al fotoperiodo, resistencia al mosaico común (gen *Il*), tolerancia a las altas temperaturas, baja fertilidad del suelo y estrés hídrico, han tenido una larga presencia en el país, especialmente los frejoles negros pequeños (var. 'Negro Argel' y otros) y arroces (Var. 'Arroz-3'; 'Seaway', 'Laker', entre otras) para la exportación. Es posible que, el tipo de faseolina tipo 'S' presente en algunas accesiones de la raza Chile, provenga de este tipo de frejoles, aunque los tipos tradicionales Mesoamericanos llevan el gen *Dl-1*, que puede producir letalidad de la semilla F_1 o anormalidades en algunas estructuras de la planta, en la presencia del gen *Dl-2*, de origen Andino (Singh y Gutiérrez, 1984). Para el caso de la raza Jalisco, no hay presencia de accesiones en la raza Chile, ya que las accesiones de la raza Jalisco poseen un hábito de crecimiento tipo IV, están adaptadas a suelos altos y húmedos presentes en la zona central de México y Guatemala, condiciones que están ausentes en Chile (Becerra et al., 2010).

Estructura genética del germoplasma colectado en Chile. Los datos morfológicos, señalan la presencia de accesiones pertenecientes a los dos acervos genéticos y razas en el germoplasma colectado en Chile. Esta situación, fue confirmada por un estudio de RAPDs realizado sobre una muestra de este germoplasma y variedades comerciales, sin embargo, algunos autores indican que las características comerciales, por sí solas, no fueron capaces de clasificar las accesiones diferencialmente en estos dos acervos genéticos (Johns et al., 1997). Mientras que, el estudio realizado con SSR sobre la colección núcleo (Paredes et al., 2010b), confirmó la presencia de accesiones pertenecientes a los dos principales acervos genéticos y a las diferentes razas descritas, con excepción de la raza Jalisco (Becerra et al., 2010).

El análisis de la estructura poblacional de la Raza Chile (Fig. 7) concordó con el análisis de correspondencia múltiple y con el agrupamiento basado en distancias euclidianas e indicó que en K=2 hubo separación de los acervos genéticos Andinos y Mesoamericanos y los individuos introgresados mostraron un alto grado de mezcla. En K=3, la clasificación basada en el análisis de la estructura mostró dos grupos dentro del acervo genético Andino (A1 y A2). La raza Chile, se agrupó con los genotipos de la raza Nueva Granada. La mayoría de los materiales genéticos Andinos, son muy similares y se agruparon estrechamente. Dentro de A1 observamos los genotipos G4474, G5849 y G5831. Los dos primeros genotipos, han sido clasificados como materiales chilenos por Blair et al., (2007), sin embargo, G5849 parece pertenecer a la raza Nueva Granada (Blair et al., 2009). A2 parece ser una buena representación de los genotipos chilenos, porque no mostró mezclas entre ellos y los resultados con MCA y análisis de estructura fueron consistentes. Este grupo mostró sólo material genético chileno.

Diversidad genética del germoplasma colectado en Chile. El análisis de una muestra de la colección de germoplasma, determinó que la distancia genética (Ht), basada en datos isoenzimáticos, fue de 0,16, con un coeficiente de diversidad genética (Dst) de 0,98 y de identidad genética de 0,85. Por otro lado, la partición de la diversidad genética total señaló que un alto porcentaje (0,156) de la diversidad, se podría asignar a las diferencias entre las poblaciones y un bajo porcentaje (0,004) a las diferencias dentro de las poblaciones, vale decir que, un mayor

porcentaje de la variación observada en los datos isoenzimáticos ocurrió entre las accesiones y sólo una pequeña variación estuvo dentro de las poblaciones. Estos resultados son consistentes con el comportamiento de plantas de autopolinización (Paredes y Gepts, 1995a). Otro estudio, realizado con RAPDs sobre una muestra con otras accesiones de la raza Chile estimó un promedio de distancia genética de 0.374, con un rango entre 0.009 a 0.811 (Johns et al., 1997).



Fuente: Becerra et al., 2010.

Figura 7. Gráfico de la estructura poblacional (K=2 y K=3) del germoplasma de frejol común chileno. Los coeficientes de pertenencia (eje y) dentro de los conglomerados, se determinaron con base en 30.000 iteraciones utilizando el programa Structure.

Un estudio de diversidad genética del germoplasma chileno, utilizando marcadores bioquímicos, determinó la presencia de cuatro tipos de faseolinas ('C', 'T', 'S', y 'H'), donde el tipo 'C' y 'T' se presentaron en un 60 % y un 11 % de las accesiones analizadas, respectivamente (Paredes y Gepts, 1993; Paredes y Gepts, 1995a). Los tipos de faseolina 'T', 'C' y 'H' estaban asociados al acervo genético Andino y los tipos 'S', 'Sd', 'Sb' y 'B' al acervo Mesoamericano (Gepts y Bliss, 1986; Koening y Gepts, 1989; Singh et al., 1991b).

El análisis de la distribución regional de la faseolina señaló que, el tipo 'C' estuvo presente en un 65 % en la zona norte (regiones I, IV, V y VI) y un 55 % en la región centro-sur y sur (regiones VII, VIII y IX), por otro lado, la faseolina tipo 'T' y 'S' se presentaron en una mayor frecuencia en la zona centro sur y sur, con un 22 y 13 %, respectivamente. La faseolina tipo 'T', estuvo ausente en la zona norte del país y la faseolina tipo 'H', estuvo presente entre un 5 % y un 3 %, en las dos zonas del país (Paredes y Gepts, 1995a).

Es interesante mencionar que, en la raza Chile existe algunas clases comerciales como 'Tórtola', 'Coscorrón', 'Sapito', 'Manteca', 'Cuyanos' que son únicas y, por lo tanto, no se encuentran presentes en otra raza de frejol, lo que ha contribuido a ampliar la diversidad genética del acervo genético Andino, y a la especie en general (Paredes et al., 1989a). Un estudio de las principales clases comerciales de frejol chileno (Tórtola, Coscorrón, Suaves, Manteca, Sapito, Cuyano, Pajarito, Frutilla o Araucano, y Blanco) y variedades comerciales como 'Tórtola-INIA', 'Torcaza, INIA', 'Coscorrón Granado INIA', 'Cimarrón', 'Cuyano-INIA' y 'Araucano INIA', por características morfológicas, bioquímicas (isoenzimas) y moleculares (RAPDs), indicó que la única característica morfológica que pudo distinguir claramente una clase comercial de frejol, fue el color del grano. Por otro lado, los RAPDs y las isoenzimas, no fueron capaces de agrupar las accesiones en sus respectivas

clases comerciales (Vera et al., 1999). A diferencia de un análisis genético realizado con AFLP, que fue capaz de agrupar a las diferentes accesiones en sus respectivas clases comerciales (Bustamente, 2001).

La variación genética dentro de cada clase comercial, fue muy baja, especialmente en la clase comercial Tórtola, donde se observó la mayor similitud genética (98 %) entre sus accesiones, en comparación a las accesiones pertenecientes a las clases comerciales Coscorrón, Sapito y Cuyano que presentaron una similitud cercana al 95 % (Vera et al., 1999). Estos datos, concuerdan en parte con los obtenidos en un estudio realizado con microsatélites, donde accesiones de la misma clase comercial se agruparon en el mismo y en diferentes grupos. Una posible explicación de esta situación, es que las accesiones se tendieron a agrupar por mayor similitud genética (o una menor distancia genética), sin considerar posibles diferencias morfológicas o de otro tipo que pudieran existir entre estas clases comerciales o genotipos (Blair et al., 2009; Becerra et al., 2010). Estos estudios, concuerdan con los realizados con isoenzimas (Paredes y Gepts, 1995a), RAPDs (Johns et al., 1997), *cp*ADN y *mt*ADN (Becerra et al., 2011) y SSR (Becerra et al., 2010).

Nivel de polimorfismo. El nivel de polimorfismo detectado con los microsatélites, fue mayor que el obtenido previamente con otros marcadores bioquímicos (Paredes y Gepts, 1995a; Vera et al., 1999) y moleculares (Becerra-Velásquez y Gepts, 1994; Johns et al., 1997; Vera et al., 1999; Bustamante, 2001; Blair et al., 2007b; Becerra et al., 2011). En el caso del uso de SSR, el PIC fue de 0,44, el nivel de heterocigocidad de 0,02; un inbreeding de 0.95, de diversidad génica de 0,47 y el número de alelos promedio fue de 5,4 (Becerra et al., 2010).

Heterocigosidad. El nivel de heterocigosidad en el germoplasma colectado en Chile es bajo y alcanzó a un 0,02 %, en un análisis realizado con SSR (Becerra et al., 2010). Por otro lado, en otro estudio utilizando faseolina como marcador, se determinó una mayor heterogeneidad en las accesiones colectadas en la zona norte en comparación a las de la zona sur del país (Paredes y Gepts, 1995a). Los bajos niveles de heterogeneidad observado, se pueden deber al sistema reproductivo de la especie, de autopolinización (Paredes y Gepts, 1995a).

Introgresión. El análisis de diversidad genética utilizando marcadores bioquímicos de un grupo de 95 accesiones representativas de la raza Chile, basado en la distancia genética de Nei, detectó la presencia de dos grupos de genotipos, donde el primer grupo incluyó el 83,3 % de las accesiones y el segundo grupo con sólo un 16,7 %. El primer grupo, se caracterizó por presentar genotipos con un menor tamaño de semilla y destinados a la producción de grano seco, y el segundo grupo con genotipos de granos de mayor tamaño y dedicados, principalmente a la producción de vaina verde. El análisis genético posterior indicó que solo un 30 % de las accesiones analizadas fueron similares al testigo Andino y solo un 5 % similares al testigo Mesoamericano, lo que sugiere una alta frecuencia de hibridación entre los acervos genéticos Andino y Mesoamericano en las accesiones cultivadas en Chile (Paredes y Gepts, 1995a). Ambos grupos, presentaron diferentes de patrones isoenzimáticos (Paredes y Gepts, 1995a), con un promedio de alelos similar a otros estudios (Gepts y Bliss, 1986; Singh et al., 1991c).

Transmisión preferencial de genes. La presencia de introgresión de alelos Mesoamericanos en genotipos chilenos, de faseolina tipo 'S', específica de Mesoamérica (Paredes y Gepts, 1995a), y la transmisión preferencial de ciertos alelos desde el material Mesoamericano al Andino (Paredes y Gepts, 1995b), a pesar de la presencia de incompatibilidad genética, ha sido observada en algunos cruzamientos de genotipos Mesoamericanos con Andinos (Koenig y Gepts, 1989; Singh y Gutiérrez, 1984; Koinange y Gepts, 1992) podría indicar que este material puede ser usado

como puente genético, para facilitar la promoción de la recombinación entre estos acervos genéticos. Este proceso de introgresión se pudo haber favorecido, por el bajo porcentaje de polinización cruzada que presenta la especie, la siembra a corta distancia de genotipos chilenos y Mesoamericanos o la presencia de accesiones de la raza Durango, homocigotas recesivas en uno o los dos *loci* que controlan la esterilidad o debilidad genética que, al cruzarse con accesiones chilenas podrían permitir el desarrollo de progenies fértiles (Paredes y Gepts, 1995a). Otro estudio, informa de la ausencia de introgresión en una muestra de germoplasma chileno analizada con RAPDs (Johns et al., 1997). Estos autores, indican que la discrepancia entre estos dos estudios se podría deber a la diferencia entre las accesiones estudiadas y al tipo de marcador utilizado en ambos estudios ya que cada marcador analiza diferentes partes del genoma (Johns et al., 1997). A pesar de esta discrepancia, el proceso de introgresión en material chileno ha sido detectado por otros autores (Becerra et al., 2010), entre accesiones de otras razas (Durán et al., 2005; Blair et al., 2007a; Gioia et al., 2013; Labaton et al., 2018; Bellucci et al., 2023), y entre material cultivado Mesoamericano al silvestre (Papa y Gepts, 2003).

En resumen, los estudios realizados hasta ahora en el germoplasma de la raza Chile, señalan que pertenece al acervo genético Andino (Becerra-Velásquez y Gepts, 1994; Becerra et al., 2010; 2011), que existe una mayor cercanía genética con la raza Nueva Granada, seguida de la raza Perú (Becerra et al., 2010; 2011), que posee escasa diversidad bioquímica (Paredes y Gepts, 1995a), en el ADN nuclear (Becerra-Velásquez y Gepts, 1994, Vera et al., 1999; Bustamante, 2001; Becerra et al., 2010), y en el ADN de mitocondria y cloroplasto (Becerra et al., 2011), en comparación a la amplia variabilidad morfológica. Esta situación podría señalar que los cultivares con el mismo patrón de marcadores bioquímicos y moleculares sufrieron un proceso de diversificación posterior a su origen, por características morfológicas y no bioquímicas y moleculares (Singh et al., 1991b). Los genes que controlan los marcadores bioquímicos y moleculares, no tienen un gran efecto en el fenotipo y son considerados neutrales, ya que no está sujetos a las presiones de selección, a diferencia de los genes que controlan características fenotípicas que, debido a su acción génica son responsables de la selección durante y después de la domesticación, lo que conlleva finalmente a su alta diversidad genética (Singh et al., 1991b).

En relación al material silvestre, el estudio de un número restringido de acciones con *cp*ADN y *mt*ADN indicó una mayor cercanía de las accesiones chilenas con el material silvestre de Argentina, Perú y Bolivia y una mayor distancia genética con las accesiones ecuatorianas y mesoamericanas (Becerra et al., 2011).

Adaptabilidad y estabilidad de rendimiento de variedades de frejol.

La evaluación de cuatro variedades tradicionales ('Tórtola corriente', 'Burros Argentinos', 'Frutilla Corriente' y 'Coscorrón corriente'), y cinco variedades mejoradas ('Tórtola-INIA', 'Cuyano-INIA', 'Araucano-85 INIA', 'Suaves-85 INIA' y 'Coscorrón-INIA') en nueve localidades de la zona centro norte del país, determinó que hay diferencias significativas en el rendimiento de las variedades en los ambientes. Los genotipos que presentaron mayor rendimiento fueron la variedad 'Cuyano-INIA', y las variedades tradicionales 'Burros Argentinos' y 'Tórtola corriente', mientras que las de menor rendimiento fueron las variedades mejoradas 'Tórtola-INIA', 'Araucano-85 INIA' y 'Suaves-85 INIA' y la variedad tradicional 'Frutilla corriente'. Por otro lado, no existió diferencia en rendimiento entre las variedades tradicional Coscorrón corriente y la variedad mejorada 'Coscorrón-INIA' (Tapia et al., 1992). En este punto, es importante destacar que el mejoramiento genético ha

estado enfocado principalmente a la resistencia al virus del mosaico común, lo que se expresa solo cuando está presente la enfermedad.

En relación a la adaptabilidad, el análisis permitió agrupar los nueve genotipos en tres grupos, basado en el valor del coeficiente de regresión (b) y su rendimiento. En este sentido, las variedades tradicionales, tipo Tórtola y Coscorrón, aparecen caracterizadas como muy sensibles a los cambios ambientales, con coeficientes de regresión significativamente superior a 1, y se adaptan mejor a ambientes de alta productividad. En un segundo grupo, están las variedades 'Cuyano-INIA', Burros Argentinos, 'Coscorrón-INIA' y Frutilla corriente, que presentan coeficientes de regresión que no difieren significativamente de 1 y con un comportamiento más inestable en los diferentes ambientes. El tercer grupo, representado por las variedades 'Tórtola-INIA', 'Araucano 85-INIA' y 'Suaves 85 INIA', con un coeficiente de regresión significativamente inferior a 1, que se adaptan mejor a ambientes de baja productividad, donde se emplean escasos insumos (Tapia et al., 1992).

En resumen, fue posible clasificar a las variedades evaluadas de acuerdo a su adaptación a ambientes específicos. Por ejemplo, las variedades 'Cuyano-INIA', 'Burros Argentinos' y 'Coscorrón-INIA', presentaron una amplia adaptabilidad. Las variedades 'Tórtola corriente' y 'Coscorrón corriente', presentaron un mejor comportamiento en ambientes de alta productividad y la variedad 'Tórtola-INIA' y 'Araucano-85 INIA' presentaron una mejor adaptabilidad a ambientes estresados (Tapia et al., 1992).

Caracterización nutritiva del germoplasma colectado en Chile

El frejol presenta un alto contenido de proteína y una amplia variabilidad en otros elementos nutritivos (Schmidt-Hebbel et al., 1990; Zacarías et al., 2018), que son beneficiosos para la salud (Hidalgo et al., 2018; Blair et al., 2023; Belmar et al., 2023).

Análisis proximal. Estudios realizados en 11 variedades chilenas de frejol ('Apolo', 'Araucano', 'Burro', 'Burros Argentinos', 'Cristal Blanco', 'Frutillas', 'Pajaritos', 'Suaves' y 'Tórtola') y dos variedades extranjeras ('Arroz' y 'Red Kidney') cultivadas en el país, indicaron que estas variedades presentan en promedio, un contenido de proteínas entre un 20-26 % en el grano y un 3-5 % en la paja (dependiendo de la cantidad de hojas presentes en la muestra), fibra cruda 4,5-5,5 %, extracto etéreo 1,5-2,7 %, cenizas 3,1-4,6 % y extracto no etéreo de 62-65 % (Palma y Ciudad, 1972). En otro estudio, donde se evaluaron las variedades comerciales 'Tórtola-Diana', 'Tórtola-INIA', 'Fleetwood', 'Negro Argel', 'Orfeo-INIA', 'Blanco-INIA', 'Pinto UI114', 'Arroz 3', 'Coscorrón Granado-INIA' y las variedades tradicionales 'Tórtola corriente' y 'Coscorrón corriente' (12 % de humedad), los resultados obtenidos fueron: grasa un 1,3 %; fibra cruda, 4,3 %; proteína (N x 6,5), 20,7 %; cenizas, 3,6 %; carbohidratos (por diferencia), 58,6 % (Zacarías et al., 1991). Otro estudio, mostró que el contenido de sólidos solubles y total de proteínas varió significativamente entre las diferentes accesiones. Por ejemplo, la accesión 'Mantequilla' y 'Palo' presentaron un 20,3 % y un 30,4 % de proteína total, respectivamente y una alta concentración de aminoácidos totales. Por otro lado, la accesion 'Peumo' (10.01 mg mL^{-1}), presentó el mayor valor de proteínas solubles, en comparación con la variedad 'Coscorrón' (1.77 mg/mL^{-1}), que obtuvo el menor valor (Márquez et al., 2024). Una evaluación realizada sobre las variedades 'Tórtola', 'Coscorrón', 'Arroz' y 'Cristal Bayo', determinó que el contenido de proteína varió entre un 23,2 % a 24,5 %; la grasa entre un 1,2 y un 1,4 %; la fibra entre 3,8 y un 4,8 %; los hidratos de carbono entre 56,4-58,2 %; y las calorías entre 334-338 (Pak y Barja, 1968; 1974).

La composición de carbohidratos varió ampliamente entre las accesiones de frejol. Es así como, el contenido de rafinosa fluctuó entre 5,3 mmol 10 g^{-1} en la variedad 'Araucano' y 'Sapito'; y 3,9 mmol 10 g^{-1} en la accesión 'Peumo'. Por otro lado, el contenido de sacarosa varió entre un 1,1 a un 4,8 % en las accesiones 'Azufrado' y 'Manteca', respectivamente (Márquez et al., 2024).

Otro estudio reciente, realizado en 35 variedades, confirmó la presencia de una amplia variabilidad en el contenido de proteínas, carbohidratos, lípidos, cenizas y fibra, en granos crudos como cocidos (Acuña-Nelson et al., 2025).

Macro y micronutrientes en frejol

Para determinar el contenido de macro y micronutrientes, se evaluaron 50 accesiones representativas de la colección núcleo, sembradas en dos localidades (Región Metropolitana y Ñuble). Los macro y micronutrientes evaluados fueron: N, P, K, Ca, Mg, Na, Cu, Fe, Mn, Zn, B, S, C y la relación C/N de la semilla. Los resultados indicaron que el contenido de proteínas fluctuó entre 183,5 y 259,7 g kg^{-1}, el de Fe entre 68,9 y 152,4 mg kg^{-1} y el de Zn desde 27,9 a 40,7 mg kg^{-1} (Paredes et al., 2009).

El contenido de N se correlacionó positivamente con el contenido de proteínas, en cambio, los contenidos de P, Cu, Zn, y S, se relacionaron negativamente con el contenido de B y la relación C/N de la semilla. El contenido de Fe, se correlacionó positivamente con los contenidos de Mn y Ca. El contenido de Zn, se correlacionó positivamente con los contenidos de N, P, Cu y S, y negativamente con la relación C/N de la semilla. No se observaron diferencias significativas entre los genotipos chilenos, comparados con otras razas (Paredes et al., 2009).

Por otro lado, el análisis de las características nutritivas de 23 variedades tradicionales y cinco variedades comerciales indicó que algunas accesiones tradicionales tenían una concentración nutricional superior a la de las variedades comerciales, lo que podría ser usado para la industria y para el desarrollo de nuevas variedades comerciales con un mayor valor nutritivo. Por ejemplo, la accesión 'Palo' presentó una alta concentración de P (7,5 g kg^{-1}), K (19,8 g kg^{-1}), Mg (2,4 g kg^{-1}), Zn (52,7 mg kg^{-1}), y Cu (13,7 mg kg^{-1}) (Márquez et al., 2024).

Aminoácidos en frejol chileno. El valor nutritivo de las proteínas de leguminosas depende de su composición aminoacídica. Los aminoácidos limitantes son principalmente metionina, cisteína y triptófano, en consecuencia, su valor biológico es incompleto. Sin embargo, las leguminosas son una excelente fuente de lisina, por lo cual es importante complementar el consumo de frejol con cereales como el maíz, que aportan los aminoácidos deficientes en el frejol. Un estudio realizado con 28 accesiones de frejol colectadas en Chile, determinó que presentaron un total de 334 mg g^{-1} de proteína con aminoácidos esenciales, y 410 mg g^{-1} de proteína con aminoácidos no esenciales. Dentro de los aminoácidos esenciales, los más abundantes fueron glicina e histidina con 61 mg g^{-1} de proteína, leucina (61 mg g^{-1} de proteína), lisina (51 mg g^{-1} de proteína), y los menos abundantes fueron metionina (7 mg g^{-1} de proteína), y triptófano (36 mg g^{-1} de proteína). En el caso de los aminoácidos no esenciales, el ácido glutámico fue el más abundante (120,1 mg g^{-1} de proteína), seguido por asparagina (90,2 mg g^{-1} de proteína) y el menos abundante, el trans-4-hidroxiprolina (1,8 mg g^{-1} de proteína) (Márquez et al., 2024).

La concentración de aminoácidos esenciales de las accesiones analizadas fue variable, la variedad 'Hallado Alemán' obtuvo el mayor valor, con 367 mg g^{-1} de proteína, que superó a 'Tórtola' que tuvo 293,3 mg g^{-1} de proteína y que correspondió al menor valor obtenido. Por otro lado, para los aminoácidos no esenciales, la variedad 'Araucano' obtuvo el mayor valor de proteína, 452,1 mg g^{-1} mientras que, 'Tórtola' obtuvo el menor contenido de proteína con 369,5 mg g^{-1} (Márquez et al., 2024).

Calidad biológica de las proteínas del frejol

En la evaluación de diferentes variedades comerciales, 'Tórtola-Diana', 'Tórtola-INIA', 'Fleetwood', 'Negro Argel', 'Orfeo-INIA', 'Blanco-INIA', 'Pinto UI 114', 'Arroz 3' y 'Coscorrón Granado-INIA' y las variedades tradicionales 'Tórtola corriente' y 'Coscorrón corriente', las variedades 'Negro Argel' y 'Pinto UI 114', presentaron diferencias significativas en su eficiencia proteica (REP): 1,67 ± 0,22 y 1,72 ± 0,23, respectivamente. La variedad 'Arroz-3' presentó el mayor valor REP (2,03 ± 0,30). Estos resultados permitieron concluir que, tanto el contenido de proteína como la calidad biológica de las nuevas variedades, son similares con las de las variedades tradicionales (Zacarías et al., 1991).

Otro estudio orientado a evaluar el efecto de la temperatura en el contenido y la calidad biológica de las proteínas, medida como valor de la proteína neta (NPU_{10}), sobre cuatro variedades chilenas: 'Tórtola', 'Coscorrón', 'Arroz' y 'Cristal Bayo', estado crudo (testigo) y bajo dos tratamientos térmicos: (a) cocción en autoclave a 121 °C por 20 min, con granos previamente molidos; (b) granos expuestos a ebullición por 2 horas, posterior al remojo del grano entero por cuatro horas. Los resultados determinaron que las semillas crudas y cocidas de las cuatro variedades (10 % de humedad), no presentaron diferencias significativas en el contenido de proteínas ni en su calidad biológica (Pak y Barja, 1968; 1974).

El análisis biológico indicó que, las ratas que consumieron frejol crudo al 10 % de las calorías proteicas presentaron inhibición del crecimiento, con excepción de las ratas que consumieron frejol 'arroz', lo que indica que el frejol al estado crudo contiene productos tóxicos (Pak y Barja, 1974). Los productos tóxicos presentes en el grano crudo del frejol, se inactivan o destruyen con los tratamientos de calor. La cocción usando la autoclave y sin remojo previo de la semilla, indicó que el porcentaje de calorías proteicas fluctuó entre 27,6 y 29,3 y la calidad proteica fluctuó entre 35,2 y 40,6 NPU. Por otro lado, la cocción por ebullición elevó la calidad proteica a 36,8 y 48,0 NPU, dependiendo de la variedad. En este sentido, la variedad 'Coscorrón' presentó la mayor calidad proteica, en ambos tratamientos (40,6 *vs* 48,0 NPU). Por otro lado, la digestibilidad verdadera de la proteína varió entre 71,9 y 75,9 % (Pak y Barja, 1974).

Actividad antioxidante y concentración de fenoles en frejol

La concentración total de compuestos fenólicos y la capacidad de absorción de radicales de oxígeno (ORAC), o capacidad de absorción de radicales libres, son usados para evaluar el potencial antioxidante de los genotipos. El contenido total de fenoles varió entre 218,1 mg GA 100 g^{-1} para la variedad 'Peumo' y 49,1 mg GA 100 g^{-1}, para 'Coscorrón'. Mientras que el potencial

oxidante de las variedades fluctuó entre 4.544,9 a 23,045 µmol eq trolox $100g^{-1}$ de extracto en las variedades 'Coscorrón' y 'Araucano', respectivamente (Márquez et al., 2024).

Factores Tóxicos presentes en la semilla del frejol

Los principales factores tóxicos presentes en el grano de frejol son: glucósidos cianogenéticos, inhibidores de tripsina y hemaglutininas. La presencia de estos factores tóxicos limitan el valor nutritivo de los granos de frejol, al estado crudo.

Glucósidos cianogenéticos. Un estudio de variedades de frejol chileno ('Burros', 'Coscorrón', 'Tórtolas', 'Suaves', 'Burros Argentinos', 'Pajaritos', 'Cristal Blanco', 'Araucanos', 'Apolo', 'Villarrica', 'Titán', 'Zeus' y 'Frutilla'), y variedades extranjeras ('Red Kidney', 'Arroz', 'Seaway', 'Saginaw' y 'Robust') reveló, que el contenido de ácido cianhídrico fluctuó entre 5,6 y 50,9 mg 1000 g^{-1}. Las variedades que presentaron la mayor cantidad de ácido cianhídrico (HCN), fueron 'Burros' con 50,8 mg 1000 g^{-1} y 'Coscorrón' con 42,5 mg 1000 g^{-1}; por el contrario, las variedades con menor contenido de ácido cianhídrico fueron 'Apolo' con 5,9 mg 1000 g^{-1} y 'Frutilla' con 5,6 mg 1000 g^{-1}. Sin embargo, el contenido de HCN de todas las variedades analizadas, fue inferior a la dosis tóxica para los adultos (200 mg) (Palma y Ciudad, 1972).

Al evaluar diferentes tratamientos para reducir el contenido de glucósidos cianogenéticos en el frejol 'Tórtola', se determinó que el remojo y el proceso de cocción fueron los métodos más eficientes para disminuir el nivel de estos tóxicos. Cabe destacar que los valores encontrados en las semillas crudas y/o cocidas, están debajo de los límites de toxicidad, de tal manera que ninguno de ellos presenta riesgos para el consumo humano y animal (Palma y Ciudad, 1972, Contreras et al., 1973).

Inhibidores de tripsina. Un estudio realizado en tres variedades de frejol ('Zeus', 'Coscorrón' y 'Tórtola'), mostró que los valores de inhibidores de tripsina fluctuaron entre 13 y 21 unidades inhibidas de tripsina ($UITmg^{-1}$). La aplicación de diferentes tratamientos, por vía húmeda a la semilla, eliminó casi totalmente la actividad antitrípica. El remojo no influyó en los valores obtenidos, por lo que el consumo de frejoles no representa un peligro para el consumidor. El calor seco solo elimina en forma parcial la actividad antitríptica (Gallardo et al., 1974).

Al comparar la actividad antitrípica en diferentes especies de leguminosas de granos, se determinó que el mayor valor de actividad (28,39 UIT mg^{-1}) se presentó en la soya (*Glycine max*), cuando la muestra esta seca y desgrasada, seguida por los frejoles (13,17 a 21,71 UIT mg^{-1}) y el chícharo (*Lathyrus sativus*) (14,30 UIT mg^{-1}), donde sus valores son genotipo dependiente. Las leguminosas que presentaron los valores bajos de actividad antitrípica fueron: las habas (*Vicia faba*), 1,93 UIT mg^{-1}, arveja (*Pisum sativum*), 1,71 UIT mg^{-1}; lenteja (*Lens culinaris*) 1,51 UIT mg^{-1} y garbanzo (*Cicer arietinum*) 4,75 UIT mg^{-1}. El lupino (*Lupinus albus,* var astra y *Lupinus luteus,* var aurea), no presentaron actividad antitrípica (Gallardo et al., 1974).

Hemaglutininas, lectinas o fitohemaglutininas. En un estudio en especies de leguminosas: frejol, haba, chícharo, arveja, garbanzo, lenteja, soya y lupino, se distinguieron dos tipos de hemaglutininas, aquellas que dieron positivo con glóbulos tripsinados de vaca y otro con el de conejo. El frejol presentó las concentraciones más altas en ambos tipos de hemaglutininas. Las variedades 'Coscorrón' y 'Tórtola' presentaron valores entre 19 y 12 en eritrocitos de vaca

y conejo, y la variedad 'Arroz' entre 17 y 9, respectivamente. En el caso de soya, haba, arveja, lenteja, garbanzo y chícharo, presentaron actividad hemaglutinante sólo en eritrocitos de conejo, a diferencia del lupino blanco que presentó actividad en eritrocito de vaca. Los valores de la actividad hemaglutinante en arveja, lenteja y chícharo varió entre 10 y 11. El lupino amarillo (*L. luteus*), no presentó actividad aglutinante (Contreras y Tagle, 1974). La evaluación de diferentes tratamientos, para eliminar hemoglutinante en la variedad 'Tórtola', indicó que el remojo previo y calentado del grano en una olla a presión a 10 lb por 20 s, redujo sustancialmente la actividad hemaglutinante (Contreras y Tagle, 1974).

Calidad culinaria

Capacidad de absorción de agua y tiempo de cocción. Los granos de frejol pueden absorber entre 93 % y 125 % de su peso en agua, dependiendo del tiempo de remojo, temperatura del agua, composición de la cáscara y de los cotiledones, presencia de compuestos fenólicos y lignina y del tamaño del grano, entre otros.

La evaluación de 25 variedades de frejol, pertenecientes a 10 clases comerciales de frejol de consumo interno ('Tórtola', 'Coscorrón', 'Cranberry', 'Burros' o 'Cuyanos' y 'Pinto' o 'Hallado') y de exportación (frejol tipo 'Arroz', 'Negro', 'Kidney', 'Great Northern' y 'Blanco grande') que incluía a la variedad mejorada y a la selección local más representativa indicó que para los frejoles de consumo interno las clases comerciales 'Tórtola' (105 %), 'Coscorrón' (102 %) y 'Cranberry' (106 %), absorbieron una mayor cantidad de agua comparada con el tipo 'Burro' y 'Pinto', que absorbieron un 95 %. Por otro lado el tiempo de cocción de 'Tórtola' (23 min) y 'Coscorrón' (23 min), fue menor al de 'Cranberry', 'Burro' y 'Pinto' que presentaron en promedio un tiempo de cocción de 30 minutos (Paredes et al., 1989b).

Para el frejol de exportación, al comparar las variedades mejoradas y corrientes, se observó una ligera superioridad en las variedades mejoradas. El frejol 'Kidney' (108 %) y 'Blanco Grande' (103 %), absorbieron la mayor cantidad de agua y presentaron un mayor tiempo de cocción, 38 min y 40 min, respectivamente en comparación con las variedades 'Arroz' (93 %), 'Negro' (98 %) y 'Great Northern' (94 %), que absorbieron menos agua y presentaron un menor tiempo de cocción (Paredes et al., 1989b).

Un estudio reciente en 35 variedades de frejol tendiente a evaluar el efecto de la cocción en las características nutricionales y culinarias, determinó que la cocción aumentó el contenido de proteínas y carbohidratos, y que disminuyó el contenido de lípidos y cenizas, dependiendo de las variedades (Acuña-Nelson et al., 2025).

Volumen y sólidos solubles del caldo. Un estudio tendiente a evaluar otras características de calidad determinó que las variedades de consumo interno que presentaron un mayor volumen de caldo fueron 'Cranberry' (725 mL), 'Burro' (750 mL) y 'Pinto' (700 mL); y un 1,2 P/V; 1.04 P/V; 1,36 P/V de sólidos solubles en el caldo. En general, para el frejol de exportación, las variedades negras presentaron un mayor volumen y sólidos solubles del caldo en comparación con el resto de las clases comerciales de exportación. Tanto los frejoles 'Great Northern' como los 'Blancos Grandes' presentan la menor cantidad de sólidos solubles en el caldo en comparación a los frejoles tipo 'Arroz', 'Negro' y 'Kidney'. En general, las variedades de exportación, en promedio,

presentaron un tiempo de cocción, volumen y sólidos solubles ligeramente superiores a las variedades de consumo interno (Paredes et al., 1989b).

Utilización del germoplasma colectado en Chile

En países, donde se produce y consume el frejol como los EE.UU, México, África oriental, entre otros (Amongi et al., 2025; Mbiu et al., 2025), sería importante incentivar el intercambio de germoplasma chileno o de otros orígenes, para evaluarlo y usarlo como parental en los programas de mejoramiento genético, para desarrollar nuevas variedades con alto potencial de rendimiento, buenas características agronómicas, resistentes a factores bióticos y abióticos y de mayor calidad culinaria y nutricional en las clases comerciales demandadas por los consumidores (Herrera y Bascur, 1986; Paredes et al., 1989a; Paredes, 1994; Kelly et al., 1999, Kelly, 2004; Kelly, 2014; Baginsky, 2018; Assefa et al., 2019; Parker et al., 2023). Por otro lado, es también importante determinar la relación del germoplasma chileno con otros acervos genéticos y razas cultivadas para transformar este conocimiento en una oportunidad para mejorar el germoplasma chileno utilizando a su favor la menor incompatibilidad genética que puede presentar el germoplasma chileno al cruzarlo con accesiones de otro acervo genético (Paredes y Gepts, 1995a).

Se postula que la escasa diversidad genética ha sido un factor limitante para obtener una mayor ganancia genética, ya que actualmente se realizan cruzamientos entre progenitores de la misma raza o acervo genético (Singh et al., 1989; Singh et al., 1993; Singh y Urrea, 1995; Singh, 2001); dada esta situación, se recomienda cruzar progenitores de diferentes razas y/o acervos que posean una buena habilidad combinatoria general para aumentar el potencial de rendimiento y el avance genético (Nienhuis y Singh, 1988; Singh et al., 1989, 1991a; Singh, 1991; 1995; Johnson y Gepts, 1999).

Actualmente el mejoramiento genético del hábito de crecimiento, tipo III, que es mayoritario en la raza Chile, es una de las principales limitantes del cultivo. Este tipo de plantas no permite una cosecha mecanizada, labor que actualmente se debe realizar en dos o tres etapas. Esta es una de las razones, por la cual, el cultivo del frejol es poco competitivo, en relación a otras alternativas productivas. Para abordar el mejoramiento genético del hábito de crecimiento, una fuente de germoplasma está en la raza Mesoamérica, donde predominan genotipos con hábito de crecimiento arbustivo tipo II, las cuales han sido de gran utilidad en el desarrollo de variedades aptas para la cosecha mecánica y de mayor rendimiento en otros programas de mejoramiento genético (Kelly et al., 1998; 1999; Kwak et al., 2012).

Frente a la menor disponibilidad de agua, debido al cambio climático y la presencia de alternativas más rentables se hace imperativa la necesidad de desarrollar variedades más precoces y tolerantes al estrés hídrico. En este caso, asociado al mejoramiento del estrés hídrico y la precocidad, existen fuentes de tolerancia a sequía en el germoplasma de la raza Durango (Kelly et al., 1999; Terán y Singh, 2002; Singh, 2006; Beebe et al., 2013), y otras fuentes germoplasma disponible con mayor precocidad (White y Singh, 1991; Sexton et al., 1997).

En el mediano plazo, será posible definir el uso de material silvestre en el mejoramiento genético. En este sentido, algunos estudios han identificado accesiones en el germoplasma Mesoamericano silvestre y cultivado un alto potencial de rendimiento (Singh et al., 1995; Acosta-Gallegos et al., 2007; Porch et al., 2013), y en silvestres y asilvestradas ('weedy'); alta tasa fotosintética y alta eficiencia en el uso del nitrógeno (Lynch et al., 1992).

Agradecimientos. Los autores desean agradecer el financiamiento de los proyectos FONDECYT REGULAR N°1980164, 1998-2000; N°1060185, 2006-2009; Generation Challange Program, 2009-2010; FONDECYT- Incentivo a la Cooperación Internacional N°7070033, 2007; Traída de Expertos Internacionales, FIA 2003; Curso Internacional genética de poblaciones, Bioinformatics Research Center, North Carolina State University (E.E.U.U.), FIA. 2003 y al Ministerio de Agricultura a través del Programa de Mejoramiento genético de frejol, INIA.

Este financiamiento también permitió financiar nueve tesis de grado, requisito para optar al título de Ingeniero Agrónomo de los alumnos: Claudio Vera, 1998; Susan Araya, 2000; Yoni Flores, 2000; Juan Carlos Bustamante, 2001; Fernando Cortés, 2002; Pedro Alba, 2002; Eliseo Rojas, 2007; Ana Care, 2007; Antonio Saravia, 2011.

M. Paredes y V. Becerra desean agradecer a los Drs. Paul Gepts, Daniel Debouck, Shree Singh, Fredrick A. Bliss, Matthew Blair, George Hosfield, Juan Izquierdo y colegas del INIA, quienes, a lo largo de los años, contribuyeron a nuestra formación profesional y nos han apoyado en forma incondicional en el desarrollo de nuestro trabajo.

Referencias

Acosta, J., Padilla, S., Castellanos, J., et al. 1996. Época de siembra del frijol de riego en el Altiplano de México. Rev. Fitotec. Mex. 19:131-140.

Acosta-Gallegos, J., Kelly, J., Gepts, P. 2007. Prebreeding in common bean and use of genetic diversity from wild germplasm. Crop Sci. 47: S44-S49.

Acuña-Nelson, S, Bastías-Montes, J., Gajardo-Poblete, I., et al.2025. Diversity in Chilean bean varieties: Effects of water cooking on nutrition and culinary quality. Plant Foods Hum. Nutr. 30 80(2):116.

Amongi, W., Aparicio, J., Nduwarugira, E., et al. 2025. Yield and climatic parameters in a common bean (*Phaseolus vulgaris* L.) regional trial. Crop Sci. 65:e70037.

Arriagada, O., Arévalo, B., Pacheco, I., et al. 2024. A past genetic bottleneck from Argentine beans and a selective sweep led to the race Chile of the common bean (*Phaseolus vulgaris* L.). Int. J. Mol. Sci. 25:4081.

Assefa, T., Mahama, A., Brown, A., et al. 2019. A review of breeding objectives, genomic resources, and marker-assisted methods in common bean (*Phaseolus vulgaris* L.). Mol. Breed. 39:20.

Baginsky, C., Ramos, L. 2018. Situación de las legumbres en Chile: Una mirada agronómica. Rev. Chil. Nutr. 45(5):21-31.

Bascur, G., Tay, J. 2005. Colecta caracterización y utilización de la variabilidad genética en germoplasma chileno de porotos (*Phaseolus vulgaris* L.). Agric. Téc. (Chile) 65(2):135-146.

Bassett, M. 1992. Pleiotropic effects of *gri* on seed coat and flower color in common bean. HortSci. 27:254-256.

Bassett, M. 1994. The griseoalbus (gray-white) seedcoat color is controlled by an allele (p^{gri}) at the *P locus* in common bean. HortSci. 29: 1178-1179.

Bassett, M. 1999. The seed coat color genotype of Prim and the Manteca and Coscorron market classes of common bean. HortSci. 34(2):336-337.

Becerra, V., Paredes, M. 2001. Informe técnico interno. Proyecto Fondecyt 1980-164.

Becerra, V., Gepts, P. 1993. Characterization of genetic diversity in common beans (*Phaseolus vulgaris* L) using RFLP markers (pp. 53-59). In W. Rocca, J. Meyer, M. Pastor-Corrales et al., (eds). *Phaseolus* bean advanced biotechnology research network. Centro Internacional de Agricultura Tropical, CIAT, Cali, Colombia. 431p.

Becerra-Velásquez, V., Gepts, P. 1994. RFLP diversity of common bean (*Phaseolus vulgaris* L.) in its centres of origin. Genome 37:256-263.

Becerra, V., Paredes, M., Debouck, D. 2011. Genetic relationships of common bean (*Phaseolus vulgaris* L.) race Chile with wild Andean and Mesoamerican germplasm. Chil. J. Agric. Res. 71(1):3-15.

Becerra, V., Paredes, M., Rojo, C., et al. 2010. Microsatellite marker characterization of Chilean common bean (*Phaseolus vulgaris* L.) germplasm. Crop Sci. 50:1932-1941.

Beebe, S., Rao, I., Blair, M., et al. 2013. Phenotyping common beans for adaptation to drought. Front. Physiol. 6(4):35.

Beebe, S., Rengifo, J., Gaitán, E., et al. 2001. Diversity and origin of Andean landraces of common bean. Crop Sci. 41:854-862.

Beebe, S., Skroch, P., Tohme, J., et al. 2000. Structure of genetic diversity among common bean landraces of middle American origin based on correspondence analysis of RAPD. Crop Sci. 40:264-273.

Beebe, S., Toro, O., González, A., et al. 1997. Wild weedy-crop complexes of common bean (*Phaseolus vulgaris* L., Fabaceae) in the Andes of Perú and Colombia, and their implication for conservation and breeding. Genet. Resour. Crop Evol. 44:73-91.

Bellucci, E., Benazzo, A., Xu, X., et al. 2023. Selection and adaptive introgression guided the complex evolutionary history of the European common bean. Nat. Commun.14:1908.

Belmar, C., Jara, N., Baginsky, C., et al. 2023. La gran porotada: Recetas e historias del poroto en Chile. Edit. Social Ediciones. 122p.

Blair, M., Díaz, L., Buendía, H., et al. 2009. Genetic diversity, seed size, association, and population structure of a core collection of common beans (*Phaseolus vulgaris* L.). Theor. Appl. Genet. 119:955-972.

Blair, M., Díaz, J., Duque, M., et al. 2007a. Evidencia molecular de diferenciación genética e introgresión entre razas de fríjol común del acervo Andino. Acta Agronómica 56(4):165-170.

Blair, M., Díaz, J., Hidalgo, R., et al. 2007b. Microsatellite characterization of Andean races of common bean (*Phaseolus vulgaris* L.). Theor. Appl. Gent. 116:29-43.

Blair, M., Li, H., Nekkalapudi, L., et al. 2023. Nutritional traits of beans (*Phaseolus vulgaris* L.): Nutraceutical characterization and genomics (pp. 611-638). In C. Kole (ed.) Compendium of crop genome designing for nutraceuticals. Springer Nat. Singapore.1630p.

Brown, A. 1989. The case for core collection (pp. 136-156). In A. Brown, O. Frankel, D. Marshal, et al., (eds). The use of plant genetic resources. Cambridge University Press, Cambridge.

Brown, A. 1995. The core collection at the crossroads (pp. 3-19). In T. Hodking, A. Brown, T. van Hintum et al., (eds). Core collections of plant genetic resources. Plant Genetic Resources Institute (IPGRI). Plant Genetic Resources Institute (IPGRI). A Willey-Sayce Publication, UK.

Bustamante, J. 2001. Relaciones genéticas de la Raza Chile con frejoles silvestres mediante AFLP. Tesis para optar al titulo de Ingeniero Agrónomo. Facultad de Agronomía, de Ingeniería y Agronegocios, Escuela de Agronomía. Universidad Adventista de Chile. Chillán, Chile. 29p.

Cárcamo, A. 2013. Curadoras de semillas: resistencia de saberes y prácticas tradicionales en la región de la Araucanía. Tesis Licenciatura en Antropología, Facultad de Filosofía y Humanidades, Escuela de Antropología. Universidad Austral de Chile. Valdivia, Chile. 160p.

CETSUR. 2020. Manual para el diálogo de saberes. Revitalizando el mapuzungun, a través de los saberes de la huerta de mujeres mapuche, maestras y aprendices curadoras de semillas. III Edición. CETSUR. Ministerio de Desarrollo Social y Familia, Temuco, Región de la Araucanía, Chile. 80p.

Chacón, M., Pickersgill, S., Debouck, D. 2005. Domestication patterns in common bean (*Phaseolus vulgaris* L.) and their origin of the Mesoamerican and Andean cultivars. Theor. Appl. Genet. 110:432-444.

CNCA, Consejo Nacional de la Cultura y las Artes. 2014. Variedades de porotos (pp. 61-76). En Arca del gusto. Catálogo alimentario patrimonial. Productos tradicionales y en riesgo de extinción en Chile. Consejo Nacional de la Cultura y las Artes. Gobierno de Chile. Santiago, Chile.

CONADI, Fondo de desarrollo indígena. 2020. Catastro, reconocimiento y descripción de las semillas tradicionales de las comunidades mapuche de la región de la Araucanía. Programa fomento social, productivo y económico para población indígena urbana y rural. Temuco, Chile. 229p.

Contreras S., Araya, H., Pak, N., et al. 1973. Factores tóxicos de leguminosas cultivadas en Chile. I. Glucósidos cianogenéticos. Arch. Latinoamer. Nutr. 23 (2):251-259.

Contreras, S., Tagle, M. 1974. Factores tóxicos de leguminosas cultivadas en Chile. III. Hemoaglutininas. Arch. Latinoamer. Nutr. 24(2):191-199.

Cubillos, A. 1992. Criterios para el funcionamiento del sistema de preservación de recursos genéticos. Instituto de Investigaciones Agropecuarias (Chile). Estación Experimental La Platina, Santiago. Serie La Platina N° 40. 56p.

Debouck, D. 1996. Colombian common and lima beans: Views on their origin and evolutionary significance. CORPOICA 1:7-15.

Debouck, D., Toro, O., Paredes, O., et al. 1993. Genetic diversity and ecological distribution of *Phaseolus vulgaris* in northwestern South America. Econ. Bot. 47:408-423.

Diaz, L., Blair, M. 2006. Race structure within the Mesoamerican gene pool of common bean (*Phaseolus vulgaris* L.) as determined by microsatellite markers. Theor. Appl. Genet. 114:143-154.

Durán, L., Blair, M., Giraldo, M., et al. 2005. Morphological and molecular characterization of common bean landraces and cultivars from the Caribbean. Crop Sci 45:1320-1328.

Esquivel F., Padilla, S., Ochoa, R., et al. 2002. Efecto de la fecha de siembra y el régimen de humedad en el desarrollo de pudrición de raíz y el rendimiento del frijol común *(Phaseolus vulgaris L.)*. Rev. Mex. Fitopatol. 20(2):161-167.

FIA, Fundación para la innovación Agraria. 2018. Porotos (pp. 102-108). En Patrimonio alimentario de Chile. Productos y preparaciones de la región de la Araucanía. Fundación para la innovación Agraria, Santiago, Chile.

Flores, Y. 2000. Antecedentes históricos, agronómicos y moleculares sobre el posible origen geográfico del frejol chileno. Tesis para optar al título de Ingeniero Agrónomo, Facultad de Agronomía, Universidad Adventista de Chile. Chillán, Chile. 45p.

Frankel, O. 1984. Genetic perspectives in germplasm conservation (pp. 161-170). In W., Arber, W. Llimensee, W. Peacock, et al., (eds). Genetic manipulation: Impact on man and society. Cambridge University Press, Cambridge, UK.

Frankel, O., Brown, A. 1984. Plant genetic resources today: A critical appraisal (pp. 249-257). In J. Holden, J. Williams (eds). Crop Genetic resources: Conservation and evaluation. George Allen and Unwin, UK.

Gallardo, F., Araya, H., Pak, N., et al. 1974. Factores tóxicos de leguminosas cultivadas en Chile. II. Inhibidor de tripsina. Arch. Latinoamer. Nutr. 24(2):183-189.

Gepts, P. 1995. Genetic markers and core collections. (pp. 127-146). In T. Hodgkin, A. Brown, T. van Hintum, et al., (eds). Core collections of plant genetic resources. International Plant Genetic Resources Institute (IPGRI). A. Wiley-Sayce Publication, UK.

Gepts, P., Bliss, F. 1986. Phaseolin variability among wild and cultivated common bean (*Phaseolus vulgaris*) from Colombia. Econ. Bot. 40:469-478.

Gioia, T., Logozzo, G., Attene, G., et al. 2013. Evidence for introduction bottleneck and extensive inter-gene pool (Mesoamerica x Andes) hybridization in the European common bean (*Phaseolus vulgaris* L.) germplasm. PLoS ONE 8(10): e75974.

Herrera, G., Bascur, G. 1986. Bases del programa de mejoramiento genético de porotos en el INIA. Agric. Tec. (Chile) 46:203-207.

Hidalgo, M., Rodríguez, V., Porras, O. 2018. Una mirada actualizada de los beneficios fisiológicos derivados del consumo de legumbres. Rev. Chil. Nutr. 45(1):32-44.

INIA-FAO, 2008. Estado de los recursos fitogenéticos. Conservación y utilización sostenible para la alimentación y la agricultura. Segundo informe país sobre el estado de los recursos fitogenéticos para la alimentación y la agricultura. Gobierno de Chile, Ministerio de Agricultura. Santiago, Chile. 72p.

Islam, F., Basford, K., Jara, C., et al. 2001. Seed compositional and disease resistance differences among gene pools in cultivated common bean. Genet. Resour. Crop Evol. 49:285-293.

Johns, M., Skroch, P., Nienhuis, J., et al. 1997. Gene pool classification of common bean landraces from Chile based on RAPD and morphological data. Crop Sci. 37:605-613.

Johnson, W., Gepts, P. 1999. Segregation for performance in recombinant inbred populations resulting from inter-gene pool crosses of common bean (*Phaseolus vulgaris* L.). Euphytica 106:45-56.

Kami, J., Becerra, V., Debouck, D., et al. 1995. Identification of presumed ancestral DNA sequences of phaseolin in *Phaseolus vulgaris*. Proc. Natl. Acad. Sci. USA 92:1101-1104.

Kelly, J. 2004. Advances in common bean improvement: some case histories with broader applications. Acta Horticulturae 637:99-122.

Kelly, J., Kolkman. J., Schneider, K. 1998. Breeding for yield in dry bean (*Phaseolus vulgaris* L.). Euphytica 102:343-356.

Kelly, J., Schneider, K., Kolkman, J. 1999. Developments in plant breeding: Breeding to improve yield (pp. 187-222). In S. Singh (ed.), Common bean improvement in the Twenty-First Century. Kluwer Acad. Pub., Dordrecht, The Netherlands.

Khairallah, M., Sears, B., Adams, W. 1992. Mitochondrial restriction fragment length polymorphism in wild *Phaseolus vulgaris* L.: Insights on the domestication of the common bean. Theor. Appl. Genet. 84:915-922.

Koenig, R., Gepts, P. 1989. Allozyme diversity in wild *Phaseolus vulgaris*: Further evidence for two major centers of diversity. Theor. Appl. Genet. 78: 809-817.

Koinange, E., Gepts, P. 1992. Hybrid weakness in wild *Phaseolus vulgaris* L. J. Hered. 83:135-139.

Kuzay, S., Hamilton-Conaty, P., Palkovic, A., et al. 2020. Is the USDA core collection of common bean representative of genetic diversity of the species, as assessed by SNP diversity? Crop Sci. 60:1398-1414.

Kwak, M., Gepts, P. 2009. Structure of genetic diversity in the two major gene pools of common bean (*Phaseolus vulgaris* L., Fabaceae). Theor. Appl. Genet. 118:979-992.

Kwak, M., Toro, O., Debouck, D., et al. 2012. Multiple origins of the determinate growth habit in domesticated common bean (*Phaseolus vulgaris* L.). Ann. Bot. 110:1573-1580.

Labaton, J., Miller, T., Gil, J., et al. 2018. Resequencing of common bean identifies regions of inter–gene pool introgression and provides comprehensive resources for molecular breeding. Plant Genome 11(2):170068.

Leakey, C. 1992. Breeding on the *C* and *J* and *B loci* for modification of bean seedcoat flavonoids with the objective of improving food acceptability. Annu. Rpt. Bean Improv. Coop. 35: 13-17.

León-Lobos, P., Salazar, E., Díaz, R., et al. 2022. Plant genetic resources for food and agriculture in Chile. Progress in conservation, characterization and uses. Chil. J. Agric. Res. 82(2):320-334.

León, P., Seguel, I., Condón, F. 2010. Conservación *ex situ* de los recursos fitogenéticos (pp. 43-58). En Estrategia en los recursos fitogenéticos para los países del Cono Sur. Documentos. Programa Cooperativo para el Desarrollo Tecnológico Agroalimentario y Agroindustrial del Cono Sur, PROCIDUR, IICA, Montevideo, Uruguay. 172p.

Lynch, J., González, A., Tohme, J., et al. 1992. Variation in characters related to leaf photosynthesis in wild populations and landraces of common bean. Crop Sci. 35:1468-1467.

Manzur, M. 2016. Porotos (pp. 135-215). En Catálogo de semillas tradicionales de Chile. Fundación Sociedades Sustentables, Santiago, Chile. 280p.

Márquez, K., Arriagada, O., Pérez-Díaz, R., et al. 2024. Nutritional characterization of Chilean landraces of common bean. Plants 13:817.

Mbiu, J., Assefa, T., Mukankusi, C., et al. 2025. Consumer traits of common beans: A global and regional perspective on seed coat darkening, cooking time, protein, and mineral content. Front. Nutr. 12:1658338.

Miklas, P., Delorme, R., Hannan, R., et al. 1999. Using a subsample of the core collection to identify new sources of resistance to white mold in common bean. Crop Sci. 39:569-573.

Nienhuis, J., Singh, S. 1988. Combining ability analyses and relationships among yield, yield components, and architectural traits in dry bean. Crop Sci. 26:21-27.

Pak, N., Barja, I. 1968. Valor nutritivo de leguminosas crudas y precocidas. Nutr. Bromatol. Toxicol. 7: 55-62.

Pak, N., Barja, I. 1974. Valor nutritivo de cuatro variedades de frejol (*Phaseolus vulgaris*) cultivadas en Chile. Análisis comparativo con leguminosas de importancia en la alimentación chilena. Arch. Latinoamer. Nutr. 24: 495-505.

Palma, R., Ciudad, C. 1972. Contenido de ácido cianhídrico en diferentes variedades de frejol (*Phaseolus vulgaris* L.). Agric. Tec. (Chile) 32(3):122-127.

Papa, R., Gepts, P. 2003. Asymmetry of gene flow and differential geographical structure of molecular diversity in wild and domesticated common bean (*Phaseolus vulgaris* L.) from Mesoamerica. Theor. Appl. Genet. 106:239-250.

Paredes, M. 1994.Nuevos antecedentes a considerar en el programa de mejoramiento genético de frejol en Chile. Agric. Téc. (Chile) 54: 302-309.

Paredes, M., Gepts, P. 1993. Genetic diversity, segregation and recombination in common bean (*Phaseolus vulgaris* L.) (pp. 60-68). In W. Rocca, J. Meyer, M. Pastor-Corrales et al., (eds). *Phaseolus* bean advanced biotechnology research network. Centro Internacional de Agricultura Tropical, CIAT, Cali, Colombia. 431p.

Paredes, M., Becerra, V., Condón, F., et al. 2010a. Utilización de los recursos fitogenéticos (pp. 99-116). En Estrategia en los recursos fitogenéticos para los países del Cono Sur. Documentos. Programa Cooperativo para el Desarrollo Tecnológico Agroalimentario y Agroindustrial del Cono Sur, PROCIDUR, IICA, Montevideo, Uruguay. 172p.

Paredes, M., Becerra, V., Tay, J. 2009. Inorganic nutritional composition of common bean (*Phaseolus vulgaris* L.) genotypes race Chile. Chil. J. Agr. Res. 69:486-495.

Paredes, M., Becerra, V., Tay, J., et al. 2010b. Selection of a representative core collection from the Chilean common bean germplasm. Chil. J. Agric. Res. 70(1):3-15.

Paredes, M., France, A., Bascur, G. 1989a. Desarrollo, evaluación y uso del germoplasma de frejol común en Chile. (pp. 333–343). En O. Voysest (ed.) Progreso en la investigación y producción del frejol común, CIAT, Cali, Colombia. 461p.

Paredes, M., Gepts, P. 1995a. Extensive introgression of Middle American germplasm into Chilean common bean cultivars. Genet. Resour. Crop Evol. 42: 29-41.

Paredes, M., Gepts, P. 1995b. Segregation and recombination in inter-gene pool crosses of *Phaseolus vulgaris* L. J. Heredity 86:98-106.

Paredes, M., Tay, J., Bascur, G., et al. 1998. Estudio de heredabilidad y avance genético en frejoles chilenos. Agric. Téc. 58(2):116-122.

Paredes, M., Valenzuela, A., Venegas, F. 1989b. Calidad culinaria de diferentes variedades de frejol. Inv. Prog. Agric. Quilamapu (Chile) 42:30-34.

Parker, T., Acosta, J., Beaver, J., et al., 2023. Genetic resources and breeding priorities in *Phaseolus* beans: Vulnerability, resilience, and future challenges. Plant Breed. Rev. 46:289-420.

Parker, T., Gepts, P. 2021. Population genomics of *Phaseolus* spp.: A domestication hotspot (pp. 607-689). In O. Rajora (ed.) Population Genomics: Crop Plants. Springer Nat., Cham, Switzerland.

Peralta, C., Isla, M. (eds.). 2013. Curadoras de semillas. El arte de conservar las semillas de los pueblos. 79p. CETSUR, Temuco, Chile.

PNUD. 2016. Guardianas de semillas. Un ejemplo de lucha contra la desertificación. Programa de las Naciones Unidas para el Desarrollo, Santiago, Chile. 75p.

Porch, T., Beaver, J., Debouck, D., et al. 2013. Use of wild relatives and closely related species to adapt common bean to climate change. Agronomy 3:433-461.

PROCISUR. 2010. Estrategia en los recursos fitogenéticos para los países del Cono Sur/IICA Montevideo. PROCISUR, IICA. 172p.

Rivas, M., Clausen, A., León-Lobos, P. 2010. Conservación *in situ* de recursos fitogenéticos de importancia para la agricultura y la alimentación (pp. 61-83). En Estrategia en los recursos fitogenéticos para los países del Cono Sur/IICA Montevideo. PROCISUR, IICA. 172p.

Rendón-Anaya, M., Herrera-Estrella, A., Gepts, P., et al. 2017a. A new species of *Phaseolus* (Leguminosae, Papilionoideae) sister to *Phaseolus vulgaris*, the common bean. Phytotaxa 313:259-266.

Rendón-Anaya, M., Montero-Vargas, J., Saburido-Álvarez, S., et al. 2017b. Genomic history of the origin and domestications of common bean in the Americas unveils its closest sister species. Genome Biol. 18:60.

Rodiño, A., Santalla, M., De Ron, A., et al. 2003. Variation in a core collection of common bean from the Iberian Peninsula. Euphytica 131:165-175.

Santalla, M., Rodiño, A., De Ron, A. 2002. Allozyme evidence supporting southwestern Europe as a secondary center of genetic diversity for common bean. Theor. Appl. Genet. 104:934-944.

Saravia, A. 2011. Evaluación del potencial productivo de clases comerciales de poroto chileno (*Phaseolus vulgaris* L). Tesis para optar al titulo de Ingeniero Agrónomo. Facultad de Agronomía, de Ingeniería y Agronegocios, Escuela de Agronomía. Universidad Adventista de Chile. Chillán, Chile. 50p.

Schmidt-Hebbel, H., Pennacchiotti, I., Masson, L., et al. 1990. Tabla de composición química de los alimentos chilenos. Facultad de Ciencias Químicas y Farmacéuticas. Universidad de Chile. https://repostorio.ichile.cl/handle/2250/121427.

Sexton, P., Petersen, C., Boote, K., et al. 1997. Early-season growth in relation to region of domestication, seed size, and leaf traits in common bean. Field Crop Res. 52(1):69-78.

Singh, S. 1991. Breeding for seed yield (pp. 383-443). In A. van Schoonhoven, O. Voysest, eds., Common beans: Research for crop improvement. C.A.B. Int., Wallingford, UK and CIAT, Cali, Colombia.

Singh, S. 1995. Selection for water-stress tolerance in interracial populations of common bean. Crop Sci. 35:118-124.

Singh, S. 2001. Broadening the genetic base of common bean cultivars: A review. Crop Sci 41:1659-1675.

Singh, S. 2006. Drought resistance in the race Durango dry bean landraces and cultivars. Crops Sci. 46:2111-2120.

Singh, S., Cajiao, C., Gutiérrez, J., et al. 1989. Selection for seed yield in inter-gene pool crosses of common bean. Crop Sci. 29:1126-1131.

Singh, S., Gepts, P., Debouck, D. 1991a. Races of common bean (*Phaseolus vulgaris*, Fabaceae). Econ. Bot. 45(3):379-396.

Singh, S., Gutiérrez, J. 1984. Geographical distribution of the DL_1, and DL_2 genes causing hybrid dwarf in *Phaseolus vulgaris* L., their association with seed size, and their significance to breeding. Euphytica 33:337-345.

Singh, S., Gutiérrez., Molina, A., et al. 1991b. Genetic diversity in cultivated common bean: II. Marker-based analysis on morphological and agronomic traits. Crop Sci. 31:23-29.

Singh, S., Molina, A., Gepts, P. 1995. Potential of wild common bean for seed yield improvement of cultivars in the tropics. Can. J. Plant Sci. 75:807-813.

Singh, S., Molina, A., Urrea, C., et al. 1993. Use of interracial hybridization in breeding the race Durango common bean. Can. J. Sci. 73:785-793.

Singh, S., Nodari, R., Gepts, P. 1991c. Genetic diversity in cultivated common bean. I. Allozymes. Crop Sci. 31:9-23.

Singh, S., Urrea, C. 1995. Inter-and intraracial hybridization and selection for seed yield in early generations of common bean, *Phaseolus vulgaris* L. Euphytica 81:131-137.

Skroch, P., Nienhuis, J., Beebe, S., et al. 1998. Comparison of Mexican common bean (*Phaseolus vulgaris* L.) core and reserve germplasm collections. Crop Sci. 38:488-496.

Tapia, F., Bascur, G., Barrales, L. 1992. Adaptabilidad de variedades comerciales de frejol en la zona centro-norte de Chile. Agric. Tec. (Chile) 52(1):90-96.

Terán, H., Singh, S. 2002. Comparison of sources and lines selected for drought resistance in common bean. Crop Sci. 42:64-70.

Tohme, J., Jones, P., Beebe, S., et al. 1995. The combined use of agroecological and characterization data to establish the CIAT *Phaseolus vulgaris* core collection. (pp. 95-107). In T. Hodgkin, A. Brown, T. van Hintum, et al., (eds). Core collections of plants genetic resources. Plant Genetic Resources Institute (IPGRI). A Willey-Sayce Publication, UK.

Tohme, J., González, D., Beebe, S., et al. 1996. AFLP analysis of gene pools of a wild bean core collection. Crop Sci. 36:1375-1384.

Trucchi, E., Benazzo, A., Lari, M., et al. 2021. Ancient genomes reveal early Andean farmers selected common beans while pre-serving diversity. Nat. Plants 7:123-128.

Vera, C., Paredes, M., Becerra, V. 1999. Estudio comparativo de diversidad morfológica, isoenzimática y RAPDs dentro y entre clases comerciales de frejol chileno (*Phaseolus vulgaris* L.). Agric. Téc. (Chile) 59(4):247-259.

White J., Singh S. 1991. Sources and inheritance of earliness in tropically adapted indeterminate common bean. Euphytica 55:15-19.

White, J., González, A. 1990. Characterization of the negative association between seed yield and seed size among genotypes of common bean. Field Crop Res. 23:159-175.

White, J., Kornegay, J., Castillo, J., et al. 1992a. Effect of growth habit on yield of large-seeded bush cultivars of common bean. Field Crop Res. 29: 151-161.

White, J., Singh, S., Pino, C., et al. 1992b. Effects of seed size and photoperiod response on crop growth and yield of common bean. Field Crop Res. 28: 295-307.

Zacarías, I., Barrios, L., González, C., et al. 2018. Leguminosas y oleaginosas (pp. 59-64). En Tabla de composición de alimentos. Instituto de Nutrición y Tecnología de los Alimentos. Universidad de Chile. 220p.

Zacarías, I., Bascur, G., Guzmán, E., et al. 1991. Evaluación química y biológica de variedades tradicionales y mejoradas de frejoles (*Phaseolus vulgaris* L.). Agric. Téc. (Chile) 51(3):262-266.

Zuzuki, S. 1994. Importancia de los recursos genéticos y su mejor manejo en Chile. Agric. Téc. (Chile) 54(4):387-398.

Capítulo 8. Mejoramiento genético del frejol en Chile

Mario Paredes C., Viviana Becerra V.

Periodo 1940 a 1963

En el año 1941, se inicia el programa de mejoramiento de frejol en Chile, bajo la dirección del Departamento de Genética del Ministerio de Agricultura. Los primeros trabajos, se focalizaron en la recolección y la caracterización de germoplasma recolectado en el país por diversas características fenotípicas, utilizando una clasificación usada por la Universidad de Minnesota, USA. Posterior al trabajo de recolección y caracterización del germoplasma, se procedió a seleccionar plantas dentro de cada variedad, para obtener líneas puras, ya que muchas de las variedades eran mezclas de genotipos (Concha, 1950).

Las variedades locales seleccionadas en conjunto, con algunas introducciones realizadas desde USA, Venezuela, Costa Rica, Brasil, entre otros países, fueron evaluadas en las Estaciones Experimentales Genéticas de Los Andes, Paine y Los Ángeles. Las variedades locales y extranjeras seleccionadas, fueron evaluadas posteriormente en ensayos de rendimiento y agronómicos, para determinar su potencial productivo. Uno de los problemas observados en el desarrollo de las primeras variedades, fue la alta infestación de virus y la dificultad de mantener el color del grano de la clase comercial (Concha, 1950).

Entre las variedades evaluadas, se encontraban frejoles destinados a la producción de grano seco, para el consumo interno y exportación, como también para el consumo en verde o ´huerteras´ (Cuadro 1).

Cuadro 1. Características de variedades de frejol evaluadas en ensayos de rendimiento en Chile. 1947-1949.

Destino de la producción/ variedades	Precocidad	Hábito de crecimiento	Color de grano	Tamaño de grano
Vaina verde				
Cristal bayo	Semi precoz	Semi postrado	Blanco	Grande
Consumo interno				
Araucano	Semi precoz	Semi postrado	Moteado rojo	Grande
Burrito	Muy tardío	Guiadora	Gris claro	Chico
Burros 1502	Semi precoz	Semi postrado	Gris oscuro	Medio
Bayos (tacho)	Semi precoz	Semi postrado	Rosado	Medio

Coscorrón	Muy tardío	Guiadora	Blanco	Grande
Frutillas	Muy tardío	Guiadora	Moteado rojo	Grande
Hallados chicos	Muy tardío	Guiadora	Gris moteado café	Chico
Marfil	Muy tardío	Guiadora	Blanco amarillento	Grande
Oro	Tardío	Guiadora	Amarillo Oro	Medio
Pinto	Semi precoz	Semi postrado	Moteado café	Chico
Rocha	Tardío	Guiadora	Blanco cremoso	Grande
Tortolito	Precoz	Semi postrado	Gris	Grande
Valdevenito	Semi precoz	Semi postrado	Moteado rojo	Grande
Exportación				
Arroz (navy)	Semi precoz	Semi postrado	Blanco	Muy pequeño
Cristal	Semi precoz	Guiadora	Blanco	Grande
Nagafzura	Precoz	Enano	Moteado rojo	Grande
Red Kidney	Precoz	Enano	Rojo	Grande
Red Mexican	Precoz	Enano	Rojo	Chico
Triguitos	Semi precoz	Semi postrado	Blanco	Muy pequeño

Fuente: Concha, 1950.

Paralelamente a estas actividades, se inició un programa de cruzamientos cuyos objetivos fueron: obtener variedades resistentes a virus, precoces y de alto potencial de rendimiento (Concha, 1950). En este contexto, se realizó un estudio tendiente a determinar el porcentaje de polinización cruzada de los frejoles en el país, utilizando las variedades 'Red Kidney' y 'Arroz'. Los resultados indicaron que las variedades evaluadas poseían un 0,05 % de polinización cruzada (Elgueta y Baillón, 1944).

En 1953, inició sus actividades la Estación Experimental Huencuecho, ubicada en la hacienda Huencuecho y Las Mercedes, de propiedad de las comunidades José Francisco, Jorge y Eugenio Correa Montt, y Rafael Matte y Cía., respectivamente. Esta estación experimental privada, ubicada en la región del Maule, empezó a estudiar diferentes cultivos, tales como frejol, arroz, maravilla, maíz y forrajeras. El trabajo inicial, se realizó en colaboración con el Ministerio de Agricultura,

Plan Chillán y la Sociedad Nacional de Agricultura (SNA). El mejoramiento genético en frejoles, se realizó en la E. E. Las Mercedes y estuvo enfocado principalmente a mantener la pureza varietal de las variedades tipo 'Red Kidney' y 'arroz' (variedad 'Michelite') (Gacitúa, 1956).

En el periodo 1957 y 1961, las principales variedades de exportación y consumo interno sembradas en el país eran las siguientes (Cuadro 2).

Cuadro 2. Porcentaje de siembra de las principales variedades de frejol sembradas en el país. 1957 y 1961.

Variedades	1957/1958	1958/1959	1959/1960	1960/1961	1961/1962
Exportación					
Arroz	5,7	19,7	22,8	11,0	9,4
Cristal	3,1	5,2	8	10,3	5,5
Red Kidney	1,4	6,2	8,9	12,1	4,2
Otras	3,0	0,7	0,9	0,5	0,5
Total	**13,2**	**31,8**	**40,6**	**33,9**	**19,6**
Consumo interno					
Tórtolas	25,8	15,9	19,8	22,4	30,1
Bayos	16,5	10,0	8,6	9,9	12,4
Villarrica	4,9	6,4	7,8	9,8	8,4
Burritos	9,3	7,7	4,1	4,2	5,3
Coscorrones	5,1	4,9	2,6	3,2	6,4
Frutillas	3,9	4,6	2,4	2,8	2,0
Tachos	2,5	2,4	1,4	2,0	1,1
Araucanos	4,6	3,2	2,6	1,5	2,9
B. Argentinos	8,5	6,9	5,6	5,9	8,0
Otras	5,7	6,2	4,5	4,4	3,8
Total	**86,8**	**68,2**	**59,4**	**66,2**	**80,4**

Fuente: Anónimo, 1963.

Dentro de los tipos de frejoles destinados al mercado nacional como grano seco, se destacaban el tipo tórtola, seguido de bayo, burros y coscorrón. Por otro lado, entre los tipos de exportación, estaban los 'arroces', 'Kidney' y 'Cristal' (Cuadro 2).

Periodo 1964 a 2025

En el año 1964, el Ministerio de Agricultura decidió crear el Instituto de Investigaciones Agropecuarias (INIA), que asumió la responsabilidad de la investigación agrícola del país. En este periodo, se determinó que los principales objetivos del programa de mejoramiento genético de frejol serían: obtener variedades resistentes a las principales enfermedades, con un alto potencial de rendimiento, precoces, con buenas características culinarias, y de un color y tamaño de grano aceptados por el mercado nacional e internacional. Los principales métodos de mejoramiento utilizados fueron: introducción; hibridación y selección (INIA, 1970).

El programa de introducción de germoplasma permitió la evaluación y selección de las variedades 'Seaway' (Ziver et al., 1969a; b), 'Pinto 72', 'Zeus' (Ziver y Álvarez, 1967a; b) y 'Negro Argel' (INIA, 1970).

Paralelamente, se realizó una evaluación de alrededor 900 accesiones, colectadas en el país y procedentes del extranjero, con el objetivo de seleccionar genotipos resistentes al mosaico común. Los resultados indicaron que aproximadamente 100 variedades presentaron algún grado de resistencia (a nivel de campo) a los virus, algunas de las cuales fueron seleccionadas para ser utilizadas como progenitores en el programa de cruzamientos (INIA, 1970).

Para abordar el problema de la susceptibilidad de las variedades al mosaico común y la pureza varietal, se utilizó el método de retrocruzas y de selección de línea pura con la variedad 'Arroz', variedad en uso y que representaba en aquel entonces, alrededor de un 30 % de las exportaciones de frejol del país. Como producto de la selección de líneas puras, se obtuvo la línea experimental N°3, que dio origen a la variedad 'Arroz-3' (Ziver y Cafati, 1968; Ziver et al., 1968).

En el programa de cruzas y retrocruzas, se utilizaron como padres mejorantes las variedades resistentes al virus del mosaico común y que poseían resistencia dominante (gen *I*), como 'Topcrop', 'Wisconsin Refugee', 'Seminole', las que fueron cruzadas con variedades susceptibles de los tipos 'Cristal Bayo', 'Tórtola', 'Cristal Blanco', 'Bayos', 'Coscorrón' y 'Pinto' (Cafati y Álvarez, 1975). Las líneas experimentales seleccionadas dieron origen a las variedades mejoradas: 'Apolo' ('Cristal Bayo' x 'Topcrop'), 'Bayos Titán' ('Bayos' x 'Topcrop') (Ziver et al., 1971); 'Suaves' ('Coscorrón' x 'Seminole') (Tay et al., 1986); 'Pintos Dorados' ('Hallados' x 'Seminole') (Guglielmetti, 1973), 'Tórtola Diana' ('Tórtola' x 'Topcrop' x 'Tórtola'), 'Cristal Blanco Fénix' ('W, refugee' x 'Cristal Blanco' x 'Cristal Blanco') (Bascur y Cafati, 1977a). Estas variedades mejoradas, se sumaron a las introducidas 'Red Kloud', 'Seaway', 'Negro Argel' y 'Pinto 114' ('Pinto 114' no presenta Gen *I*, resistente a la raza tipo del mosaico común) (Herrera y Bascur, 1986).

En la temporada 1971-1972, la superficie sembrada total de frejol alcanzó a 79.470 has, de las cuales un 79,3 % correspondió a frejol de consumo interno y un 20,7 % de frejoles destinados a la exportación. Las variedades de consumo interno con mayor superficie sembrada fueron 'Tórtolas' con 19.100 ha (24 %), 'Burros argentinos' con 12.030 ha (15,1 %), 'Burritos' con 6.030 ha (7,7 %) y 'Coscorrón' con 6.000 ha (7,6 %). Las variedades destinadas a la exportación con mayor superficie sembrada fueron: 'Arroz' con 8.570 ha (10,8 %), 'Cristal' con 3.810 has (4,8 %) y 'Red Kidney' con 3.020 ha (3,8 %) (INE, 1971).

En la temporada 1972-1973, se presentó una alta infección del mosaico amarillo, por lo cual, el programa de mejoramiento genético empezó a evaluar material genético, para obtener variedades resistentes al mosaico amarillo y mosaico común. La estrategia fue incorporar nuevos padres

mejorantes como, las variedades 'Great Northern (GN) 31', 'Columbia Pinto´, 'Great Northern 164557', los cuales contaban con genes de resistencia recesivos para las razas del mosaico común (Cafati et al., 1976; Herrera y Bascur, 1986). En este periodo, se desarrollaron y liberaron al mercado las variedades: 'Orfeo-INIA' ('N. Argel' x GN31), 'Coscorrón Granado- INIA' ('Coscorrón Tuniche 1095 x GN 164557) (Bascur y Herrera, 1986), 'Tórtola-INIA' ('Tórtola' x 'Columbia Pinto' x 'Tórtola') y 'Blanco-INIA' (introducción GN 164557) (Tay et al., 1982b; 1984).

En 1977, las variedades recomendadas para la siembra en la zona centro norte eran 'Apolo', 'Zeus' (vaina verde), 'Suave, 'Tórtola Diana', 'Bayos Titán', 'Cristal Blanco Fénix', 'Arroz-3', 'Seaway', 'Coscorrón', 'Cristal Bayo', 'Red Kidney', 'Burros Argentinos' o 'Cuyanos', 'Black Mexican' y 'Negro Argel' (Ziver et al., 1973; Aeschlimann et al., 1979; Bascur y Cafati, 1977b; Cafati et al., 1979). Mientras que, para la zona Centro Sur eran: 'Apolo', 'Cristal Bayo' (vaina verde), 'Suave', 'Pinto 114', 'Pintos Dorados' (Guglielmetti, 1973), 'Coscorrón' y 'Suave' (Granado); 'Pintos Dorados', 'Pinto 114', 'Tórtola Diana', 'Coscorrón', 'Burros Argentinos', 'Frutilla' (grano seco, consumo interno); 'Arroz-3', 'Seaway' y 'Negro Argel' (exportación) (Tay, 1976).

En 1978, se aisló la raza necrótica del mosaico común que produce mosaico en las variedades tradicionales y muerte de la planta en las variedades con resistencia dominante (gen *I*). La evaluación del material genético, indicó que las variedades 'Orfeo-INIA', 'Tórtola-INIA' y 'Blanco-INIA', eran resistentes a la raza necrótica del mosaico común y que tenían los genes recesivos. En este periodo, se incorporaron como fuentes de resistencia a la raza severa y a la raza necrótica del mosaico común, además de las variedades 'Great Northern' 31 y 'Blanco-INIA', la variedad 'Amanda' que, posee resistencia a la raza severa del mosaico amarillo y posee el gen dominante I, más un gen recesivo, y otros genotipos que poseían genes múltiples (IVT7214/IVT7233). De esta forma, se esperaba lograr resistencia a todas las razas del mosaico común presentes durante esa época en Chile (Herrera y Bascur, 1986; Paredes et al., 1989a).

En esta época, los criterios de selección de las variedades a sembrar dependían de varios factores como: destino de la producción (consumo interno o exportación); uso (vaina verde, granados o grano seco), precocidad (precoces 90-10 días de siembra a cosecha; semi precoces o semi tardías entre 101-120 días y tardías de más de 120 días) (Ziver et al., 1973; Cafati y Ubilla, 1974; Aeschlimann et al., 1979; Cafati et al., 1979; Paredes y France, 1987b).

En la década de 1980, los objetivos del programa de mejoramiento genético fueron los siguientes: a) resistencia a los virus del mosaico común y amarillo; b) alto potencial en grano seco; c) color, forma, brillo, y tamaño del grano similar al tipo comercial; d) buena arquitectura de la planta; e) precocidad, especialmente para la zona sur del país (Herrera y Bascur, 1986).

En la zona centro-norte, la estrategia de mejoramiento genético, para el manejo de los materiales segregantes, fue el método masal-pedigrí donde, en las primeras generaciones se seleccionaba a nivel de campo por precocidad, arquitectura y tipo de grano, y en etapas avanzadas, se seleccionaban plantas individuales por resistencia al mosaico común y amarillo para lo cual se realizaban inoculaciones artificiales del virus, bajo condiciones de invernadero. Las líneas experimentales seleccionadas, ingresaban al proceso final de evaluación en ensayos preliminares de rendimiento, rendimiento y regionales en varias localidades (Herrera y Bascur, 1986).

En la zona centro-sur, los materiales generados en el programa de cruzamiento se manejaban mediante el método de pedigrí (Guglielmetti, 1968; 1973). En las primeras generaciones, se

seleccionaba por características de alta heredabilidad y en las generaciones avanzadas, se seleccionaban por resistencia a virus en el campo e invernadero, posteriormente, las líneas experimentales seleccionadas, se evaluaban en ensayos preliminares, de rendimiento y regionales. Estos últimos, se establecían en varias localidades representativas de la zona (Paredes et al., 1989a).

A fines de los años 1970 y principio de1980, los principales problemas que enfrentaba la producción de frejol en el país eran: escaso uso de variedades de alto potencial de rendimiento y resistentes a los virus, escaso uso de semilla certificada y el inadecuado uso de algunas prácticas de manejo agronómico, tales como; los métodos y la frecuencia de riego, control de malezas, aplicación de fertilizantes y sistemas de cosecha (Paredes et al., 1989a; b).

En 1983, dentro de la política económica de apertura del país a los mercados externos, el gobierno, a través de ODEPA y PROCHILE, firmaron un convenio con INIA, para la promoción de las exportaciones de leguminosas de grano. Las variedades seleccionadas para llevar a cabo este programa fueron: 'Fleetwood', 'Great Northern 59' y 'Pinto 114'. INIA fue la institución técnica responsable de la importación de las variedades, su multiplicación, asistencia técnica y de la entrega de semilla a los agricultores, bajo un contrato llamado de 2 x 1, es decir, INIA entregaba 100 kg. de semilla al agricultor y éste devolvía a INIA 200 kg a la cosecha. La semilla recuperada por INIA, se utilizaba en la siguiente temporada bajo el mismo sistema de contrato. Este sistema permitió, en el plazo de tres años, cumplir con los objetivos planteados, es decir, aumentar las exportaciones de frejol en las tres variedades seleccionadas (Boric, 1984). A partir de 1985, se incorporó a este programa la Industria Azucarera Nacional (IANSA) y otras empresas privadas, haciéndose hincapié en el mejoramiento de las prácticas agronómicas utilizadas en frejol, lo que permitió mejorar las condiciones agronómicas del cultivo (Paredes et al., 1989a).

Paralelamente a este programa de fomento a las exportaciones, INIA liberó al mercado varias variedades, tal como 'Tórtola-INIA' (Tay et al., 1981; 1982a;b); 'Blanco-INIA' (Tay et al., 1984); 'Frutilla-INIA', 'Red Mexican-INIA' (Tay et al., 1982a); 'Cuyano-INIA' (Tay et al., 1986; Tay et al., 1987); 'Araucano-INIA' (Tay et al., 1988); 'Suaves-INIA' (Tay et al., 1986) y 'Coscorrón Granado-INIA' (Bascur y Herrera, 1986) que poseían las siguientes características agronómicas (Cuadro 3).

Cuadro 3. Variedades de frejol recomendadas en la década del 1980.

Clase comercial/ variedades	Hábito de crecimiento	Días a				Razas virus Mosaico Común			Razas virus Mosaico Amarillo	
		Floración	Cosecha	Peso 100 granos (g)	Altura de planta (cm)	Tipo	NY 15	Necrótica	Severa	Orfeo
Tórtola										
Tórtola-INIA	III	50	104	43,5	45	(-)	(-)	(-)	(-)	(+)
Coscorrón										
Coscorrón Granado INIA	III	58	126	49,6	60	(-)	(-)	(+)	(+)	(+)
Suaves 85 INIA	III	50	109	45,0	60	(-)	(-)	(-)	(+)	(+)

Cranberry										
Araucano-85 INIA	III	49	108	39,6	60	(-)	(-)	(-)	(+)	(+)
Burros										
Cuyano-INIA	III	45	100	38,8	55	(-)	(-)	(-)	(+)	(+)
Pinto										
Pinto 114	III	45	100	38,8	55	(-)	(+)	(+)	(+)	(+)
Negro pequeño										
Negro Argel	II	58	115	18,5	60	(-)	(-)	(+N)	(+)	(+)
Orfeo INIA	II	59	118	21,8	50	(-)	(-)	(-)	(-)	(+)
Arroz (navy)										
Fleetwood	I	42	95	20,5	43	(-)	(-)	(+N)	(+)	(+)
Laker	I	50	99	18,4	56	(-)	(-)	(+N)	(+)	(+)
Great Northern										
Blanco INIA	II	49	100	26,5	50	(-)	(-)	(-)	(-)	(+)
Rojo pequeño										
Red Mexican UI 36	III	50	106	16,3	40	(-)	(+)	(+)	(+)	(+)
Blanco grande										
Blanco 87 INIA	I	50	109	48,0	45	(-)	(-)	(+N)	(+)	(+)
Kidney										
Red Kloud	I	46	100	55,0	45	(-)	(-)	(+N)	(+)	(+)
										Inmunes (-); Mosaico (+); Necrosis (+N)

A finales de 1980 y principios de 1990, se propuso una nueva estrategia en el desarrollo de nuevas variedades mejoradas y que consideraba los siguientes aspectos: 1) generar información básica y aplicada en los diferentes aspectos productivos del cultivo; 2) integrar la información existente en relación a los siguientes aspectos: a) estructura genética del frejol (acervos genéticos y razas cultivadas); b) factores genéticos en cruzamientos de germoplasma, entre acervos genéticos y razas cultivadas, tales como incompatibilidad, habilidad combinatoria,

segregación distorsionada, marcadores moleculares; c) uso de nuevos métodos de mejoramiento que permitieran explorar y capitalizar al máximo la variabilidad genética existente (puentes genéticos, retrocruzamiento endogámico, selección recurrente fenotípica, retrocruza por congruencia; 3) definir una nueva estrategia para elevar el potencial de rendimiento y reducir los costos de producción; 4) abordar los aspectos agronómicos que permitieran expresar el potencial de rendimiento de las variedades; 5) estrechar los vínculos con la agroindustria para diversificar el consumo y explorar nuevas necesidades, como nuevos productos con mayor valor agregado que permitan aumentar y/o estabilizar la producción nacional (Paredes y France, 1987a; b; Paredes, 1994). Esta estrategia no se pudo poner en práctica debido a diferentes problemas técnicos y financieros.

Durante la década de 1990 y principios de la década del 2000, el programa de mejoramiento genético de INIA desarrolló y liberó nuevas variedades, tal como 'Palomo-INIA' (Bascur y Tay, 1990); 'Curi-INIA' (Tay et al., 1995); 'Torcaza- INIA' (Tay et al., 1997a), 'Venus-INIA' (Bascur y Sepúlveda, 1997); 'Rayo-INIA' (Tay y Paredes, 1999) y en la década del 2000, las variedades 'Trepador-INIA' (Bascur y Meneses, 1999b; Bascur, 2002); 'Astro-INIA' (Tay et al., 2006), 'Quilapallar-INIA' (Tay, 2013), 'Manteca-INIA' (Tay, 2020), 'Afrodita-INIA' (Tay, 2021); 'Zorzal-INIA' (Tay, 2022).

Cuadro 4. Variedades de frejol desarrolladas en el país.

Uso/clase comercial/ variedades	Institución	Genealogía	Referencia
Vaina Verde			
Zeus	INIA		Ziver, 1967, Ziver y Álvarez, 1987.
Cristal Bayo/INIA	INIA		
Apolo INIA	INIA	Cristal Bayo/Topcrop	Ziver et al., 1972.
Venus INIA	INIA	Amanda/Apolo	Bascur et al., 1994, Bascur y Sepúlveda, 1997.
Trepador INIA	INIA		Bascur, 2002.
Grano seco			
Tórtola			
Tórtola Diana	INIA	(Tórtola/Topcrop)/Tórtola	Cafati et al., 1974.
Tórtola-INIA	INIA	Tórtola/Columbia Pinto	Tay et al., 1981, 1982.
Torcaza INIA	INIA	(Tórtola-INIA/Amanda)/ Blco. Español INIA	Tay et al., 1994, 1997.
Zorzal INIA	INIA	(Torcaza INIA/Amanda)/ Blco. Español INIA	Tay et al., 2016.

Coscorrón			
Suaves INIA	INIA	Coscorrón/Seminole	Guglielmetti et al., 1970.
Suaves 85 INIA	INIA	Blanco INIA/ Suave	Tay et al., 1985.
Coscorrón Granado INIA	INIA	Coscorrón/Blanco INIA	Bascur et al., 1986, Bascur y Herrera, 1996.
Astro INIA	INIA	Selección Coscorrón Granado INIA	Tay et al., 2006.
Cimarrón SNA	SNA	Francisca/Tuniche 1085	Sepúlveda, 1994.
Nubarrón SNA	SNA	Francisca/Tuniche 1095	Sepúlveda, 1995.
Pinto			
Hallados Dorados	INIA	UI 114/Seminole	Guglielmetti et al., 1973.
Pinto 508	INIA	UI 114/Great Northern 1140	Tay et al., 1991.
Pinto 89	INIA	UI 114/ Blanco Español INIA	Tay et al., 1991.
Cranberry			
Araucano-85 INIA	INIA	Red Kidney Shell/Sanilac	Tay et al., 1985, 1986.
Frutilla INIA	INIA	Selección Frutilla local	Tay et al., 1982
Rayo INIA	INIA	Frutilla Cañete/Blanco Español INIA	Tay et al., 19985, Tay y Paredes, 1997.
Bayo			
Bayos Titan	INIA	Bayo/Topcrop	Ziver et al., 1971.
Manteca			
Cuyano-INIA	INIA	Manteca/Burros Argentino	Tay et al., 1985,1986.
Navy			
Albo SNA	SNA	ICA Bunsi/IVT80415	Sepúlveda, 1993
Cristal			
Cristal Blanco Fenix	INIA	(Wisconsin Refugee /Cristal Blanco)/ C. Blanco	Bascur y Cafati, 1997.
Negro Pequeño			
Orfeo INIA	INIA	Negro Argel/Great Northern 31	Bascur et al., 1979.
Bruno SNA	SNA	Gratiot/IVT80415	Sepúlveda, 1991.
Sombrío SNA	SNA	Ex Rico 23/Monroe	Sepúlveda, 1993.

En esta época se estimaba que el potencial de rendimiento de las variedades en la región centro-sur del país, podía variar entre 3,0-3,5 t ha^{-1} en frejol 'Tórtola' y 'Hallados'; y de 4,0 a 4,5 t ha^{-1} en frejol negro, comparado con su rendimiento promedio nacional de 1,5 t ha^{-1}. Este bajo promedio nacional, se podía explicar al uso de semilla de baja calidad, control deficiente de las malezas, manejo del agua de riego y prácticas de cosecha (Tay, 1994; Tay et al., 2002; Muñoz y Faiguenbaum, 2005).

En los últimos años, debido a la presencia de nuevos virus, como el mosaico del pepino y de la alfalfa, el programa de mejoramiento de frejol de INIA incorporó los cruzamientos interespecíficos para abordar este problema, debido a la ausencia de resistencia genética a estos virus dentro del germoplasma cultivado de *P. vulgaris*. Los primeros resultados de estos cruzamientos entre, *Phaseolus vulgaris* y *P. coccineus* mostraron un índice de compatibilidad bajo (38 %) asociado a un bajo éxito en las hibridaciones (Bascur et al., 2014), por lo cual se incorporó al programa la técnica del rescate de embriones en *in vitro* (Pino y Molina, 2014), como también el uso de marcadores moleculares para mejorar la eficiencia de selección de plantas resistentes a estos dos virus (Rosales et al., 2014).

Tradicionalmente, el trabajo de mejoramiento genético del frejol, estuvo enfocado a las zonas de mayor superficie de siembra de frejol, como la zona central y centro sur del país; aunque también existían siembras de frejoles en el sur, específicamente en el valle central de la Región de La Araucanía, pero en menor escala. En esta zona, se presentan algunas restricciones, como la ausencia de infraestructuras de riego y condiciones climáticas más adversas (bajas temperaturas y lluvias tempranas), las cuales restringen el periodo de crecimiento de variedades tardías. En general, en esta zona se siembran principalmente variedades locales, como 'Frutillas', 'Araucanos', 'Siete Semanas', 'Azufrados', 'Señoritas', 'Manteca', 'Peumo', y otras, que se caracterizan por poseer un periodo vegetativo largo (110 a 160 días de siembra a cosecha), poco adecuado para la zona (Mera et al., 1983; Peñaloza, 1993). A pesar de esta situación, la provincia de Malleco y las comunas de Angol (37° 47' 56" L.S.) y Renaico (37° 40' 17") presentan temperaturas relativamente cálidas y mejores posibilidades de riego, lo cual permite realizar siembras comerciales de frejol (Mera et al., 1983; Peñaloza, 1993). Dada esta situación, se empezó a recomendar la siembra de variedades más precoces, como 'Apolo' y 'Peumo' para consumo en vaina verde, 'Coscorrón Granado-INIA', 'Rayo-INIA' y 'Cimarrón' para granados y 'Blanco-INIA', 'Blanco Español-INIA' y 'Torcaza-INIA' para grano seco, en siembras de primavera en vega y bajo condiciones de riego (Tay et al., 2000).

En el secano costero de esta zona, aunque predominan los suelos de aptitud forestal, se cultiva trigo o avena en combinación con algunas leguminosas, como lentejas, garbanzos arvejas y frejol. En los últimos años en estos sectores, se ha observado la presencia de otros cultivos bajo riego, como frutillas, papayas, hortalizas y flores (Tay et al., 2000).

Actualmente, se están desarrollando algunos trabajos de colaboración entre el INIA y la Universidad de Nebraska tendiente a desarrollar variedades resistentes a la sequía, bruco del frejol y mosaico común (https://www.inia.cl/tag/carlos-urrea-fitomejorador-poroto-universidad-de-nebraska/). Por otro lado, el programa de Recursos Genéticos de INIA con apoyo de la FAO está evaluando germoplasma nacional en varias localidades de la región de Ñuble, para obtener variedades resistente a la sequía (https://www.inia.cl/2024/10/22/).

El desarrollo de variedades en INIA, ha estado inserto como un elemento importante en la estrategia de transferencia de tecnología hacia el sector productivo. En este sentido, las variedades desarrolladas por INIA están protegidas bajo el mecanismo UPOV (Unión Internacional de

Protección de los Obtentores Vegetales). Los recursos generados por la venta de las variedades, en conjunto con los recursos aportados por el Ministerio de Agricultura, más aquellos captados vía fondos concursables, contribuyen a financiar el programa de investigación realizado por la institución (Portilla, 2009).

Instituciones que han realizado Mejoramiento genético del frejol

Cómo se mencionó anteriormente, el mejoramiento genético del frejol en Chile, lo inició en los años 1940 el Ministerio de Agricultura y desde 1964, lo ha realizado principalmente el Instituto de Investigaciones Agropecuarias (INIA), y en menor escala la Sociedad Nacional de Agricultura (SNA) y la Universidad Austral (UACH).

El programa de INIA, se desarrolló hasta finales del año 1990 en tres Estaciones Experimentales: 1) Centro Regional de Investigación INIA La Platina (ex Estación Experimental La Platina), ubicado en Santiago, donde desarrollaban variedades de porotos para consumo en verde, granado y grano seco (tipo 'Coscorrón' y 'Cristal') para la zona centro-norte del país (18°28´a 35° L.S.); 2) Centro Regional de Investigación INIA Quilamapu (ex Estación Experimental Quilamapu), ubicado en Chillán, donde se ha realizado mejoramiento del frejol tipo 'Tórtola' y variedades de exportación (negro, blanco pequeño (navy), y otras clases comerciales) para la zona centro-sur del país (15° a 37°45´ L.S.); 3) Centro Regional de Investigación INIA Carillanca (ex Estación Experimental Carillanca), ubicado cercano a Temuco, donde se desarrollaron variedades de frejol precoces para la zona sur (13°45´ a 39° L.S). Actualmente, el mejoramiento genético está radicado principalmente en el Centro Regional de Investigación INIA Quilamapu.

El programa de la Sociedad Nacional de Agricultura (SNA), estuvo ubicado en la localidad de Graneros, localidad cercana Santiago. Mientras que el programa de la Universidad Austral de Chile (UACH), se realizó en la ciudad de Valdivia y estuvo enfocado principalmente, a la producción de frejol para verde (Paredes et al., 1989a). Actualmente, ambos programas están descontinuados.

La Universidad de Chile, la Pontificia Universidad Católica de Chile, la Universidad de Talca y de Concepción, han realizado algunos trabajos de investigación en frejol en temas específicos y asociados a aspectos agronómicos o fisiológicos, pero en forma descontinuada.

Cooperación internacional en relación al Mejoramiento del frejol

El programa de mejoramiento de frejol del INIA desde 1976 hasta 1990, recibió una importante y constante cooperación científica de parte del personal científico del Centro Internacional de Agricultura Tropical (CIAT). Este apoyo, estuvo enfocado al desarrollo de variedades mejoradas, intercambio de germoplasma de diferentes clases comerciales y a la capacitación de los profesionales y técnicos de los programas de mejoramiento genético, patología, entomología y producción de semillas, a través de cursos y visita de expertos (Cafati, 1982).

El envío de germoplasma desde el CIAT al programa de frejol, se focalizó principalmente en las clases comerciales: 'navy', 'negro pequeño', 'rojo pequeño', 'Red Kidney', 'Cranberry', y diferentes tipos de grano blanco, entre otras, con posibilidades de exportación (Voysest, 1989; Beebe, 1989; Voysest, 2000). Este material sirvió de base también para el desarrollo de nuevas variedades comerciales, como 'Blanco 87-INIA', BAT 1554 ('Curi-INIA') y ABA-2 (Paredes et al., 1989a).

Otra fuente importante de germoplasma para el programa de mejoramiento genético de frejol de INIA, fue el programa de mejoramiento de la Universidad del Estado de Michigan (Michigan State University), del cual se obtuvieron inicialmente las variedades tipo arroz: 'Sanilac', 'Gratiot', 'Seaway' (Voysest, 2000) y posteriormente las variedades 'Laker' y 'Fleetwood' (Paredes et al., 1989a).

Otras introducciones que se comercializaron en el país, fueron del tipo 'Great Northern', como 'Harris', 'Valley' y una selección local de la variedad 'GN 164557'; la clase comercial Cristal, que inicialmente se trabajó con material criollo, el que dio origen a la variedad 'Cristal Blanco', y posteriormente a la variedad 'Cristal Blanco Fénix' con resistencia al mosaico común. A este grupo de genotipos pertenecen también las variedades conocidas como 'Mussolini', desde donde derivó la variedad 'Blanco Español-INIA' (Voysest, 2000) (Cuadro 5).

Cuadro 5. Variedades introducidas desde el extranjero y sembradas comercialmente en el país. 1990.

Uso/clase comercial	Institución	Variedad	Origen	Referencia
Arroz				
Arroz-3	INIA	Selección corriente		Ziver y Cafati, 1968.
Seaway	INIA	Seaway	USA	
Blanco Graneros	SNA	Tuscola	USA	
Fleetwood	INIA	Fleetwood	Canadá	
Great Northern				
Blanco INIA	INIA	Great Northern 164557	Desconocido	Tay et al., 1982.
Valley	INIA	Valley	USA	
Harris	INIA	Harris	USA	
Blanco Grande				
Palomo INIA	INIA	WAF 9	CIAT	Bascur y Tay, 1990.
Garza INIA	INIA	Selección de Faba Asturias	España	
Alubia	INIA	ABA-2	CIAT	
Pinto				
Hallados Alemanes 114	INIA	Pinto 114	USA	
Gala	INIA	Gala	USA	

Red Mexican				
Red Mexican	INIA	Red Mexican	USA	
Red Kidney				
Red Kidney	INIA	Red Kidney	USA	
Red Kloud	INIA	Red Kloud	USA	
Negro pequeño				
Black Mexican	INIA	Black Mexican	USA	
Negro Graneros	SNA	Black Mexican	USA	
Negro Argel	INIA	Negro Argel	Desconocido	
Curi INIA	INIA	BAT 1554	CIAT	Tay et al., 1995.

En la clase comercial negro pequeño, la primera variedad comercial fue 'Black Mexican', que fue sustituida por una introducción africana, conocida como 'Negro Argel', genotipo resistente a mosaico común (Paredes et al., 1989a). En los frejoles 'Hallados', una de las primeras variedades fue 'UI 114', que se conoció como 'Hallados Alemanes 114' o 'Cachiporra', a las que le siguieron posteriormente 'Hallados Dorados', 'Pinto 580' con resistencia a la raza NL-3 del mosaico común y 'Pinto 89' con resistencia a NL-4 del mosaico común. Otras variedades americanas sembradas en el país, pero en menor escala fueron: 'Sierra', 'Pindak', 'Othelo', 'Olathe', 'Agate' y 'Gala' (Voysest, 2000).

Diversificación del consumo del frejol

Durante las dos últimas décadas, se ha ido diversificando la presentación y el consumo de frejol como grano seco (Foto 1), con la introducción de nuevas posibilidades el consumo como congelados y platos preparados y pre-cocidos (Foto 2).



Foto 1. Variedades de frejol para consumo de grano seco cocido.



Foto 2. Variedades de frejol para consumo de grano seco procesados.

En un análisis de fortalezas y debilidades del cultivo del frejol, para grano seco realizadas en el país, se determinó que las principales fortalezas estaban en: a) la mecanización intensiva de labores culturales; b) el uso de tecnologías modernas aplicadas al manejo del cultivo; c) el potencial de rendimiento de las variedades locales que eran similares al rendimiento de los competidores a nivel mundial; d) el mercado nacional giraba principalmente en torno al frejol tipo 'Tórtola' (Faúndez et al., 2017). En este aspecto, es importante precisar que los puntos (a) y (b), se aplican sólo a los frejoles cultivados bajo contrato con empresas. Un estudio reciente indica que el frejol tipo 'Tórtola' ha perdido su preponderancia en el mercado interno y esta siendo reemplazado por el frejol de grano blanco.

Entre las principales debilidades que presentan los productores de frejol en el país están: a) la desarticulación de la producción con el resto de la cadena productiva; b) la carencia de organizaciones de productores; c) la calidad heterogénea de las semillas utilizadas y del producto cosechado; d) la preponderancia de venta informal; e) el bajo desarrollo de procesos agroindustriales diferenciadores; f) la carencia de asistencia técnica, redes tecnológicas y proveedores de servicios organizados (Faúndez et al., 2017). A este grupo de debilidades es importante constatar la ausencia de variedades erectas aptas para la cosecha mecánica directa y que permita un manejo eficiente del riego y del control de las malezas, el bajo uso de semillas de buena calidad y la ausencia de resistencia a los nuevos virus, factores claves en el mejoramiento de la productividad, rentabilidad y competitividad del cultivo (Paredes y France, 1987a; b; Paredes et al., 1989a; Paredes, 1994; Baginsky y Ramos, 2018).

Las principales oportunidades de la producción chilena de frejol están en: a) la creciente demanda por incorporación de legumbres en preparados alimenticios y conservas; b) la introducción de nuevas variedades y sistemas de producción modernos y compatibles con los tradicionales; c) el crecimiento del comercio mundial de legumbres (Faúndez et al., 2017); d) desarrollar productos alimenticios elaborados que permitan la agregación de valor para potenciar un mayor consumo (Muñoz, 2024).

Entre las principales amenazas de la producción de frejoles están: a) el creciente uso de variedades y semilla certificada en países extranjeros; b) la producción internacional altamente mecanizada y eficiente; c) la participación y coordinación de productores, intermediarios y agroindustrias; d) las amplias superficies de producción y volúmenes de comercialización, generando importantes economías de escala, en los países competidores (Faúndez et al., 2017).

En los últimos años y tomando en consideración la importancia de la producción de alimentos en el país, el gobierno estableció una 'Estrategia Nacional de Soberanía para la Seguridad Alimentaria' en legumbres, cereales y papas con el objetivo de aumentar la producción y rentabilidad de estos cultivos. Esta iniciativa significó el apoyo a pequeños agricultores asociados a INDAP con asistencia técnica, incentivos para la compra de insumos, servicios e inversiones individuales y asociadas y la comercialización de sus productos (ODEPA, 2023).

Mejoramiento genético de frejol para producción de vaina verde

La producción de frejol para verde en el país es muy antigua. Las primeras evaluaciones realizadas por el Ministerio de Agricultura consideraron que la susceptibilidad de las variedades de frejol a los virus, era uno de los principales problemas a solucionar. En los ensayos de evaluación de variedades realizadas entre 1947-1949, se destacaba a la variedad 'Cristal Bayo' como una variedad importante para el consumo de frejol como vaina verde (Concha, 1950).

A principios de los años 1960, la variedad 'Cristal Bayo' continuaba siendo una variedad muy valorada, en los principales centros productores del Norte Chico, y Central como La ligua, Cabildo, Quillota, La Cruz y los alrededores de Santiago. Las principales características deseadas en este tipo de variedades eran: hábito de crecimiento arbustivo, ausencia de guías, vainas largas, rectas, tableadas de color verde claro y sin hilo (Foto 3) (Giaconi, 1963).



Foto 3. Vaina plana de frejol para consumo en verde, sin hilo.

Para apoyar la producción de frejol para consumo verde, el INIA inició un programa de mejoramiento genético que tenía como objetivo el desarrollo de variedades mejoradas con: a) resistencia a los virus mosaico común y amarillo; b) precocidad al primer corte; c) alto potencial

de rendimiento en vaina verde; d) hábito de crecimiento determinado, y; e) vaina de color verde claro, tableada, larga (15-18 cm), carnosa y sin fibra (Tay y Paredes, 1982; Bascur, 1986; Herrera y Bascur, 1986; Bascur, 2014).

Uno de los primeros resultados de este programa, fue la introducción e incorporación al mercado de la variedad 'Zeus', resistente a la raza 'tipo' y 'NY 15' del mosaico común (INIA, 1967; Ziver et al., 1967a). Sin embargo, dada la importancia en el mercado nacional y la susceptibilidad al virus del mosaico común de la variedad 'Cristal Bayo', INIA inició un programa de mejoramiento genético tendiente a mejorar su resistencia a este virus. Es así como, a principios de 1970, el INIA liberó al mercado la variedad 'Apolo-INIA', producto del cruzamiento de la variedad 'Cristal Bayo' con la variedad 'Topcrop', resistente a la raza 'tipo' y 'N.Y. 15' del mosaico común (Ziver et al., 1972). Posteriormente, el INIA liberó al mercado otras variedades como 'Venus-INIA' (Bascur y Sepúlveda, 1997); 'Trepador-INIA' (Bascur y Meneses, 1999b; Bascur, 2002; 2003a; b); 'Cosmo-INIA' (INIA, 2014), 'Afrodita-INIA' (Tay, 2021), y 'Centauro-INIA' (INIA, 2014) una variedad apta para frejol granado congelado (Bascur et al., 2014), las que han participado en conjunto en el mercado con algunas variedades extranjeras como 'Magnum', 'Esmeralda', 'Brio' y 'Chisolm' que poseen diferentes características de vainas (Saavedra et al.,2021; Tay, 2021; Kehr y Bastias, s/f). Paralelo a esta situación, la producción de frejol verde ha convivido con la producción de algunos genotipos tradicionales, como 'Peumo', 'Roma', 'Choshuenco', 'Gringos', entre otras.

A mediados de 1980, la producción de vaina verde empezó a incorporar otro tipo de variedades que poseían un tipo de vaina redonda y carnosa, diferente a la vaina plana solicitada por los consumidores chilenos. Estas variedades fueron introducidas al país como parte del proceso de multiplicación de semillas de empresas internacionales, en contra estación (Paredes et al., 1989a). Sin embargo, el posterior aumento de la venta de poroto verde congelado, reforzó la comercialización de este tipo de variedades (Paredes et al., 1989b) (Foto 4). A pesar de esta situación, el material extranjero usado por la industria en el país presenta algunos problemas, tal como bajo rendimiento y calidad, debido a la susceptibilidad al complejo de virus existente en el país y un color de la vaina verde oscuro que no es muy bien valorado por el consumidor chileno, quién prefiere una vaina de color verde claro y sabor dulce (Faiguenbaum, 1992; 2003; Bascur et al., 2014). De ahí nació la posibilidad de desarrollar variedades nacionales para congelados en el país de buen potencial de rendimiento (Faiguenbaum,1998; Bascur et al., 2014), calidad (Pino y Molina, 2014; Sepúlveda y Mora, 2014) y resistente a los virus (Rosales et al., 2014). Actualmente, la cosecha de las vainas destinadas a la industria de congelados se realiza en forma mecanizada.



Foto 4. Frejol verde congelado.

Paralelo a esta situación, en algunas localidades de la región norte del país, como Coquimbo, Valparaíso y Metropolitana, se realiza una producción de frejol verde en invernaderos en rotación con otros cultivos como el tomate (Bascur y Meneses, 1999a; Bascur, 2003a), en túneles (Délano y Meneses, 1997) y en la zona centro-sur en camellones (Tay et al., 1997b).

En un estudio de la zonificación climática, al año 2030, para el cultivo de frejol verde en la región del Biobío, se detectó el cambio que las variedades actuales van a ser afectadas por el cambio climático, de ahí la necesidad de desarrollar nuevas variedades que puedan responder de mejor formas a los cambios climáticos como una manera de no afectar los potenciales productivos de distintas zonas de la región, como el valle central, secano interior y zona del litoral, precordillera andina y cordillera (Leiva et al., 2017).

Mejoramiento genético de frejoles para producción de granado

En el país, la producción y el consumo del frejol granado es una costumbre muy antigua y tradicional y que esta asociada a un tipo específico de variedades que poseen un tipo de vaina y color de grano (Foto 5).

En el año 1960, 'Coscorrón' era la variedad más demandada por su producción de frejol granado fresco entre los meses de noviembre a abril, sin embargo, esta variedad presentaba algunos problemas como: desuniformidad del color de la vaina (coloreada al estado de granado) (Foto 5) y de la semilla (color blanco con vetas verde limón); presencia de plantas de diferentes tipos de precocidad, lo que dificultaba realizar una cosecha uniforme y la obtención de un buen rendimiento (Alamos, 1963). Dada esta situación, se planteó la necesidad de desarrollar una variedad más precoz para obtener una cosecha temprana (primor), como también una producción tardía (segunda siembra) para obtener un mejor precio, manteniendo las características típicas de la variedad 'Coscorrón' y el largo de vaina (12 cm), ya que las variedades más precoces se han caracterizado por poseer un largo de vaina más pequeña (Álamos, 1963).



Foto 5. Vaina de frejol para consumo granado.

INIA inició un programa de mejoramiento genético de frejol para uso de granado cuyo principal objetivo, fue desarrollar variedades mejoradas que poseyeran: a) resistencia a los virus del

mosaico común amarillo, b) precocidad al primer corte de vaina granada; c) alto potencial de rendimiento en vaina granada; d) buena arquitectura de la planta; e) vaina de color rojo, jaspeado con verde, de tamaño grande, con 4-5 granos por vaina (Herrera y Bascur, 1986; Bascur, 1994).

Como resultado de este programa, INIA ha liberado e ingresado al mercado las variedades: 'Suaves' ('Coscorrón' x 'Seminole') (Tay et al., 1986); 'Coscorrón Granado-INIA' ('Coscorrón Tuniche 1095' x 'GN 164557') (Bascur y Herrera, 1986), 'Rayo-INIA' (Tay y Paredes, 1999), 'Astro-INIA' (selección de planta individual de la variedad 'Coscorrón Granado-INIA' (Tay et al., 2006) y otras variedades como Rubi INIA (Kehr y Bastias, https://planpredial.inia.cl/media/documentos/poroto_granado.pdf), .

A comienzos del año 2010, se empezó a introducir un cambio en el tipo de frejol granado destinado al consumo fresco al congelado, lo que permitió ampliar la oferta de este producto durante todo el año (Foto 6). Tradicionalmente, las variedades usadas para la producción de frejol granado no son aptas para la cosecha mecánica y son susceptibles a los virus presentes en el país (Bascur, 1994; Bascur y Tay, 2005; Tay et al., 2006; Bascur et al., 2014). Para el caso de variedades para granado congelado, éstas debían poseer un hábito de crecimiento y una producción concentrada aptas para la cosecha mecánica y un alto rendimiento en el campo e industrial (Bascur et al., 2014) (Foto 6). En este caso, las características de la vaina no tienen la importancia que tienen para el consumo en fresco, sin embargo, se debe mantener el requisito del color de grano blanco con vetas ligeramente amarillas (Bascur et al., 2014; Pino y Molina, 2014; Rosales et al., 2014; Sepúlveda y Mora, 2014).



Foto 6. Variedad destinada a la producción de frejol granado.

Referencias

Aeschlimann, J., Álvarez, M., Cafati, C., et al. 1979. El cultivo del frejol. Programa de Leguminosas de grano. Estación Experimental La Platina, Instituto de Investigaciones Agropecuarias, Santiago, Chile. 38p.

Álamos, V. 1963. El poroto coscorrón. El campesino (Chile) 95(5):53-54.

Anónimo, 1963. Porcentajes en siembras de frejoles. El Campesino (Chile) 95(10):57.

Baginsky, C., Ramos, L. 2018. Situación de las legumbres en Chile: Una mirada agronómica. Rev. Chil. Nutr. 45(5):21-31.

Bascur, G. 1986. Análisis de las principales variedades de frejol en Chile y aspectos de su manejo (pp. 3-34). En H. Faiguenbaum (ed.). IV Seminario nacional de leguminosas de grano. Univ. de Chile, Santiago, Chile.

Bascur, G. 1994. El poroto granado, sus perspectivas como cultivo de primavera (Primera parte). Inv. Progr. Agrop. La Platina (Chile) 83:23-30.

Bascur, G. 2002. Trepador-INIA: Variedad de poroto verde (*Phaseolus vulgaris* L.) para cultivo bajo invernadero. Agric. Téc. (Chile) 62(1):158-165.

Bascur, G. 2003a. Cultivo al aire libre y cultivo protegido. Tierra Adentro (Chile) 53:39-41.

Bascur, G. 2003b. Producción temprana de poroto verde, variedades nuevas: Venus INIA y Trepador INIA. Tierra Adentro (Chile) 53: 42-43.

Bascur, G. 2014. Situación de la agroindustria respecto a la producción de materia prima de poroto verde y granado de poroto para congelado (pp. 9-18). En Bascur, G., Pino, M.T., González, M. (eds.). Desarrollo de variedades chilenas de poroto verde y granado para congelado, con alto valor agroindustrial y culinario para el mercado interno y de exportación, utilizando técnicas biotecnológicas modernas, Santiago, Chile, Instituto de Investigaciones Agropecuarias. Centro regional INIA La Platina. Bol. Téc. N° 287. 146p.

Bascur, G., Cafati, C. 1977a. Cristal Blanco Fénix: Nueva variedad de frejol producida por el INIA. Inv. Progr. Agric. INIA (Chile) 9(1):52-53.

Bascur, G., Cafati, C. 1977b. Variedades de frejoles recomendadas por el INIA para la zona centro norte. Inv. Prog. Agrop. (Chile) 9:54-60.

Bascur, G., Herrera, G. 1986. Coscorrón Granado INIA: Nueva variedad de poroto para consumo en vaina granada. Agric. Téc. (Chile) 46(2):217-220.

Bascur, G., Meneses, L. 1999a. Potencialidad y técnicas de producción. Poroto verde en rotación con tomate en invernadero. Tierra Adentro (Chile) 29:30-33.

Bascur, G., Meneses, L. 1999b. Trepador INIA. Poroto verde para cultivo en invernadero. Tierra Adentro (Chile) 29:36-39.

Bascur, G., Sepúlveda, P. 1997. Venus-INIA, nueva variedad de poroto para vaina verde. Tierra Adentro (Chile) 16:26-28.

Bascur, G., Tay, J. 1990. Palomo-INIA: Nueva variedad de frejol blanco para exportación. Agric. Téc. (Chile) 50(4):394-396.

Bascur, G., Tay, J. 2005. Colecta, caracterización y utilización de la variabilidad genética en germoplasma chileno de poroto. Agric. Téc. (Chile) 65(2): 135-146.

Bascur, G., Tay, J., Gamboa, P., et al. 2014. Mejoramiento genético para el desarrollo de nuevas variedades agroindustriales de poroto verde y granado (pp. 63-86). En G. Bascur, M.T. Pino, M. González. (eds.). Desarrollo de variedades chilenas de poroto verde y granado para congelado, con alto valor agroindustrial y culinario para el mercado interno y de exportación, utilizando técnicas biotecnológicas modernas. Santiago, Chile. Instituto de Investigaciones Agropecuaria. Boletín INIA Nº 287, 146p.

Beebe, S. 1989. Mejoramiento genético en las redes de investigación colaborativa. (pp.89-95). En CIAT. Progreso en la Investigación y producción de frejol común (*Phaseolus vulgaris* L.). Centro Internacional de Agricultura Tropical, CIAT, Cali, Colombia. 462p.

Boric, P. 1984. Programa de promoción de frejoles de exportación. Promisorios resultados obtenidos en la temporada 1983/1984 en la zona centro sur. Inv. Progr. Agrop. Quilamapu (Chile) 21:19-22.

Cafati, C. 1982. Análisis y proyecciones del Centro Internacional de Agricultura Tropical (CIAT) en la década de los ochenta. Agric. Téc. (Chile) 42(4):261-266.

Cafati, C., Aeschlimann, J., Tapia, F. 1979. INIA: Variedades de frejol. Instituto de Investigaciones Agropecuarias, Santiago, Chile. Bol. Div. N°51. 20p.

Cafati, C., Álvarez, M. 1975. Mejoramiento de frejoles (*Phaseolus vulgaris* L.) para resistencia al mosaico común (*Phaseolus virus 1*) y su cepa NY 15. Agric. Téc. (Chile) 35(3)152-157.

Cafati, C., Bascur, G., Guglielmetti, H. 1976. Reacción de variedades y de líneas de cruzamiento de frejoles frente al Mosaico Amarillo del frejol. Agric. Téc. (Chile) 36(4):183-185.

Cafati, C., Ubilla, C. 1974. Variedades mejoradas de frejoles para la zona central. Inv. Progr. Agric. INIA (Chile) 6(2):23-26.

Concha, N. 1950. Frejoles (pp. 124-129). En siete años de investigación agrícola. Memoria del ex Departamento de Genética y Fitotecnia 1940-1947. Departamento de Investigaciones Agrícolas. Dirección General de Agricultura. Santiago, Chile. 342p.

Délano, G., Meneses, L. 1997. Poroto verde en túnel con mulch para obtener más del doble. Tierra Adentro (Chile) 13: 15-18.

Eberhart, A., Russell, A. 1966. Stability parameters for comparing varieties. Crop Sci. 6:36-46.

Elgueta, M., Baillón, L. 1944. Ensayo de fecundación ajena en frejoles. Agric. Téc. (Chile) 4(1):38-40.

Faiguenbaum, H. 1992. Cultivo de poroto verde (pp. 73-96). En Producción de leguminosas hortícolas y maíz dulce. Pontificia Univ. Católica de Chile. Fac. de Agron. Santiago, Chile.

Faiguenbaum, H. 1998. Cultivares de poroto verde para la industria de congelados. Agroeconómico (Chile) 42: 23-29.

Faiguenbaum, H. 2003. Poroto verde (pp. 537-561). En Labranza, siembra y producción de los principales cultivos de Chile. Santiago, Chile.

Faúndez, M., Cerda, R., Pedreros, A., et al. 2017. Oportunidades para el desarrollo competitivo de las leguminosas de grano seco en Chile. Serie Estudios para la Innovación FIA, Fundación para la innovación Agraria, Santiago, Chile. 115p.

Gacitúa, H. 1956. Estaciones experimentales y empresa productora de semilla de 'Huencuecho' y 'Las Mercedes'. El Campesino (Chile) 87:26-28.

Giaconi, V. 1963. El poroto 'Cristal Bayo'. El Campesino (Chile) 95:48.

Guglielmetti, H. 1968. Algunos aspectos del mejoramiento del frejol para la zona centro-sur. Simiente 38(1/2):26.

Guglielmetti, H. 1973. Pintos Dorados, nueva variedad de frejol para consumo interno seco. Inv. Progr. Agric. La Platina (Chile):17.

Herrera, G., Bascur, G. 1986. Bases del programa de mejoramiento genético del poroto en el INIA. Agric. Téc. (Chile) 46(2):203-207.

Instituto de Investigaciones Agropecuarias, INIA. 1967. Poroto para consumo verde. Boletín Téc. N°9. Instituto de Investigaciones Agropecuarias. Estación Experimental La Platina, Santiago, Chile, 8p.

Instituto de Investigaciones Agropecuarias, INIA. 1970. Frejol (pp. 32-48). En Investigación agropecuaria. Instituto de Investigaciones Agropecuarias, INIA, Santiago, Chile. 446p.

Instituto de Investigaciones Agropecuarias, INIA. 2014. Cincuenta años INIA 1964-2014 (pp. 29-30). Instituto de Investigaciones Agropecuarias, INIA, Santiago, Chile. 199p.

Instituto Nacional de Estadísticas, INE. 1971. Encuesta nacional agropecuaria de noviembre de 1971. Año agrícola 1971/1972. Publicación N°13, febrero de 1972. Instituto Nacional de Estadísticas. Depto. de Estadísticas Agropecuarias, Santiago, Chile.

Instituto de Investigaciones Agropecuarias, INIA. 2024. Poroto verde Centauro-INIA. Tecnologías INIA, Unidad de Gestión e Innovación. Santiago, Chile.

Kehr, E., Bastías, M. s-f. Poroto granado (pp. 64-66). En Proyecto plan predial. Boletín Nº 330. Instituto de Investigaciones Agropecuarias INIA. Centro Regional de Investigación INIA Carillanca. Temuco, Chile.

Kehr, E., Bastias, M. s-f. Poroto verde (pp. 67-70). En Proyecto plan predial. Boletín Nº 330. Instituto de Investigaciones Agropecuarias INIA. Centro Regional de Investigación INIA Carillanca. Temuco, Chile.

Leiva, C., Schmidt, C., Gajardo, G., et al. 2017. Manual técnico productivo y económico para la producción de poroto verde en la región del Biobío, bajo condición actual y clima proyectado al 2030. CIREN, INIA, AGRIMED, CORFO, Ministerio de Agricultura. Santiago, Chile. 55p.

Mera, M., Tay, J., Espinoza, N., et al. 1983. Principales factores que limitan los rendimientos en porotos en la IX región. Inv. Progr. Agrop. Carillanca (Chile) 3: 18-24.

Muñoz, 2024. Caracterización de la producción y mercado del poroto. Departamento de Política Sectorial. Estudios y Políticas Agrarias, ODEPA, Ministerio de Agricultura. 17p.

Muñoz, P., Faiguenbaum, H. 2005. El cultivo del poroto y sus potencialidades. Inf. Agrop. Bioleche INIA Quilamapu (Chile) 18(4)18-20.

ODEPA, Oficina de Estudios y Políticas Agrarias. 2023. Estrategia nacional de soberanía para la seguridad alimentaria. Oficina de Estudios y Políticas Agrarias. Ministerio de Agricultura, Gobierno de Chile. Santiago, Chile. 87p.

Paredes, M. 1994. Nuevos antecedentes a considerar en el programa de mejoramiento genético de frejol en Chile. Agric. Téc. (Chile) 54(3) 302-309.

Paredes, M., France, A. 1987a. Tendencia actual y futura en la obtención de variedades de frejol. Nuevos conceptos en mejoramiento genético de frejol. Inv. Progr. Agrop. Quilamapu (Chile) 33:15-18.

Paredes, M., France, A. 1987b. Variedades de frejoles recomendadas para la zona centro sur. Factores a considerar en la elección de una variedad de frejol. Inv. Progr. Agrop. Quilamapu (Chile) 33:19-21.

Paredes, M., France, A., Bascur, G. 1989a. Desarrollo, evaluación y uso del germoplasma de frijol común en Chile (pp. 333-343). En CIAT. Progreso en la Investigación y producción de frejol común (*Phaseolus vulgaris* L.). Centro Internacional de Agricultura Tropical, CIAT, Cali, Colombia. 462p.

Paredes, M., France, A., Valenzuela, A., et al. 1989b. Producción de grano y vaina verde del poroto de vaina redonda. Inv. Progr. Agrop. Quilamapu (Chile) 39:19-21.

Peñaloza, H. 1993. Comportamiento de variedades de poroto para grano seco en la IX región. Inv. Progr. Agrop. Carillanca (Chile) 12(3):26-29.

Pino, M., Molina, A. 2014. Rescate de embriones *in vitro* a partir de cruzamientos interespecíficos entre *Phaseolus vulgaris* y otras especies del género *Phaseolus* (pp. 33-48). En G. Bascur, M.T. Pino, M. González. (eds.). Desarrollo de variedades chilenas de poroto verde y granado para congelado, con alto valor agroindustrial y culinario para el mercado interno y de exportación, utilizando técnicas biotecnológicas modernas. Boletín INIA Nº287. Instituto de Investigaciones Agropecuaria. Santiago, Chile. 146p.

Portilla, B. 2009. Un modelo exitoso de transferencia tecnológica. Los programas de fitomejoramiento y las semillas del INIA. Tierra Adentro (Chile): 85:8-9.

Rosales, M., Castro, M., Peña, E., et al. 2014. Análisis genético molecular como apoyo al programa de fitomejoramiento de porotos, con énfasis en el desarrollo de líneas resistentes/tolerantes al complejo de virus del poroto (pp. 19-32). En G. Bascur, M.T. Pino, M. González. (eds.). Desarrollo de variedades chilenas de poroto verde y granado para congelado, con alto valor agroindustrial y culinario para el mercado interno y de exportación, utilizando técnicas biotecnológicas. Boletín INIA Nº 287. Instituto de Investigaciones Agropecuaria. Santiago, Chile. 146p.

Saavedra, G., Bastías, M., Kehr, E., et al. 2021. Leguminosas hortícolas. Instituto de Investigaciones Agropecuarias, Centro Regional INIA Carillanca. Boletín Informativo N°139 (Chile). 4p.

Sepúlveda, P., Mora, R. 2014. Incidencia del complejo de virus del poroto en el país: Prospección y diagnóstico (pp. 49-61). En G. Bascur, M.T. Pino, M. González. (eds.). Desarrollo de variedades chilenas de poroto verde y granado para congelado, con alto valor agroindustrial y culinario para el mercado interno y de exportación, utilizando técnicas biotecnológicas modernas. Boletín INIA N°287.Instituto de Investigaciones Agropecuaria. Santiago, Chile. 146p.

Tay, J. 1976. Variedades de frejoles recomendadas para la zona centro sur. Inv. Progr. Agric. INIA (Chile) 9(1):56-58.

Tay, J. 1994. Potencial de rendimiento de variedades de porotos. Inv. Progr. Agrop. Quilamapu (Chile)58: 20-21.

Tay, J. 2013. Quilapallar INIA. Informativo 121. Instituto de Investigaciones Agropecuarias, Centro Regional de Investigación Quilamapu; Chillán, Chile. 2p.

Tay, J., France, A., Gerding, M., et al. 2000. Manual de producción de leguminosas de grano y hortícolas para el secano costero de la región del Maule. Boletín INIA N°40. Instituto de

Investigaciones Agropecuarias, Centro regional de Investigación INIA Quilamapu. Chillán, Chile. 94p.

Tay, J., France, A., Paredes, M. 1986. New Chilean cultivars: Cuyano-INIA, Araucano INIA y Suaves INIA. Annu. Rep. Bean Improv. Coop. 29:134.

Tay, J., France, A., Paredes, M., et al. 1987. Cuyano-INIA, nuevo cultivar de poroto resistente al mosaic común. Agric. Téc. (Chile) 47(2):187-188.

Tay, J., France, A., Paredes, M., et al. 1988. Araucano 85-INIA, nueva variedad de poroto (*Phaseolus vulgaris* L.) tipo cranberry resistente al mosaico común. Agric. Téc. (Chile) 48(1):55.

Tay, J., France, A., Pedreros, A. 2006. Astro-INIA: Primera variedad de poroto granado tipo coscorrón de hábito de crecimiento determinado arbustivo. Agric. Téc. (Chile) 66(4):416-219.

Tay, J., González, J., Ruiz, C., et al. 2002. Producción moderna y competitiva de poroto. Instituto de Investigaciones Agropecuarias, Centro Regional INIA Quilamapu. Informativo 118 (Chile). 4p.

Tay, J., Paredes, M. 1982. Variedades de poroto para verde y granados recomendadas para la zona centro-sur. Inv. Progr. Agrop. Quilamapu (Chile) 9:16-17.

Tay, J., Paredes, M. 1999. Rayo-INIA: Nueva variedad precoz de poroto (*Phaseolus vulgaris* L.) de grano frutilla para granado y grano seco. Agric. Téc. (Chile) 59(2):136-139.

Tay, J., Paredes, Kramm, V., et al. 1981. Tórtola-INIA, variedad de poroto resistente a mosaico común y mosaico amarillo. Agric. Téc. (Chile) 41(3):100.

Tay, J., Paredes, M., Kramm, V. 1982a. Nuevas variedades de frijol (*Phaseolus vulgaris* L.) para Chile. Trabajo presentado a las XXXIII Jornadas Agronómicas. Santiago, Chile. Simiente (Chile) 52:13.

Tay, J., Paredes, M., Kramm, V. 1982b. Tórtola-INIA. A new cultivar resistant to common and yellow mosaic. Ann. Rep. Bean Improv. Coop. 25:68-69.

Tay, J., Paredes, M., Kramm, V. 1984. Blanco-INIA, variedad de poroto de consumo interno y exportación, resistente al mosaico común y amarillo. Agric. Téc. (Chile) 44(4):377.

Tay, J., Paredes, M., Riquelme, J. 1995. Curi-INIA, una nueva variedad de frejol (*Phaseolus vulgaris* L.) de grano negro, apta para cosecha directa. Agric. Téc. (Chile) 55(2):183-185.

Tay, J., Paredes, M., Vega, A., et al. 1997a. Torcaza INIA. Nueva variedad de poroto (*Phaseolus vulgaris* L.) de grano Tórtola con planta semi erecta. Agric. Téc. (Chile) 57(4):302-303.

Tay, J., Valenzuela, A., Venegas, F. 1997b. Porotos trepadores para vaina verde. Conducción en camellones con variedades chilenas. Tierra Adentro (Chile) 12:20-22.

Tay, K. 2020. Poroto Manteca, una variedad tradicional con potencial en el sur de Chile. Informativo N°154. Instituto de Investigaciones Agropecuarias. Centro Regional de Investigación INIA Quilamapu. Chillán, Chile. 4p.

Tay, K. 2021. Afrodita. Nueva variedad de poroto verde para Chile. Informativo N°157. Instituto de Investigaciones Agropecuarias. Centro Regional de Investigación INIA Quilamapu. Chillán, Chile. 6p.

Tay, K. 2022. Zorzal INIA: Características de la variedad de poroto para grano seco más demandada en Chile. Informativo N°155. Instituto de Investigaciones Agropecuarias. Centro Regional de Investigación Quilamapu. Chillán, Chile. 4p.

Voysest, O. 1989. Intercambio de germoplasma dentro de la red de investigación del frijol (pp. 3-58). En CIAT. Progreso en la Investigación y producción de frejol común (*Phaseolus vulgaris* L.). Centro Internacional de Agricultura Tropical, CIAT, Cali, Colombia. 462p.

Voysest, O. 2000. Variedades de frijol en los países Latinoamericanos: Chile (pp. 65-73). En CIAT Mejoramiento genético del frijol (*Phaseolus vulgaris* L.): Legado de variedades de América latina 1930-1999. Centro Internacional de Agricultura Tropical, CIAT, Cali, Colombia. 195p.

Ziver, A., Álvarez, M. 1967a. 'Zeus', nueva variedad de frejol para consumo verde. Inv. Prog. Agric. INIA (Chile) 1:17-18.

Ziver, A., Álvarez, M. 1967b. 'Zeus', nueva variedad de porotos para consumo verde. Simiente (Chile) 37(1-3):25-27.

Ziver, A., Álvarez, M., Cafati, C. 1971. 'Titan', nueva variedad de frejol bayo para consumo en grano seco. Simiente (Chile) 41(3-4):53-54.

Ziver, A, Álvarez, M., Cafati, C., et al. 1972. 'Apolo', nueva variedad de porotos para consumo en verde. Inv. Prog. Agric. INIA (Chile) 4:2-3.

Ziver, A., Cafati, C. 1968. Arroz 3, nueva variedad de frejoles de exportación. Inv. Prog. Agric. INIA (Chile) 2:32-33.

Ziver, A., Cafati, C., Arancibia, F. 1968. Producción de semillas de frejoles de alta calidad en Chile. Simiente 38(5/6):3-7.

Ziver, A., Cafati, C., Arancibia, F. 1969a. Producción de semillas de frejoles en Chile. INIA, Santiago, Chile. 27p.

Ziver, A., Álvarez, M., Cafati, C. 1969b. 'Seaway': Un frejol para la exportación. Inv. Progr. Agric. INIA (Chile) 3:36.

Ziver, A., Ramírez, A., Sotomayor, I., et al. 1973. Manual del frejol. Instituto de Investigaciones Agropecuarias, INIA, Santiago, Chile. 71p.



Índice

SECCIÓN IV

Morfología, crecimiento y desarrollo de la planta del frejol

.



Capítulo 9. Morfología de la planta de frejol

Mario Paredes C., Viviana Becerra V., Gabriel Donoso Ñ.

Descripción morfológica de la planta

Raíz. El desarrollo de la raíz se inicia con la formación de la radícula del embrión, la que se convierte posteriormente en la raíz principal o primaria. A los pocos días de la emergencia de la radícula, es posible observar las raíces secundarias, que se desarrollan en un comienzo en la parte superior o cuello de la raíz, para posteriormente, desarrollarse en la parte inferior de la raíz principal (Lynch y van Beem, 1993).

La raíz principal, se puede diferenciar de las raíces secundarias por su mayor diámetro y longitud (Miguel et al., 2013). Sobre las raíces secundarias, se desarrollan las raíces terciarias y los pelos absorbentes, los cuales se encuentran ubicados en todos los puntos de crecimiento de la raíz y juegan un papel muy importante en la absorción del agua y los nutrientes (Debouck y Hidalgo, 1985). A pesar de esta situación en algunos casos, es posible distinguir también, un sistema radicular fasciculado, fibroso donde no es fácil distinguir una raíz principal (Debouck y Hidalgo, 1985) (Foto 1).

Además de estas estructuras, es posible observar en algunos casos, la presencia de raíces adventicias en el hipocótilo de la plántula, como respuesta a algunos problemas de manejo agronómico como la acumulación de agua y la presencia de patógenos, como *Fusarium* (Debouck y Hidalgo, 1985; Snapp et al., 2003; Ochoa et al., 2006; Strock et al., 2019b).



Foto 1. Sistema radicular fasciculado del frejol.

El sistema radicular del frejol presenta una amplia variación fenotípica, debido a la adaptación a factores edáficos, tales como; estructura, porosidad, aireación y retención de humedad del suelo, diferentes condiciones ambientales (temperatura, disponibilidad de agua), nutricionales (Debouck y Hidalgo, 1985; Lynch y van Beem, 1993; Ochoa et al., 2006; Miguel et al., 2013; Strock et al., 2018; Strock y Lynch, 2020; Jochua et al., 2020; Lynch et al., 2022); genéticos (Burridge et al., 2016; Jochua et al., 2020); y de manejo agronómico del cultivo (Snapp et al., 2003; Strock et al., 2019a; Jochua et al., 2020; Lynch et al., 2022). Esta variabilidad del sistema radicular se ve expresada en varias características, tales como; número de raíces basales y verticilos, densidad de raíces adventicias, ramificación y longitud de las raíces laterales y pelos radicales y crecimiento secundario de la raíz (Ochoa et al., 2006; Miguel et al., 2013; Strock et al., 2019b; Strock y Lynch, 2020). Lo que le permite al sistema radicular contar con un cierto grado de plasticidad y un efecto compensatorio entre las características que componen la arquitectura de la raíz (Jochua et al., 2020).

La amplia variación genética de la arquitectura de las raíces se ve reflejada también a nivel de acervo genético, razas y genotipos de frejol. Es así como, los genotipos Andinos presentan un mayor número y diámetro de las raíces basales y adventicias, porcentaje de nodulación, y densidad de raíces laterales, que les permite explorar el suelo superficialmente y adaptarse a suelos con bajos niveles de fósforo y alta capacidad de fijación de este nutriente; suelos típicos en la zona Andina. Por el contrario, los genotipos Mesoamericanos poseen un mayor número de raíces basales profundizadoras y raíces primarias más gruesas, lo que le permite explorar en profundidad el perfil de suelo y adaptarse mejor a las condiciones de sequía, propia de esta región (Strock et al., 2019a; Jochua et al., 2020).

Otra característica importante en las raíces del frejol, como leguminosa, es la presencia de nódulos en sus raíces, principalmente en las raíces laterales de la parte superior y media del sistema radicular (Foto 2). Estos nódulos contienen bacterias que pertenecen al género *Rhizobium*, que son capaces de trabajar en simbiosis con la planta. En este proceso las bacterias fijan el nitrógeno atmosférico que contribuye a satisfacer en parte los requerimientos de la planta y a su vez, la planta provee de energía a las bacterias para desarrollar sus procesos vitales (Debouck y Hidalgo, 1985).

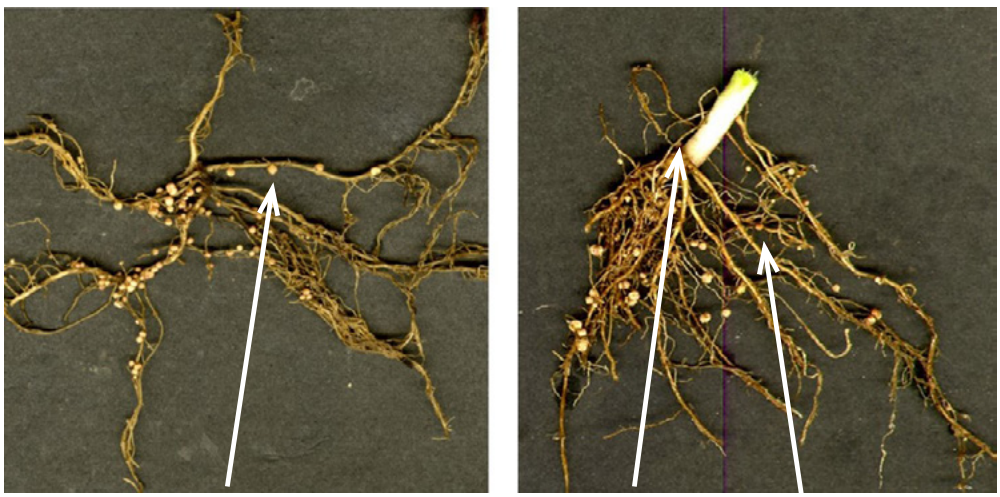


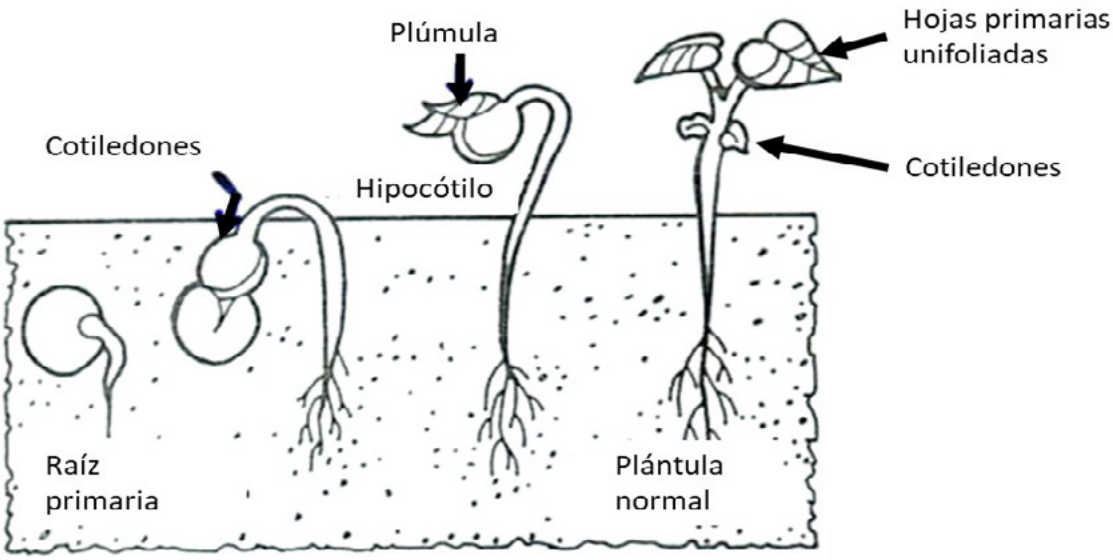
Foto 2. Raíz del frejol con presencia de nódulos de *Rhizobium* sp.

A pesar de los avances logrados en el estudio de las raíces en frejol, uno de los principales desafíos, actuales y futuros, es el uso de metodologías no invasivas que permitan mapear el comportamiento del sistema radicular bajo condiciones de campo, ya que el crecimiento de las raíces en el campo es completamente diferente al observado en condiciones *ex situ* (Rascher et al., 2011; Strock et al., 2019 b; Strock et al., 2022).

Periodo vegetativo

Todas las partes aéreas de la planta son producto de la actividad del meristemo apical del tallo (SAM), el que está constituido por un grupo de células que son capaces de generar las hojas y tallos de la planta, durante la fase vegetativa (Benlloch et al., 2007). La producción de las hojas trifoliadas, con sus estípulas, está en sucesión dística, es decir, alternada en 180 grados. La torsión ulterior del tallo principal sobre sí mismo oculta usualmente esta filotaxis (Debouck y Hidalgo, 1985).

Tallo. El tallo se origina desde del meristemo apical del embrión de la semilla. La primera parte del tallo, que se ubica entre la inserción de las raíces y el primer nudo, se llama hipocótilo**.** En orden ascendente, el primer nudo es la inserción de los cotiledones. Durante la germinación de la plántula, los cotiledones salen sobre la superficie del suelo, ya que el frejol posee germinación epígea (Fig. 1). Estos cotiledones permanecen adheridos al tallo sólo durante las primeras etapas de desarrollo de la planta, los que posteriormente se desprenden y caen al suelo. El segundo nudo, es el de las hojas primarias, las cuales son opuestas y unifoliadas (Foto 3).



Fuente: Debouck y Hidalgo, 1985.

Figura 1. Germinación epígea del frejol.

Entre el nudo de los cotiledones y el de las hojas primarias, se encuentra un entrenudo llamado epicótilo. Los dos primeros nudos, el de los cotiledones y el de las hojas primarias se forman durante la embriogénesis, por lo tanto, ya existen en la semilla (Debouck, 1991) (Foto 3).

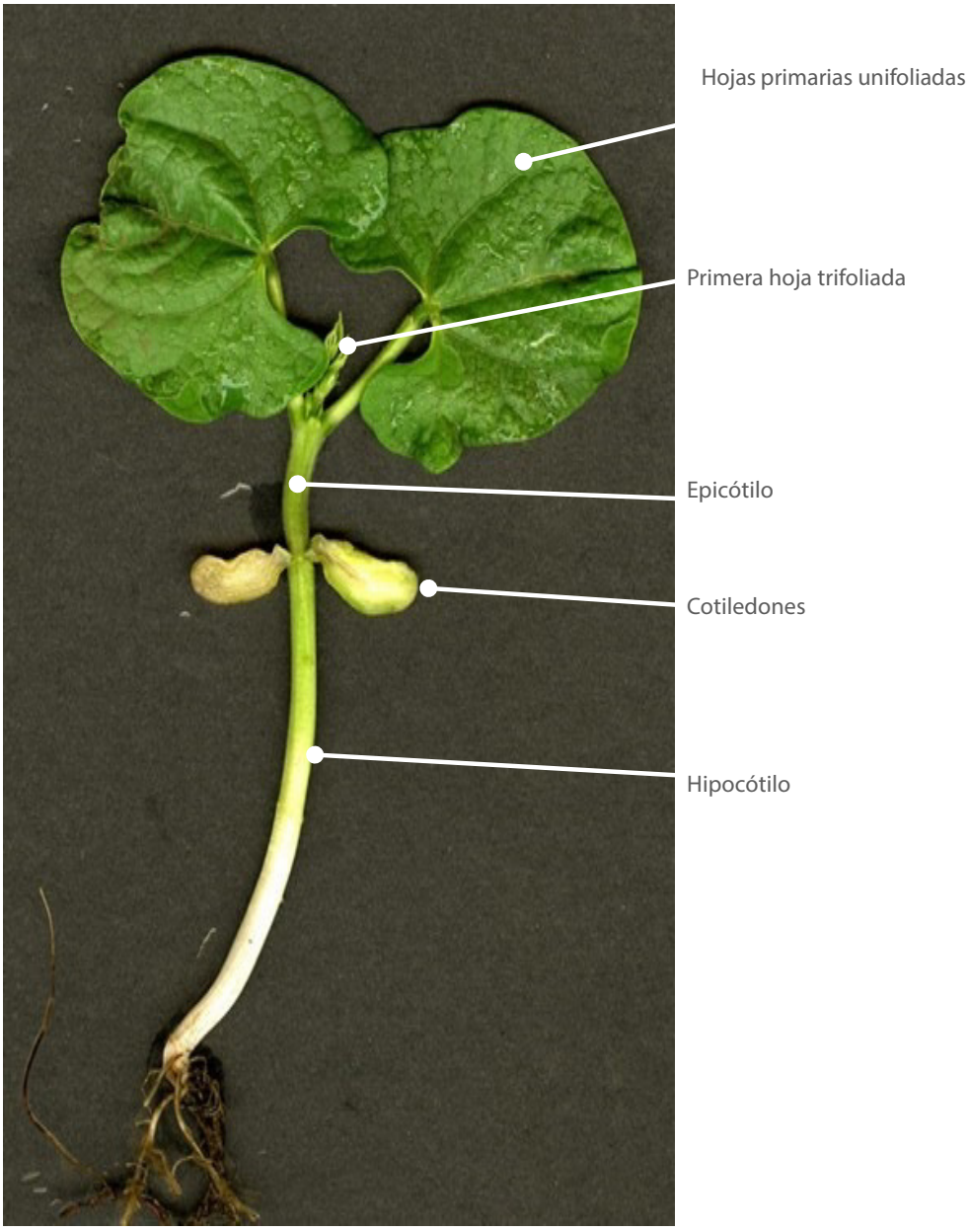


Foto 3. Plántula de frejol con las hojas primarias desarrolladas y el inicio de primera hoja trifoliada.

El nudo es el punto de inserción de las hojas (o de los cotiledones) en el tallo. En cada nudo se encuentra un par de estípulas, con excepción del nudo donde están los cotiledones y una hoja. Entre el pecíolo de la hoja y la prolongación del tallo, se encuentran y desarrollan estructuras vegetativas (ramas) o reproductivas (inflorescencias). El ángulo formado, entre el pecíolo de las hojas y la prolongación del tallo, se denomina axila. En las axilas de la hoja aparece un complejo

de yemas que se desarrollan en ramas laterales y/o inflorescencias. En el caso del hábito de crecimiento tipo I, en la axila de la última hoja trifoliada hay un racimo simple de dos flores, donde una florece un día después de la otra (Debouck y Hidalgo, 1985; Debouck, 1991).

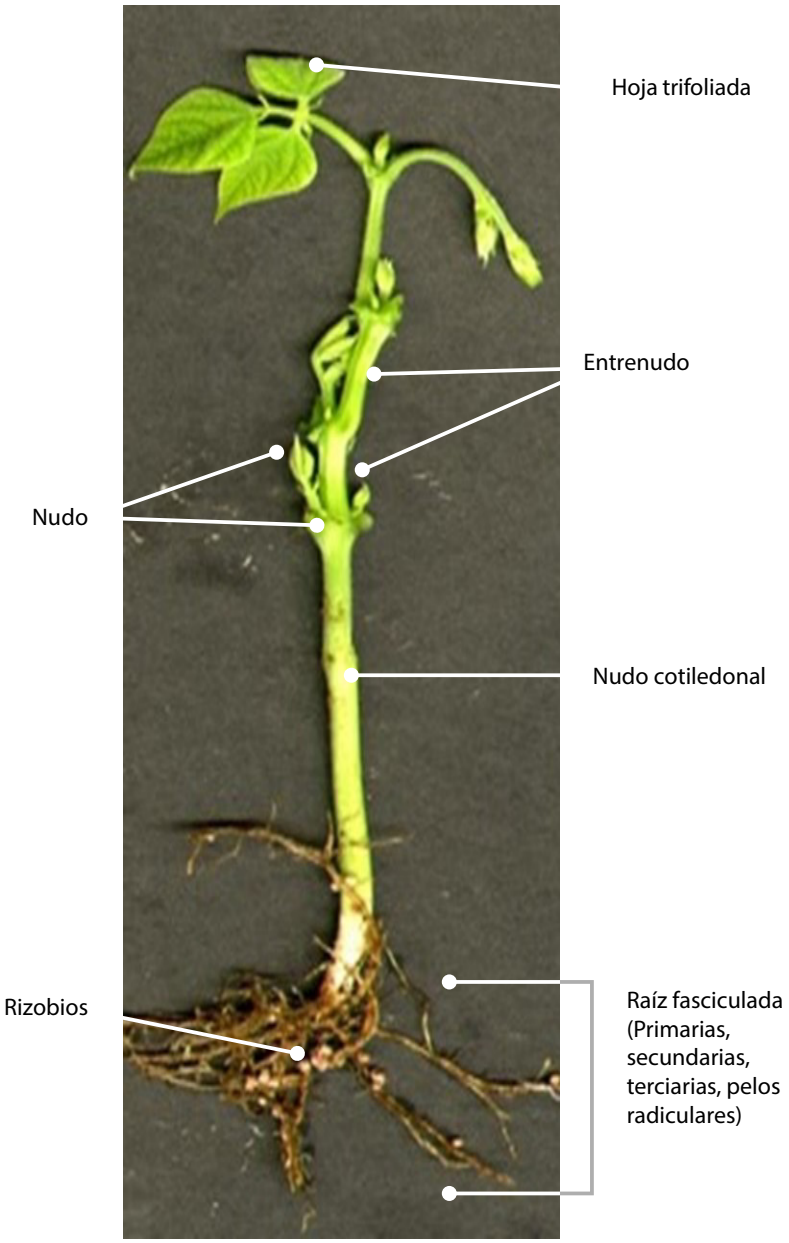


Foto 4. Tallo de la planta del frejol.

El tallo constituye el eje central de la planta y en general, posee las siguientes características: a) es herbáceo; b) posee forma cilíndrica o levemente angular, debido a pequeñas corrugaciones de la epidermis; c) tiene un diámetro mayor al de las ramas y capacidad de torsión que determina la capacidad de trepar de la planta; d) está formado por una sucesión de nudos, (donde se insertan los apéndices florales, las ramas laterales) y entrenudos; e) presenta tricomas o puede ser glabro, es decir sin pelos, aunque siempre se encuentran unos pelos pequeños en forma de

gancho, llamados pelos uncinulados; f) puede presentar diferentes colores como verde, rosado y morado; g) presenta diferentes hábitos de crecimiento: erecto, semi-postrado o postrado (Debouck y Hidalgo, 1985) (Foto 4).

El tallo principal crece en dirección opuesta a la inserción de la hoja trifoliada, dejando un espacio entre el tallo y el pecíolo, donde se inserta las ramas y otras estructuras del complejo axilar (Debouck y Hidalgo, 1985).

Ramas. La secuencia de la ramificación de la planta es ascendente (acropétala), comenzando en el nudo de la primera hoja trifoliada; también puede ocurrir ramificación desde el nudo cotiledonar y desde el nudo de la hoja primaria en el crecimiento posterior (Kigel et al., 1991).

La disposición de las ramas en el nudo de los cotiledones y de las hojas primarias es opuesta. En la parte baja de la planta, el tallo tiende a ser erecto, sin torsión, a diferencia de los frejoles trepadores donde el tallo presenta torsión en los nudos inferiores (Debouck, 1991). En la parte media y superior del tallo, el número de nudos y entrenudos, se pueden nombrar según el número de la hoja trifoliada correspondiente y en forma ascendente. En la parte final de la planta, se pueden observar dos cambios en la disposición de las ramas: a) en los primeros nudos (cotiledones y hojas primarias) la disposición es opuesta a diferencia de las ramas superiores, donde es alterna; b) en las flores del racimo floral de la parte terminal del tallo, las hojas son reemplazadas por brácteas, en los hábitos de crecimiento I, continúan con la sucesión dística de hojas y yemas axilares, en los hábitos de crecimiento II, III y IV (Foto 5) (Debouck y Hidalgo, 1985).

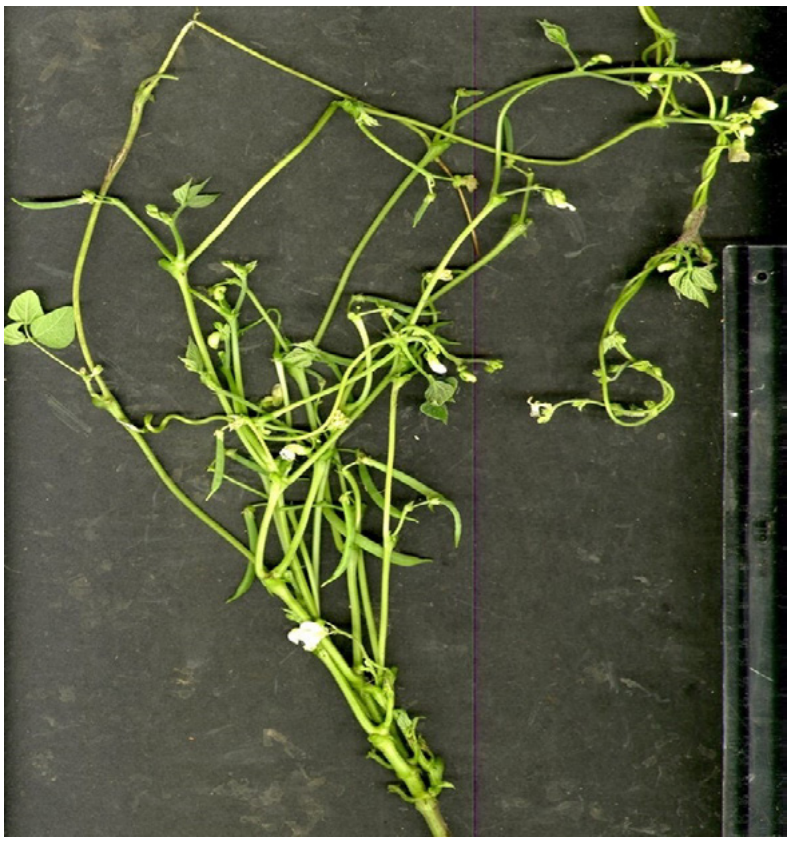


Foto 5. Distribución de las ramas en una planta de frejol indeterminado.

Desarrollo y distribución de las yemas. En las axilas de las hojas trifoliadas, como en la inserción de las hojas primarias y en los estados primarios de crecimiento, se encuentran tres yemas, las que forman un complejo axilar llamado triada. Las yemas de la triada pueden tener tres tipos de desarrollo: a) completamente vegetativo; b) floral y vegetativo; c) completamente floral, donde el tipo de desarrollo depende, especialmente de la posición del complejo axilar sobre la planta y del hábito de crecimiento (Debouck y Hidalgo, 1985).

Desarrollo completamente vegetativo: En este caso, la yema central se desarrolla primero y produce la rama central. El desarrollo de las otras dos yemas laterales es primero vegetativo y luego floral, dando origen a tres ramas axilares, una central y dos laterales, cada una produciendo al menos un nudo, el primer nudo con una hoja trifoliada. Este tipo de desarrollo ocurre, generalmente en la parte baja de la planta, o sea, en el nudo con cotiledones, el de las hojas primarias y en los nudos de las primeras hojas trifoliadas del tallo y de las ramas axilares, independiente del hábito de crecimiento.

Desarrollo floral y vegetativo: En esta situación la yema central se desarrolla en una inflorescencia (racimo) y, luego en flores y vainas, y las dos yemas laterales permanecerán inicialmente en estado latente. En muchos casos, después de la formación de las vainas o debido a un accidente las dos yemas laterales o una de ella iniciará un desarrollo vegetativo y luego floral, produciendo al menos un nudo con una hoja trifoliada. Este tipo de desarrollo se encuentra generalmente en la parte media y superior de los tallos principales, en los hábitos de crecimiento II, III y IV.

Desarrollo completamente floral: Las dos yemas axilares se desarrollan en órganos florales, en flores y vainas. La yema central inicialmente permanece en estado latente. Este tipo de desarrollo se encuentra en la parte superior del tallo y de las ramas, en la axila de la última hoja trifoliada en las variedades tipo I.

Hábito de crecimiento. El hábito de crecimiento está construido en una forma modular, donde en los primeros estados de desarrollo de la planta, cada módulo está formado por un entrenudo subtendido y una hoja. En los estados más tardíos del desarrollo de la planta, se agrega una inflorescencia en la axila de la hoja (Tanaka y Fujita, 1979).

Las principales características morfo-agronómicas que ayudan a determinar el hábito de crecimiento de la planta son: a) parte terminal del tallo; determinado o indeterminado; b) número de nudos, c) longitud de los entrenudos, d) aptitud para trepar, y e) grado, tipo de ramificación y presencia de guías. Sin embargo, hay que considerar que algunas de estas características son influenciadas por el medio ambiente, por lo cual, estas características pueden tener un comportamiento diferente en diferentes localidades. A pesar de esta situación, desde el punto de vista agronómico se han definido cuatro hábitos de crecimiento, tipo I, II, III y IV (Singh, 1982; Debouck y Hidalgo, 1985; Debouck, 1991) (Fig. 2)

Hábito de crecimiento determinado, **tipo I.** La producción de módulos se detiene con la aparición de la inflorescencia. La planta presenta un tallo fuerte, con cinco a 10 entrenudos cortos, una altura de 30 a 50 cm, floración de corta duración y madurez sincronizada en todas las vainas. En este tipo de hábito de crecimiento, se pueden distinguir dos grupos, uno con pocos nudos, entrenudos cortos y tres a siete hojas trifoliadas completas en el tallo principal (Ia), y otro con entrenudos más largos y con aptitud para trepar (Ib). Las variedades que poseen este hábito de crecimiento son conocidas como 'arbustivas' o 'enanas'.

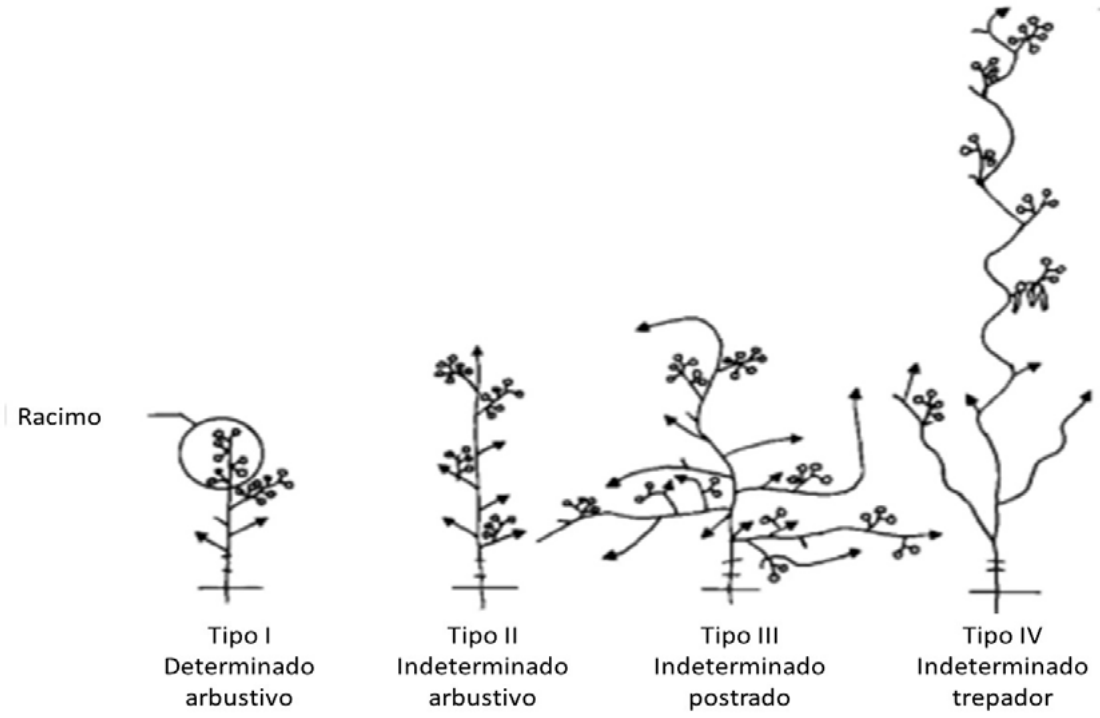
Hábito de crecimiento indeterminado. La planta posee un tallo principal y ramas laterales que terminan en un meristema vegetativo capaz de mantener una organogénesis continua. Los genotipos indeterminados, no poseen inflorescencias terminales, ya que la yema terminal es vegetativa, por este motivo, el tallo principal y ramas laterales son capaces de continuar

produciendo unidades modulares, durante la floración hasta la senescencia (Ojehomon y Morgan, 1969; Tanaka y Fujita, 1979). En estas variedades, las inflorescencias están ubicadas lateralmente, insertadas directamente en los nudos del tallo principal y de las ramas laterales. En este hábito de crecimiento, se distinguen variedades que pertenecen a los tipos II, III y IV.

Genotipos tipo II, arbustivo: Las plantas poseen un tallo erecto, sin mayor aptitud trepadora; pocas ramas laterales y generalmente cortas, las plantas continúan creciendo en floración, pero a una menor velocidad que en la etapa vegetativa. En este hábito de crecimiento, se pueden distinguir también dos subtipos, dependiendo del largo de las guías y capacidad de trepar, subtipo IIa y IIb.

Genotipos tipo III, postrado, semi-trepador: Las plantas poseen un tallo principal más débil, con entrenudos más largos, ramificación axilar bien desarrollada y con alguna capacidad de trepar si poseen algún soporte. En este hábito de crecimiento, se pueden distinguir dos subtipos, dependiendo de la capacidad de trepar, subtipo IIIa y IIIb.

Genotipos tipo IV, trepador: Las plantas poseen un tallo débil, entrenudos largos, con capacidad de trepar, necesitan tutores para sostener su crecimiento y desarrollo, poseen un bajo número de ramas laterales en cada nudo; un alto número de entrenudos (20 a 30 nudos); un largo periodo de floración y una madurez desuniforme de la planta, lo que permite observar vainas maduras, inmaduras y flores en la misma planta. Generalmente, estos genotipos se cultivan en pequeñas superficies y/o en asociación con otros cultivos, ejemplo, maíz. En este hábito de crecimiento, se pueden distinguir dos subtipos, dependiendo de la distribución de las vainas en la planta, en la parte superior o uniformemente en toda la planta, subtipo IVa y IVb.



Fuente: Debouck y Hidalgo, 1985.

Figura 2. Frejol de diferentes hábitos de crecimiento: tipo I, tipo II, Tipo III y Tipo IV.

La arquitectura de la planta y el tipo de floración no sólo tiene un profundo impacto en la cantidad y distribución de ramas, flores, vainas y granos, sino que también en los aspectos agronómicos y productivos de la planta como el rendimiento y estabilidad de la producción, a través de las localidades. Es así como, genotipos de hábito de crecimiento determinado están relacionados con una menor altura, producción de vainas, número de ramas y hojas por planta (Duarte y Adams, 1972; Bennett et al., 1977; Kelly, 2001), patrón de ramificación estrecho, diferenciación temprana de la inflorescencia (Ojehomon et al., 1968; Ojehomon y Morgan, 1969; Debouck, 1983), precocidad y mayor facilidad a la cosecha mecánica (Kelly, 2001).

Por otro lado, las variedades indeterminadas están generalmente asociadas: a) una competencia entre el crecimiento vegetativo y reproductivo, por la partición de los asimilados; b) un ciclo más largo y maduración más tardía, debido a una fase vegetativa más larga; c) la posibilidad de poseer una mayor producción y estabilidad de rendimiento, por ejemplo las variedades con hábito de crecimiento tipo II, comparados con el determinado tipo I; d) la posibilidad de cosecha mecánica en los tipos II con respecto a los tipo III y IV (Kelly, 2001).

Hojas. En el estado vegetativo, el meristemo terminal del tallo principal, produce continuamente hojas y yemas axilares en la axila de cada hoja (Debouck, 1991).

Las hojas del frejol son de dos tipos, simples y compuestas (Foto 6). Están insertas en los nudos de los tallos y las ramas laterales mediante los pecíolos y están asociadas a las estípulas de los nudos (Debouck y Hidalgo, 1985). En general, el número de hojas en el tallo determinado depende de las variedades (Ojehomon, 1966).

Los cotiledones, aunque son clorofílicos, no son el resultado de ninguna actividad meristemática de la zona periférica, ya que se forman durante la embriogénesis a partir de la mayor parte del embrión (Dout, 1932; Debouck y Hidalgo, 1985) (Foto 7).

Las hojas primarias son simples (unifoliadas), cordiformes, acuminadas y simétricas y auriculadas. Estas caen antes que la planta este completamente desarrollada. Las estípulas son bífidas a nivel de las hojas primarias (Debouck y Hidalgo, 1985).

A la formación de las hojas unifoliadas, le sigue inmediatamente el desarrollo de las hojas trifoliadas y los prófilos (en forma de escamas), en el tallo principal, y de las hojas trifoliadas en las ramas laterales (Foto 6).

Las hojas primarias, se forman en el meristemo terminal y completan su desarrollo durante la embriogénesis en la vaina de la planta madre y están visibles en la semilla, mientras que las hojas trifoliadas, se forman durante y después de la germinación de la semilla. Los prófilos (la primera hoja o las dos primeras hojas de la yema axilar única), se inician durante el curso del desarrollo de la axila, mientras que las hojas trifoliadas aparecerán mucho más tarde. Los entrenudos, entre los dos prófilos, son tan cortos que las dos yemas axilares parecen como a la misma altura y están pegadas en la axila, formando una 'triada' (Debouck, 1991).

Las hojas trifoliadas (típicas del frejol), están formadas por tres folíolos, un pedicelo, un raquis foliar y cuatro estípulas. Las estípulas están ubicadas en el folíolo central y uno en cada folíolo lateral. En la base del pecíolo cerca del tallo, está el pulvínulo, asociado con los movimientos nictinásticos de las hojas, y a cada lado de las hojas trifoliadas hay una estípula de forma triangular (Foto 7).

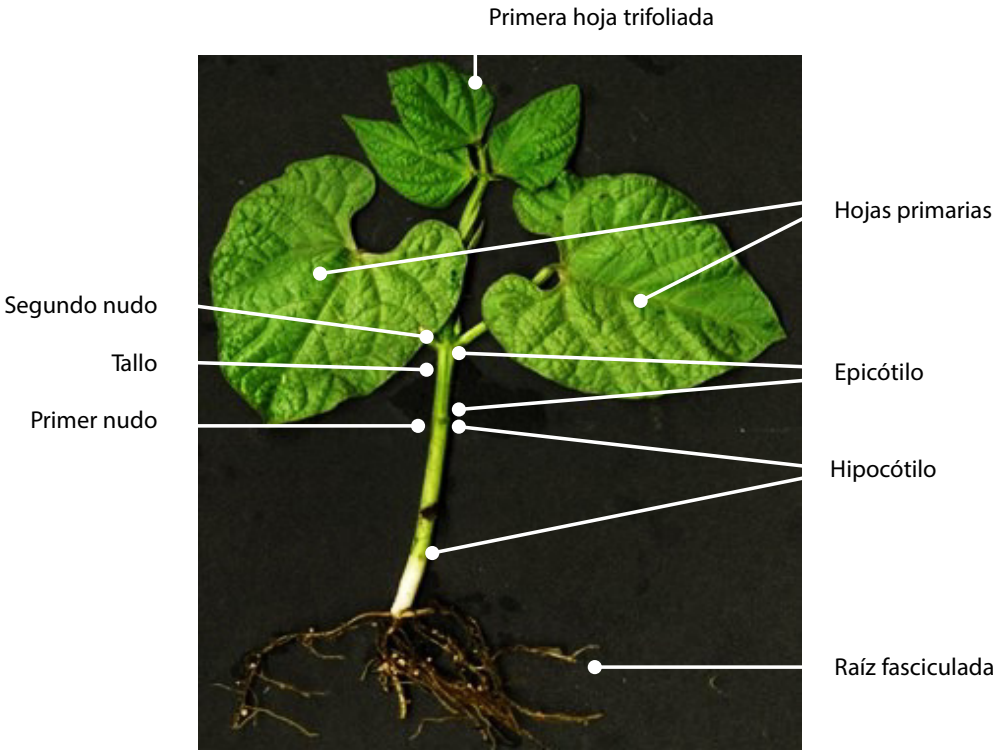


Foto 6. Primera hoja trifoliada en planta de frejol.

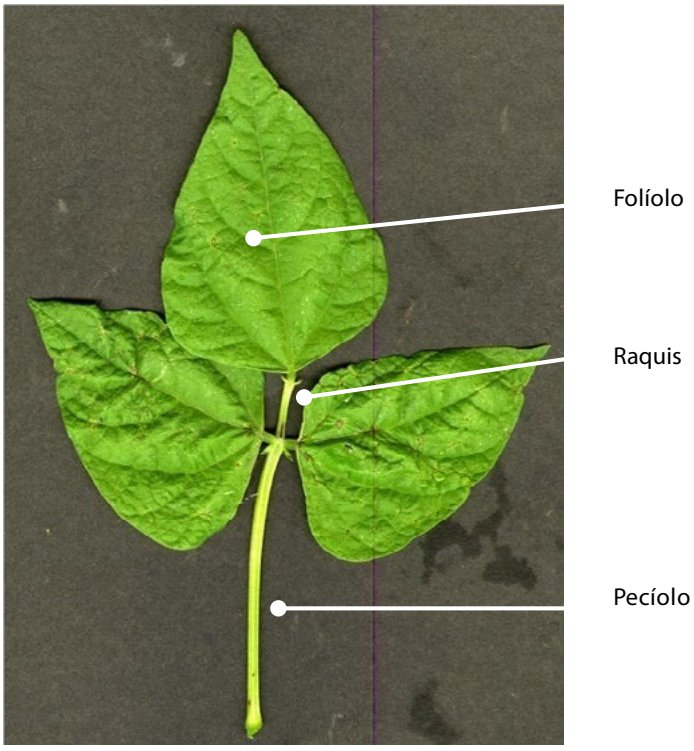


Foto 7. Hoja trifoliada de una planta de frejol.

El frejol presenta una amplia variación en el color, grosor de las hojas, densidad de los tricomas y tamaño de las estomas, lo cual está relacionado con la especie, variedad, posición de la hoja en el tallo y la edad de la planta (Doutt, 1932; Zaiter et al., 1990; Dahlin et al., 1992; Lynch et al., 1992; González et al., 1995; Stenglein et al., 2004; White y Montes-R, 2005).

Algunas de las características de las hojas están relacionadas con la producción y acervo genético. Es así como, en general, las variedades de mayor rendimiento poseen hojas más gruesas, debido al aumento del volumen del mesófilo, que le proporciona una mayor tasa de crecimiento relativo y de asimilación (Sexton et al., 1997a), aunque las hojas más anchas y delgadas pueden interceptar más luz (White y Montes-R, 2005). La presencia de hojas más gruesas, ha sido asociada a las variedades de origen Mesoamericano, que poseen un mayor rendimiento, en comparación a las de origen Andino (White y González, 1990; Sexton et al., 1997b; White y Montes-R, 2005).

Un análisis más detallado de las hojas de genotipos Mesoamericanos detectó: a) que las hojas eran 'anfiestomáticos' con células de guarda (cell guard) ubicadas en línea con las células de la epidermis; b) la ausencia de cristaloides de cera epicuticular en la epidermis, c) dos tipos de tricomas en las hojas, glandular y no glandular. Los tricomas glandulares consistían en un pedúnculo uni o biseriado que sostenía un ápice de dos a cuatro celdas y con un largo de los tricomas rectos, no glandulares, entre 60 a 900 µm; d) tipos de estomas 'paraciticos', 'anomociticos' y 'anisocitico', con una menor densidad de estomas y de mayor tamaño en la parte de la epidermis adaxial comparada con la parte abaxial de la epidermis (Stenglein et al., 2004); y e) presencia de proteínas en las hojas de frejol, involucradas en diferentes procesos moleculares, como oxidación/reducción, fotosíntesis, y defensa contra patógenos (Robison et al., 2015).

Periodo reproductivo

Inflorescencia. Las inflorescencias pueden ser laterales o terminales como en las plantas de hábito de crecimiento tipo I. La inflorescencia es un racimo de racimos, donde los pequeños racimos laterales están insertos en la axila de una bráctea primaria en cada racimo (Debouck y Hidalgo, 1985) (Foto 8).

La inflorescencia consiste de un eje central con tres a cinco entrenudos, cada uno de ellos posee flores sustentadas por una bráctea que se compone de un pedúnculo, raquis; brácteas primarias y botones florales. El pedúnculo y el raquis pueden ser coloreados y pubescentes, con pequeños pelos uncinulados. Los nudos del raquis no son visibles y no poseen nectarios. En las brácteas del raquis, se encuentra la tríada (tres yemas) floral, que intervienen en el desarrollo de la etapa de floración.

Los órganos reproductivos, se originan de un complejo de tres yemas (tríada floral), que se encuentra en las axilas formadas, por las brácteas primarias y la prolongación del raquis (Ojehomon, 1966; Kigel et al., 1991; Debouck y Hidalgo, 1985; Sage y Webster, 1987). En esta triada, las yemas laterales forman una flor y la yema central, no se desarrolla y cae sin abrir (Ojehomon y Morgan, 1969; Kigel et al., 1991). Las dos flores laterales pueden abrir en forma simultánea, o más comúnmente, con diferencia de un día. En algunos casos, la yema central puede producir un nuevo eje con otra triada (Ojehomon, 1966; Ojehomon y Morgan, 1969; Debouck e Hidalgo, 1985).

La arquitectura de la inflorescencia depende del patrón de ramificación y de la posición de las flores en el tallo principal (Benlloch et al., 2007; 2015).

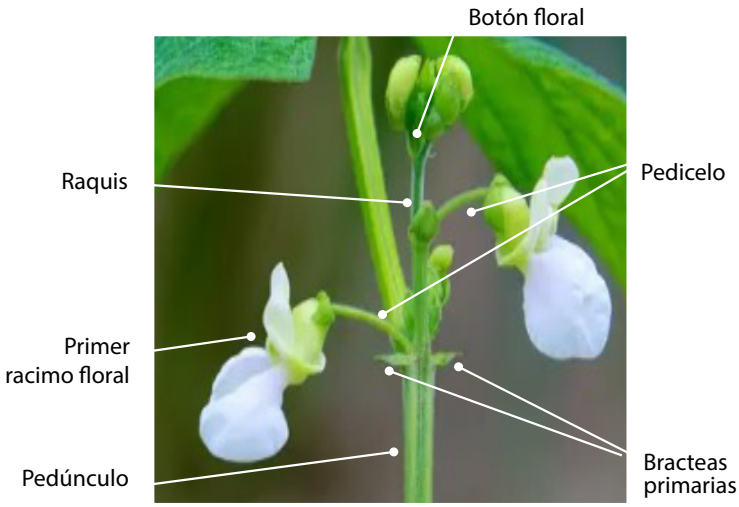


Foto 8. Inflorescencia de una planta de frejol.

Flor. Es una típica papilionácea, hermafrodita y que puede nacer en las inserciones de un racimo o en el desarrollo floral de las yemas de una axila. En su estado inicial está envuelto en las bractéolas (Debouck y Hidalgo, 1985; Fernández et al., 1985).

La flor consta de tres partes:

a) Perianto (estructuras protectoras exteriores) que está compuesto de un cáliz y cinco sépalos soldados; la corola formada por cinco pétalos (pentámera), con dos pétalos soldados por su base y tres sueltos. El pétalo más grande corresponde al estandarte, dos alas y una quilla que tiene forma de espiral y está formada por dos pétalos unidos, que envuelven el androceo y el gineceo (Foto 9).

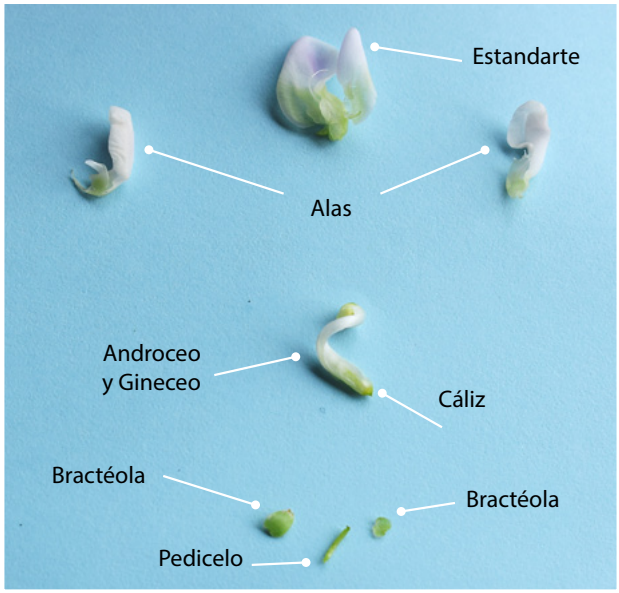
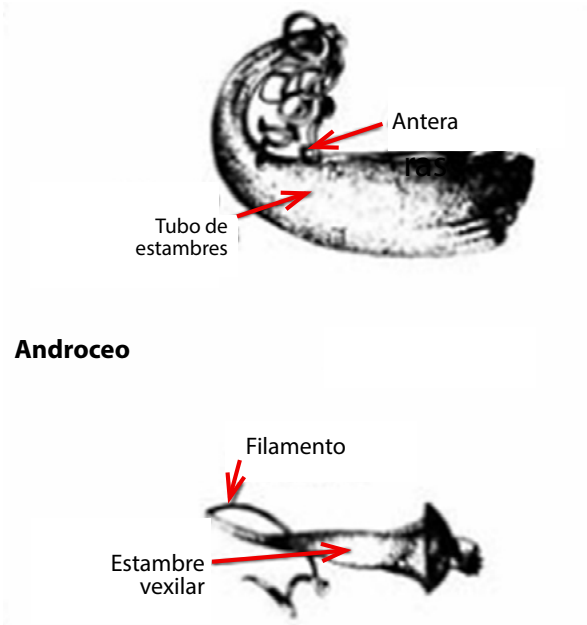


Foto 9. Algunas partes de la estructura de la flor del frejol.

b) Androceo (parte masculina), está formado por nueve estambres soldados por su base y por un estambre libre, vexilar, que se encuentra al frente del estandarte (Fig. 3) Los estambres son pequeños y uniformes en tamaño. Los filamentos, se inclinan para quedar posesionados directamente sobre la superficie del estigma. Las anteras, ubicadas al final de los filamentos, se adhieren a la superficie del estilo o se curvan de manera que las regiones de dehiscencia miran hacia el estilo y el estigma (Webster et al., 1977). El grano de polen maduro tiene forma triangular y una pared celular gruesa y con un poro germinativo en cada ángulo redondeado del grano de polen. El citoplasma del grano de polen, presenta varias vacuolas y un gran tubo nuclear en su centro. Los granos de polen empiezan a germinar cuatro a cinco horas antes de la polinización y algunos desarrollan un tubo germinativo bastante largo dentro de la antera (Weinstein, 1926).



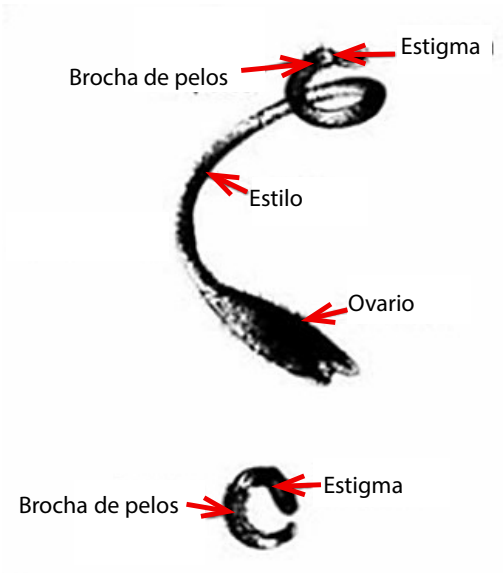
Fuente: Debouck y Hidalgo, 1985.

Figura 3. Androceo, componente masculino de la flor del frejol.

c) El gineceo (parte femenina) incluye el ovario comprimido, el estilo encorvado y el estigma interno lateral terminal. Debajo del estigma, se encuentra una agrupación de pelos en forma de brocha que puede contribuir a la apertura de los estambres (Webster et al., 1977; Debouck y Hidalgo, 1985) (Fig. 4). Se puede formar un número variable de óvulos, generalmente entre tres a cinco, pero pueden llegar a 10 en algunas variedades, los que nacen en forma alternada en los dos márgenes de la placenta (Weinstein, 1926).

El frejol posee un sistema de autopolinización (Tucker y Harding, 1975; Webster et al., 1977; Ferreira et al., 2007; Faria et al., 2010; Cardoso et al., 2014; Resende et al., 2018), que es favorecido por la estructura de la flor como la: a) proximidad de las anteras y el estigma; b) simultánea maduración del polen y receptividad de la superficie del estigma; c) presencia de pelos estilares

que pueden contribuir a la apertura de las anteras; d) secreción azucarada en las células de la epidermis del estigma que facilitan la retención del polen y promueven un ambiente adecuado para su germinación (Webster et al., 1977). A pesar de esta situación, la planta puede tener un porcentaje de polinización cruzada que puede variar entre un 6 a un 10 %, donde participan abejas y otros insectos (Antúnes et al., 1973).



Fuente: Debouck y Hidalgo, 1985.

Figura 4. Gineceo, componente femenino de la flor del frejol.

La megasporogénesis da por resultado células reproductivas llamada sacos embrionarios que poseen ocho núcleos haploides. El saco embrionario está rodeado por tejido materno del ovario llamado integumento y por el nucelo, quien durante su crecimiento alimenta al saco embrionario (Faigón et al., 2003). En el extremo del saco embrionario hay una abertura en los integumentos, llamado micrópilo, a través del cual penetra el tubo de polen. Tres de los núcleos del saco embrionario se orientan cerca de la terminación micropilar y dos de los tres (sinergidas) degeneran. El tercer núcleo, se convierte en el núcleo del huevo. Otro grupo de tres núcleos, se mueven hacia la terminación del saco embrionario y degeneran (antípodas). Los dos núcleos remanentes (núcleos polares), se unen cerca del centro del saco para formar un solo núcleo diploide de fusión (Weinstein, 1926).

Al momento de la fertilización, el saco embrionario está formado por dos células: el huevo y la célula primaria del endospermo. El huevo es largo, de forma de pera y puntiagudo en su extremo micropilar. Comparativamente, pocos tubos de polen alcanzan el ovario. La gran mayoría de los tubos ni siquiera penetran el estigma, pero crecen a lo largo de su superficie exterior. El tubo de polen entra por el micrópilo al saco embrionario. Los dos núcleos espermáticos son liberados dentro del saco embrionario. El tubo de polen y el núcleo tubular, degeneran. Uno de los núcleos espermáticos se fusiona con el núcleo del huevo para formar el cigoto diploide, que se desarrollará en embrión. El otro núcleo espermático, se une con el núcleo de fusión

y da origen a un núcleo triploide, el cual a través de varias divisiones mitóticas da origen al endospermo. Entre ocho a nueve horas después de la polinización, se realiza la fertilización del óvulo (Weinstein, 1926; Bleckmann et al., 2014). Debido, a que en el proceso de fertilización participan dos núcleos espermáticos, se denomina 'doble fertilización'. Dada esta situación, la planta tiene dos generaciones distintas: una haploide gametofítica, donde la planta produce gametos y otra esporofítica diploide, donde la planta produce esporas. Los gametos se unen para formar el esporofito, el cual genera esporas que desarrollan nuevamente gametos, etc., proceso llamado generaciones alternadas (Bleckmann et al., 2014).

El frejol, al igual que otras legumbres, produce una mayor cantidad de flores de las que son capaces de convertir en semillas maduras, por lo cual, una cantidad importante de flores y vainas pequeñas se pierden (absición) y no forman vainas maduras. Estimaciones de abscisión señalan que pueden variar entre un 45 % y un 80 %, dependiendo de la variedad (Subhadrabandhu et al., 1978; Binnie y Clifford, 1981; Izquierdo y Hosfield, 1987; Clavijo-Michelangeli et al., 2013), disponibilidad de asimilados (Binnie y Clifford, 1999), condiciones hormonales (Webster y Leopold, 1972; Ofir et al., 1993) y ambientales (las altas temperaturas) (Kigel et al., 1991; Konsens et al., 1991; Ofir et al., 1993; Gross y Kigel, 1994). Las temperaturas entre 32 °C y 27 °C, reducen la viabilidad del polen y afectan negativamente el desempeño del órgano femenino de las flores de la planta (Gross y Kigel, 1994), lo que se traduce en una mayor abscisión de botones florales, flores abiertas y vainas pequeñas (≤ 3 cm). En este sentido, las flores y las vainas jóvenes y los botones florales, presentan una mayor susceptibilidad de abortar (Konsens et al., 1991). Por otro lado, el porcentaje del aborto de flores y vainas, está asociado también a la posición de la flor dentro de la inflorescencia y a su estado de desarrollo. Es así como, las flores axilares y basales que son las primeras en florecer, tienen una menor probabilidad de abortar, a diferencia de las flores distales que florecen posteriormente y que generalmente abortan. Por otro lado, las flores y las vainas que abortan, están generalmente en sus primeros estados de desarrollo (Pechan y Webster, 1986; Tayo, 1986; Sage y Webster, 1987).

Experiencias realizadas con la remoción de flores abiertas por un periodo de hasta 15 días desde la antesis, demostraron ausencia en la reducción del rendimiento en grano, debido a la apertura de nuevas flores y formación de vainas, posterior a la remoción de las flores. Una situación similar, ocurrió cuando se removieron flores de nudos alternados de la planta (Binnie y Clifford, 1981).

Floración. La flor abre temprano en la mañana, en respuesta de la luz y la temperatura. La dehiscencia del polen y la autopolinización ocurre en el último estado del botón floral, generalmente en la noche y se manifiesta con el crecimiento inmediato del tubo polínico (Ojehomon et al., 1968; Webster et al., 1977; Wallace, 1980; Wallace et al., 1991).

En los hábitos de crecimiento tipo I, la primera flor que se abre en la planta, está ubicada en la axila de la última hoja del tallo principal. Dentro de la inflorescencia, el orden de la floración es acropétala (ascendente), donde las flores axilares y basales tienen un mayor porcentaje de floración que las más distales en el racimo. Posteriormente, la apertura de las otras flores se hace en forma simultánea en aquellas ubicadas en los diferentes nudos de la planta (Ojehomon, 1966; Ojehomon y Morgan, 1969; Wivutvongvana y Mack, 1974; Sage y Webster, 1987; Webster et al., 1997; Kigel et al., 1991). En los tipos indeterminados, el nudo en que la primera flor se abre es variable y depende de la variedad (Ojehomon y Morgan, 1969).

Fruto. Una de las peculiaridades de las leguminosas de grano, es la producción de granos en frutos en forma de vainas carnosas, las que tienen como función proteger, alimentar y dispersar la semilla (Gómez-Martín et al., 2020) (Foto 10).

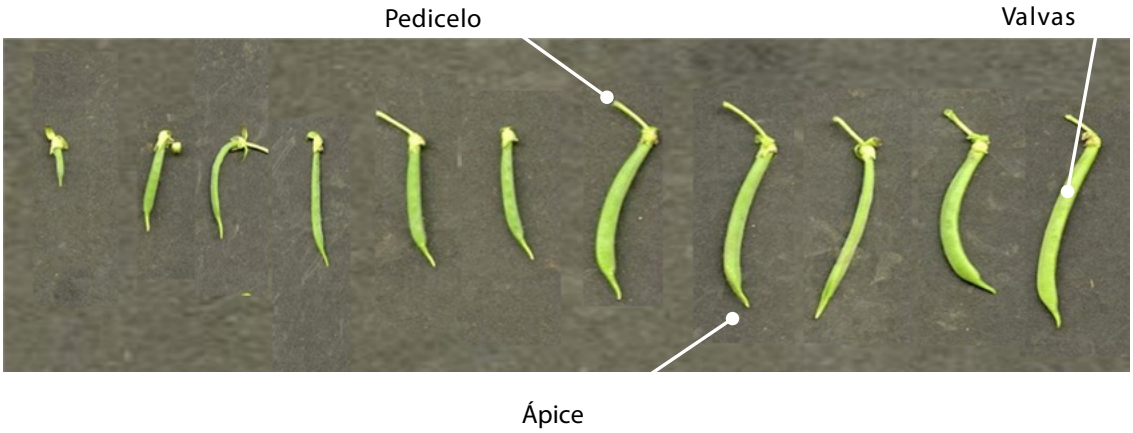


Foto 10. Desarrollo inicial de la vaina del frejol.

La vaina de la planta de frejol, se deriva de un solo carpelo fusionado, a ambos lados, el que evolucionó de una sola hoja y que se dobla para cubrir los granos. La vaina, presenta dos suturas en la unión de las dos valvas, la satura dorsal, llamada placental y, la sutura ventral (Debouck y Hidalgo, 1985; Ostergaard et al., 2007) (Foto 11). Los óvulos y posteriormente las semillas están ubicados en forma alternada en la sutura placental dentro de la vaina. Las vainas, son generalmente glabras o subglabras con pelos muy pequeños; aunque a veces la epidermis de la vaina es pilosa. Las vainas, pueden ser de diversos colores, coloreadas en forma uniforme o con estrías, dependiendo de su estado de desarrollo y variedad (Foto 11) (Debouck y Hidalgo, 1985).

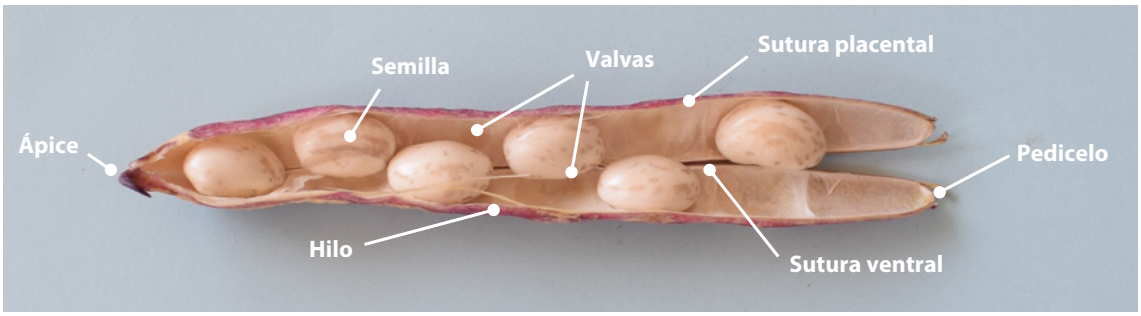
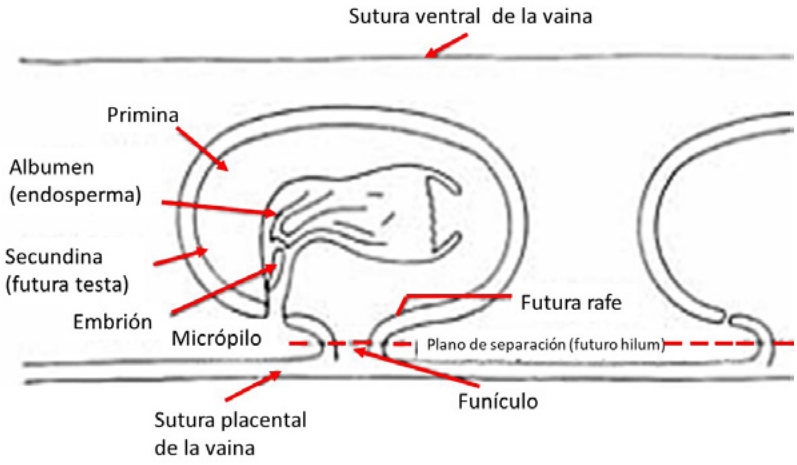


Foto 11. Distribución de los granos dentro de la vaina.

La pared de la vaina consta de un exocarpio que tiene células epidérmicas con paredes engrosadas, un mesocarpo con células parenquimatosas y un endocarpo con esclerénquima y capas internas de la epidermis (Ostergaard et al., 2007) (Fig. 5).



Fuente: Debouck y Hidalgo, 1985.

Figura 5. Estructura interna de la vaina.

El desarrollo de la vaina se caracteriza por: a) presentar un rápido crecimiento inicial, producto de la activa división celular, hasta alcanzar su máxima longitud (Biale, 1964; Díaz, 1990); b) la diferenciación del tejido (engrosamiento de la hipodermis y lignificación de la capa de esclerénquima) involucrado en la dehiscencia de la vaina, localizado en la sutura ventral de la vaina; c) la presencia de una pequeña cantidad de polifenoles, principalmente en las células de la epidermis y de gránulos de almidón en las células del parénquima; d) la presencia de tricomas en las primeras etapas del desarrollo de la vaina, los que dejan de ser visibles a finales de su desarrollo (Herrera-Flores et al., 2005); e) poseer cloroplastos ubicados en las células exteriores de la pared celular, los que aumentan en frecuencia y contenido de almidón en las proximidades del tejido vascular; f) poseer un 25 % más de estomas por unidad de área, en la superficie de la vaina, en comparación con el envés de las hojas (Crookston et al., 1974).

Las valvas de la vaina pueden realizar fotosíntesis, por lo tanto, producir fotosintatos y almacenar temporalmente también los fotosintatos formados por las hojas (Wallace y Munger, 1966; Pate et al., 1977; Clavijo-Michelangeli et al., 2013), los que posteriormente son translocados a la semilla, durante el llenado de los granos (Crookston et al., 1974; Tanaka y Fujita, 1979; Peña-Valdivia y Ortega-Delgado, 1991; Bennet et al., 2011). Una vez que la vaina crece longitudinalmente empieza el desarrollo del grano (Clavijo-Michelangeli et al., 2013).

Durante el proceso de desarrollo de la vaina, se observan cambios en la acumulación de materia seca y composición de compuestos químicos (Muasya et al., 2002). Es así como, en los primeros estados de desarrollo se observa un crecimiento exponencial de la pared celular y se detectan abundantes cantidades de polímeros pécticos neutrales, insolubles en agua, los que están estrechamente conectados con el desarrollo de la pared celular. Posteriormente, durante el proceso de elongación de la vaina, se produce un mayor almacenaje de polímeros pécticos ricos en galactosa en la pared celular (Stolle-Smits et al., 1999).

Durante el inicio del proceso de maduración de la vaina, esta comienza a perder clorofila (color verde) adquiriendo un color amarillento (Setia et al., 1987; Eckhardt, et al., 2004; Gómez et al., 2014. Durante la senescencia, hay un aumento en la cantidad de pectinas iónicamente complejas,

a expensas de las pectinas solubles libres. Las enzimas presentes en pequeñas cantidades y a través de todo el desarrollo de las vainas son: pectina metil-esterasa, peroxidasa, β-galactosidasa, α-arabinosidasa y polygalacturonasa (Stolle-Smits et al., 1999). A la cosecha, las paredes de las vainas almacenan una proporción importante de la biomasa de los órganos reproductivos (Wallace y Munger, 1966; Crookston et al., 1974; Bennet et al., 2011), la que varía entre un 20 a un 27 % (Wallace y Munger, 1966).

La producción de vainas y el peso de los granos dependen de factores genéticos, condiciones ambientales y agronómicas (Bennett et al., 1977; Mack y Hatch, 1968; Chung y Goulden, 1971) donde el efecto compensatorio de los componentes de rendimiento juega un rol importante en la producción final de cada uno de ellos (Adams, 1967; Duarte y Adams, 1972).

La cáscara está formada por tres capas principales: una exterior formada por la epidermis, que está constituida por la capa de células palisada (macroescleridas) y de paredes gruesas de osteoclareidas, ubicadas al interior de las células palisada; una zona intermedia, compuesta de una capa multicelular de parénquima colapsado, la capa de aleurona; y una capa interna de endospermo (derivado de la doble fertilización) comprimido contra la cutícula producto de la expansión de los cotiledones y el embrión (Miller et al., 1999). El desarrollo de la cáscara, está estrechamente regulado y varios tejidos que están presentes durante la embriogénesis y el llenado del grano desaparecerán al estado de la madurez de la semilla (Moise et al., 2005).

Las estructuras de la cáscara tienen las siguientes funciones fisiológicas: (1) producir, transportar agua, oxígeno, minerales, asimilados, fitohormonas para el zigoto en desarrollo (Offler y Patrick, 1984); (2) sintetizar y depositar compuestos relacionados con la defensa, fitoalexinas y componentes estructurales (Chávez-Mendoza et al., 2019); (3) establecer protección mecánica y física como la dormancia (Smýkal et al., 2015); y 4) controlar el desarrollo del embrión, la dormancia y la germinación (Moise et al., 2005).

Las vainas, de acuerdo a su consumo, presentan diferentes características (Durán et al., 2005). En vaina, para consumo en verde, existen diferencias en suculencia (planas a suculentas), tamaño, forma, color y contenido de fibra e hilo en las suturas (Durán et al., 2005; Hagerty et al., 2016). En variedades, para grano seco, existen diferencias de tamaño, forma, color y grados de dehiscencia (Escribano et al., 1997; De Ron et al., 2004), y en las variedades destinadas para 'granados', se observa variación en coloración y tamaño de la vaina.

Dehiscencia. La dehiscencia de las vainas, es una característica que está controlada genéticamente y es modificada por el ambiente (Koinange et al., 1996; Nanni et al., 2011; Gioia et al., 2012; Elbaum, y Abraham, 2014; Murgia et al., 2017). Es posible, que los genes que controlan la dehiscencia, estén involucrados en la regulación de la deposición secundaria de la pared celular o la diferenciación de la fibra (Murgia et al., 2017).

Estudios recientes indican que: a) la dehiscencia de la vaina está asociada a un alto contenido de carbón y lignina de las paredes de la vaina y a características histológicas específicas al interior de la pared lignificada de la valva; b) el modo en que se produce la dehiscencia (torcedura o no de la vaina) no influye en gran medida en el nivel de la apertura de la vaina; c) la dehiscencia tiene un costo para la planta y está asociada a un menor tamaño de vaina, peso del grano y relación grano vaina; d) la zona de dehiscencia está ubicada en ambas suturas, pero en la sutura ventral se observa una fuerte 'esclerenquimatización' de la célula y la presencia de una capa celular fibrosa y fuertemente lignificada que está ubicada entre el parénquima interno y externo de la pared de la vaina (Murgia et al., 2017).

En soya (*Glycine Max*), la dehiscencia de la vaina se inicia con el debilitamiento de la zona de dehiscencia dorsal y ventral cuando la vaina alcanza la madurez y se aproxima a la senescencia. La apertura de las vainas es estimulada por la tensión al interior de la vaina senescente, la que ocurre en el lado dorsal de la vaina (Tiwari y Bhatia, 1995; Elbaum y Abraham, 2014). Las células de la zona de la dehiscencia presentan vacuolas de mayor tamaño, lo que implica que se está llevando a cabo el proceso de 'muerte de células programada', hacia el final del proceso de senescencia (Christiansen et al., 2002).

Grano. El desarrollo del grano es un proceso importante, ya que determina la cantidad y calidad de granos producidos.

El grano, se origina de un evento de doble fertilización y está compuesta de diferentes componentes, unos externos y otros internos. Las principales partes externas de la semilla son: la cáscara, que está constituida por la capa secundaria del óvulo y sirve como protector de la estructura embrionaria. El rafe, que es la cicatriz dejada por la unión del funículo con los tegumentos del óvulo, el hilum representado por la cicatriz de la unión semilla con la placenta y el micrópilo que es una abertura en la testa de la semilla cerca del hilum, por donde el tubo polínico entró en la vaina y, a través del cual, se realiza la absorción del agua (Debouck y Hidalgo, 1985). La fisura en el hilum se abre cuando la humedad relativa es baja, lo que impide a la semilla secarse, por el contrario, cuando la humedad es alta la fisura se cierra previniendo la absorción de humedad (Bradford y Nonogaki, 2009).

La principal vía de absorción de agua en los frejoles es el micrópilo, ya que el hilum y el rafe admiten agua libremente (Kyle y Randall, 1963), ya que la cáscara del grano no tiene importancia en la absorción de agua (Karban et al., 1981) (Foto 12).

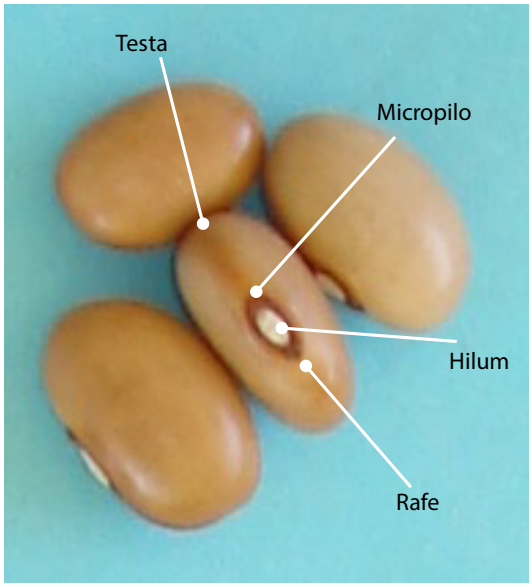
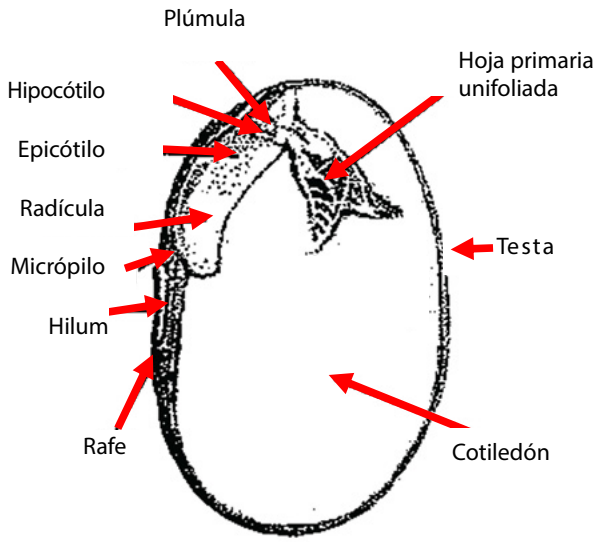


Foto 12. Estructuras externas del grano de frejol.

Las partes internas de la semilla están conformadas por el embrión que encierra los elementos esenciales y los procesos básicos para el desarrollo de una nueva planta. El embrión, la plúmula,

las dos hojas primarias, el epicótilo o punta del tallo embrionario, hipocótilo o tallo embrionario y la radícula o raíz embrionaria. El complejo plúmula-radícula, está situado entre los cotiledones, al lado ventral del grano, de tal manera que la radícula está en contacto con el micrópilo (Debouck y Hidalgo, 1985; Bleckmann et al., 2014) (Fig. 6).



Fuente: Debouck y Hidalgo, 1985.

Figura 6. Morfología interna de la semilla de frejol.

Posterior a la fertilización, se produce el desarrollo del endosperma en el saco embrionario, cuya función es proveer una fuente alimenticia temporal al embrión y proveer un espacio para su desarrollo (Melkus et al., 2009; Bleckmann et al., 2014). Posteriormente, el endospermo es absorbido por los cotiledones, donde el número y tamaño de las células que lo componen determinan el tamaño final de la semilla (Loewenberg, 1955).

Los componentes del grano varían de acuerdo a su tamaño. Es así como, la cáscara, los cotiledones, el eje embrionario constituyen un 10 %, 89 % y 1 % de la materia seca de la semilla, respectivamente (Ariza-Nieto et al., 2007; Dueñas et al., 2006; Blair et al., 2013), dependiendo de las clases comerciales (Powrie et al., 1960). El grano, está compuesto por una amplia variedad de compuestos químicos, tal como carbohidratos, proteínas, vitaminas, péptidos, aminoácidos, alcaloides, terpenoides y esteroides (Ndakidemi y Dakora, 2003), celulosa y hemicelulosa, que contribuyen significativamente a la fibra dietética total del frejol (Moghaddam et al., 2018), minerales como calcio, hierro, zinc, cobre y potasio y compuestos fenólicos (Beebe et al., 2000; Celmeli et al., 2018; Yang et al., 2018).

Desarrollo del grano. El desarrollo del grano, después de la doble fertilización, se puede dividir en tres fases: división celular, llenado del grano y deshidratación y adquisición de tolerancia a la desecación (Coelho y Benedito, 2008).

La embriogénesis, es la primera fase del desarrollo del grano que se caracteriza por: a) diferenciación del embrión a través de varias etapas (globular, corazón y torpedo), que finalizan en la etapa de cotiledón (Verdier y Thompson, 2008); b) crecimiento del embrión, principalmente, a través

de la división celular, dirigida por la cubierta del grano materna, que modifica y controla el suministro de nutrientes al embrión y que determina el tamaño del grano (Weber et al., 2005); c) síntesis de carbohidratos solubles y de almidón; d) diferenciación de varias estructuras, como el hipocótilo, epicótilo y el primordio de las primeras hojas secundarias (Weinstein, 1926); e) aumento rápido del número de células de los cotiledones, la que alcanzaría su máxima tasa de crecimiento alrededor de los 24 días después de la polinización y donde el peso seco del grano alcanza a alrededor de un 20 % del peso total del grano a madurez y f) digestión del endospermo y ocupación de los cotiledones del espacio disponible (Weinstein, 1926; Loewenberg, 1955; Goldberg et al., 1994; Bradford y Nonogaki, 2009).

La fase de llenado y maduración del grano se caracteriza, por el aumento del peso seco de la semilla/embrión y de todos los productos de almacenamiento. La fase de deshidratación, a su vez, se caracteriza por la reducción del contenido de agua, mantención del peso seco del grano, entrada del embrión a una fase inactiva y la preparación de la capacidad de germinación (Sanhewe y Ellis, 1996; Coelho y Benedito, 2008).

El grano maduro presenta una amplia variación de color (blanco, rojo, crema, negro, café, etc.), de forma, brillo y combinación de colores. Esta gran variabilidad de los caracteres externos del grano, se toma en cuenta para la clasificación de variedades de frejol en clase comerciales (Voysest, 1983; Debouck y Hidalgo, 1985).

Desde el punto de vista agronómico, el rendimiento del grano está asociado negativamente al tamaño del grano en las variedades andinas a diferencia de los granos pequeños de origen Mesoamericano que poseen un mayor rendimiento (White y González, 1990; White et al., 1992), lo que se ve afectado por las condiciones climáticas (Laing et al., 1984; White y González, 1990). El mayor tamaño del grano en las variedades andinas, está asociado a un mayor tamaño de las células y tasa de crecimiento de la semilla en climas fríos. Sin embargo, el menor tamaño y tasa de crecimiento del grano en lugares más cálidos, está asociada a un menor tamaño de las células sin una compensación en el aumento de volumen de las células (Sexton et al., 1994; Sexton et al., 1997a;b), aunque se señala también que el tamaño del grano, está asociado también por la cantidad de reservas del cotiledón, por lo cual, el tejido esporofítico maternal, controlaría en forma directa el desarrollo temprano de la plántula (Singh et al., 2017).

Referencias

Adams, W. 1967. Basis of yield component compensation in crop plants with special reference to the field bean, *Phaseolus vulgaris*. Crop Sci. 7:505-510.

Antunes, I., da Costa, J., Oliveira, E. 1973. Natural hybridization in the genus *Phaseolus*. Ann. Rep. Bean Improv. Coop. 16:61-62.

Ariza-Nieto, M., Blair, M., Welch, R., et al. 2007. Screening of bioavailability patterns in eight bean (*Phaseolus vulgaris* L.) genotypes using the Caco-2 cell *in vitro* model. J. Agric. Food Chem. 55:7950-7956.

Beebe, S., González, V., Rengifo, J. 2000. Research on trace minerals in the common bean. Food Nutr. Bull. 21(4):387-391.

Beebe, S., Rengifo, J., Gaitán, E., et al. 2001. Diversity and origin of Andean landraces of common bean. Crop Sci.41:854-862.

Benlloch, R., Berbel, A., Ali, L., et al. 2015. Genetic control of inflorescence architecture in legumes. Front. Plant Sci. 6:543.

Benlloch, R., Berbel, A., Serrano-Mislata, A., et al. 2007. Floral initiation and inflorescence architecture: A comparative view. Ann. Bot. 100:659-676.

Bennett, E., Roberts, J., Wagstaff, C. 2011. The role of the pod in seed development: Strategies for manipulating yield. New Phytol. 190:838-885.

Bennett, J., Adams, W., Burga, C. 1977. Pod yield component variation and intercorrelation in *Phaseolus vulgaris* L. as affected by planting density. Crop Sci. 17:73-75.

Bennett, M., Smith, J., Heslop-Harrison, J. 1982. Nuclear DNA amount in angiosperms. Proc. R. Soc. Lond. B. 216:179-199.

Biale, J. 1964. Growth, maturation, and senescence in fruits: Recent knowledge on growth regulation and on biological oxidations has been applied to studies with fruits. Science 146:880-888.

Binnie, R., Clifford, P. 1981. Flower and pod production in *Phaseolus vulgaris*. J. Agric. Sc. 97:397-421.

Binnie, R., Clifford, P. 1999. Sink characteristics of reproductive organs of dwarf bean in relation to likelihood of abscission. Crop Sci. 39:1077-1082.

Bleckmann, A., Alter, S., Dresselhaus, T. 2014. The beginning of a seed: Regulatory mechanisms of double fertilization. Front Plant Sci. 5:452.

Bradford, K., Nonogaki, H. 2009. Seed development, dormancy, and germination. Ann. Plant Rev. Vol. 27. Oxford, Blackwell.

Burridge, J., Jochua, C., Bucksch, A., et al. 2016. Legume shovelomics: High-throughput phenotyping of common bean *(Phaseolus vulgaris* L.) and cowpea (*Vigna unguiculata* subsp, *unguiculata*) root architecture in the field. Field Crops Res. 192:21-32.

Cardoso, P., Brondani, C., Menezes, I., et al. 2014. Discrimination of common bean cultivars using multiplexed microsatellite markers. Genet. Mol. Res. 13:1964-1978.

Celmeli, T., Sari, H., Canci, H., et al. 2018. The nutritional content of common bean (*Phaseolus vulgaris* L.) landraces in comparison to modern varieties. Agronomy 8:166.

Chávez-Mendoza, C., Hernández-Figueroa, K., Sánchez, E. 2019. Antioxidant capacity and phytonutrient content in the seed coat and cotyledon of common beans (*Phaseolus vulgaris* L.) from various regions in Mexico. Antioxidants (Basel) 25:8(1):5.

Christiansen, L., Dal Degan, F., Ulvskov, P., et al. 2002. Examination of the dehiscence zone in soybean pods and isolation of a dehiscence-related endopolygalacturonase gene. Plant Cell Environ. 25:479-490.

Chung, J., Goulden, D. 1971. Yield components of haricot beans (*Phaseolus vulgaris* L.) grown at different plant densities. N. Z. J. Agric. Res. 14: 227-234.

Clavijo-Michelangeli, J., Bhakta, M., Gezan, S., et al. 2013. From flower to seed: Identifying phenological markers and reliable growth functions to model reproductive development in the common bean (*Phaseolus vulgaris* L.). Plant Cell Environ. 36:2046-2058.

Coelho, C., Benedito, V. 2008. Seed development and reserve compound accumulation in common bean (*Phaseolus vulgaris* L.). Seed Sci. Biotechnol. 2(2):42-52.

Crookston, R., O'Toole, J., Ozbun, J. 1974. Characterization of the bean pod as a photosynthetic organ. Crop Sci. 14:708-712.

Dahlin, R., Brick, M., Ogg, J. 1992. Characterization and density of trichomes on three common bean cultivars. Econ. Bot. 46:299-304.

De Ron A., Casquero P., González A., et al. 2004. Environmental and genotypic effects on pod characteristics related to common bean quality. J. Agron. Crop Sci. 190:248-255.

Debouck, D. 1983. Observations sur les processus de floraison et de ramification chez quelques *Phaseolus vulgaris*. C. R. Hebd. Séances Acad. Sci. III (Paris)296(8):425-428.

Debouck, D. 1991. Systematics and morphology (pp. 55-118). In A. van Schoonhoven, O. Voysest. Commons bean: Research for crop improvement. C.A.B. international, Centro Internacional de Agricultura Tropical, CIAT, Redwood Press, UK.

Debouck, D., Hidalgo, R. 1985. Morfología de la planta de frejol común (pp. 7-41). En Frejol: Investigación y producción. Centro Internacional de Agricultura Tropical, CIAT., Cali, Colombia. 419p.

Díaz, L., Blair, M. 2006. Race structure within the Mesoamerican gene pool of common bean (*Phaseolus vulgaris* L.) as determined by microsatellite markers. Theor. Appl. Genet. 114(1):143-154.

Díaz, M. 1990. Crecimiento de la vaina y semillas del frijol. Turrialba 40:553-561.

Doutt, M. 1932. Anatomy of *Phaseolus vulgaris* L. var. Black Valentine. Michigan Agric. Exp. St. State College. Tech. Bull. 128:1-31.

Duarte, R., Adams, W. 1972. A path coefficient analysis of some yield component interrelation in field bean (*Phaseolus vulgaris* L.). Crop Sci. 12:579-582.

Dueñas, M., Hernández, T., Estrela, I. 2006. Evaluación de la capacidad antioxidante *in vitro* de la testa y el cotiledón de leguminosas en relación con su contenido fenólico. Food Chem. 98:95-103.

Durán, L., Blair, M., Giraldo, M., et al. 2005. Morphological and molecular characterization of common bean landraces and cultivars from the Caribbean. Crop Sci. 45:1320-1328.

Eckhardt, U., Grimm, B., Hörtensteiner, S. 2004. Recent advances in chlorophyll biosynthesis and breakdown in higher plants. Plant Mol. Biol. 56:1-14.

Elbaum, R., Abraham, Y. 2014. Insights into the microstructures of hygroscopic movement in plant seed dispersal. Plant Sci. 223:124-133.

Escribano, M., Santalla, M., de Ron, A. 1997. Genetic diversity in pod and seed quality traits of common bean populations from northwestern Spain. Euphytica 93:71-81.

Faigón, A., Galati, B., Hoc., P. 2003. Study of ovule and megagametophyte development in four species of subtribe Phaseolinae (Leguminosae). Acta Biol. Crac. Ser. Bot. 45(2): 63-73.

Faria, J., Carneiro, G., Aragão, F. 2010. Gene flow from transgenic common beans expressing the *bar* gene. GM Crops 1:94-98.

Fernández, F., Gepts, P., López, M. 1985. Etapas de desarrollo en la planta de frejol (pp. 61-78). En M., López, F., Fernández, A., van Schoonhoven (eds.) Frijol: Investigación y producción. Centro Internacional de Agricultura Tropical, CIAT. 419p.

Ferreira, J., Carneiro, A., Teixeira, F., et al. 2007. Gene flow in common bean (*Phaseolus vulgaris* L.). Euphytica 153:165-170.

Gioia, T., Logozzo, G., Kami, J., et al. 2012. Identification and characterization of a homologue to the *Arabidopsis INDEHISCENT* gene in common bean. J. Hered. 104:273-286.

Goldberg, R., Depaiva, G., Yadegari, R. 1994. Plant embryogenesis-zygote to seed. Science 266:605-614.

Gómez, M., Vera-Sirera, F., Pérez-Amador, M. 2014. Molecular programme of senescence in dry and fleshy fruits. J. Exp. Bot. 65:4515-4526.

Gómez-Martín, C., Capel, C., González, A., et al. 2020. Transcriptional dynamics and candidate genes involved in pod maturation of common bean (*Phaseolus vulgaris* L.). Plants 9:545.

González, A., Lynch, J., Tohme, J., et al. 1995. Characters related to leaf photosynthesis in wild populations and landraces of common bean. Crop Sci. 35:1468-1476.

Gross, Y., Kigel, J. 1994. Differential sensitivity to high temperature of stages in the reproductive development of common bean (*Phaseolus vulgaris* L.). Field Crops Res. 36:201-212.

Hagerty, C., Cuesta-Marcos, A., Cregan, P., et al. 2016. Mapping snap bean pod and color traits, in a dry bean × snap bean recombinant inbred population. J. Am. Soc. Hortic. Sci. 141:131-138.

Herrera-Flores, T., Cárdenas-Soriano, E., Ortíz-Cereceres, J., et al. 2005. Anatomía de la vaina de tres especies del género *Phaseolus*. Agrociencia 39:595-602.

Izquierdo, J., Hosfield, G. 1987. Flower, pod, and leaf abscission of dry beans (*Phaseolus vulgaris* L.). Agrociencia 3:105-115.

Jochua, C., Strock, C., Lynch, J. 2020. Root phenotypic diversity in common bean (*Phaseolus vulgaris* L.) reveals contrasting strategies for soil resource acquisition among gene pools and races. Crop Sci. 60(6):3261-3277.

Karban, S., Coyne, D., Welhing, J. 1981. Rate of water uptake and sites of water entry in seeds of different cultivars of dry bean. HortSci. 16:545-546.

Kelly, J. 2001. Remaking bean plant architecture for efficient production. Adv. Agron. 71:109-143.

Kigel, J., Konsens, I., Ofir, M. 1991. Branching, flowering, and pod-set patterns in snap-bean (*Phaseolus vulgaris* L.) as affected by temperature. Can. J. Plant Sci. 71:1233-1242.

Koinange, E., Singh, S., Gepts, P. 1996. Genetic control of the domestication syndrome in common bean. Crop Sci. 36:1037-1045.

Konsens, I., Ofir, M., Kigel, J. 1991. The effect of temperature on the production and abscission of flowers and pods in snap bean (*Phaseolus vulgaris* L.). Ann. Bot. 67(5):391-399.

Kyle, J., Randall, T. 1963. A new concept of the hard seed character in *Phaseolus vulgaris* L. and, its use in breeding and inheritance studies. Am. Soc. Hort. Sci. 83:461-475.

Laing, D., Jones, P., Davis, J. 1984. Common bean (*Phaseolus vulgaris* L.) (pp. 305-335). In P. Goldsworthy, N. Fisher (eds.). The physiology of tropical field crops. Wiley, New York.

Loewenberg, J. 1955. The development of bean seed (*Phaseolus vulgaris* L.). Plant Physiol. 30(3):244-250.

Lynch, J., González, A., Tohme, J., et al. 1992. Variation in characters related to leaf photosynthesis in wild bean populations. Crop Sci. 32:633-644.

Lynch, J., Mooney, S., Strock, C., et al. 2022. Future roots for future soils. Plant Cell Environ. 45:620-636.

Lynch, J., van Beem, J. 1993. Growth and architecture of seedling roots of common bean genotypes. Crop Sci. 33:1253-1257.

Mack, H., Hatch, D. 1968. Effects of plant arrangement and population density on yield of bush snap beans. Proc. Am. Soc. Hort. Sci. 92:418-425.

Melkus, G., Rolletschek, H., Radchuk, R., et al. 2009. The metabolic role of the legume endosperm: A noninvasive imaging study. Plant Physiol. 151(3):1139-54.

Miguel, M., Widrig, A., Vieira, R., et al. 2013. Basal root whorl number: A modulator of phosphorus acquisition in common bean (*Phaseolus vulgaris*). Ann. Bot. 112:973-982.

Miller, S., Bowman, L., Gijzen, M., et al. 1999. Early development of the seed coat of soybean (*Glycine max*). Ann. Bot. 84:297-304.

Moghaddam, S., Brick, M., Echeverría, D., et al. 2018. Genetic architecture of dietary fiber and oligosaccharide content in a Middle American panel of edible dry bean. Plant Genome 11(1):170074.

Moise, J., Han, S., Gudynaite-Savitch, L. 2005. Seed coats: Structure, development, composition, and biotechnology. *In Vitro* Cell. Dev. Biol. Plant 41:620-644.

Muasya, R., Lommen W., Struik, P. 2002. Differences in development of common bean (*Phaseolus vulgaris* L.) crops and pod fractions within a crop. I. Seed growth and maturity. Field Crops Res. 75:63-78.

Murgia, M., Attene, G., Rodríguez, M., et al. 2017. A comprehensive phenotypic investigation of the 'pod-shattering syndrome' in common bean. Front. Plant Sci. 8:251.

Nanni, L., Bitocchi, E., Bellucci, E., et al. 2011. Nucleotide diversity of a genomic sequence similar to *SHATTERPROOF* (*PvSHP1*) in domesticated and wild common bean (*Phaseolus vulgaris* L.). Theor. Appl. Genet. 123:1341-1357.

Ndakidemi, P., Dakora, F. 2003. Legume seed flavonoids and nitrogenous metabolites as signals and protectants in early seedling development. Funct. Plant Biol. 30:729-745.

Ochoa, I., Blair, M., Lynch, J. 2006. QTL analysis of adventitious root formation in common bean under contrasting phosphorus availability. Crop Sci.46:1609-1621.

Offler, C., Patrick, J. 1984. Cellular structures, plasma-membrane surface-areas and plasmodesmatal frequencies of seed coats of *Phaseolus vulgaris* L. in relation to photosynthate transfer. Aust. J. Plant Physiol. 11:79-99.

Ofir, M., Gross, Y., Bangerth, F., et al. 1993. High-temperature effects on pod and seed production as related to hormone levels and abscission of reproductive structures in common bean (*Phaseolus vulgaris* L). Sci. Hortic. 55:201-211.

Ojehomon, O. 1966. The development of flower primordia of *Phaseolus vulgaris* (L.) Savi. Ann. Bot. (London) 30(119):487-492.

Ojehomon, O., Morgan, D. 1969. A quantitative study of inflorescence development in *Phaseolus vulgaris* L. Ann. Bot. (London) 33:325-332.

Ojehomon, O., Rathjen, A., Morgan, D. 1968. Effects of day length on the morphology and flowering of five determinate varieties of *Phaseolus vulgaris* L. J. Agric. Sci. (Camb.) 71(2):209-214.

Ostergaard, L., Borkhardt, B., Ulvskov, P. 2007. Dehiscence. In J. Roberts, Z. González-Carranza (eds). Ann. Plant Rev. 25:137-163.

Pate, J., Sharkey, P., Atkins, C. 1977. Nutrition of a developing legume fruit. Funct. economy in terms of carbon, nitrogen, water. Plant Physiol. 59:506-510.

Pechan P., Webster, B. 1986. Flower and pod set of *Phaseolus vulgaris* under controlled environment conditions. HortSci. 21:989-991.

Peña-Valdivia, C., Ortega-Delgado, M. 1991. Non-structural carbohydrate partitioning in *Phaseolus vulgaris* after vegetative growth. J. Sci. Food Agric. 55:563-577.

Powrie, W., Adams, M., Pflug, I. 1960. Chemical, anatomical, and histochemical studies of the navy bean seed. Agron. J. 52:163-167.

Rascher, U., Blossfeld, S., Fiorani, F., et al. 2011. Non-invasive approaches for phenotyping of enhanced performance traits in bean. Funct. Plant Biol. 38:968-983.

Resende, R., de Resende, M., Azevedo, C., et al. 2018. Genome-Wide association and regional heritability mapping of plant architecture, lodging and productivity in *Phaseolus vulgaris*. G3 (Bethesda) 8(8):2841-2854.

Robison, F., Heuberger, A., Brick, M., et al. 2015. Proteome characterization of leaves in common bean. Proteomes 3(3):236-248.

Sage, T., Webster, B. 1987. Flowering and fruiting patterns of *Phaseolus vulgaris* L. Bot. Gaz.148:35-41.

Sanhewe, A., Ellis, R. 1996. Seed development and maturation in *Phaseolus vulgaris* I. Ability to germinate and to tolerate desiccation. J. Exp. Bot. 47 (300):949-958.

Setia, R., Setia, N., Malik, C. 1987. The podwall structure and function in relation to seed development in some legumes. Phyton 27:205-220.

Sexton P., Boote K., White J., et al. 1997a. Seed size and seed growth rate in relation to cotyledon cell volume and number in common bean. Field Crops Res. 54(2):163-172.

Sexton, P., Peterson, C., Boote, K., et al. 1997b. Early-season growth in relation to region of domestication, seed-size, and leaf traits in common bean. Field Crops Res. 52(1):69-78.

Sexton, P., White, J., Boote, K., 1994. Yield-determining processes in relation to cultivar seed size of common bean. Crop Sci. 34:84-91.

Singh, J., Clavijo-Michelangeli, J., Gezan, S., et al. 2017. Maternal Effects on seed and seedling phenotypes in reciprocal F_1 hybrids of the common bean (*Phaseolus vulgaris* L.). Front. Plant Sci. 8:42.

Singh, S. 1982. A key for identification of different growth habits of *Phaseolus vulgaris* L. Ann. Rep. Bean Improv. Coop. 25:92-95.

Smýkal, P., Coyne, C., Ambrose, M., et al. 2015. Legume crops phylogeny and genetic diversity for science and breeding. Crit. Rev. Plant Sci. 34:43-104.

Snapp, S., Kirk, W., Román-Avilés, B., et al. 2003. Root traits play a role in integrated management of *Fusarium* root rot in snap beans. HortSci. 38:187-191.

Stenglein, S., Arambarria, A., Vizgarra, O., et al. 2004. Micromorphological variability of leaf epidermis in Mesoamerican common bean (*Phaseolus vulgaris*, Leguminosae). Aust. J. Bot. 52:73-80.

Stolle-Smits, T., Beekhuizen, J., Kok, M., et al. 1999. Changes in cell wall polysaccharides of green bean pods during development. Plant Physiol. 121:363-372.

Strock, C., Burridge, J., Massas, A., et al. 2019a. Seedling root architecture and its relationship with seed yield across diverse environments in *Phaseolus vulgaris*. Field Crop. Res. 237:53-64.

Strock, C., de la Riva, L., Lynch, J. 2018. Reduction in root secondary growth as a strategy for phosphorus acquisition. Plant Physiol. 176:691-703.

Strock, C., Lynch, J. 2020. Root secondary growth: An unexplored component of soil resource acquisition. Ann. Bot. 126:205-218.

Strock, C., Schneider, H., Galindo-Castañeda, T., et al. 2019b. Laser ablation tomography for visualization of root colonization by edaphic organisms. J. Exp. Bot. 70(19):5327-5342.

Strock, C., Schneider, H., Lynch, J. 2022. Anatomics: High-throughput phenotyping of plant anatomy. Trend Plant Sci. 27(6):520-523.

Subhadrabandhu, S., Adams, M., Reicosky, D. 1978. Abscission of flowers and fruits in *Phaseolus vulgaris* L. I. Cultivar differences in flowering pattern and abscission. Crop Sci. 18:893-896.

Tanaka, A., Fujita, K. 1979. Photosynthesis and yield components in relation to grain yield of the field beans. J. Fac. Agric., Hokkaido Univ. 59:145-238.

Tayo, T. 1986. Flower and pod production at various nodes of *Phaseolus vulgaris* L. J. Agric. Sci. (Camb.) 107:29-36.

Tiwari, S., Bhatia, V. 1995. Characters of pod anatomy associated with pod shattering in soybean. Ann. Bot. 76:483-485.

Tucker, C., Harding, J. 1975. Outcrossing in common bean *Phaseolus vulgaris* L. J. Am. Soc. Hort. Sci. 100:283-285.

USDA, United States Department of Agriculture. 1982. The United States standards for beans. Federal Grain Inspection Service. U.S. Department of Agriculture. 16p.

Verdier, J., Thompson, R. 2008. Transcriptional regulation of storage protein synthesis during dicotyledon seed filling. Plant Cell Physiol. 49:1263-1271.

Wallace, D. 1980. Adaptation of *Phaseolus vulgaris* to different environments (pp. 349-357). In R. Summerfield, A. Bunting (eds.). Advances in legume science. Royal Botanic Gardens, Kew, Surrey, England.

Wallace, D., Gniffke, P., Masaya, P., et al. 1991. Photoperiod, temperature and genotype interaction effects on days and nodes required for flowering of bean. J. Am. Soc. Hort. Sci. 116: 534-543.

Wallace D., Munger, H. 1966. Studies of the physiological basis for yield differences. II. Variations in dry matter distribution among aerial organs for several dry bean varieties, Crop Sci. 6:503-507.

Weber, H., Borisjuk, L., Wobus, U. 2005. Molecular physiology of legume seed development. Annu Rev. Plant Biol. 56:253-279.

Webster, B., Leopold, A. 1972. Stem abscission in *Phaseolus vulgaris* explants. Bot. Gaz. 133(3):292-298.

Webster, B., Tucker, C., Lynch, S. 1977. Morphological study of development of reproductive structures of *Phaseolus vulgaris* L. J. Am. Soc. Hort. Sci. 102:640-643.

White, J., González, A. 1990. Characterization of the negative association between seed yield and seed size among genotypes of common bean. Field Crops Res. 23:159-175.

White, J., Montes-R, C. 2005. Variation in parameters related to leaf thickness in common bean (*Phaseolus vulgaris* L.). Field Crops Res. 91:7-21.

White, J., Singh, S., Pino, C., et al. 1992. Effects of seed size and photoperiod response on crop growth and yield of common bean. Field Crops Res. 28:299-307.

Wivutvongvana, M., Mack, H. 1974. Floral anatomy of *Phaseolus vulgaris* L. cvs. Gallatin 50 and Oregon 58. HortSci. 9(5):462-464.

Yang, Q., Gan, R., Ge, Y., et al. 2018. Polyphenols in common beans (*Phaseolus vulgaris* L.): Chemistry, analysis, and factors affecting composition. Compr. Rev. Food Sci. Food Saf. 17:1518-1539.

Zaiter, H., Coyne, D., Steadman, J., et al. 1990. Inheritance of abaxial leaf pubescence in beans. J. Am. Soc. Hort. Sci. 115:158-160.

Capítulo 10. Crecimiento y desarrollo de la planta de frejol

Mario Paredes C., Viviana Becerra V., Gabriel Donoso Ñ.

Adaptación de la planta

El frejol, se adapta muy bien a las condiciones subtropicales con lluvias regulares y temperatura moderadas (Hardwick y Andrews, 1980; Rainey y Griffiths, 2005; De Ron et al., 2016). En zonas templadas, se adapta a latitudes que varían desde el nivel del mar hasta cerca de los 3.000 m de altura. La planta es muy sensible a las heladas, altas temperaturas y a la escasez de agua durante las épocas críticas de su desarrollo como floración y llenado del grano; por otro lado, el exceso de agua en el suelo favorece el ataque de enfermedades radiculares y foliares, especialmente en presencia de altas temperaturas (Wallace, 1980; Laing et al., 1984).

Crecimiento. El crecimiento de la planta es un proceso cuantitativo que ocurre producto del aumento del número y volumen de las células, fenómeno que puede ser evaluado a través del aumento del tamaño, número de hojas, tallos, nudos y acumulación de materia seca (Wallace, 1980).

Desarrollo. El desarrollo es un proceso cualitativo que se refiere a procesos de diferenciación o cambios estructurales y fisiológicos conformados, por una serie de fenómenos o eventos sucesivos, desde el inicio o término de una fase o etapa del ciclo de la planta, como: germinación, floración (que marca el cambio de la fase vegetativa a la fase reproductiva), llenado del grano, maduración y senescencia de la planta. El tiempo y la velocidad de estos eventos definen las características de la variedad, como: altura, precocidad, hábito de crecimiento, entre otros; todo lo cual está estrechamente regulado por factores genéticos e influenciado por las condiciones ambientales (Masaya y White, 1991).

Factores que afectan el crecimiento y desarrollo de la planta

El crecimiento y desarrollo de la planta, está afectado por factores genéticos (G), ambientales (A) y la interacción del genotipo por el ambiente, (G x A).

Factores genéticos

Dentro los factores genéticos, es importante considerar el hábito de crecimiento y precocidad de la variedad.

Hábitos de crecimiento. En el frejol, se han descrito dos hábitos de crecimiento: determinado e indeterminado y cuatro tipos de crecimiento y algunas variaciones dentro de cada uno de ellos. Es así como, en el hábito de crecimiento determinado, se incluye el tipo I (Ia y Ib); y en el hábito de crecimiento indeterminado se incluyen los tipos: II (IIa, IIb); III (IIIa y IIIb); y IV (IVa y IVb) (Debouck e Hidalgo, 1985).

Precocidad. Es el tiempo que transcurre entre la siembra o la emergencia de las plántulas, hasta la cosecha u otro estado de desarrollo de planta, que se mide en días. En general, las variedades se dividen en tres tipos: precoces, semi precoces o semi tardías y tardías.

Factores ambientales

En los factores ambientales, se consideran generalmente las condiciones climáticas, características físicas y químicas del suelo y el manejo agronómico.

Condiciones climáticas

Los factores climáticos que afectan directamente el crecimiento y desarrollo de la planta son: a) temperatura (Foto 1); b) fotoperiodo, c) irradiación, d) humedad**,** y e) viento.



Fuente: Schwartz et al., 1978.

Foto 1. Escaldadura en la vainas producto de exposición de altas temperaturas.

a) Temperatura. El frejol común, es una planta adaptada a climas que poseen una temperatura óptima superior a 15 °C, para la germinación de la semilla (Kotowski, 1926; Kooistra, 1971; Hardwick, 1972; Kigel et al., 2015) y de 20 a 25 °C, para su desarrollo reproductivo (Watanabe, 1953). Temperaturas superiores a 30 °C durante el día y mayores a 20 °C durante la noche, pueden reducir el rendimiento (Hardwick y Andrews, 1980; Rainey y Griffiths, 2005; Porch, 2006). Las altas temperaturas durante el día pueden reducir el área fotosintética (Stefanov et al., 2011), floración (Rainey y Griffith, 2005), llenado de grano, viabilidad del polen y peso del grano (Porch, 2006; Román-Avilés y Beaver, 2003) (Foto 1). Por otro lado, las bajas temperaturas en los primeros estados de desarrollo retrasan la germinación, la emergencia, el crecimiento de las plántulas, la viabilidad del polen y la producción de vainas (Dickson, 1971; Kooistra, 1971; Dickson y Boettger, 1984a, b; De Ron et al., 2016).

b) Fotoperiodo. Las plantas de frejol son sensibles a los cambios en el largo del día (Davis y Gniffke, 1983). El fotoperiodo juega un rol importante en la adaptación de la planta, ya que cumple funciones principales como: la elongación del tallo, la inducción de la floración (días a floración) y la diferenciación de la flor en el fruto (Ojehomon et al., 1973; Zehni y Morgan, 1976; White et al., 1992).

El frejol es una planta de día corto, sin embargo, es posible distinguir genotipos neutrales (insensibles) y de día largo en los dos acervos genéticos, Andino y Mesoamericano (White y Laing, 1989; White et al., 1992). Los frejoles silvestres son plantas obligadas de día corto, sin embargo, tuvieron que relajar su sensibilidad al fotoperiodo para permitir su expansión a mayores alturas y posteriormente a otras latitudes (Weller et al., 2019). Sin embargo, es importante considerar que la sensibilidad al fotoperiodo está influenciada por la temperatura, por ejemplo, variedades de localidades más frías y de semilla grande, son más sensibles al fotoperiodo que las provenientes de lugares más cálidos a una latitud similar (Davis y Gniffke, 1983; White y Laing, 1989; Masaya y White, 1991; Wallace et al., 1991; White et al., 1996). Muchas variedades de grano pequeño, que se siembran en alturas medias y bajas (1.200 m o menores), son de día neutro o poseen una respuesta al fotoperiodo intermedio (White y Laing, 1989).

El fotoperiodo, está controlado por varios genes, donde el gen *Ppd* ubicado en el cromosoma 1, tiene un efecto importante. Además, el origen de la insensibilidad al fotoperiodo es independiente entre los dos acervos genéticos principales, Mesoamericano y Andino (Weller et al., 2019).

c) Irradiación. La irradiación solar afecta significativamente los procesos fisiológicos del crecimiento y desarrollo de la planta de frejol (Carriedo et al., 2016; Yang y Li, 2017). Las plantas responden a diferentes niveles de irradiación, a través de factores genéticos y de aclimatación. Los pigmentos de la clorofila capturan ondas entre 380 mm a 740 mm, lo que corresponde a un 50 % de la energía que recibe la planta. La eficiencia máxima de conversión de esta energía a energía química, es de alrededor un 12 %, la que puede ser menor por el sombreado que existe entre las hojas en planta (White, 1985).

La baja radiación reduce la fotosíntesis, la producción de materia seca, el tamaño de las hojas, y el rendimiento final de la planta (Tsubo et al., 2001; Hadi et al., 2006). Las variedades precoces, que florecen mas temprano, producen menos ramas, son mas susceptibles a los insectos y presenta un menor rendimiento en grano (Yang y Li, 2017) un menor contenido de clorofila a/b, densidad estomática, aumento del área foliar y relación tallo raíz (Worku et al., 2004).

La respuesta del frejol a la intensidad de la luz depende del estado de desarrollo, donde la fase del llenado de grano es más sensible (Worku et al., 2004), del uso de diferentes prácticas de manejo como la densidad de plantas (Ghavidel et al., 2016), y del estrés hídrico en el estado de floración (Tesfaye et al., 2006).

d) Humedad. El suelo debe disponer de un adecuado abastecimiento de humedad a la planta, para el óptimo crecimiento y desarrollo de las plantas, ya que un déficit como un exceso, pueden producir reducciones en el rendimiento y calidad del grano.

e) Viento. En algunos casos los fuertes vientos y las partículas del suelo pueden producir daño en el crecimiento de las plantas (Foto 2).



Fuente: Schwartz et al., 1978.

Foto 2. Daño en hojas causado por viento y partículas del suelo.

Características físicas y químicas del suelo

Las características físicas del suelo, como la textura, estructura, densidad, porosidad, influyen en el movimiento del agua y aire en el suelo, disponibilidad de nutrientes y crecimiento de las raíces. Por otro lado, las características nutritivas del suelo, como la presencia y disponibilidad de macro y micronutrientes, afectarán también el crecimiento y desarrollo de la planta.

Manejo agronómico

Las prácticas agronómicas, como la preparación del suelo, siembra, fertilización, riego, control de malezas, plagas, enfermedades, entre otras, pueden afectar el crecimiento y desarrollo de la planta, por ende, el nivel de rendimiento del cultivo.

Fases y etapas de crecimiento y desarrollo de la planta

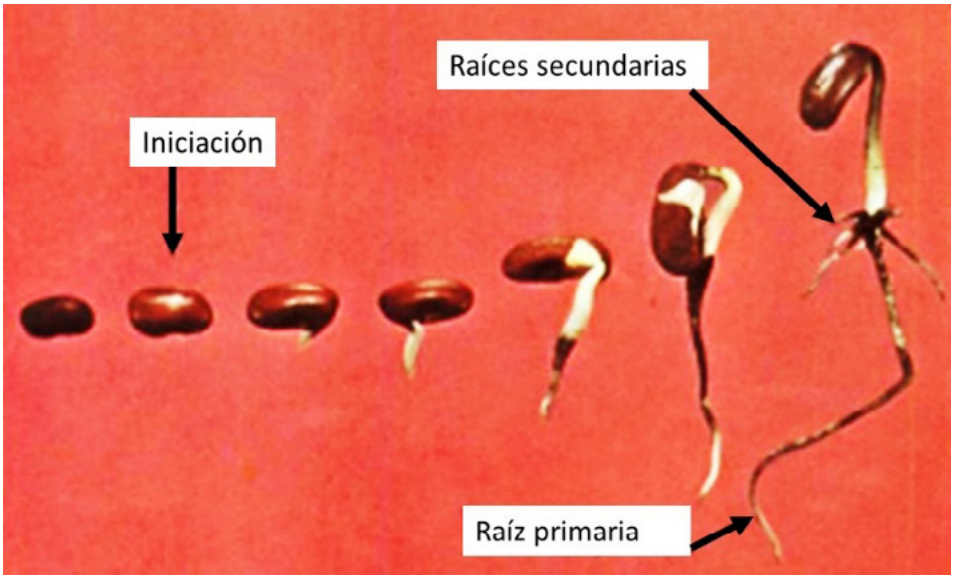
La importancia de la caracterización de la planta, basada en su crecimiento y desarrollo permite referir las observaciones y prácticas de manejo a una escala comparable entre diferentes localidades, regiones y sistemas de cultivo, a diferencia de la escala del tiempo (días) que puede estar afectada por los factores genéticos (variedades) y ambientales.

En el desarrollo de la planta de frejol se definen dos fases: vegetativa y reproductiva y 10 etapas. La identificación de cada fase y etapa, se hace a través de un código, a la que consta de una letra y un número, donde la letra 'V', corresponde a la fase vegetativa y la 'R' a la fase reproductiva y los números desde cero (0) a nueve (9), representan los cambios morfológicos y fisiológicos que ocurren en la planta (Fernández et al., 1985).

Fase vegetativa

La fase vegetativa se inicia con la germinación de la semilla y termina con la aparición de los primeros botones florales en las variedades de hábito de crecimiento determinado, o los primeros racimos en las variedades de hábito de crecimiento indeterminado. En esta fase, se desarrollan las estructuras necesarias para iniciar la actividad reproductiva, como los meristemas terminales del tallo, los nudos en los tallos y ramas en los cuales se forman los complejos axilares que serán la base del desarrollo posterior de la planta. La fase vegetativa incluye cinco etapas de desarrollo: germinación (V0), emergencia (V1), hojas primarias (V2), primera hoja trifoliada (V3) y tercera hoja trifoliada (V4) (Fernández et al., 1985).

Etapa V0. Germinación. La germinación implica diversos procesos fisiológicos que se inician secuencialmente mediante: a) hidratación del tejido, donde la absorción de agua provoca la reanudación de la respiración mitocondrial, la activación del ADN y la reparación de la membrana; b) activación de procesos metabólicos como síntesis de RNA, lípidos y proteínas y la activación de la movilización de las reservas de nutrientes; y c) progresiva división y elongación de las células en los ejes embrionarios, lo que resulta en la llamada 'proyección radicular' y la pérdida de la tolerancia a la desecación de la semilla (Smolikova y Medvedev, 2022). Esta actividad metabólica permite iniciar una serie de procesos, como la división celular que llevan a: a) la emergencia de la radícula, que se convierte posteriormente en raíz primaria, raíces secundarias y raíces terciarias; y b) el crecimiento del hipocótilo, para que los cotiledones alcancen el nivel del suelo y permitan el crecimiento de la plántula (Bewley y Black, 1985; Fernández et al., 1985; Bewley, 1997). En este punto, es importante considerar que, a mayor velocidad de emergencia de la raíz, mayor será la velocidad de emergencia de la plántula (Foto 3).



Fuente: Fernández et al., 1980.

Foto 3. Germinación de la semilla y emergencia de la raíz de la planta de frejol.

La germinación es afectada por factores genéticos y ambientales. Las semillas de frejol silvestre son impermeables al agua, lo que dificulta la germinación. En este caso, la absorción del agua

se realiza a través de micropilo e hilium, ya que la testa es impermeable (Pérez-Herrera y Acosta-Gallegos, 2002). La semilla de frejol cultivado absorbe agua a través del micrópilo, rafe e hilum, ya que la absorción a través de la cáscara es irrelevante. En este aspecto, también existe variabilidad genética entre las variedades para la absorción de agua (Korban et al., 1981).

En los frejoles cultivados, el tamaño del grano es controlado genéticamente, e influye en la velocidad de germinación de la semilla, es así como, la semilla de grano pequeño germina más rápido que las semillas de mayor tamaño (Austin y MacLean, 1972), por lo cual, las semillas de los genotipos del acervo Mesoamericano germinan más rápido que las semillas de mayor tamaño (White y Montes, 1993). El tamaño de semilla y la velocidad de germinación, ha sido relacionado con la absorción de agua que realiza la semilla para germinar (Bewley, 1997).

La temperatura del suelo y la humedad, son factores que afectan el inicio del proceso y la velocidad de germinación de la semilla. La temperatura mínima para germinar la semilla, esta entre 8 y 10 °C, aunque las temperaturas mayores reducen considerablemente el tiempo de germinación, lo que puede contribuir a evitar la pudrición de la semilla. Es así como, una semilla puede germinar en 29 días a 8 °C; en 15 días a 10 °C y en 4 días a 25 °C, dependiendo de la variedad (Dickson y Boettger, 1984a).

Las condiciones de almacenamiento, como una alta temperatura y una alta humedad relativa, pueden afectar también la germinación de la semilla y aumentan la dureza en la cocción en el frejol cultivado. Las condiciones óptimas de almacenaje son a una temperatura menor a 30 °C y una humedad relativa de un 13 % (Goncalves y Usberti, 2008). Sin embargo, para obtener una alta germinación, vigor y longevidad de la semilla, es importante considerar el momento óptimo de cosecha de los granos (Sripathy y Groot, 2023).

Etapa V1. Emergencia. La emergencia de la plántula, se inicia cuando los cotiledones del 50 % de las plantas están a nivel del suelo. Los cotiledones son epígeos, es decir, emergen por encima del nivel del suelo, luego se expanden y son fotosintéticos (Chandler, 2008). En este momento, el epicótilo se comienza a desarrollar y las láminas de las hojas primarias se empiezan a separar y se abren hasta quedar completamente desplegadas (Fernández et al., 1985) (Foto 4).



Foto 4. Emergencia del hipocótilo, cotiledones y hojas primarias de la planta de frejol.

Al igual que en el caso de la germinación, la emergencia de las plántulas de genotipos de grano pequeño (Mesoamericano), es más rápida que en los genotipos de semilla más grande (Andinos) (White y Montes, 1993). En este aspecto, el vigor de la semilla favorece una rápida

germinación y emergencia, características claves para el éxito del establecimiento del cultivo y del rendimiento en grano (Mondo et al., 2016).

La emergencia de las plántulas depende de varios factores, como la temperatura, humedad del suelo y el estado de preparación del suelo. Es así como, las bajas temperaturas (<10-15 °C), la escasa humedad en el suelo, la presencia de terrones, la formación de 'costra' en la superficie del suelo y una mayor profundidad de siembra retrasan la emergencia de las plántulas (Moreau-Valancogne et al., 2008; De Ron et al., 2016). La fluctuación en los tiempos de emergencia entre las plántulas, producto de una emergencia desigual, determinará variaciones en el tiempo de floración entre ellas, lo cual puede afectar la cosecha y la calidad de las semillas cosechadas (Coste et al., 2002).

Etapa V2. Hojas primarias. La etapa V2 comienza cuando el 50 % de las hojas primarias de la planta están desplegadas. Las hojas primarias son unifoliadas, opuestas, están ubicadas en el segundo nudo del tallo principal (Foto 5). En esta etapa, los cotiledones pierden su forma, se arquean y arrugan y empieza a ser visible la presencia del ápice de la primera hoja trifoliada (Fernández et al., 1985; Debouck y Hidalgo, 1985) (Foto 5).



Foto 5. Expansión de las hojas primarias y cotiledones pierden su forma, se secan y caen.

Etapa V3. Primera hoja trifoliada. Esta etapa se inicia cuando el 50 % de las plantas presentan la primera hoja trifoliada completamente abierta, pero aún no ha alcanzado su máximo tamaño, los entrenudos entre las hojas primarias y la primera hoja trifoliada son cortos y en un comienzo, la primera hoja trifoliada se encuentra por debajo de las hojas primarias (Fernández et al., 1985). Posteriormente, el pecíolo y el entrenudo crecen y la primera hoja trifoliada sobrepasa a las hojas primarias y los cotiledones están ausentes (Foto 6).



Foto 6. Primera hoja trifoliada desplegada, inicio de segunda hoja trifoliada y su despliegue.

El tallo sigue creciendo, la segunda hoja trifoliada se abre y la tercera hoja trifoliada se despliega (Fernández et al., 1985). En este punto, la temperatura tiene un efecto importante en el patrón de ramificación. Es así como, las bajas temperaturas en la noche (12 °C) aumentan la ramificación en los nudos basales (Kigel et al., 1991) (Foto 6).

Etapa V4. Tercera hoja trifoliada. Esta etapa comienza cuando el 50 % de la tercera hoja trifoliada, se encuentra desplegada, pero aún debajo de la primera y segunda hoja trifoliada (Foto 7).



Foto 7. Tercera hoja trifoliada desplegada.

A partir de esta etapa, se empiezan a diferenciar algunas estructuras vegetativas de la planta, como el tallo, las ramas y otras hojas trifoliadas que se desarrollan a partir de las triadas de yemas que se encuentran en las axilas de las hojas de la planta, hojas primarias y cotiledones. Las yemas de los nudos inferiores de la planta, generalmente se desarrollan produciendo ramas, cuyo tipo de ramificación, número y longitud depende de la variedad. La primera rama, comienza su desarrollo cuando la planta inicia la etapa vegetativa, con la primera hoja trifoliada extendida. La primera hoja trifoliada en la primera rama, se presenta generalmente cuando el tallo principal presenta en promedio tres o cuatro hojas trifoliadas extendidas (Fernández et al., 1985).

Subetapa V4. 4. **Cuarta hoja trifoliada**. Esta etapa empieza cuando la cuarta hoja trifoliada, está desplegada en el tallo principal de la planta o en el 50 % de las plantas de un cultivo de frejol (Fernández et al., 1985) (Foto 8).



Foto 8. Cuarta hoja trifoliada.

Subetapa V4.5. Quinta hoja trifoliada. Esta subetapa empieza cuando la quinta hoja trifoliada del tallo principal, se ha desplegado o cuando el 50 % de las plantas muestran esta característica en el tallo principal. De esta manera, se puede continuar identificando las sucesivas subetapas V4.6; V4.7, etc., hasta el inicio de la etapa reproductiva (Fernández et al., 1985).

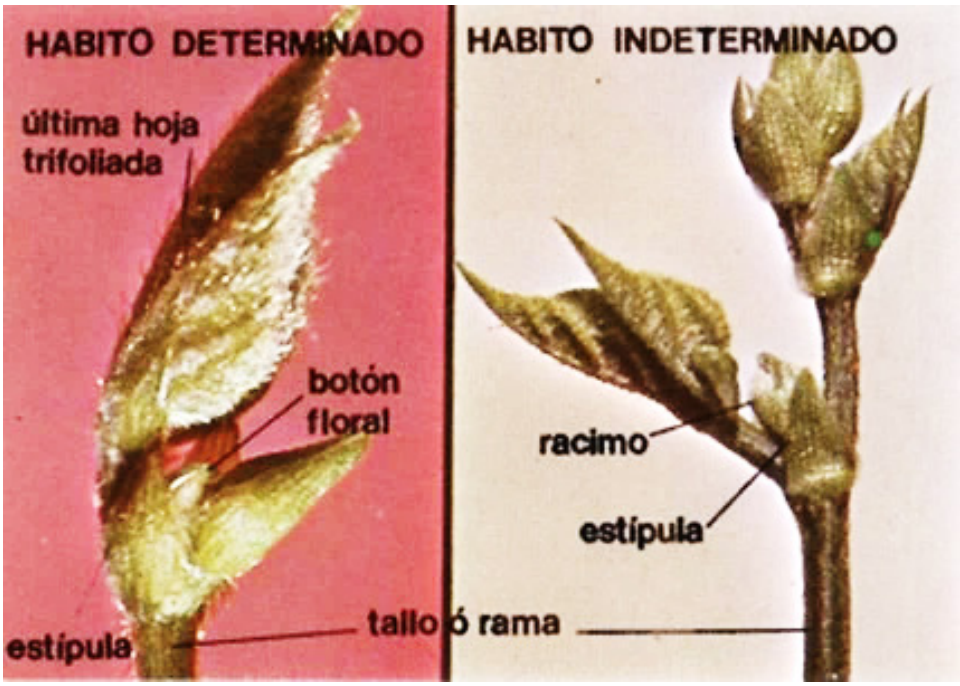
Fase reproductiva

Etapas de la fase reproductiva (R). Esta etapa se inicia cuando, en las yemas apicales de las plantas de hábito de crecimiento determinado, se desarrollan botones florales, mientras que, en las yemas axilares de las plantas de hábito de crecimiento indeterminado, se desarrolla el primer racimo. En esta etapa se identifican las etapas de prefloración (R5), floración (R6), formación de vainas (R7), llenado de las vainas (R8) y maduración (R9) (Fernández et al., 1985).

Las condiciones climáticas afectan el desarrollo reproductivo. Es así como, las altas temperaturas pueden aumentar la absición de botones florales, flores formadas, vainas recién formadas, lo cual reduce el rendimiento final de la planta (Monterroso y Wein, 1990; Omae et al., 2012; Alves da Silva et al., 2020). Por otro lado, el estrés hídrico puede inducir una floración y madurez temprana, reducir el largo de las raíces, peso de raíces, producción de materia seca, translocación de carbohidratos, número de vainas, semillas por vaina, peso de la semilla y rendimiento a la cosecha (Asfaw y Blair 2014; Ambachew et al. 2015; Farooq et al., 2016; Rao et al. 2017).

Etapa R5. Prefloración. Esta etapa se inicia cuando el 50 % de las plantas presentan el primer botón o el primer racimo. En una variedad determinada, el desarrollo de los botones florales, se

observa en el último nudo del tallo o la rama, en cambio, en las variedades indeterminadas, se observan en los nudos inferiores (Fernández et al., 1985) (Foto 9).

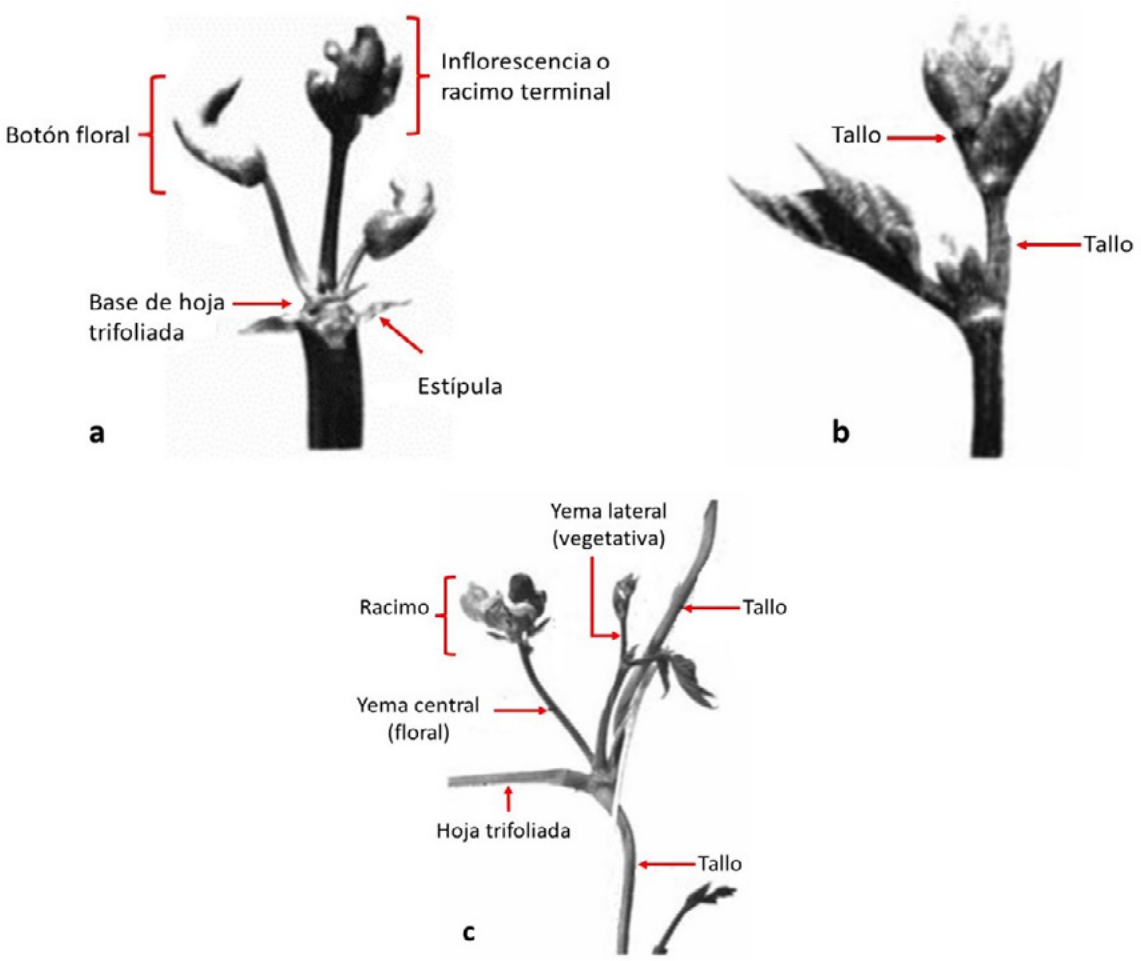


Fuente: Fernández et al., 1980.

Foto 9. Aparición de botones florales (hábito determinado) y racimos florales (hábito indeterminado).

En las plantas de crecimiento determinado (Tipo I), el tallo y las ramas terminan en una yema reproductiva, por lo cual, se detiene su crecimiento cuando forman la inflorescencia, vale decir, se termina la generación de estructuras vegetativas (Fernández et al., 1985). En comparación con las plantas de hábito de crecimiento indeterminado, donde el tallo y las ramas terminan en una yema vegetativa, observándose una aparición simultánea y continua de estructuras vegetativas como hojas, ramas, tallos, flores y vainas.

El complejo axilar de las variedades indeterminadas, puede presentar un desarrollo floral y vegetativo, que se inicia a partir de un determinado nudo del tallo o de una rama, cuya posición es variable, según el genotipo de la planta (Fig. 1). En el desarrollo de este complejo axilar, la yema central produce un racimo mientras que, desde las dos yemas laterales, una de ellas generalmente forma una rama y la otra no alcanza a desarrollarse. Por el contrario, en las variedades determinadas, el complejo axilar del último nudo presenta un desarrollo floral de sus yemas; es decir las dos yemas laterales se desarrollan como botones florales y la yema central permanece en estado latente y a partir de este nudo, el ápice del tallo y de las ramas, se transforma en racimo terminal. Los racimos se desarrollan, producen botones florales que posteriormente se abren (Fernández et al., 1985).



Fuente: Fernández et al., 1980.

Figura 1. Desarrollo de la parte terminal del tallo o de una rama: a) variedad de hábito de crecimiento determinado; b) una variedad de hábito de crecimiento indeterminado; c) desarrollo del complejo axilar de una planta de hábito de crecimiento indeterminado.

En un racimo, las estructuras visibles son las brácteas que poseen forma triangular y las bractéolas de forma ovalada a redonda, por el contrario, en una rama incipiente, las estructuras más visibles son las hojas y las estípulas de forma triangular y plana que corresponden a la primera hoja trifoliada de la rama (Fernández et al., 1985).

Etapa R6. Floración. Esta etapa, se inicia cuando el 50 % de las plantas presentan la primera flor abierta y que corresponde al primer botón floral formado (Foto 10). En las variedades de hábito determinado (Tipo I), la floración comienza en el último nudo del tallo o de las ramas y continúa en forma descendente hacia los nudos inferiores, por el contrario, en las variedades de hábito de crecimiento indeterminado (Tipos II, III, IV), la floración comienza en la parte baja del tallo y continúa en forma ascendente. La floración en las ramas ocurre en el mismo orden que en el tallo, es decir, es descendente en el hábito determinado y ascendente en el indeterminado. Dentro del racimo, la floración empieza en la primera inserción (basal) y continúa en las siguientes

(Fernández et al., 1985), por lo cual la madurez de la planta a la cosecha no es uniforme.



Fuente: Fernández et al., 1980.

Foto 10. Inicio de la Etapa R6, se observan apertura de la primera flor y botón abultados próximos a abrir.

La temperatura tiene un efecto importante en el patrón de ramificación, floración y producción de vainas. Es así como, altas temperaturas de 32-27 °C producen una drástica reducción en la producción de vainas y un aumento de ramas y flores. Sin embargo, en bajas temperaturas de 27-17 °C, más del 50 % de las vainas maduras, se producen en ramas ubicadas en la primera y segunda hoja trifoliada. Temperaturas bajas en la noche de 12 °C, aumenta la ramificación y la producción relativa de las vainas en los nudos basales (Kigel et al., 1991).

Formación de gametos y polinización. Durante la megasporogénesis, la megaspora (n) funcional sufre tres divisiones mitóticas y en el saco embrionario, conocido como óvulo, se desarrolla una célula huevo (n), las dos sinérgidas que se ubican al final de la micropila, dos núcleos polares ubicados en el centro y tres células antipodales ubicadas en forma opuesta a la célula huevo, al final de la chalaza. Del mismo modo, en la microsporogénesis, el núcleo haploide (n) polen, sufre una división mitótica para formar granos de polen nucleares: núcleo generativo y núcleo del tubo polínico. Durante el proceso de polinización, las anteras maduras se abren y liberan los granos de polen, los cuales caen sobre el estigma de la flor. El polen en el estigma de la flor, germina y emite un tubo polínico a través del estilo. En el interior del tubo polínico, el núcleo generativo se divide para formar dos células espermáticas o gametos masculinos haploides (Berger et al., 2008; Bleckmann et al., 2014; Sripathy y Groot, 2023).

Doble fertilización

Tras la ruptura del tubo polínico dentro del óvulo o saco embrionario (gametofito femenino), un gameto masculino se fusiona con la célula huevo para producir un cigoto (2n) y el otro gameto masculino (núcleo del tubo) migra para fusionarse con los dos núcleos polares ubicados en el centro del saco embrionario, para formar un núcleo triploide, conocido como endospermo primario (3n), un tejido nutritivo para el embrión (Berger et al., 2008; Coelho y Benedito, 2008; Bleckmann et al., 2014; Sripathy y Groot, 2023).

Etapa R7- Formación de las vainas. Esta etapa se inicia cuando el 50% de las plantas presenta la primera vaina con la corola de la flor colgada o desprendida (Foto 11).



Foto 11. Inicio de la etapa R7.

El patrón de producción de vainas sigue al de la floración, es así como, en las plantas de hábito de crecimiento determinado, las primeras vainas se observan en la parte superior del tallo y las ramas; y las demás vainas van apareciendo hacia abajo; por el contrario, en las plantas de hábito de crecimiento indeterminado las primeras vainas se forman en la parte inferior y la aparición de las demás ocurre en forma ascendente (Foto 12) (Fernández et al., 1985).

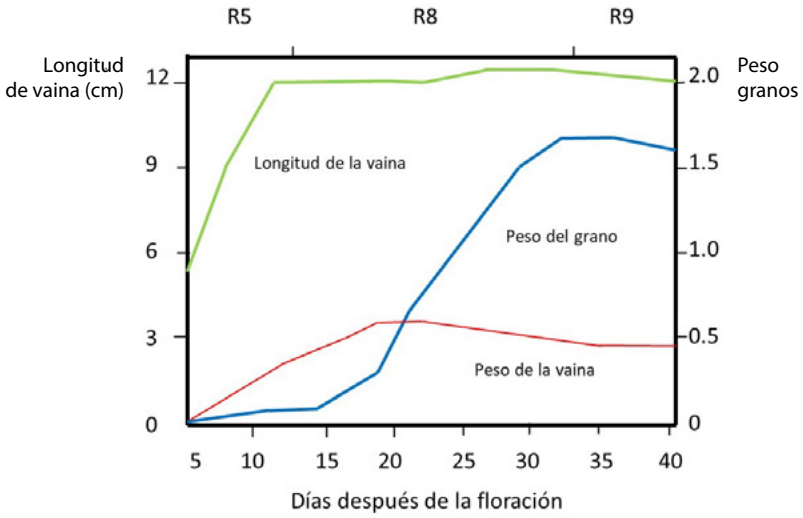
El frejol produce frutos secos en forma de vaina, que son fotosintéticamente activas y además cumplen la función de proteger a las semillas de las condiciones climáticas extremas y de plagas y patógenos (Setia et al., 1987; Bennett et al., 2011).

Las vainas del frejol presentan una amplia variabilidad de formas y tamaños, desde vainas muy pequeñas que contienen una sola semilla, hasta frutos de múltiples semillas, presencia de fibras, tanto en sus suturas (hilos) como en sus paredes, paredes suculentas y completamente indehiscentes (silvestres o variedades de frejol verde), hasta dehiscentes, como en los frejoles cultivados (Hagerty et al., 2016; Di Vittori et al., 2019; García-Fernández, et al., 2022; 2024).



Foto 12. Inicio de la formación de las vainas en la planta de frejol de hábito indeterminado. Las vainas basales se observan más desarrolladas.

En la vaina se pueden distinguir tres estructuras: exocarpio, mesocarpio y endocarpio. El mesocarpio posee cloroplastos para efectuar fotosíntesis, y sus células son metabólicamente muy activas, por lo cual poseen altas cantidades de almidón, proteínas y ácidos nucleicos. La formación de la vaina inicialmente comprende el desarrollo de las valvas. Durante los primeros 10 a 15 días después de la floración, ocurre principalmente un crecimiento longitudinal de la vaina y un bajo crecimiento de las semillas. La pared de la vaina inicia su crecimiento antes que los granos. Cuando las valvas alcanzan su tamaño final y el peso máximo, se inicia el llenado en las semillas en las vainas (Fernández et al., 1985) (Fig. 2).



Fuente: Adaptado de Fernández et al., 1980.

Figura 2. Tamaño, peso de la vainas y granos en una variedad de frejol.

Etapa R8 - Llenado de las vainas. Esta etapa se inicia cuando el 50% de las plantas empieza a llenar la primera vaina y comienza el activo crecimiento de las semillas (Foto 13).



Fuente: Fernández et al., 1980.

Foto 13. Llenado de vainas.

El desarrollo de la semilla comprende tres etapas: embriogénesis, desarrollo y llenado de la vaina y maduración de la semilla (secado).

Embriogénesis. El embrión se forma en el interior del óvulo de la célula huevo fertilizada (cigoto). La embriogénesis se caracteriza por una mayor división, diferenciación celular y una lenta acumulación de materia seca, lo que contribuye a la formación de los tejidos del embrión y endosperma (Coelho y Benedito, 2008).

El embrión pasa por cuatro etapas principales: globular, corazón, torpedo y cotiledón. Al estado cotiledón, la radícula y el hipocótilo ya están bien formados. Los cotiledones son los encargados de mantener los nutrientes de reserva como proteínas y lípidos. La cáscara es también una fuente de nutrientes que se difunden a los tejidos del nucelo y luego son absorbidos por el suspensor (Weber et al., 2005).

Al final de la embriogénesis, se pueden observar todas las estructuras que componen la semilla: el meristema apical, hipocótilo (bajo los cotiledones), cotiledones, epicótilo (sobre los cotiledones), meristema de la radícula y la raíz embrionaria o radícula. El contenido del endosperma es transitorio, ya que es hidrolizado, transportado y consumido por el embrión durante la fase de llenado del grano. El funículo sufre abscisión y cae dejando una cicatriz, llamada hilum (Weber et al., 2005; Zhang et al., 2007; Chandler, 2008; Sripathy y Groot, 2023).

El crecimiento del grano en los primeros días después de la antesis es lento, es así como entre los 6 y 10 DDA (días después de antesis) no se detectan diferencias en el peso fresco y seco de la semilla, aunque entre los 14 y 20 DDA se observa un aumento significativo de ambos pesos (Lopes et al., 2025). Durante los primeros estados de desarrollo del grano, se empieza a detectar una reducción de proteínas asociadas a la división celular y un aumento del metabolismo de carbohidratos y la síntesis de aminoácidos y proteínas de almacenaje (faseolinas, legumininas, fitohemaglutininas, lectinas y el inhibidor de la alfa-amilasa), lo que induce los procesos de diferenciación y lleva a la acumulación de compuestos de almacenamiento. Este aumento de las proteínas y carbohidratos, podría estar asociados a la capacidad del embrión de tolerar la deshidratación, altas temperaturas o salinidad y actividades proteolíticas, lo que sugiere también un recambio de proteínas (Setia et al., 1987; Bennett et al., 2011).

En este periodo, se observa también un aumento: a) de las enzimas del ciclo de la glucólisis y del ácido tricarboxílico y la acumulación de alcohol deshidrogenasa, lo que sugiere que el piruvato puede ser metabolizado a través de la fermentación alcohólica. Algunas de las enzimas involucradas en la síntesis de almidón, como las proteínas de señal y las de la pared celular, presentes en este estado, se mantendrán hasta los estados tardíos del desarrollo del grano, debido al alto requerimiento de carbono y energía para el rápido crecimiento celular y síntesis de compuestos de reserva; b) del área celular y el tamaño de los cotiledones, lo que sugiere un cambio desde la activa división celular, predominante en la embriogénesis, a una de expansión celular necesaria para la acumulación de productos de reserva durante el llenado del grano (Weber et al., 2005; Coelho y Benedito, 2008; Pereira et al., 2016; Lopes et al., 2025); c) de la expresión de genes relacionados con la detección y reparación de daños en el ADN, lo que sugiere un estricto control de la integridad del ADN durante la división celular y diferenciación (Parreira et al., 2018); y d) de la acumulación de miRNA que pueden estar involucrados en la regulación de la fase final de la embriogénesis, el retraso del inicio de la maduración de las semillas y la modulación de la síntesis y asignación de compuestos de almacenamiento (Parreira et al., 2021). En este estado, los cotiledones están completamente formados; al igual que las células del parénquima, haces

vasculares y células de la pared celular (Weber et al., 2005; Pereira et al., 2016).

En este proceso, la acumulación de reservas en las semillas es un proceso coordinado que ocurre en paralelo en todos sus componentes (embrión, endospermo y testa). El transporte de metabolitos, el almacenamiento transitorio y su removilización ocurre en la testa y el endospermo para impulsar oportunamente la acumulación de compuestos de almacenamiento en los cotiledones. Durante este periodo, la cáscara (influencia materna) modifica y controla el aporte de nutrientes al embrión, regulando así la fase de división celular. Las invertasas unidas a la pared celular desempeñan un papel fundamental, al regular la descarga de asimilados y elevar los niveles de hexosa (Weber et al., 2005).

Posteriormente, el crecimiento (mitosis) de la semilla cesa, el embrión entra en una fase de transición, los tejidos de los tegumentos se empiezan a diferenciar y se desarrolla un órgano altamente diferenciado, donde los compuestos de almacenaje empiezan a acumularse entre el endospermo y el embrión (Weber et al., 2005; Gutiérrez et al., 2007). El endospermo funciona, como fuente de nutrientes para el embrión, sólo durante la fase de pre-almacenamiento del desarrollo de la semilla, el que se agota en la fase de almacenamiento (Weber et al., 2005).

A los 20 DDA, la semilla inicia su estado de maduración-llenado que se visualiza por un aumento en la acumulación de biomasa, producto de la síntesis de productos de reserva y de la expansión celular, para el crecimiento del embrión que llega a su máximo valor a los 30 días, dando por finalizado el proceso de llenado del grano (Coelho y Benedito, 2008; Pereira et al., 2016; Wang et al., 2015), y el potencial de la germinación y vigor de la semilla (Lopes et al., 2025). La cantidad de nutrientes que llega a las semillas influye en el número de semillas, en su formación y finalmente determina su tamaño final (Zhang et al., 2007). Posteriormente, el transporte de nutrientes hacia las semillas se estabiliza, cuando se alcanza el volumen final de la semilla (Ellis, 2019), y las tasas de carga se mantienen constantes durante el resto del almacenamiento (Weber et al., 2005).

A los 30 y 40 DDA, se observa una disminución del contenido de agua de la semilla, lo que se asocia con el final del crecimiento y el inicio de la deshidratación y la adquisición de la tolerancia a la desecación (Parreira et al., 2016; Sripathy y Groot, 2023; Lopes et al., 2025). También, se observa un fuerte aumento de las proteínas relacionadas con el metabolismo redox y, en menor medida, con la degradación/modificación/doblamiento de proteínas y el metabolismo de los ácidos nucleicos, como también proteinasas destinadas a la degradación de algún tipo de proteínas durante la germinación; acumulación de la histona H2A, que puede ejercer una función protectora en la reparación del ADN, posiblemente reorganizando la estructura de la cromatina para hacer frente a las ROS generadas durante el secado de las semillas (Parreira et al., 2016; 2018); activación de hormonas (citoquininas, giberelinas y auxinas) involucradas en los procesos acumulación de reservas y movilización durante la germinación (López et al., 2025), y acumulación de miRNA en etapas tardías del desarrollo del grano que podrían estar implicados en la quiescencia de las semillas, la tolerancia a la desecación y la longevidad (Parreira et al., 2021).

En esta fase, el desarrollo de las semillas es extremadamente sensible a las alteraciones en el suministro de carbono. La fotosíntesis de la vaina mejora el suministro de oxígeno a las semillas, disminuye la respiración y aumenta los gastos energéticos (Radchuk y Borisjuk, 2014).

El embrión cambia su metabolismo basado en invertasa y hexosa a uno basado en sacarosa que desencadena diferentes procesos de almacenamiento (Weber et al., 2005). Las hojas proximales, son las principales fuentes de carbono fotosintéticamente reducido que importan las semillas

en desarrollo, con contribuciones menores provenientes de la fotosíntesis de las estructuras reproductivas. A medida que las hojas proximales envejecen, el carbono se removiliza desde los sitios de almacenamiento de las vainas, tallos y estructuras reproductivas a la semilla (Zhang et al., 2007).

A diferencia del carbono, la importación de nitrógeno a las semillas en desarrollo se deriva en gran medida, de la removilización de aminoácidos provenientes de los productos proteolíticos de las proteínas sintetizadas antes del inicio del desarrollo reproductivo. Las hojas, son la principal fuente de aminoácidos destinados a las semillas, por lo que la removilización de productos nitrogenados desde los tallos y las estructuras reproductivas es escaso (Good et al., 2004; Schiltz et al., 2005).

Además de la sacarosa y nitrógeno, se liberan cantidades importantes de otros nutrientes, como el potasio, cloro, azufre desde las cubiertas de las semillas hacia las semillas, a través del floema de la planta (Zhang et al., 2007). La acumulación de fósforo como fitato (acido fítico) sigue el mismo patrón que la acumulación de la materia seca y se dispersa en los cotiledones, asociado en cuerpos de proteínas, que poseen propiedades antinutricionales (Coelho et al., 2005).

En relación al nitrógeno, hay que considerar que el frejol posee la capacidad de fijar nitrógeno a través de un proceso simbiótico (Farid et al., 2017; Oladzad et al., 2020). En este proceso simbiótico donde, por un lado, los rizobios del suelo convierten el N_2 atmosférico en amoníaco (NH_3) y lo entregan a la planta, y por el otro, la planta provee carbohidratos a los rizobios (Wang et al., 2018). Este proceso, está regulado genéticamente (Heilig et al., 2017; Oladzad et al., 2020) e influenciado por el medio ambiente, especialmente por las altas temperaturas (Hungría y Franco, 1993), y la baja humedad del suelo (Hungría y Vargas, 2000; Polania et al., 2016).

Los minerales generalmente se acumulan en forma diferencial en los diferentes componentes de la semilla: cáscara, cotiledones y ejes embrionarios, que representan alrededor un 90 %, 9 % y 1 %, respectivamente (Ribeiro et al., 2012). En general, el calcio y los taninos se concentran preferentemente en la cáscara (Ribeiro et al., 2012; Zeffa et al., 2021), el potasio en el embrión (Ribeiro et al., 2012) y el fósforo (ácido fítico), Mg, K, Mn, S, Cu, B, Fe y Zn principalmente, en los cotiledones (Zeffa et al., 2021).

En este esquema de distribución de minerales hay que tener en cuenta que existen correlaciones negativas como, por ejemplo, entre el peso de los 100 granos y el contenido de Ca, Mg, P, Zn, Fe y Mn en los granos enteros (Ribeiro et al., 2012), y en los diferentes tejidos del grano, cáscara, cotiledones y eje embrionario (Zeffa et al., 2021). Por otro lado, los cultivares Mesoamericanos presentan una mayor concentración de minerales en los granos que los Andinos (Beebe et al., 2000; Zeffa et al., 2021), mientras que los Andinos presentaron una mayor concentración de proteína (Zeffa et al., 2021) y hierro (Beebe et al., 2000).

Al final de la etapa del desarrollo del grano, estos pierden su color verde para comenzar a adquirir el color característico de la variedad (Setia et al., 1987). La pigmentación del grano aparece primero alrededor del hilum y luego se extiende a toda la testa. La pigmentación típica de las valvas aparece después del inicio de la pigmentación de las semillas (Pereira et al., 2016). Paralelo a esta situación, se observa el amarillamiento de las hojas inferiores de la planta y un cambio de color en las vainas (Setia et al., 1987).

En general, en los primeros estados de desarrollo de la semilla, se observa la acumulación de los compuestos de reserva que cumplen la función de alimentar al embrión durante su

desarrollo, garantizar la germinación de la semilla y asegurar la emergencia de la plántula. En los estados intermedios de desarrollo, se observa la acumulación de compuestos de reserva, de señales, síntesis de almidón y proteínas relacionadas a la pared celular, y en los estados finales un aumento de proteínas relacionadas con las actividades redox, degradación/modificación/ empaquetamiento de proteínas y metabolismo de ácidos nucleicos, lo que refleja la activación de la tolerancia a la desecación (Pereira et al., 2016).

Etapa R9. Maduración. La maduración se considera como la última etapa en el crecimiento y desarrollo de la planta. Esta etapa, se inicia cuando en el 50 % de las plantas, se observa la decoloración y secado de una vaina (Foto 14), el que está asociado al progresivo amarillento de hojas y vainas, caída de las hojas y el secado de los tallos (Foto 14).



Foto 14. Maduración de las vainas.

En general, a los 40 DDA las semillas han sufrido una desecación completa, finalizando su proceso de maduración (Parreira et al., 2016). En el proceso de maduración de las semillas, se detiene el crecimiento del embrión, se acumulan los productos de almacenamiento, se diferencia el tegumento protector y se desarrolla la tolerancia a la desecación, lo que conduce a la latencia de las semillas. El llenado del grano finaliza con una fase de desecación, tras la cual el embrión entra en un estado de reposo, lo que permite su mantenimiento y supervivencia en diversas condiciones ambientales (Gutiérrez et al., 2007).

El máximo peso del grano se obtiene al estado de madurez fisiológica, sin embargo, el máximo vigor de la semilla se logra con la semilla madura, por ello es recomendable realizar la cosecha, cuando la mayoría de las semillas de la población de plantas están maduras o casi maduras, para evitar el daño mecánico, tener un buen almacenaje y minimizar la pérdida potencial de rendimiento a la cosecha (Ellis, 2019).

A pesar de la diferencia en el patrón de desarrollo de las vainas verdes y secas, existe un patrón común de desarrollo y maduración (Seymour et al., 2013; Gómez et al., 2014). Este patrón fisiológico y metabólico conservado, se destaca por la reducción de fotosíntesis y la activación de la maquinaria ribosomal que activa la producción de metabolitos secundarios como los carotenoides y antocianos (Eckhardt et al., 2004; Hörtensteiner, 2013; Ohmiya et al., 2014), y de otros productos como el jasmonate que contribuye a la degradación de la clorofila, senescencia (Creelman y Mullet., 1997) y a la acumulación de antioxidantes y monoterpenes.

Caso Chileno: Crecimiento y desarrollo de variedades

Se realizó un estudio en el Campo Experimental Santa Rosa, del Centro Regional de Investigación, Quilamapu (INIA), (36º 32` S, L.S., 71º 55`, L.W., altitud 217 m.s.n.m.), en Chillán, Chile con el objetivo de evaluar los estados de desarrollo de la planta y algunas características productivas en seis variedades comerciales, representativas de la producción nacional (Cuadro 1).

Cuadro 1. Principales características de variedades de frejol evaluadas.

Cultivares	Hábito de crecimiento	Precocidad	Tamaño de grano	Uso
'Apolo'	I	Precoz	Mediano	Vaina verde
'Rayo-INIA'	I	Precoz	Mediano	Granado, Seco
'Curi-INIA'	II	Semi precoz	Pequeño	Seco
'Pinto-89'	II	Semi precoz	Mediano	Seco
'Araucano-INIA'	III	Tardío	Grande	Seco
'Cuyano-INIA'	III	Tardío	Grande	Seco

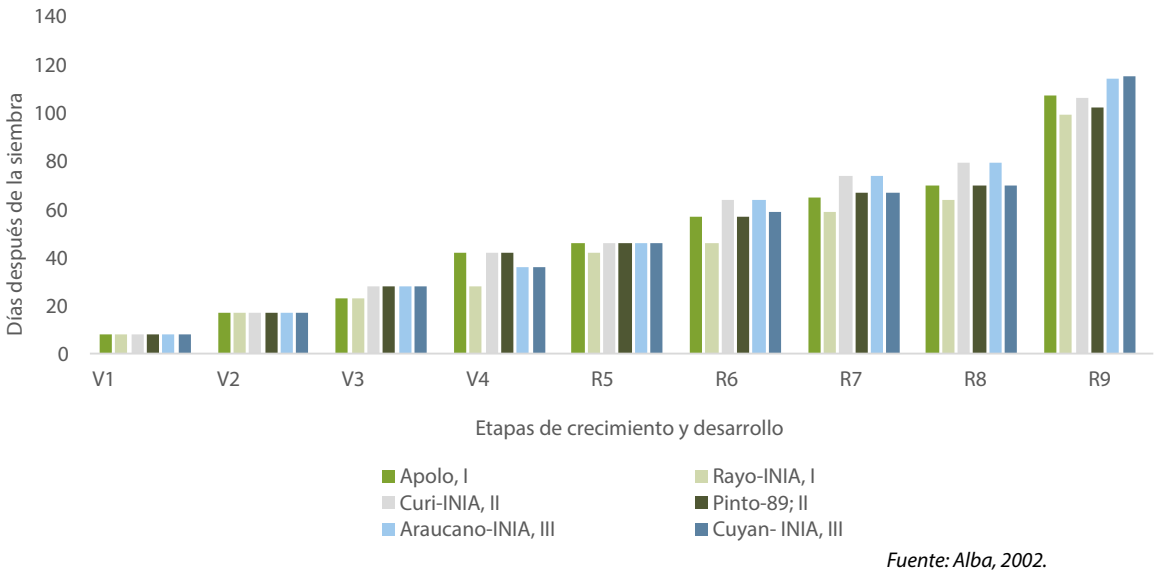
Caracterización de los estados fenológicos

Los estados fenológicos considerados y evaluados en las seis variedades fueron aquellos descritos por Fernández et al., (1980).

Emergencia (V1) y hoja primaria (V2). Las variedades evaluadas no presentaron diferencias significativas en los días a emergencia (V1) de la plántula y en la aparición de la hoja primaria (V2). La emergencia y la aparición de la hoja primaria ocurrió a los ocho y 14 días después de la siembra (DDS), respectivamente (Fig. 3).

Primera hoja trifoliada (V3). En esta etapa se empezaron a observar diferencias entre las variedades evaluadas. Es así como, las variedades de hábito de crecimiento determinado, tipo I alcanzaron este estado a los 23 DDS, a diferencia de las variedades indeterminadas y de hábito de crecimiento II y III que lo lograron a los 28 DDS (Fig. 3).

Tercera hoja trifoliada (V4). En esta etapa se observaron diferencias entre los tres hábitos de crecimiento evaluados, desde la etapa V3 hasta la R9 para las seis variedades. La variedad 'Rayo-INIA', alcanzó esta etapa a los 28 DDS, a diferencia de 'Apolo' que lo obtuvo a los 42 DDS, al igual que 'Curi-INIA' y 'Pinto-89'. Por otro lado, la variedad 'Araucano-INIA' y 'Cuyano-INIA' llegaron a esta etapa a los 36 DDS (Fig. 3).



Fuente: Alba, 2002.

Figura 3. Caracterización de las diferentes etapas de crecimiento y desarrollo de seis variedades de frejol. Chillán, Chile.

Prefloración (R5). La variedad 'Rayo-INIA' alcanzó esta etapa a los 42 DDS, mientras que las variedades 'Apolo' , 'Curi-INIA', 'Pinto-86', 'Araucano-INIA' y 'Cuyano-INIA' alcanzaron este estado a los 46 DDS (Fig. 3).

Floración (R6). La variedad 'Rayo-INIA' floreció a los 46 DDS, le siguieron 'Apolo', 'Pinto-89', y 'Cuyano-INIA' (57 DDS) y las variedades 'Curi-INIA' y 'Araucano-INIA' a los 64 DDS (Fig. 3).

Formación de vainas (R7). La variedad 'Rayo-INIA' fue la primera variedad en iniciar el proceso de formación de las vainas, a los 59 DDS, le siguieron 'Apolo' con 65 DDS, 'Pinto-89' y 'Cuyano-INIA' con 67 DDS y las variedades 'Curi-INIA' y 'Araucano-INIA' a los 74 DDS) (Fig. 3).

Llenado de vainas (R8). En esta etapa se mantuvo la misma tendencia anterior, donde la variedad 'Rayo-INIA' fue la primera en alcanzar este estado a los 64 DDS, seguida de 'Apolo', 'Pinto-89' y 'Cuyano-INIA' a los 70 DDS y 'Curi-INIA' y 'Araucano-INIA' a los 79 DDS (Fig. 3).

Madurez (R9). La variedad 'Rayo-INIA' fue la primera en alcanzar el estado de madurez a los 99 DDS, seguida de 'Pinto-89' con 102 DDS, 'Curi-INIA' y 'Apolo' con 106 y107 DDS, respectivamente, y 'Araucano-INIA' y 'Cuyano- INIA' con 114 y 115 DDS (Fig. 3).

Hábito de crecimiento. Al considerar el hábito de crecimiento, en general, se observa que, hasta el estado fenológico R5 no hubo grandes diferencias entre las variedades, tipo I, II y III (Fig. 4). Sin embargo, a partir del estado R6, la variedad tipo I, se diferenció de las variedades tipo II y III y les tomó un menor tiempo para alcanzar los periodos R6, R7 y R8. Posteriormente, las variedades tipo III se diferenciaron de las variedades tipo I y II, ya que les tomó un mayor tiempo para alcanzar la etapa R9 (Fig. 4). Esta situación indica que existe variabilidad genética entre las variedades y los hábitos de crecimiento para alcanzar y completar los diferentes etapas de crecimiento y desarrollo de la planta.

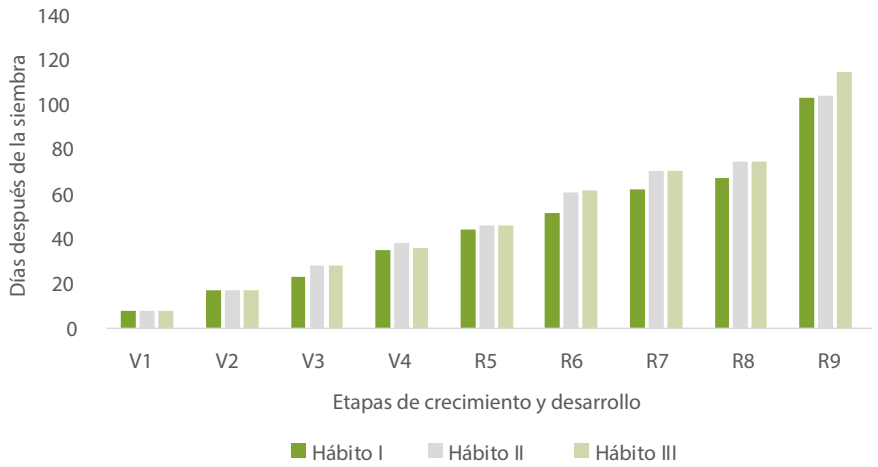


Figura 4. Caracterización de las diferentes etapas de crecimiento y desarrollo de acuerdo al hábito de crecimiento de frejol. Chillán, Chile.

Caracterización agronómica de las variedades

Altura de planta de las variedades (cm). La altura de planta se evaluó sólo hasta los 90 días DDS, debido a que, posterior a la floración y llenado del grano, la planta se tiende por el peso de las vainas. En este caso, la variedad 'Curi-INIA' alcanzó una altura máxima de 57,1 cm; 'Apolo' de 52,3 cm; seguidas de 'Pinto-89' con 49,2 cm; 'Araucano-INIA' con 48,7 cm; y 'Cuyano-INIA' con 39,3 cm. Por otro lado, 'Rayo-INIA' obtuvo su máxima altura de 39,4 cm, alrededor de los 57 DDS (Fig. 5).

Altura de planta por hábito de crecimiento. En general, la variedad perteneciente al hábito de crecimiento, tipo I, presentó una mayor altura de la planta hasta los 57 DDS, posteriormente, las variedades del tipo II superaron a las variedades tipo I y III (Fig. 6).

Área foliar (cm^2 m^{-2}) de las variedades. Alrededor de los 42 DDS se observó un aumento acelerado del área foliar, prácticamente en todas las variedades, lo que coincide, más o menos, con el inicio de la producción de la primera hoja trifoliada. Todas las variedades alcanzaron su máxima área foliar alrededor de los 77 DDS, con excepción de 'Curi-INIA' que la alcanzó a los 90 DDS. Por otro lado, las variedades 'Apolo' y 'Araucano-INIA' alcanzaron una mayor área foliar al compararlas con las otras variedades. 'Rayo-INIA' y 'Cuyano-INIA' presentaron una menor área foliar en comparación a las otras variedades evaluadas (Fig. 7).

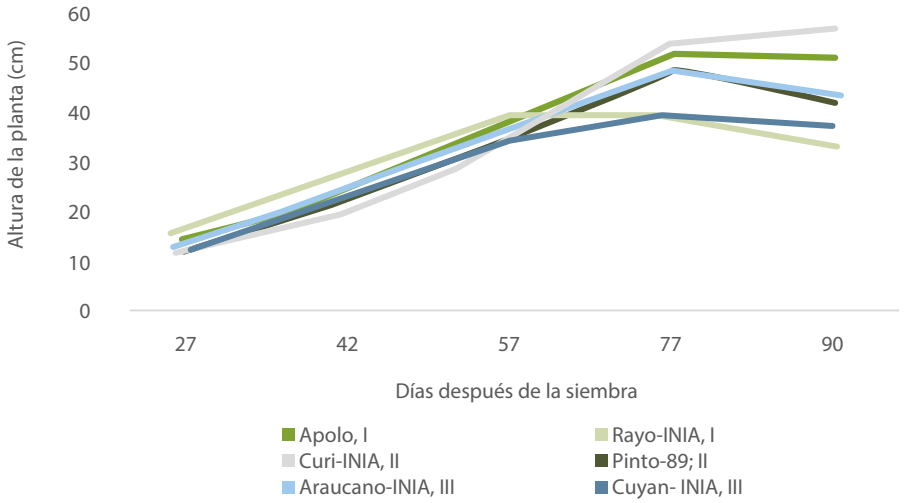


Figura 5. Altura de la planta (cm) de seis variedades de frejol evaluadas en DDS.

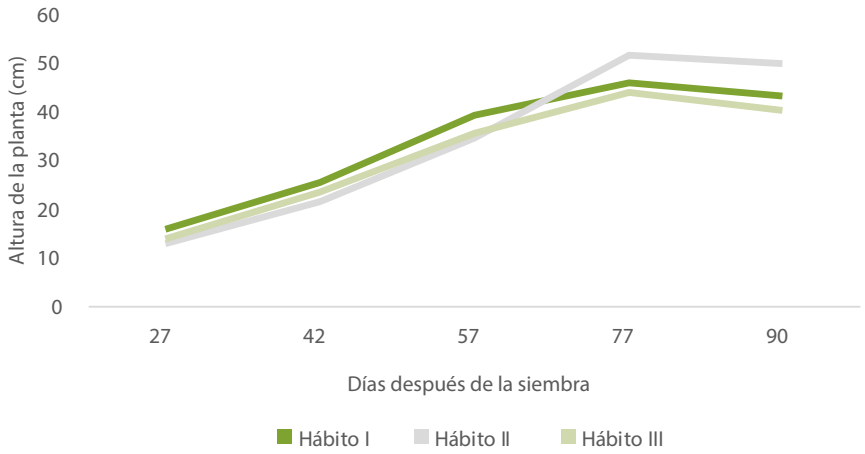


Figura 6. Altura de planta (cm) por hábito de crecimiento.

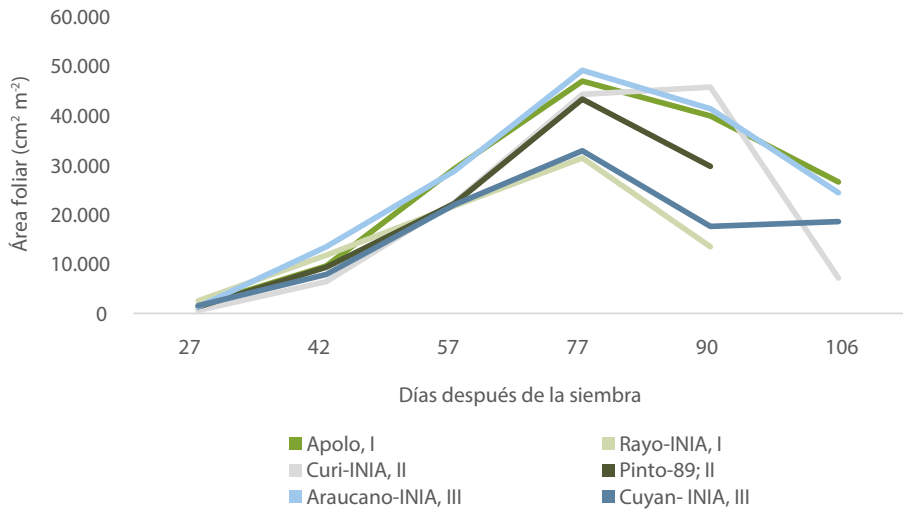


Figura 7. Acumulación de área foliar ($cm^2\ m^{-2}$) en plantas de seis variedades de frejol.

Área foliar (cm² m⁻²) por hábito de crecimiento. Al agrupar las variedades por hábito de crecimiento, se observó que las variedades del tipo II, presentaron una menor área foliar hasta alrededor de los 60 DDS, para alcanzar un máximo a los 77 DDS y disminuir posteriormente. Las variedades del tipo I y III, presentaron un área foliar bastante similar durante todo el periodo de crecimiento y desarrollo de la planta (Fig. 8).

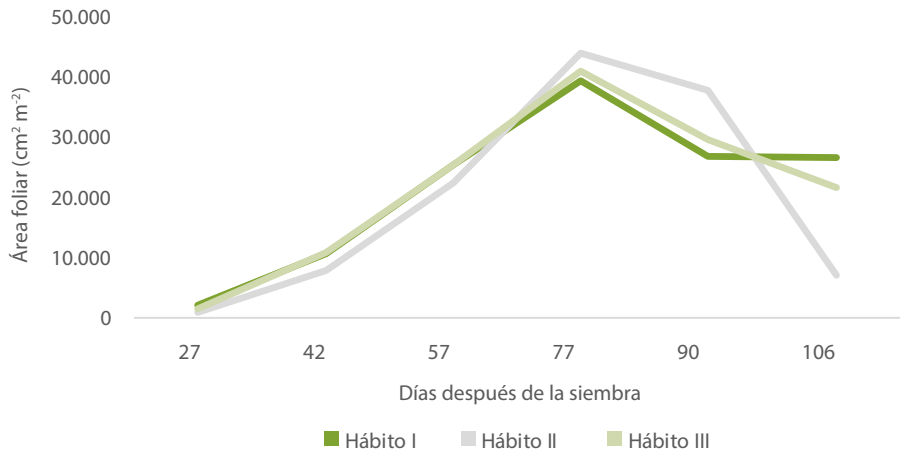


Figura 8. Acumulación de área foliar (cm² m⁻²) por hábito de crecimiento.

Materia seca total (g m⁻²) de las variedades. La acumulación de materia seca total en las seis variedades evaluadas siguió un patrón similar hasta los 77 DDS, donde la variedad 'Rayo-INIA' logró su máximo valor. A continuación, las variedades 'Cuyano-INIA', 'Pinto-89' y 'Curi-INIA' alcanzaron su máxima acumulación de materia seca total a los 90 DDS. Finalmente, las variedades 'Apolo' y 'Araucano-INIA' continuaron acumulando materia seca hasta alrededor de los 106 DDS (Fig. 9).

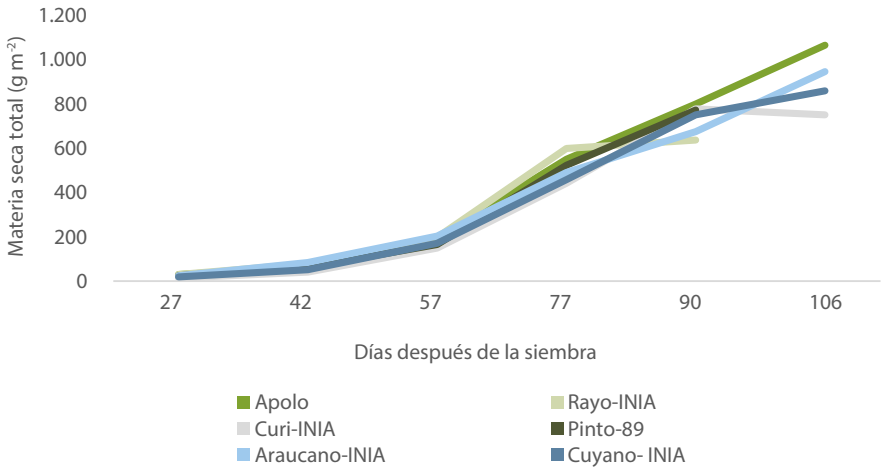


Figura 9. Acumulación de materia seca total (g m⁻²) en seis variedades de frejol**.**

Materia seca total (g m⁻²) por hábito de crecimiento. La acumulación de materia seca total de las plantas de los tres hábitos de crecimiento fueron bastantes similares hasta los 57 DDS, a partir

del cual, las plantas del tipo I superaron a las plantas de hábito II y III. Al final del crecimiento y desarrollo de la planta, debido principalmente al mayor número de tallos las plantas del tipo III superaron en acumulación de materia seca de las plantas del tipo II (Fig. 10).

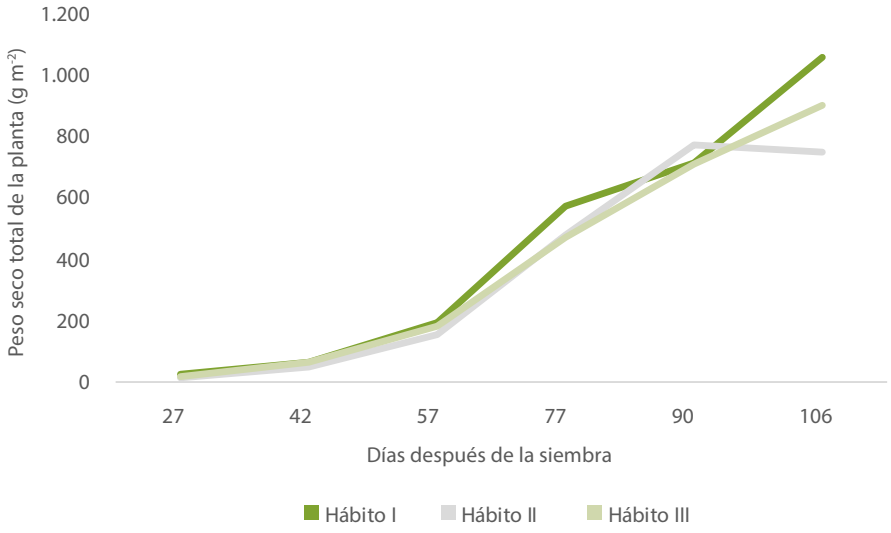


Figura 10. Acumulación de materia seca total (g m^{-2}) de la planta por hábito de crecimiento**.**

Materia seca de tallos (g m^{-2}) de las variedades. En la producción de materia seca de tallos, se observan dos etapas de crecimiento. La primera, una etapa más lenta, hasta los 42 DDS, mientras que la segunda es más acelerada hasta los 77 DDS donde alcanzan el máximo peso de tallos las variedades 'Araucano-INIA', 'Apolo', 'Pinto-89' y 'Cuyano-INIA'. Por el contrario, las variedades 'Rayo-INIA' alcanzó su máximo peso de tallos alrededor de los 57 DDS y 'Curi-INIA' a los 90 DDS. Entre las variedades evaluadas, 'Araucano-INIA' presentó el mayor peso de tallos, seguido de 'Curi- INIA'. Por otro lado, 'Apolo' mantuvo su máximo peso de tallos por un periodo más largo que las otras variedades. 'Rayo-INIA' fue la variedad que presentó el menor peso de tallos (Fig. 11).

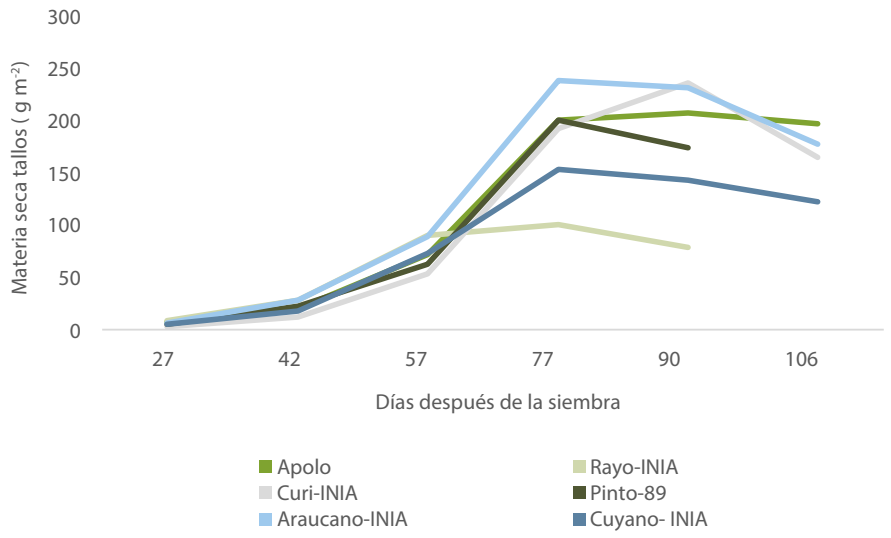


Figura 11. Acumulación de materia seca de tallos (g m^{-2}) en plantas de seis variedades de frejol.

Materia seca de tallos (g m^{-2}) por hábito de crecimiento. Hasta los 57 DDS, las plantas del hábito II presentaron un menor peso seco de tallos de las variedades de los tipos I y III, sin embargo, estas plantas tuvieron una rápida acumulación de materia seca que permitió igualar a las variedades del tipo III a los 77 DDS y superarlos, posteriormente. En general, las plantas del tipo I, presentaron una menor acumulación de materia seca de tallos hasta los 100 DDS (Fig. 12).

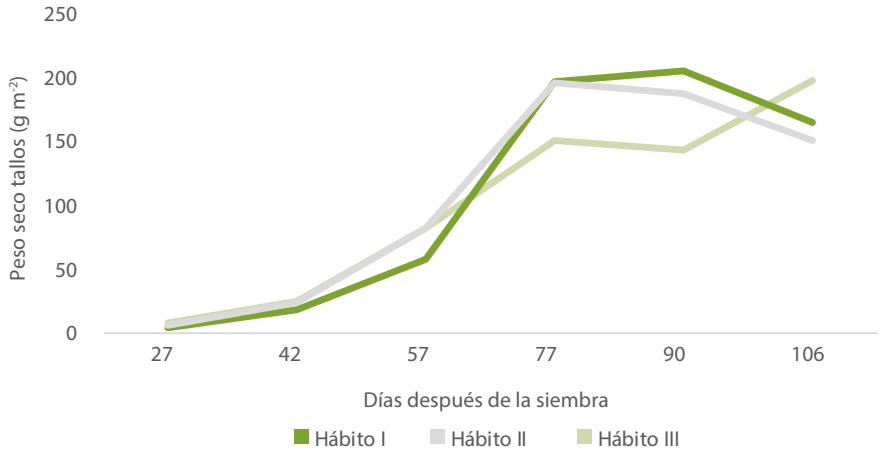


Figura 12. Acumulación de materia seca de tallos (g m^{-2}) de plantas por hábito de crecimiento**.**

Materia seca de hojas (g m^{-2}) de las variedades. La acumulación de la materia seca de hojas siguió el patrón de la acumulación de materia seca de los tallos, donde se observaron también, dos etapas de acumulación con distintas velocidades. Todas las variedades llegaron a su máximo peso de hojas alrededor de los 77 DDS, con excepción de la variedad 'Curi-INIA' que tuvo un ligero incremento hasta los 90 DDS. La variedad 'Rayo-INIA' obtuvo la menor acumulación de materia seca de hojas, seguido de 'Cuyano-INIA'. Sin embargo, 'Cuyano-INIA' obtuvo un periodo más extenso de acumulación de materia seca de hojas a los 90 DDS, donde empieza a disminuir, en comparación a 'Rayo-INIA' que empezó a disminuir a los 77 DDS (Fig. 13).

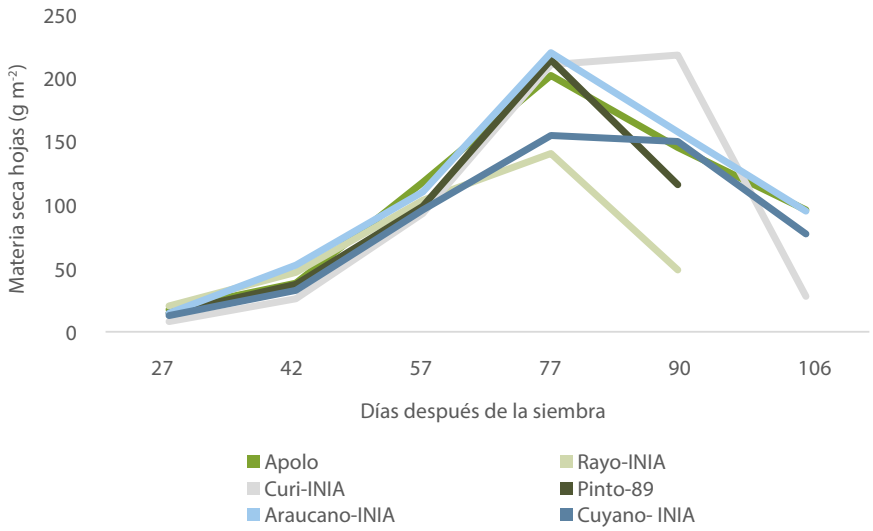


Figura 13. Acumulación de materia seca de hojas (g m^{-2}) en plantas de seis variedades de frejol.

Materia seca de hojas (g m^{-2}) por hábito de crecimiento. Hasta los 57 DDS de la siembra, las plantas de los tres hábitos de crecimiento presentaron una acumulación de materia seca similar. Desde esta fecha, las plantas de las variedades de tipo II presentaron un mayor peso seco de hojas, en comparación a las variedades de hábito I y III, alcanzando un máximo a los 77 DDS (Fig. 14).

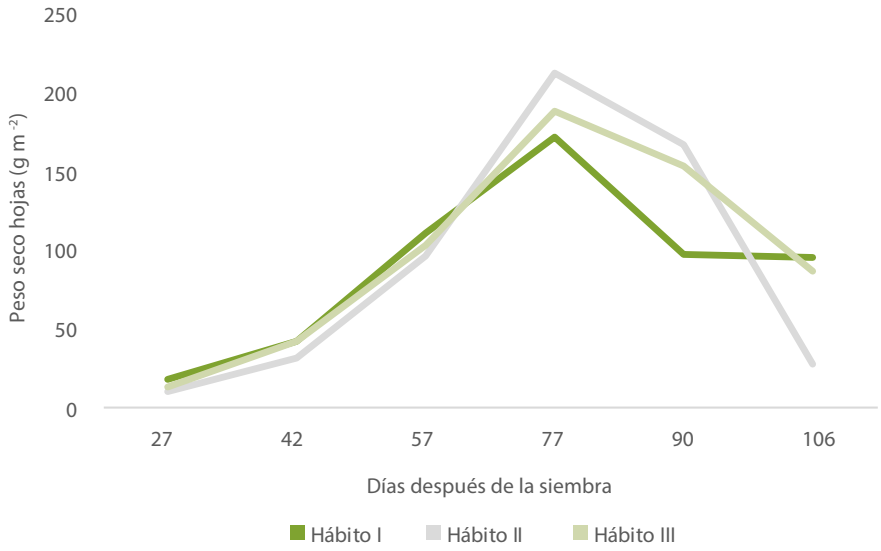


Figura 14. Acumulación de materia seca de hojas (g m^{-2}) por hábito de crecimiento.

Materia seca de vaina (g m^{-2}) de las variedades. Todas las variedades alcanzaron el máximo peso de las vainas a los 90 DDS, con excepción de 'Rayo-INIA' que alcanzó este valor a los 77 DDS. Las variedades, 'Apolo' presentó el mayor peso de las vainas, seguido de 'Araucano-INIA' y 'Cuyano-INIA' (Fig. 15).

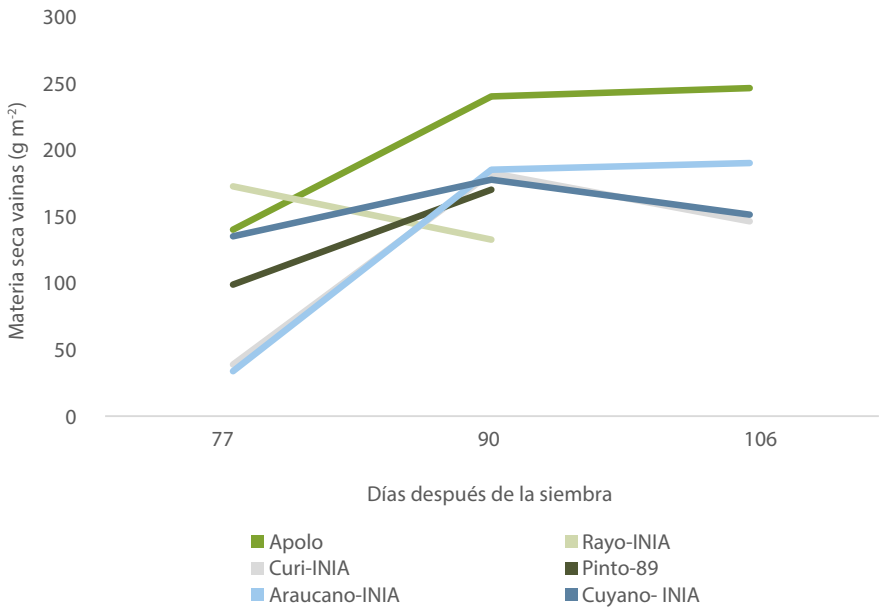


Figura 15. Acumulación de materia seca de vainas (g m^{-2}) en plantas de seis variedades de frejol.

Materia seca de vaina (g m^{-2}) por hábito de crecimiento. La variedad tipo I, presentó un mayor peso de vainas que las variedades del tipo II y III. En el caso de las variedades del tipo II y III el máximo peso de las vainas se logró a los 90 DDS, a diferencia de la variedad tipo I que aumentó hasta los 106 DDS (Fig. 16). El comportamiento promedio de la variedad tipo I, estuvo representado por la variedad 'Apolo' que se utiliza para producción y consumo como vaina verde.

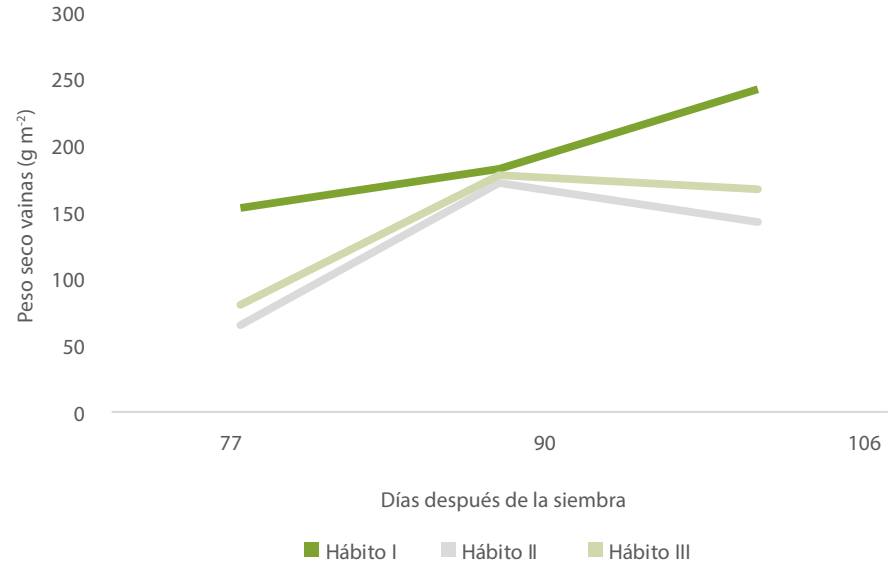


Figura 16. Acumulación de materia seca de vainas (g m^{-2}) por hábito de crecimiento.

Materia seca de los granos (g m^{-2}) de las variedades. Las variedades 'Rayo-INIA' y 'Pinto-89' alcanzaron su máximo peso a los 90 DDS, a diferencia de las demás variedades que lo hicieron alrededor de los 106 DDS (Fig. 17).

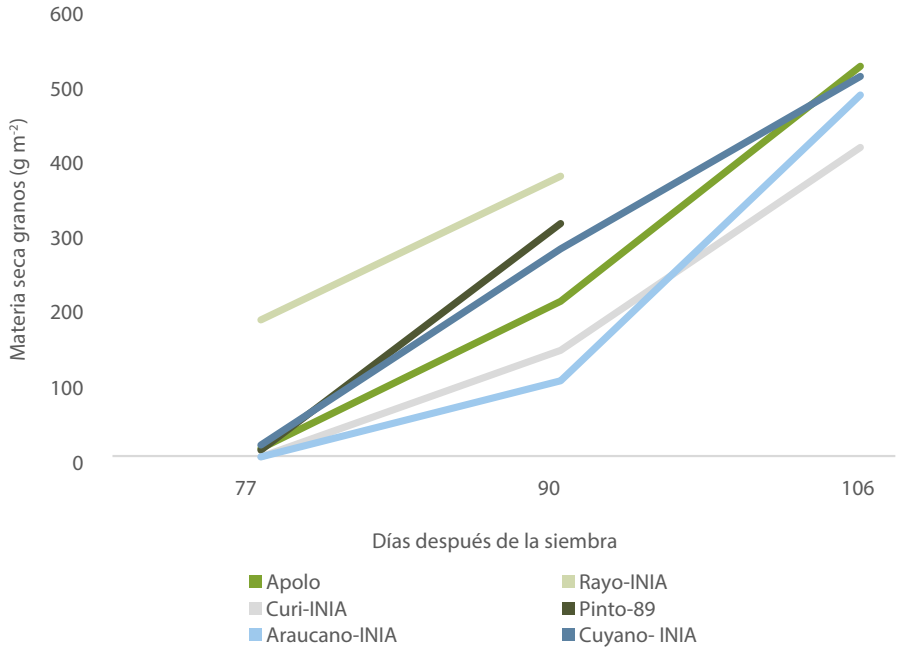


Figura 17. Acumulación de materia seca de granos (g m^{-2}) de seis variedades de frejol.

Materia seca de los granos (g m^{-2}) por hábito de crecimiento. La variedad tipo I, presentó una mayor acumulación de peso seco de los granos, debido a su mayor tamaño de semilla (Fig. 18). Los hábitos de crecimiento indeterminados I y II tienen semillas de menor tamaño.

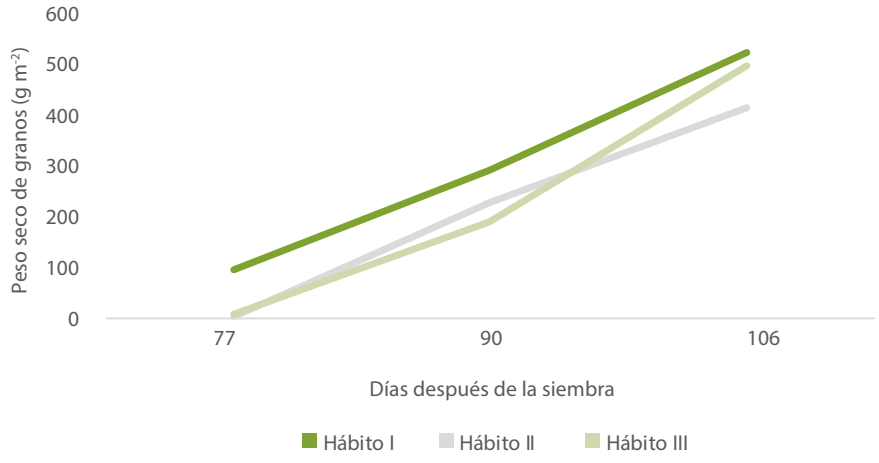


Figura 18. Acumulación de materia seca de granos (g m^{-2}) por hábito de crecimiento.

Caracterización productiva. El total de las estructuras productivas de la planta, se dividió en promedio, en un 74,9 % de vainas con grano, un 10,0 % de vainas vanas, un 11,3 % y un 4,6 % de vainas pequeñas y flores que después abortaron, respectivamente. 'Cuyano-INIA' produjo un 86,9 % de vainas con grano, seguido de 'Curi-INIA' (85,1 %), 'Araucano-INIA' (82,3 %), 'Pinto-89' (74,0 %, 'Apolo' (62,4 %) y 'Rayo-INIA' (58,6 %). El mayor porcentaje de vainas vanas se obtuvo en la variedad 'Apolo' con 20,2 %, seguido de 'Rayo-INIA' con un 15,5 % y 'Pinto-89' con un 13,0 %. La mayor absición de vainas la presentó 'Rayo-INIA' con un 18,1 %, seguido de 'Pinto 89' con un 13 %, 'Apolo' con un 11,6 % y 'Curi-INIA' con un 10,8 %. Por otro lado, la mayor absición de flores se obtuvo en la variedad 'Rayo-INIA' con un 7,8 %, seguida de 'Araucano-INIA' con un 6,2 % (Fig. 19).

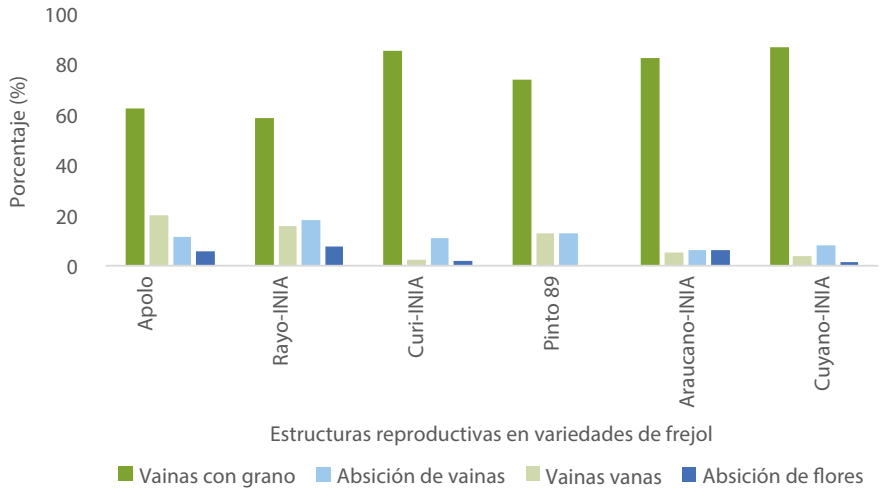


Figura 19. Distribución de las estructuras productivas en las seis variedades de frejol.

Estructuras productivas por hábito de crecimiento. Las variedades del tipo III presentaron un mayor porcentaje de vainas con grano, el menor de porcentaje de vainas vanas y absición de vainas que las variedades del hábito de crecimiento II y I. Por el contrario, la variedad del hábito de crecimiento I, presentó el menor porcentaje de vainas con grano, mayor porcentaje de vainas vanas y absición de vainas y flores (Fig. 20).

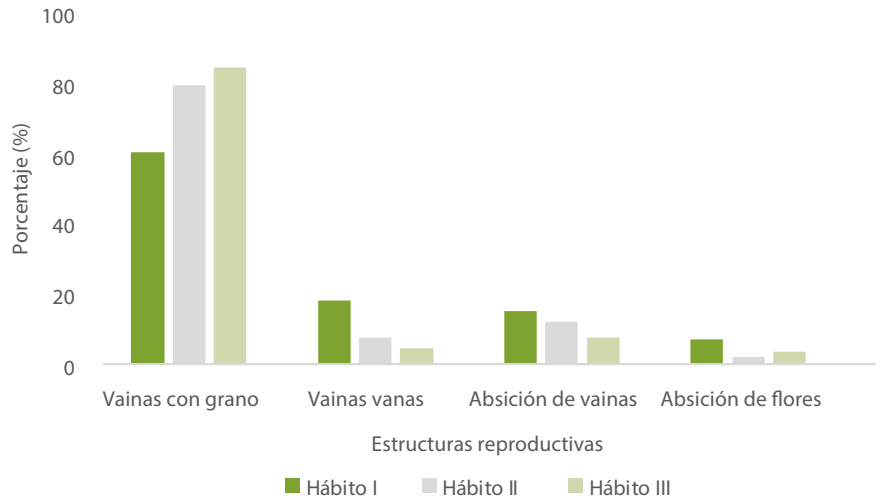


Figura 20. Distribución de las estructuras productivas producidas por hábito de crecimiento.

Componentes de rendimiento y rendimiento. Las variedades que produjeron un mayor número de vainas m^{-2} fueron: 'Curi-INIA', seguida de 'Cuyano-INIA', 'Apolo' y 'Araucano-INIA'. Por el contrario, 'Rayo-INIA' produjo el menor número de vainas m^{-2}. El número de granos por vaina fue mayor en la variedad 'Curi-INIA', seguido por 'Rayo-INIA'. El mayor peso de los 100 granos lo presentó la variedad 'Araucano-INIA', seguido por 'Rayo-INIA'. Finalmente, el mayor rendimiento lo lograron las variedades 'Araucano-INIA' y 'Cuyano-INIA' con 3,2 y 3,1 t ha^{-1} y el menor rendimiento fue para 'Rayo-INIA' con 1,7 t ha^{-1} (Cuadro 2).

Cuadro 2. Componentes de rendimiento y rendimiento de seis variedades de frejol.

Variedades	Vainas m^{-2}	Granos $vaina^{-1}$	Peso 100 (g)	t ha^{-1}
'Apolo'	404	3,3	48,1	2,6
'Rayo-INIA'	216	3,9	51,2	1,7
'Curi-INIA'	732	4,7	20,0	2,8
'Pinto-89'	340	3,7	40,2	2,0
'Araucano-INIA'	400	3,5	57,3	3,2
'Cuyano-INIA'	524	3,4	42,6	3,1

Componentes de rendimiento por hábito de crecimiento. Las variedades pertenecientes a los hábito de crecimiento II y III presentaron un mayor número de vainas m^{-2}, número de granos por vaina y rendimiento, comparada con las variedades del tipo I. Por otro lado, las variedades del hábito de crecimiento I tienen un mayor peso de los granos, en comparación con las variedades del tipo II y III (Cuadro 3).

Cuadro 3. Componentes de rendimiento y rendimiento de frejol por hábito de crecimiento.

Hábito de crecimiento	Vainas m^{-2}	Granos $vaina^{-1}$	Peso 100 (g)	t ha^{-1}
Tipo I	310	3,6	49,7	2,1
Tipo II	536	4,2	30,1	2,4
Tipo III	536	4,2	30,1	2,4

Índice de cosecha (%) de las variedades. El índice de cosecha representa el porcentaje de grano de la materia seca total producida por la planta, es decir, la eficiencia de la planta para producir grano. En este caso, las variedades más eficientes fueron 'Rayo-INIA', 'Cuyano-INIA' y 'Curi-INIA', ya que más del 50 % de la materia seca producida por la planta estuvo representado por el grano. Por otro lado, la variedad menos eficiente fue 'Pinto-89', ya que aproximadamente un 40 % de la producción de materia seca producida fue grano (Fig. 21).

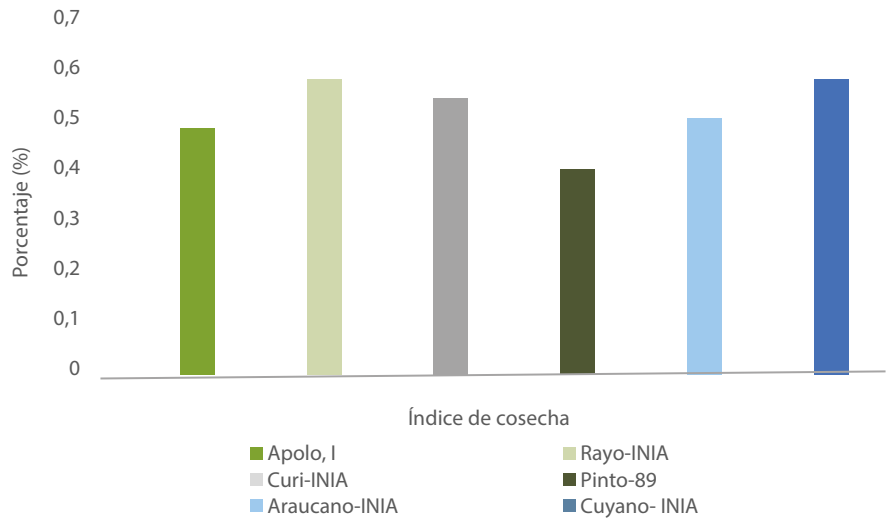


Figura 21. Índice de cosecha (%) de seis variedades de frejol.

Índice de cosecha (%) por hábito de crecimiento. Las variedades de hábito de crecimiento I y III presentaron un mayor índice de cosecha que las variedades del tipo II (Fig. 22).

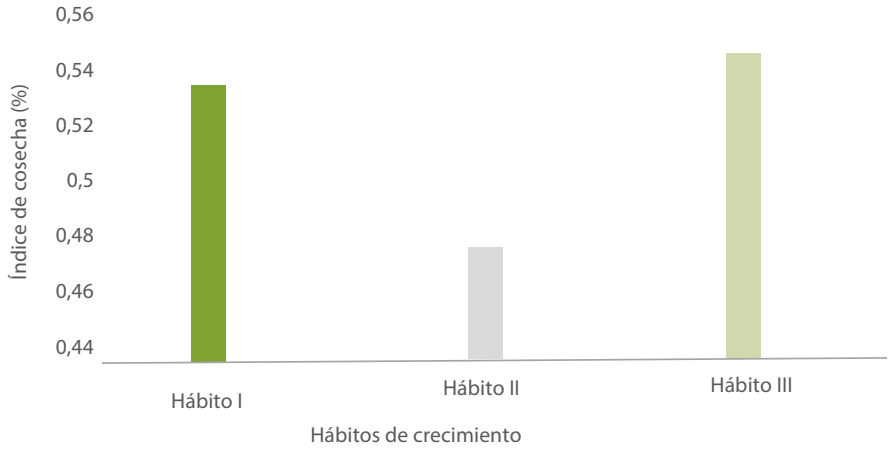


Figura 22. Índice de cosecha (%) de frejol por hábito de crecimiento.

Correlación entre características productivas. El rendimiento presentó una correlación positiva con días a floración (0,55), madurez (0,66), peso seco tallos (0,52) y negativa con el número de vainas con grano (-0,41). Días a madurez presentó una correlación positiva con el hábito de crecimiento III (0,66), peso de tallos (0,73) y vainas con grano (0,74) y una correlación negativa con el peso de 100 granos (-0,47). El número de vainas con grano presentó una correlación positiva con días a floración (0,61), con días a madurez (0,74), y negativa con el peso de los 100 granos (-0,79) y vainas vanas (-0,34).

Crecimiento y desarrollo de la variedad `Zorzal-INIA`

La distribución y el aumento del peso (g) de tallos, hojas, peciolos, vainas y granos de la variedad 'Zorzal INIA', se presenta en la Figura 23. el grafico indica que todos los componentes mencionados alcanzan su máximo peso alrededor de los 70 días después de la siembra (DDS). El aumento del peso de las estructuras reproductivas, vainas y granos se inicia alrededor de los 50 DDS (Fig. 23).

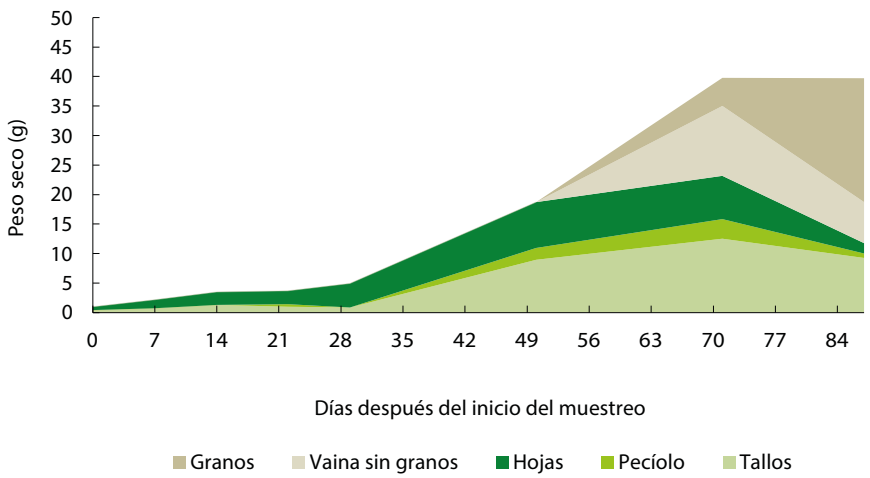


Figura 23. Acumulación de materia seca (gr) de la variedad Zorzal-INIA.

Referencias

Alva, P. 2002. Caracterización productiva de seis variedades de frejol de diferentes hábitos de crecimiento, precocidad y tamaño de semilla. Tesis para optar al título de Ingeniero Agrónomo. Facultad de Ingeniería y Negocios, Escuela de Agronomía, Universidad Adventista de Chile. Chillán, Chile. 65p.

Alves da Silva, D., Ferreira, C., de Oliveira, E., et al. 2020. Influence of high temperature on the reproductive biology of dry edible bean (*Phaseolus vulgaris* L.). Sci. Agric. 77(3): e20180233.

Ambachew, D., Mekbib, F., Asfaw, A., et al. 2015. Trait associations in common bean genotypes grown under drought stress and field infestation by BSM bean fly. Crop J. 3:305-316.

Asfaw, A., Blair, M. 2014. Quantification of drought tolerance in Ethiopian common bean varieties. Agric. Sci. 5:124-139.

Austin, R., MacLean, M. 1972. A method for screening *Phaseolus vulgaris* genotypes for tolerance to low temperatures. J. Hort. Sci. 47:279-290.

Beebe, S., González, A., Rengifo, J. 2000. Research on trace minerals in the common bean. Food Nutr. Bull. 21:387-391.

Bennett, E., Roberts, J., Wagstaff, C. 2011. The role of the pod in seed development: Strategies for manipulating yield. New Phytol. 190:838-885.

Berger, F., Hamamura, Y., Ingouff, M., et al. 2008. Double fertilization-caught in the act. Trends Plant Sci. 13(8): 437-443.

Bewley, J. 1997. Seed germination and plant dormancy. Plant Cell 9:1055-1066.

Bewley J., Black M. 1985. Seeds: physiology of development and germination. New York, NY. Plenum Press.

Bleckmann, A., Alter, S., Dresselhaus, T. 2014. The beginning of a seed: regulatory mechanism of double fertilization. Front. Plant Sci. 5:452.

Carriedo, L., Maloof, J., Brady, S. 2016. Molecular control of crop shade avoidance. Curr. Opin. Plant Biol. 30:151-158.

Chandler, J. 2008. Cotyledon organogenesis. J. Exp. Bot., 59(11):2917-2931.

Coelho, C., Tsai, S., Vitorello, V. 2005. Dynamics of inositol phosphate pools (tris-, tetrakis- and pentakisphosphate) in relation to the rate of phytate synthesis during seed development in common bean (*Phaseolus vulgaris*). J. Plant Physiol. 162(1):1-9.

Coelho, C., Benedito, V. 2008. Seed development and reserve compound accumulation in common bean (*Phaseolus vulgaris* L.). Seed Sci. Biotechnol. 2(2):42-52.

Coste, F., Crozat, Y., Ladone, F., et al. 2002. Integrating seed age heterogeneity, desiccation rate and seed ageing rate for optimizing both bean seed lot quality and seed yield. Seed Sci. Technol. 30(3):585-596.

Creelman, R., Mullet, J. 1997. Biosynthesis and action of jasmonates in plants. Annu. Rev. Plant Physiol. Plant Mol. Biol. 48:355-381.

Davis, J., Gniffke, P. 1983. The effect of photoperiod and temperature on yield in beans. Centro Internacional de Agricultura Tropical (CIAT), Cali, Colombia. 10p.

Debouck, D., Hidalgo, R. 1985. Morfología de la planta de frijol común (pp. 7-41). En M. López, F. Fernández, A. van Schoonhoven (eds.). Frijol: Investigación y producción. Programa de las Naciones Unidas (PNUD); Centro Internacional de Agricultura Tropical (CIAT), Cali, Colombia. 419p.

De Ron, A., Rodiño, A., Santalla, M., et al. 2016. Seedling emergence and phenotypic response of common bean germplasm to different temperatures under controlled conditions and in open field. Front. Plant Sci. 7:1087.

Dickson, M. 1971. Breeding beans, *Phaseolus vulgaris* L., for improved germination under unfavorable low temperature conditions. Crop Sci. 11:848-850.

Dickson, M., Boettger, M. 1984a. Emergence, growth and blossoming of bean (*Phaseolus vulgaris*) at sub-optimal temperatures. J. Am. Soc. Hortic. Sci. 109:257-260.

Dickson, M., Boettger, M. 1984b. Effect of high and low temperatures on pollen germination and seed set in green beans. J. Am. Soc. Hortic. Sci. 109:372-374.

Di Vittori, V., Gioia, T., Rodríguez, M., et al. 2019. Convergent evolution of the seed shattering trait. Genes (Basel) 10:68.

Eckhardt, U., Grimm, B., Hörtensteiner, S. 2004. Recent advances in chlorophyll biosynthesis and breakdown in higher plants. Plant Mol. Biol. 56:1-14.

Ellis, R. 2019. Temporal patterns of seed quality development, decline, and timing of maximum quality during seed development and maturation. Seed Sci. Res. 29:135-142.

Farid, M., Earl, H., Pauls, K., et al. 2017. Response to selection for improved nitrogen fixation in common bean (*Phaseolus vulgaris* L.). Euphytica 213:99.

Farooq, M., Gogoi, N., Barthakur, S., et al. 2016. Drought stress in grain legumes during reproduction and grain filling. J. Agron. Crop Sci. 203:81-102.

Fernández, F., Gepts, P., López, M. 1980. Etapas de desarrollo en la planta de frejol (pp. 61-78). En M., López, F., Fernández, A., van Schoonhoven (eds.) Frijol: Investigación y producción. Programa de las Naciones Unidas (PNUD), Centro Internacional de Agricultura Tropical, (CIAT). Cali, Colombia. 419p.

García-Fernández, C., Jurado, M., Campa, A., et al. 2022. A core set of snap bean genotypes established by phenotyping a large panel collected in Europe. Plants (Basel):11(5):577.

García-Fernández, C., Jurado, M., Campa, A., et al. 2024. Genetic control of pod morphological traits and pod edibility in a common bean RIL population. Theor. Appl. Genet. 137:6.

Ghavidel, R., Ghorbani, R., Khorramdel, S. 2016. Evaluation of radiation use efficiency of common bean (*Phaseolus vulgaris* L.) cultivars as affected by plant density under Mashhad climatic conditions. J. BioSci. Biotechnol.5: 145-150.

Good, A., Shrawat, A., Muench, D. 2004. Can less yield more? Is reducing nutrient input into the environment compatible with maintaining crop production? Trends Plant Sci. 9:597-605.

Gómez, M., Vera-Sirera, F., Pérez-Amador, M. 2014. Molecular programme of senescence in dry and fleshy fruits. J. Exp. Bot. 65:4515-4526.

Goncalves, F., Usberti, R. 2008. Seed health of common bean stored at constant moisture and temperature. Sci. Agric. (Brazil) 65(6):613-619.

Gutiérrez, L., Van Wuytswinkel, O., Castelain, M., et al. 2007. Combined networks regulating seed maturation. Trends Plant Sci. 12:294-300.

Hadi, H., Ghassemi-Golezani, K., Rahimzadeh Khoei, F. 2006. Response of common bean (*Phaseolus vulgaris* L.) to different levels of shade. J. Agron. 5:595-599.

Hagerty, C., Cuesta-Marcos, A., Cregan, P., et al. 2016. Mapping snap bean pod and color traits, in a dry bean × snap bean recombinant inbred population. J. Am. Soc. Hortic. Sci. 141:131-138.

Hardwick, R. 1972. The emergence and early growth of French and runner beans (*Phaseolus vulgaris* L., and *Phaseolus coccineus* L.) sown at different dates. J. Hortic. Sci. 47:395-410.

Hardwick, R., Andrews, D. 1980. Selection for cold tolerance in *Phaseolus vulgaris*, yield of selected lines grown in warm and cool environments. Ann. Appl. Biol. 95:249-259.

Heilig, J., Beaver, J., Wright, E., et al. 2017. QTL analysis of symbiotic nitrogen fixation in a black bean population. Crop Sci. 57:118-129.

Hörtensteiner, S. 2013. Update on the biochemistry of chlorophyll breakdown. Plant Mol. Biol. 82:505-517.

Hungria, M., Franco, A. 1993. Effects of high temperature on nodulation and nitrogen fixation by *Phaseolus vulgaris* L. Plant Soil 149:95-102.

Hungria, M., Vargas, M. 2000. Environmental factors affecting N_2 fixation in grain legumes in the tropics, with an emphasis on Brazil. Field Crop Res. 65:151-164.

Kigel, J., Konsens, I., Ofir, M. 1991. Branching, flowering, and pod-set patterns in snap-bean (*Phaseolus vulgaris* L.) as affected by temperature. Can. J. Plant Sci. 71:1233-1242.

Kigel, J., Rosental, L., Fait, A. 2015. Seed physiology and germination of grain legumes (pp. 327-363). In A. De Ron (ed.). Grain legumes. series: Handbook of plant breeding, New York, NY.; Dordrecht; Heidelberg; London: Springer.

Kooistra, E. 1971. Germination of beans (*Phaseolus vulgaris* L.) at low temperatures. Euphytica 20:208-213.

Korban, S., Coyne, D., Weihing, J. 1981. Rate of water uptake and sites of water entry in seeds of different cultivars of dry beans. HortSci. 16:545-546.

Kotowski, F. 1926. Temperature relation to germination of vegetable seed. Proc. Am. Soc. Hortic. Sci. 23:176-184.

Laing, D., Jones, P., Davis, J. 1984. Common bean (*Phaseolus vulgaris* L.), (pp. 305-335). In P. Goldsworthy, N. Fisher, N. (eds.). The physiology of tropical field crops. Wiley, New York.

Lopes, C., Fevereiro, P., de Sousa Araujo, S. 2025. Understanding the transition from embryogenesis to seed filling in *Phaseolus vulgaris* L. non-endospermic seeds. Front. Plant Sci. 16:1597915.

Masaya, P., White, J. 1991. Adaptation to photoperiod and temperature. (pp. 445-500). In A. van Schoonhoven, O. Voysest (eds.). Common beans. Research for crop improvement. CABI International, Centro Internacional de Agricultura Tropical, CIAT. Redwood Press Ltd., UK. 980p.

Mondo, V., Nascente, A., Cardoso, M. 2016. Common bean seed vigor affecting crop grain yield. J. Seed Sci. 38(4):365-370.

Monterroso, V., Wien, W. 1990. Flower and pod abscission due to heat stress in beans. J. Am. Soci. Hort. Sci. 115: 631-634.

Moreau-Valancogne, P., Coste, F., Crozat, Y., et al. 2008. Assessing emergence of bean (*Phaseolus vulgaris* L.) seed lots in France: Field observations and simulations. Eur. J. Agron. 28(3):309-320.

Ohmiya, A., Hirashima, M., Yagi, M., et al. 2014. Identification of genes associated with chlorophyll accumulation in flower petals. PLoS ONE 9: e113738.

Ojehomon, O., Zehni, M., Morgan, D. 1973. The effects of photoperiod on flower bud development in *Phaseolus vulgaris*. Ann. Bot (London) 37(152):871-884.

Oladzad, A., González, A., Macchiavelli, R., et al. 2020. Genetic factors associated with nodulation and nitrogen derived from atmosphere in a Middle American common bean panel. Front. Plant Sci. 11:576078.

Omae, H.; Kumar, A.; Shono, M. 2012. Adaptation to high temperature and water deficit in the common bean (*Phaseolus vulgaris* L.) during the reproductive period. J. Bot. 2012:803413.

Parreira, J., Balestrazzi, A., Fevereiro, P., et al. 2018. Maintaining genome integrity during seed development in *Phaseolus vulgaris* L.: Evidence from a transcriptomic profiling study. Genes (Basel) 9(10):463.

Parreira J., Bouraada, J., Fitzpatrick, M. 2016. Differential proteomics reveals the hallmarks of seed development in common bean (*Phaseolus vulgaris* L.). J. Proteom. 143:188-198.

Parreira, J., Cappuccio, M., Balestrazzi, A., et al. 2021. MicroRNAs expression dynamics reveal post-transcriptional mechanisms regulating seed development in *Phaseolus vulgaris* L. Hortic. Res. 8:1-17.

Pérez-Herrera, P., Acosta-Gallegos, J. 2002. Permeabilidad de la testa y la porción micrópilo-hilio en semilla de frijol silvestre y cultivado. Rev. Fitotec. Mex. 25: 57-63.

Polania, J., Poschenrieder, C., Rao, I., et al. 2016. Estimation of phenotypic variability in symbiotic nitrogen fixation ability of common bean under drought stress using ^{15}N natural abundance in grain. Eur. J. Agron. 79:66-73.

Porch, T. 2006. Application of stress indices for heat tolerance screening of common bean. J. Agron. Crop Sci. 192(5):390-394.

Radchuck, V., Borisjuk, L. 2014. Physical, metabolic and development functions of the seed coat. Front. Plant Sci. 5:510.

Rainey, K., Griffiths, P. 2005. Inheritance of heat tolerance during reproductive development in snap bean (*Phaseolus vulgaris* L.). J. Am. Soc. Hortic. Sci. 130:700-706.

Rao, I., Beebe, S., Polania, J., et al. 2017. Evidence for genotypic differences among elite lines of common bean in their ability to remobilize photosynthate to increase yield under drought. J. Agric. Sci. 155:857-875.

Ribeiro, N., Maziero, S., Prigol, M., et al. 2012. Mineral concentrations in the embryo and seed coat of common bean cultivars. J. Food Compos. Anal. 26:89-95.

Román-Avilés, B., Beaver, J. 2003. Inheritance of heat tolerance in common bean of Andean origin. J. Agric. Univ. P. R. 87(3-4):113-121.

Schiltz, S., Munier-Lolain, N., Jeudy, C., et al. 2005. Dynamics of exogenous nitrogen partitioning and nitrogen remobilization from vegetative organs pea revealed by ^{15}N *in vivo* labelling throughout seed filling. Plant Physiol. 137:1463-1473.

Setia, R., Setia, N., Malik, C. 1987. The pod wall structure and function in relation to seed development in some legumes. Phyton (Austria) 27 (2): 205-220.

Seymour, G., Ostergaard, L., Chapman, N., et al. 2013. Fruit development and ripening. Annu. Rev. Plant Biol. 64:219-241.

Smolikova, G., Medvedev, S. 2022. Seed-to-seedling transition: novel aspects. Plants 11:1988.

Sripathy, K., Groot, S. 2023. Seed development and maturation (pp. 17-37). In M. Dadlani, D. Yadava (eds.) Seed science and technology. Springer, Singapore.

Stefanov, D., Petkova, V., Denev, I. 2011. Screening for heat tolerance in common bean (*Phaseolus vulgaris* L.) lines and cultivars using JIP-test. Sci. Hortic. 128(1):1-6.

Tesfaye, K., Walker, S., Tsubo, M. 2006. Radiation interception and radiation use efficiency of three grain legumes under water deficit conditions in a semi-arid environment. Eur. J. Agron. 25:60-70.

Tsubo, M., Walker, S., Mukhala, E. 2001. Comparisons of radiation use efficiency of mono-/inter-cropping systems with different row orientations. Field Crops Res. 71:17-29.

Wallace, D. 1980. Adaptation of *Phaseolus vulgaris* to different environments (pp. 349-357). In R. Summerfield, A. Bunting (eds.). Advances in legume science. Royal Botanic Gardens, Kew, Surrey, England.

Wallace, D., Gniffke, P., Masaya, P., et al. 1991. Photoperiod, temperature, and interaction effects on days and for flowering of bean. J. Am. Soc. Hort. Sci. 116(3):534-543.

Wang, Q., Liu, J., Zhu, H. 2018. Genetic and molecular mechanisms underlying symbiotic specificity in *legume-rhizobium* interactions. Front. Plant Sci. 9:313.

Wang, W., Liu, S., Song, S., et al. 2015. Proteomics of seed development, desiccation tolerance, germination, and vigor. Plant Physiol. Biochem. 86:1-15.

Watanabe, H. 1953. Studies on the unfruitfulness of beans. 3. Influences of temperature on blooming and of relative humidity on the pollen activities of beans. J. Hortic. Ass. Jpn. 22:172-176.

Weber, H., Borisjuk, L., Wobus, U. 2005. Molecular physiology of legume seed development. Annu. Rev. Plant Biol. 56:253-279.

Weller, J., Vander Schoor, J., Pérez-Wright, E., et al. 2019. Parallel origins of photoperiod adaptation following dual domestications of common bean. J. Exp. Bot. 70(4):1209-1219.

White, J. 1985. Conceptos básicos de fisiología del frejol (pp. 43-60). In M. López, F. Fernández, A. van Schoonhoven (eds.). Frejol: Investigación y producción. Centro Internacional de Agricultura Tropical, CIAT, Cali, Colombia. 419p.

White, J., Kornegay, J., Cajiao, C. 1996. Inheritance of temperature sensitivity of the photoperiod response in common bean (*Phaseolus vulgaris* L). Euphytica. 91:5-8.

White, J., Laing, D. 1989. Photoperiod response of flowering in diverse genotypes of common bean (*Phaseolus vulgaris*). Field Crops Res. 22(2):113-128.

White, J., Montes, C. 1993. The influence of temperature on seed germination in cultivars of common bean. J. Exp. Bot. 44:1795-1800.

White, J., Singh, S., Pino, C., et al. 1992. Effects of seed size and photoperiod response on crop growth and yield of common bean. Field Crops Res. 28:299-307.

Worku, W., Skjelvag, A., Gislerod, H. 2004. Responses of common bean (*Phaseolus vulgaris* L.) to photosynthetic irradiance levels during three phenological phases. Agronomie 24:267-274.

Yang, C., Li, L. 2017. Hormonal regulation in shade avoidance. Front. Plant Sci. 8:1527.

Zeffa, D., Nogueira, A., Buratto, J., et al. 2021. Genetic variability of mineral content in different grain structures of bean cultivars from Mesoamerican and Andean gene pools. Plants 10:1246.

Zehni, M., Morgan, D. 1976. A comparative study of the effects of photoperiod on flower bud development and stem elongation in three varieties of *Phaseolus vulgaris* L. Ann. Bot. (London) 40(165):17-22.

Zhang, W., Zhou, Y., Dibley, K., et al. 2007. Review: nutrient loading of developing seeds. Funct. Plant Biol. 34:314-331.



Índice

SECCIÓN V

Fertilización y riego del frejol



Capítulo 11. Fertilización del frejol

Mario Paredes C., Viviana Becerra V.

Generalidades

En Chile, el frejol se cultiva en una amplia variedad de climas y suelos, donde en general, las precipitaciones son escasas a nulas en el norte y aumentan hacia el sur, los suelos cambian de 'Vertisoles' a 'Andisoles' o trumaos en la misma dirección.

La planta de frejol se adapta a una amplia gama que va, desde los suelos arenosos hasta los arcillosos. Sin embargo, las características físicas, químicas y de profundidad, condicionan el rendimiento, obteniéndose los mayores rendimientos en suelos con buena aireación, fértiles, textura media, profundos y con buena retención de humedad (Rodríguez, 2004).

Nivel nutricional de los suelos

El frejol es una planta exigente en nutrientes para alcanzar altas producciones de grano. En este sentido, la planta de frejol por ser una leguminosa es capaz de obtener nitrógeno del suelo a través del proceso simbiótico con las bacterias pertenecientes al genero Rhizobium, sin embargo, posee un sistema radicular superficial que es incapaz de extraer nutrientes en profundidad (Rodríguez, 2004). Unido a esta situación, el frejol se cultiva en suelos generalmente deficientes al nitrógeno, fósforo y otros elementos, todo lo cual, hace necesario la aplicación de fertilizantes para suplir sus requerimientos nutricionales (Araos et al., 1974, Sierra y Araos, 1976).

Un análisis de 1.500 muestras de suelos colectados desde Coquimbo a Talca entre los años 1971 a 1973, indicó que existía un alto porcentaje de suelos de texturas arcillosas, seguido de suelos francos. El nivel del pH tendía a disminuir de norte a sur, con excepción de los suelos de la provincia de Santiago y La Serena, donde predominaban valores de pH superiores a 7,4. En Valparaíso y Rancagua los valores fluctuaron entre 6,5 y 7,4 y hacia el sur los valores son de pH 6,5. Los contenidos de materia orgánica tendieron a ser menores de 3 % en todas las áreas, excepto en las áreas norte de Santiago, Rancagua y Curicó donde los valores eran mayores. El 90 % y el 70% de las muestras presentaron valores bajos o medios en nitrógeno (N) y fósforo disponible, respectivamente. Sin embargo, en el zona Santiago y en el área de Valparaiso y La Serena, un 60 % y un 40 % de las muestras presentaron niveles altos de fósforo, respectivamente. En el caso del potasio (K), el 1 % de las muestras de suelos presentó valores menores a 50 ppm de potasio (Araos, et al., 1974).

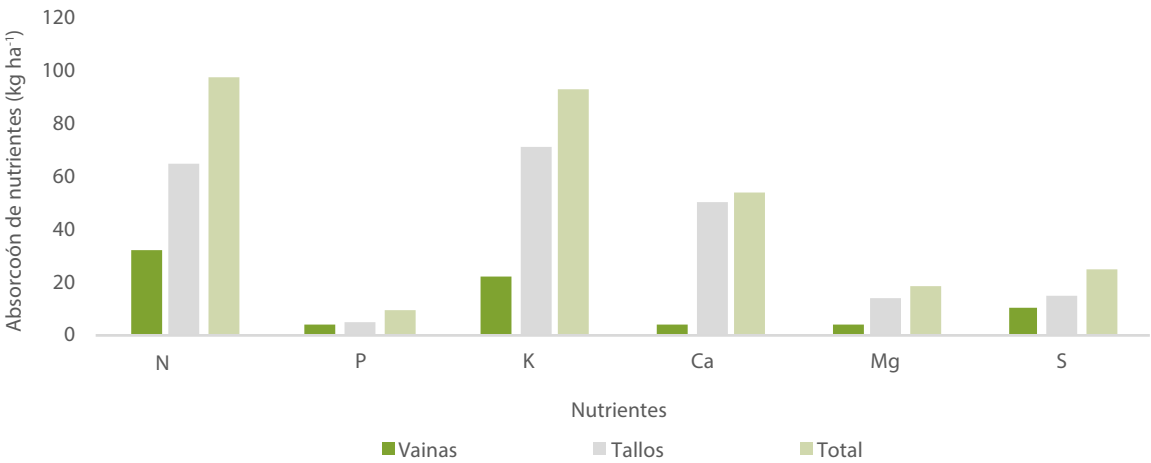
Adicionalmente, un segundo análisis de 5.000 muestras de suelos correspondientes a la zona de Coquimbo a Curicó, realizado entre 1971 y 1976, confirmó que una alta proporción de las muestras de suelos de esta zona tenían un contenido bajo de N (0 a 20 ppm). El mayor porcentaje de muestras bajas en N, se presentaron entre Santiago y Curicó, en comparación con la zona entre

Coquimbo y Valparaíso. En relación al fósforo no se observaron diferencias entre los distintos niveles de disponibilidad de este elemento en las muestras analizadas, con la excepción de las provincias de Valparaíso y Santiago, donde las muestras con niveles altos de P, superaron a las muestras de suelo con niveles bajos (Sierra y Araos, 1976).

En otro estudio a nivel predial, donde se analizaron 120 siembras de frejol en la región del Biobío, el resultado mostró que un 47 % de ellas presentaron deficiencias de P un 14 % de K, y que los contenidos de manganeso e hierro fueron excesivos en un 65 y 58 % de las siembras analizadas, respectivamente. Las concentraciones de N, calcio (Ca), magnesio (Mg), zinc (Zn), y cobre (Cu) se presentaron en niveles normales (Longeri et al., 1992).

Extracción o absorción de nutrientes por la planta de frejol

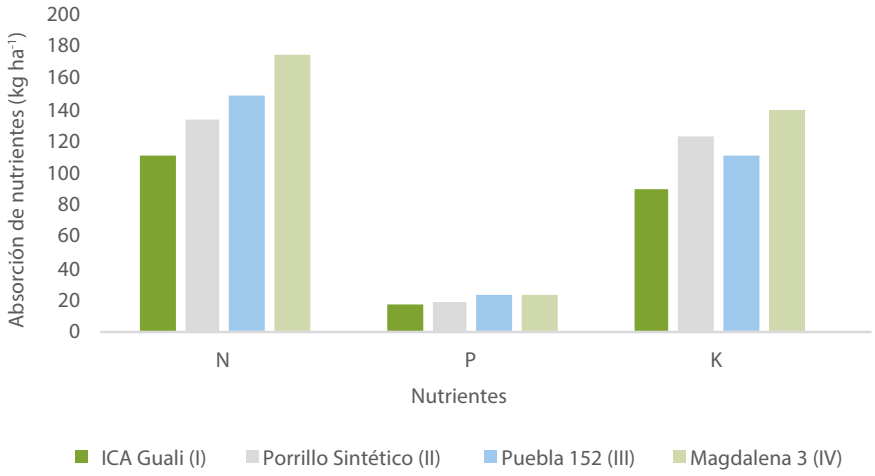
El frejol absorbe importantes cantidades de N, K y Ca y en menor medida Mg, azufre (S) y P. En general, los tallos absorben más N, K, Ca, Mg y S que las vainas, con excepción del P que es absorbido en cantidades similares en las vainas y tallos (Fig. 1).



Fuente: Flor, 1985.

Figura 1. Extracción de nutrientes en la planta (kg ha^{-1}), tallos y vainas de frejol.

La absorción de nutrientes depende de las variedades, hábito de crecimiento y precocidad. En general, las variedades arbustivas tipo I, absorben una menor cantidad de nitrógeno y potasio, comparadas con las variedades tipo II, III y IV, lo que está asociado también a su precocidad, las variedades tipo I son más precoces, en comparación a los otros hábitos de crecimiento. Sin embargo, las variedades pertenecientes a los cuatro tipos absorben una cantidad similar de fósforo (Fig. 2).

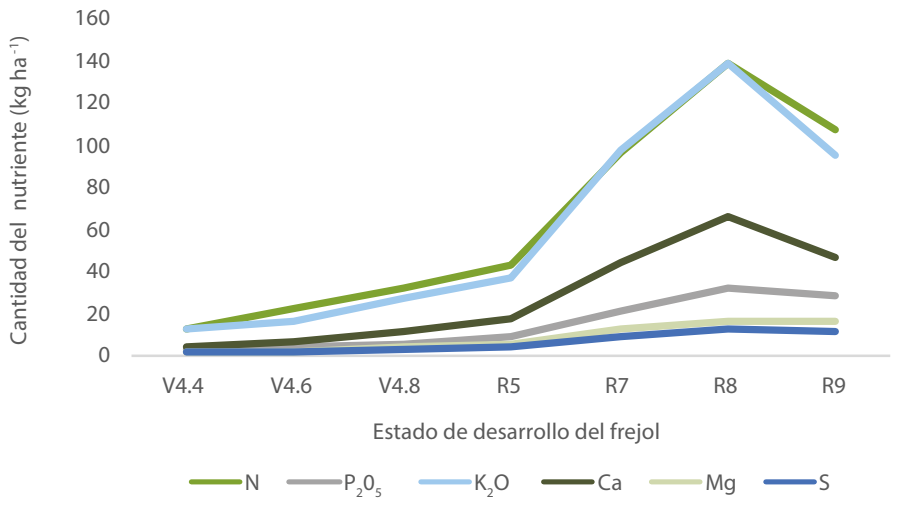


Fuente: Flor, 1985.

Figura 2. Absorción de nutrientes (kg ha^{-1}) en cuatro variedades de frejol.

Concentración de nutrientes durante los estados de desarrollo de la planta. La curva de absorción de macronutrientes sigue la acumulación de materia seca de la planta, que comienza con una lenta absorción, continúa con una fase de rápida absorción al inicio de la floración para luego disminuir, a partir del inicio del llenado de grano de la planta (Fig. 3).

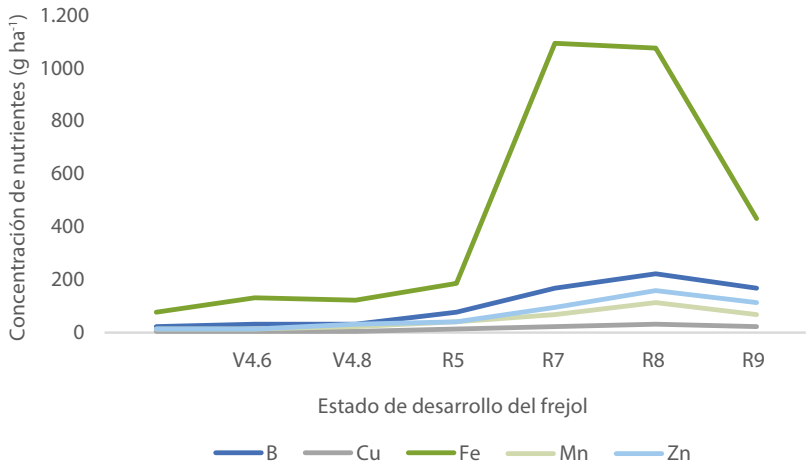
Los macroelementos que absorbe la planta en mayor cantidad, son el nitrógeno y el potasio, seguido del calcio, fósforo, magnesio y azufre. Mientras que el magnesio y el azufre presentan una menor disminución en la curva de absorción comparada con los otros nutrientes (Fig. 3).



Fuente: Adaptado de Silva y Moreira, 2022. (Var. TAA Dama (Habito III, Carioca).

Figura 3. Concentración de macronutrientes (kg ha^{-1}) en diferentes estados de desarrollo de la planta de frejol.

La cantidad de micronutrientes absorbidos por la planta, sigue el mismo patrón de la acumulación de la materia seca y la de los macronutrientes. En este caso, se destaca una alta absorción de hierro por la variedad evaluada, en comparación a los otros micronutrientes evaluados. Dentro de los cuatro elementos restantes, la mayor absorción corresponde al boro, seguido del zinc, manganeso y cobre (Fig. 4).



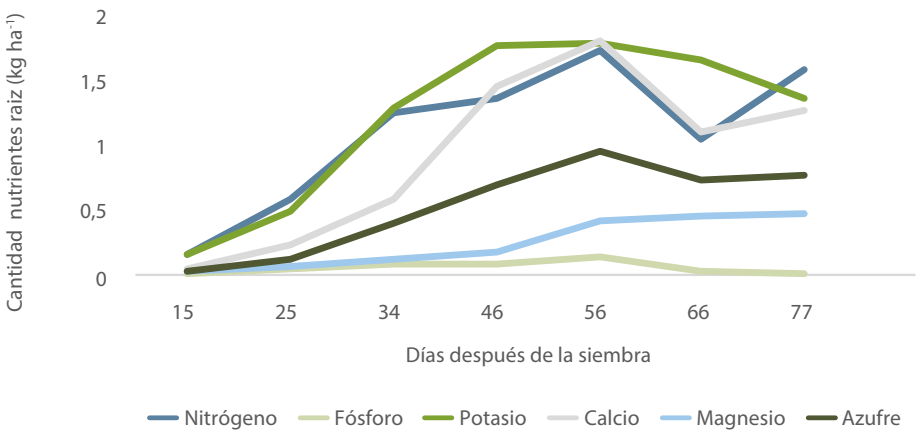
Fuente: Adaptado de Silva y Moreira, 2022.

Figura 4. Cantidad de micronutrientes (g ha^{-1}) en diferentes estados de desarrollo de la planta de frejol.

Concentración de nutrientes en diferentes estructuras de la planta

Raíz. El frejol posee un sistema radicular que se desarrolla principalmente en los primeros 40 cm de profundidad, esta zona es la mas activa donde se absorben la mayoría de los nutrientes y el agua, especialmente el fósforo, ya que el fosfato se acumula no más allá de los 20 los cm de profundidad (Rodríguez, 2004).

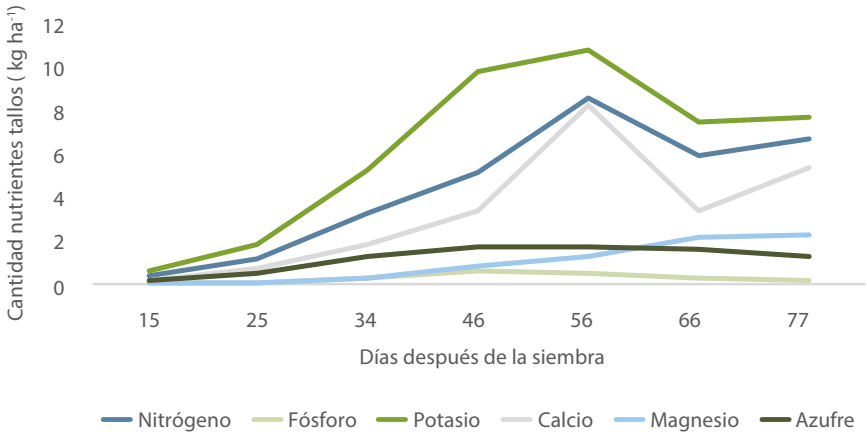
Se observa que el potasio y el nitrógeno son los nutrientes más absorbidos por la raíz. La absorción del potasio llega a su máximo a los 40 días después de la siembra (DDS) aproximadamente, para posteriormente empezar a disminuir lentamente hasta los 77 días. En el caso del nitrógeno, se observa una disminución de absorción alrededor de los 56 DDS hasta los 66 DDS, y un aumento hasta los 77 DDS (Fig. 5). El calcio, es un nutriente que es absorbido, en menor cantidad durante los primeros estados de desarrollo de la planta, sin embargo, alcanza un nivel similar al potasio y nitrógeno a los 56 DDS, para luego seguir una tendencia similar al nitrógeno (Fig. 5). Le siguen en orden descendente la absorción de azufre, magnesio y fósforo, los que siguen una tendencia similar al nitrógeno y calcio, que alcanzan un máximo de absorción a los 56 DDS (Fig. 5).



Fuente: Adaptado de Cobra, 1967.

Figura 5. Cantidad de nutrientes (kg ha^{-1}) en las raíces en diferentes estados de desarrollo de la planta.

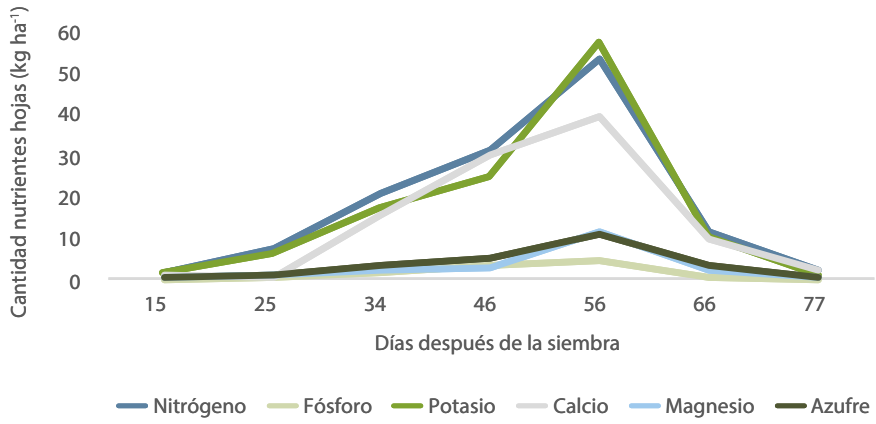
Tallos. La concentración de los elementos mayormente absorbidos, por los tallos sigue la misma tendencia que los absorbidos por las raíces, donde los principales elementos absorbidos en forma decreciente son: potasio, nitrógeno y calcio, todos los cuales tienen un máximo de absorción a los 56 DDS. A estos tres nutrientes, le siguen el azufre, magnesio y fósforo. En el caso del azufre y el fósforo la máxima absorción se observa a los 46 DDS, en comparación al magnesio que lo logra a los 66 DDS (Fig. 6).



Fuente: Adaptado de Cobra, 1967.

Figura 6. Cantidad de nutrientes (kg ha^{-1}) en los tallos en diferentes estados de desarrollo de la planta.

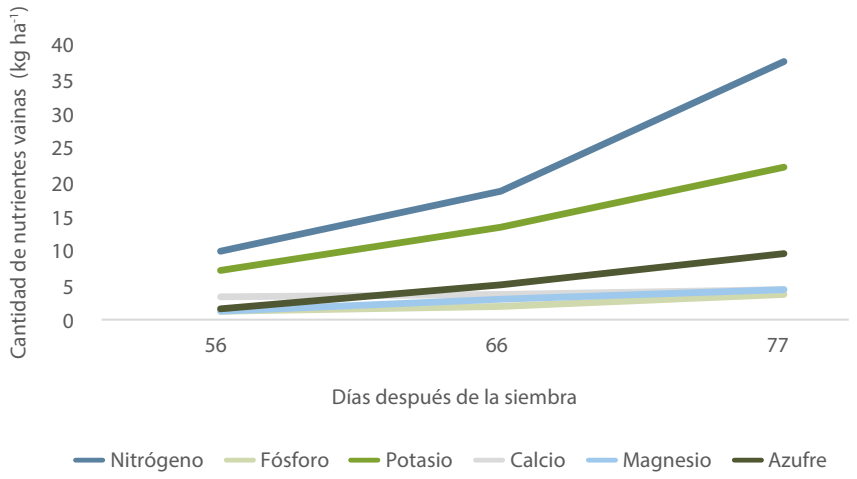
Hojas. En las hojas, el potasio, nitrógeno y calcio son los elementos que presentan la mayor concentración, lo que llega a su máximo a los 56 DDS. La concentración de azufre, magnesio y fósforo en las hojas son muy similares hasta los 46 DDS, donde aumentan las concentraciones de azufre y magnesio hasta los 56 DDS, a diferencia del fósforo que su concentración se mantiene estable hasta los 56 DDS, para luego disminuir, al igual que el azufre y magnesio (Fig. 7).



Fuente: Adaptado de Cobra, 1967.

Figura 7. Cantidad de nutrientes (kg ha^{-1}) en las hojas en diferentes estados de desarrollo de la planta.

Vainas. El nutriente que presenta la mayor concentración en las vainas es el nitrógeno, seguido del potasio y en menor medida por el azufre, calcio, magnesio y fósforo. El nitrógeno, potasio y azufre aumentan en forma sostenida a partir de los 56 DDS hasta los 77 DDS, En el caso del nitrógeno el aumento de su concentración es más acelerada a partir de los 66 DDS, debido al alto requerimiento de nitrógeno para formar la semilla, y proteínas (Fig.8).



Fuente: Adaptado de Cobra, 1967.

Figura 8. Cantidad de nutrientes (kg ha^{-1}) en las vainas en diferentes estados de desarrollo de la planta.

Diagnóstico nutricional: suelo y planta

Los problemas nutricionales se pueden diagnosticar, mediante un análisis de suelo y/o del tejido de la planta, como también a través de la observación de los síntomas que se manifiestan en las plantas. Para el análisis de los niveles de nutrientes en el suelo, las muestras se obtienen con un barreno y/o pala, desde diferentes sectores representativos del potrero donde se va a sembrar el frejol. Posteriormente, las muestras se mezclan para generar una muestra compuesta, la cual será enviada y analizada en el laboratorio para determinar la cantidad de macro y micronutrientes disponibles para las plantas. En el caso de las muestras de tejido foliar, estas deben estar compuestas de hojas jóvenes (sin pecíolo) y tomadas al inicio de la floración (Howeler, 1980). Los resultados de estos análisis deben ser comparados y correlacionados con ensayos de respuesta a los diferentes nutrientes, para determinar los niveles críticos, y entregar la recomendación de la cantidad de nutrientes a aplicar al cultivo (Thung, 1991).

En general, la baja disponibilidad de los nutrientes en el suelo afecta el desarrollo de la planta, pues reduce la asimilación de carbono, el desarrollo y el rendimiento del cultivo (Smith et al., 2022; Singh et al., 2003), además predispone a la planta a sufrir diferentes tipos de estrés (sequía, temperatura), aumenta la susceptibilidad a enfermedades (Thung, 1991), disminuye la formación de raíces (Rao et al., 2016) y la fijación simbiótica de nitrógeno (Díaz et al., 2017).

Nitrógeno (N)

El nitrógeno juega un rol importante en el metabolismo, crecimiento y desarrollo de la planta, ya que es un componente de los ácidos nucleicos y proteínas. La planta del frejol obtiene el nitrógeno, a través del proceso de fijación simbiótica y, a través de la fertilización mineral.

Estudios iniciales determinaron la presencia de *Rhizobium leguminosarum* bv. *phaseoli e*n los los nódulos de la raíz de la planta (Longeri et al., 1992; Urzúa y Tesser, 1995; Urzúa, 2005). Sin embargo, un trabajo posterior identificó la presencia de al menos cuatro especies *Rhizobium* asociadas a la nodulación de frejoles *R. leguminosarum*, *R. elti*, *R. tropici* y *R. leucaenae*, siendo *R. leguminsarum* la especie más frecuente y diversa encontrada en los suelos de la zona central y centro sur del país, que poseían un pH entre 5,3 y 8,2 y un contenido de materia orgánica entre 2,1 y 4,0 % (Baginsky et al 2015).

En el proceso de simbiosis, el rizobio induce en la raíz el desarrollo de nódulos, donde se establecen las bacterias que reducen el N_2 a amonio (NH_4). Este Nitrógeno es usado por la planta para la fabricación de proteínas y otros compuestos nitrogenados. Por otro lado, las hojas reducen el CO_2 en azúcares durante la fotosíntesis, lo que es transportado a la raíz, donde los bacteroides lo usan como fuente de energía en el proceso de inmovilizar N_2. Sin embargo, la producción de carbohidratos ocurre al mismo tiempo en que, la planta y los rizobios necesitan la máxima disponibilidad de carbohidratos, lo que se traduce en una fuerte competencia entre la planta y los rizobios por este nutriente (Thung, 1991).

Aunque, la planta del frejol es capaz de absorber nitrógeno a través del proceso de simbiosis, la cantidad de nitrógeno producido en este proceso no es suficiente para cubrir las necesidades de la planta (Dwivedi et al., 2015). Esta situación se puede deber a la presencia de factores abióticos (niveles de humedad, nutrientes, pH, entre otros) y bióticos, como las diferencias en la capacidad de fijar nitrógeno de las variedades y/o a la ausencia de cepas de rizobios eficientes (Rodríguez, 2004; Beebe, 2012; Farid et al., 2017; Barbosa et al., 2018; Fenta et al., 2020; Reinprecht et al.,

2020; Wilker et al., 2020). Diversos autores, indican niveles variables de fijación de nitrógeno que varían desde 106 kg de N ha^{-1} (Hossain et al., 2017), hasta 12 kg N ha^{-1} (Nleya et al., 2009).

La evaluación de la nodulación de frejol, en 147 siembras en la región del Biobío, mostró que en el 23 % de las siembras, las plantas no tenían nódulos en sus raíces. En las raíces con nódulos, sólo un 12,6 % eran activos y tenían un peso de 17,1 mg por planta. Esta situación, se presentó preferentemente en suelos de textura arcillosa (Longeri et al., 1992), posiblemente asociados al exceso de humedad y falta de oxigenación de las raíces de la planta. La escasa nodulación de la planta de frejol y baja fijación de nitrógeno, fue detectada también en siembras de frejoles realizadas en la zona central del país donde se estimó una fijación simbiótica de 27,5 kg de N ha^{-1} $año^{-1}$ (Novoa et al., 1991).

Dada esta situación, se empezó a recomendar inocular la semilla con bacterias eficientes, desinfectar la semilla con fungicidas que no tuvieran un efecto negativo sobre las bacterias fijadoras de nitrógeno (Fernández, 1983) y realizar una aplicación de 20 a 25 kg de N ha^{-1} al voleo, después de la siembra, para mejorar la fijación simbiótica y estimular un buen desarrollo inicial de las plántulas (Fernández, 1983). Las aplicaciones de inoculantes en frejol para consumo verde (cv. Summit), indicó un efecto positivo en la producción de vainas, que fue comparable a la aplicación de 70 kg de N ha^{-1}, sin embargo, la aplicación de dosis mayores de N causaron un efecto negativo sobre la fijación de N y sobre la nodulación. Por otro lado, el nitrógeno fijado en las vainas y granos fue superior cuando se utilizó inoculantes en comparación a la aplicación de nitrógeno inorgánico. En el tratamiento testigo los nódulos fueron abundantes, pero inefectivos (Urzúa et al., 2003).

A pesar de esta situación, experimentos de aplicación de inoculantes comerciales a la semilla en frejol destinado a la producción de grano seco, han presentado diferentes resultados. El uso de N^{15} en suelos trumaos de la VIII región estimó la cantidad de nitrógeno derivado de la fijación de nitrógeno en semilla inoculada, el cual fluctuó (NDF) entre 27 y 114 kg N ha^{-1}, dependiendo del hábito de crecimiento de los frejoles, lo que representó entre un 27 y 60 % de del NDF del total del nitrógeno absorbido por la planta (Longeri et al., 1990), lo que concuerda con otros resultados obtenidos en la zona central del país (Urzúa y Silva, 1999). Otro estudio realizado en la región de Ñuble, demostró la ausencia de un efecto positivo con la inoculación en frejoles en el rendimiento, en comparación con la respuesta positiva a la aplicación de 50 kg de N ha^{-1} (Rodríguez et al., 1995).

Deficiencia de nitrógeno. La deficiencia de nitrógeno es común en suelos con un bajo contenido de materia orgánica, en suelos ácidos donde los niveles de aluminio o manganeso son altos (tóxicos) o donde los niveles de calcio, magnesio son bajos y reducen la capacidad de descomposición de la materia orgánica y la fijación simbiótica realizada por los microorganismos (Howeler, 1980; Thung, 1991).

Síntomas de la deficiencia de nitrógeno. La deficiencia de nitrógeno, se detecta en las hojas más viejas, ubicadas en la parte baja de la planta. Estas hojas, se tornan de un color verde pálido y eventualmente toman un color amarillo, lo que puede avanzar hacia la parte más alta de la planta (Howeler, 1980). El resultado final son plantas más débiles, cloróticas, raquíticas y de bajo rendimiento (Foto 1).



Fuente: Howeler, 1980.

Foto 1. Deficiencia de nitrógeno en frejol.

En el año 1985, entre la región del Maule y del Biobío, se presentó la sintomatología del 'bronceado del frejol', como una manifestación de la planta a la deficiencia de nitrógeno, déficit hídrico y a la presencia de altos niveles de manganeso y hierro (France et al., 1986; Longeri et al., 1988; Rodríguez et al., 1995; Rodríguez, 2004). Los síntomas del 'bronceado' comienzan con una leve necrosis o muerte del tejido en el borde de las hojas, produciéndose un crecimiento irregular que da origen a un 'acucharamiento' de la hoja. A medida que avanza la sintomatología, las hojas adquieren una tonalidad café oscura, donde en manifestaciones severas, las hojas se necrosan y caen completamente, quedando sólo los tallos, pecíolos y vainas (Foto 2). Las vainas pueden presentar una mancha longitudinal de color café, sin decoloración de los granos. Los síntomas se presentaron desde la emergencia hasta el estado de vaina granada y las plantas afectadas no produjeron grano (France et al., 1986).



Fuente: France et al., 1986, Rodríguez et al., 1995.

Foto. 2. Síntomas de bronceado en hojas y en la planta.

Es importante destacar que el 'bronceado', se manifestó principalmente en variedades más precoces como los tipos 'Pinto', 'Arroz', 'Great Northern' y 'Red Kidney', variedades precoces que tienen una alta demanda de nutrientes en un corto periodo y un sistema radicular menos

extenso, a diferencia de las variedades tardías e intermedias, que poseen en general, un sistema radicular más extenso y que son capaces de explorar un mayor perfil del suelo, para extraer una mayor cantidad de nutrientes (Rodríguez et al., 1995).

Fertilización nitrogenada. Debido a la baja eficiencia de la fijación simbiótica , bajos niveles de nitrógeno y alta demanda de nitrógeno de la planta, es necesario aplicar fertilizantes nitrogenados; orgánicos (estiércol o abono verde) y/o inorgánicos. Las experiencias realizadas en el país no han detectado diferencias significativas en el rendimiento en las aplicaciones de las diferentes fuentes de nitrógeno inorgánico, como salitre o urea, por lo cual la elección del fertilizante a utilizar, depende del valor del kg de nitrógeno a usar.

La respuesta de la planta a dosis crecientes de nitrógeno va a depender de las características del suelo (contenido de materia orgánica, textura, pH), contenido de nitrógeno, fósforo, fijación de nitrógeno y de las variedades (hábito de crecimiento, precocidad).

En algunos suelos aluviales de la zona central, la respuesta a las aplicaciones de nitrógeno está relacionada con un menor contenido de materia orgánica en el suelo (INIA, 1970). A principios de 1970, se recomendaba realizar una fertilización de 40 a 60 kg ha^{-1} de nitrógeno, en forma de salitre o urea (Sotomayor, 1973). Sin embargo, la aplicación de nitrógeno junto a la semilla afectó negativamente la germinación de la semilla. Los mejores tratamientos fueron cuando la aplicación del nitrógeno se realizó al voleo o localizado cinco cm abajo y al lado de la semilla (INIA, 1970).

Otro estudio donde se evaluó la respuesta de tres variedades de frejol de diferente hábito de crecimiento y precocidad ('Fleetwood', tipo I, precoz; 'Blanco Español', tipo II, intermedio y 'Coscorrón', tipo III, tardío), con dosis crecientes de nitrógeno (0, 40, 80, 120, 160 y 200 kg N ha^{-1}), se determinó que, las tres variedades aumentaron su rendimiento con la aplicación de dosis crecientes de nitrógeno. La variedad 'Fleetwood' aumentó de 1,8 t ha^{-1} (sin aplicación de N) a 3,0 t ha^{-1} con las dosis de 200 kg de N ha^{-1}. Las otras variedades aumentaron su rendimiento de 2,5 t ha^{-1} a 3,4 t ha^{-1} con las dosis de 200 kg de N ha^{-1}. La eficiencia entre cero N y 120 kg de N ha^{-1}, correspondió a 4,58 kg de grano de frejol por cada kilo de nitrógeno aplicado como fertilizante (Rodríguez et al., 1995).

Recomendaciones de fertilización nitrogenada. Existen varias recomendaciones estándares de la aplicación de nitrógeno al cultivo del frejol. Por ejemplo, en un suelo con bajo contenido de nitrógeno (0 a 20 kg ha^{-1}) se puede aplicar 80-100 kg N ha^{-1}; con un nivel medio (20 a 40 kg ha^{-1}) se reduce a 50-60 kg N ha^{-1} y con un nivel alto (40 a 80 kg ha^{-1}) entre 0-20 kg N ha^{-1} (Rodríguez et al., 1995). Una segunda alternativa que usa valores de referencia del nitrógeno disponible en el suelo recomienda, que con: < 20 mg kg^{-1} aplicar 60-70 kg N ha^{-1}; 21-40 mg kg^{-1} aplicar 50-55 kg N ha^{-1}; y >41 mg kg^{-1} aplicar 30-40 kg N ha^{-1} (Tay y Hirzel, 2011). Una tercera alternativa, es aplicar 90 kg N ha^{-1}, para producción de grano seco; 75 kg N ha^{-1}, para producción de frejol granado y 60 kg N ha^{-1} para vaina verde (Faiguenbaum, 2003).

Las aplicaciones de nitrógeno deben parcializarse en dos aplicaciones, la primera a la siembra de 20-30 kg N ha^{-1} y el resto al estado de botón floral, para el caso de producción para vaina verde, y luego de la iniciación de la floración para producción de granado y grano seco (Faiguenbaum, 2003). La aplicación del fertilizante, se debe realizar con el suelo húmedo para favorecer la absorción del nitrógeno por la planta.

Fósforo (P)

El fósforo, es un elemento esencial que determina el crecimiento, desarrollo y producción de la planta (Malhotra et al., 2018). El fósforo, es componente de las nucleoproteínas, ácidos nucleicos y fosfolípidos, azúcares fosfatadas y todas las enzimas involucradas en el transporte de energía. Además, participa en los procesos de germinación de la semilla, desarrollo de raíces y tallos, fosforilación, fotosíntesis, respiración, síntesis y descomposición de carbohidratos, proteínas y grasas (Malhotra et al., 2018; Isidra-Arellano et al., 2021). El fósforo juega también un papel importante al estimular la tolerancia al estrés abiótico causados, por alta temperatura, salinidad, sequía, anegamiento, metales pesados (Lambers, 2022) y la fijación simbiótica de N (Malhotra et al., 2018).

La planta es capaz de detectar y responder a las variaciones de la disponibilidad del nutriente, a través de diferentes sistemas de señales, como la modulación de la arquitectura de las raíces y ajustes de la morfología de las estomas (Shen et al., 2011).

Deficiencia de fósforo. En Chile la principal deficiencia nutricional que limita el rendimiento del frejol, es el fósforo, ya que los suelos donde se siembran frejoles poseen baja disponibilidad y una alta capacidad de fijación de fósforo (Rodríguez, 2004).

El fósforo está presente en el suelo en forma orgánica e inorgánica. El fósforo, es absorbido por las plantas en la forma de $H_2PO_4^-$ y $HPO_4^=$ (ortofosfatos), ambos pueden reaccionar con el hierro, aluminio, calcio o magnesio y formar compuestos estables, por lo cual, gran parte del fósforo es fijado en el suelo y no es accesible para las plantas. Adicionalmente, el fósforo se mueve muy poco en el perfil del suelo, debido a su baja solubilidad.

La concentración de fósforo en el suelo es 2000 veces mayor que en la planta. Sin embargo, la eficiencia en su uso es de alrededor un 15 a 20 %, lo que indica que la mayor parte del fósforo aplicado al suelo no está disponible para la planta. La concentración del fósforo en la planta varía entre 0,05 % a 0,5 % del peso total de la planta y la deficiencia de este nutriente puede reducir entre un 30 a 40 % el rendimiento del cultivo (Malhotra et al., 2018). La mayor deficiencia de fósforo en frejol, se observa cuando la siembra se realiza en suelos ácidos (Thung, 1991).

La planta responde a través de varios cambios en procesos fisiológicos, bioquímicos y metabólicos ante una deficiencia de fósforo. Las plantas deficientes en P translocan más carbono desde los tallos a las raíces, lo que estimula su crecimiento y un cambio en la arquitectura de las raíces que incluye una mayor longitud, presencia de raíces laterales, biomasa, formación de grupos de raíces y/o liberación de compuestos orgánicos, para aumentar la facilidad de absorción y disponibilidad del fósforo en el suelo. Además, para prevenir la inhibición de la fotosíntesis la planta modifica la composición de la membrana tilacoide, conservando de esta manera el fósforo y la integridad de la membrana (Malhotra et al., 2018).

En un trabajo realizado en macetas y en cuatro tipos de suelos aluviales de la zona central (Pirque, Santiago, Lo Herrera y Maipo) utilizando la variedad 'Red Kidney' y una fertilización de fósforo: 1) Nivel bajo: fósforo natural del suelo, 2) Nivel medio: aplicación de 10 ppm de fósforo (50 kg de P_2O_5). Nivel alto: aplicación de 20 ppm de fósforo (100 kg de P_2O_5), indicó que, a pesar del aumento de la concentración de fósforo en la planta, esta situación no repercutió en un aumento en el peso seco y rendimiento de de las plantas, y que las plantas lograron satisfacer sus necesidades nutricionales con 10 ppm de P (equivalente a 50 kg de P_2O_5 ha^{-1}). Por otro lado, las aplicaciones de fósforo no lograron afectar, los contenidos de nitrógeno y potasio en la planta (Parodi et al., 1977).

En otro estudio realizado en un suelo trumao, con un bajo contenido de P en el suelo (Chillán), utilizando la variedad 'Pinto 114', se obtuvo un aumento en rendimiento superior a un 50 % con aplicaciones crecientes de P (0, 60, 120 y 160 kg de P_2O_5 ha^{-1}) a la forma de superfosfato triple (SFT) y Fosfato diamónico (FD). El SFT fue un 30 % superior al FD. Al comparar la forma de aplicación de ambos fertilizantes, se observó que la aplicación del fósforo en banda aumentó el rendimiento en grano, en comparación con la aplicación al voleo e incorporación con un rastraje y a la aplicación en el surco junto a la semilla. La aplicación de FD al surco junto a la semilla puede producir daño a la semilla, debido a la acción del amonio (Rojas et al., 1986).

Otro trabajo realizado en Chillán, donde se estudió la interacción del riego y la aplicación de fertilizantes, en un suelo de la serie Diguillín. En este caso, se utilizaron tres frecuencias de riego (10, 15 y 30 días), dos dosis de nitrógeno (0 y 45 kg N ha^{-1}) y tres dosis de P (0, 31 y 62 kg P_2O_5 ha^{-1}). Los resultados indicaron sólo un efecto significativo y positivo en el rendimiento con los tratamientos de riego aplicados. No se detectó interacción entre la frecuencia de riego y las dosis de fósforo y nitrógeno aplicadas (Gallardo y Paredes, 1990).

Síntomas de la deficiencia de fósforo. La deficiencia de P afecta el crecimiento radicular, floración, frutos y la producción de semillas (Howeler, 1980; López et al., 2023). Las plantas deficientes en fósforo son raquíticas, tienen pocas ramas, y las hojas más viejas se tornan amarillas y necróticas antes de alcanzar la madurez. Las hojas más nuevas son pequeñas y de color verde oscuro (Howeler, 1980; Foto 3).



Fuente: Howeler, 1980.

Foto 3. Deficiencia de fósforo en frejol.

Fertilización. La deficiencia de fósforo en el suelo se corrige aplicando fertilizantes fosfatados, como el superfosfato triple, entre otros, en los que se expresa el fósforo en la forma de óxido (P_2O_5) en vez de su forma elemental. El frejol extrae aproximadamente 36 kg de P_2O_5 ha^{-1} (Fernández, 1983), por lo cual, la dosis de fósforo a aplicar al frejol dependerá del contenido de fósforo en el suelo. En general, suelos con niveles menores a 15 mg kg^{-1} de fósforo disponible (Olsen) necesitan de fertilización fosfatada (Tay y Hirzel, 2011).

En el país, la respuesta de la planta a la fertilización fosfatada ha sido variable, dependiendo de la zona geográfica y variedad de frejol utilizada. En la zona norte, donde predominan los suelos aluviales, la respuesta a la fertilización fosfatada del frejol ha sido menos consistente que en la zona sur, donde predominan los suelos trumaos (Letelier, 1967; Sotomayor, 1967; Fernández, 1983; Rojas et al., 1986; Tay y Hirzel, 2011).

Recomendación de fertilización. La deficiencia de fósforo es un problema común en los suelos trumaos de la zona Centro-sur del país, por lo cual, se recomienda aplicar fósforo al cultivo. Para conocer la cantidad de fósforo a aplicar, se recomienda realizar un análisis de suelo al potrero donde se va a sembrar (Rojas et al., 1986).

Recomendaciones basadas en el nivel de fósforo disponible en el suelo señalan que, para suelos de la zona central con menos de 10 ppm de P disponible en el suelo (Olsen), se puede aplicar 120 kg de P_2O_5 ha^{-1}; con un contenido de P de 10-25 ppm, aplicar 80 kg de P_2O_5 ha^{-1}; y con un contenido mayor a 25 ppm de P disponible, no se recomienda aplicar fertilizantes fosfatados (Fernández, 1983). Una recomendación general para la zona centro sur señala que; para suelos con menos de 8 mg kg^{-1} de P (Olsen), se recomienda aplicar 90 a 100 kg de P_2O_5 ha^{-1}; para suelos con 8-16 mg kg^{-1} de P, una dosis de 65 a 80 kg de P_2O_5 ha^{-1}; y para suelos con más de 16 mg kg^{-1} de P, una dosis de mantención de 45 a 55 P_2O_5 ha^{-1} (Tay y Hirzel, 2011).

Algunas recomendaciones iniciales, basadas en el tipo de suelo indicaban para suelos trumaos de la zona centro-sur aplicar una dosis de 45 a 60 kg de P_2O_5; y para siembras en suelos 'no trumaos' una dosis de 35 a 40 kg de P_2O_5, en forma de SFT o FD, teniendo cuidado con este último, de aplicar el fertilizante localizado para evitar el daño a la semilla (Rojas et al., 1986). Posteriormente, esta recomendación se cambió debido al mejor uso de tecnología a una aplicación de 60 a 100 kg de P_2O_5 para suelos trumaos y de 60 a 80 kg de P_2O_5 para suelos no trumaos, en la forma de superfosfato triple (Rojas et al., 1986).

En la aplicación de fósforo sigue siendo recomendable que, el fertilizante fosfatado no quede en contacto con la semilla, ya que puede afectar su viabilidad, por lo cual se recomienda aplicarlo al voleo o localizado cinco cm abajo y al lado de la semilla (INIA, 1970; Rojas et al., 1986).

Potasio (K)

El potasio es un elemento esencial para la planta, ya que representa hasta un 10 % del peso seco de las plantas (Ragel et al., 2019), participa en varias funciones de la planta, tales como la actividad enzimática, absorción de nutrientes, fotosíntesis, respiración y transpiración, síntesis de aminoácidos, división celular, fijación de nitrógeno y desarrollo de las plantas. El potasio aumenta la resistencia a enfermedades, sequía, salinidad y prevé la absorción del agua, lo cual favorece la germinación (Hasanuzzaman et al., 2018).

Este nutriente permanece en los residuos de la planta después de la cosecha, por ello se recomienda devolverlo al suelo mediante la incorporación del rastrojo al suelo, para reducir la cantidad de potasio a aplicar al suelo.

Deficiencia. Las deficiencias de K ocurren en suelos Oxisoles y Ultisoles con fertilidad muy baja, en suelos con altos contenidos de calcio y de magnesio, o en suelos, arenosos altamente permeables (Howeler, 1980). En nuestro país, los suelos usados en la producción de frejoles, tenían una disponibilidad de potasio adecuada para una buena producción de grano, sin embargo, la mayor intensidad de uso de estos suelos, sin fertilización potásica, redujo los niveles de potasio disponible en el suelo (Rodríguez, 2004).

Síntomas de la deficiencia de potasio. El potasio es un elemento móvil y, por lo tanto, la deficiencia se presenta en las hojas inferiores de la planta, con hojas amarillentas y necrosis de los ápices y márgenes de las hojas, lo que se puede extender a las hojas superiores (Foto 4).

La planta afectada presenta tallos débiles con entrenudos cortos, y un menor crecimiento de las raíces (Howeler, 1978; 1980; Thung, 1991).



Fuente: Howeler, 1980.

Foto 4. Deficiencia de potasio en frejol.

El potasio es absorbido en su forma iónica (K+) desde el suelo, a diferencia del N y P. El K no está asociado con la materia orgánica. La cantidad total de potasio en el suelo varía entre 0,3 a 2,5 %**,** sin embargo, un bajo porcentaje está disponible (intercambiable o en la solución) para la planta (Howeler, 1980). La cantidad de potasio disponible en suelo se puede determinar a través de un análisis de suelo.

Recomendación de fertilización. La deficiencia de K se puede corregir con aplicaciones de fertilizantes (Fageria et al., 2001). La recomendación general, es aplicar el potasio al momento de la siembra en dosis de 50 a 100 kg de K_2O en forma de cloruro de potasio (60 % de K_2O), sulfato de potasio (50 % de K_2O) o sulpomag (22 % de K_2O) (Rodríguez, 2004). Sin embargo, la recomendación basada en el nivel de potasio disponible o intercambiable (cmol kg^{-1}) en el suelo indica que, con menos de 25 cmol kg^{-1} de K, se puede aplicar 60 a 80 kg de K_2O ha^{-1}; con 0,25 - 0,4 cmol kg^{-1} de K, aplicar 45 a 55 kg de K_2O ha^{-1}; y con un nivel mayor a 0,4 cmol kg^{-1} de K, aplicar 30 a 40 kg de K_2O ha^{-1} (Tay y Hirzel, 2011).

Azufre (S)

Es un elemento esencial para el crecimiento de la planta, rendimiento, contenido y calidad de las proteínas, ya que es un componente de algunos aminoácidos como metionina, cistina y cisteína (Malavolta et al., 1987; Takahashi et al., 2011).

Deficiencia. En nuestro país, la deficiencia de S no es común en los suelos en que se cultiva el frejol, pero puede presentarse en aquellos suelos intensamente cultivados (Rodríguez, 2004). La deficiencia de este nutriente reduce el crecimiento, la fotosíntesis, y la fijación de nitrógeno. Los síntomas se presentan en las hojas ubicadas en la parte inferior de la planta, las que se tornan amarillentas, y avanza hacia las hojas superiores (Howeler, 1980) (Foto 5).

Síntomas de la deficiencia de azufre. Los síntomas son muy parecidos a los causados por la deficiencia del nitrógeno (Howeler, 1980; Thung, 1991). La planta deficiente en azufre pierde la rigidez de los tallos, se torna débil, produce un menor número de ramas, flores y vainas lo

que conlleva a un bajo rendimiento (Crusciol et al., 2006). La deficiencia de azufre produce una acumulación de nitrógeno inorgánico y de la radical amida de los compuestos nitrogenados en las hojas, lo cual inhibe la síntesis de proteínas (Howeler, 1980).



Fuente: Howeler, 1980.

Foto 5. Deficiencia de azufre en frejol.

La planta absorbe el azufre en su forma inorgánica como anión sulfato (SO_4^{-2}), aunque el 90 % del azufre se encuentra en forma orgánica en la mayoría de los suelos, por lo cual, la disponibilidad del azufre en el suelo depende de la mineralización de la forma orgánica a inorgánica, como sulfato. El azufre, se puede lixiviar de la solución del suelo ya que posee una baja capacidad de adsorción, aunque su nivel de adsorción aumenta en suelos ricos en hierro y aluminio (Ishiguro y Makino, 2011).

Recomendación de fertilización. Una recomendación general, es aplicar 10 a 20 kg del elemento puro o el uso de fertilizantes que contengan azufre, como el sulfato de amonio o sulfato de potasio (Howeler, 1978). La recomendación de aplicar fertilizantes azufrados, basada en el azufre disponible indica que en suelos con menos de 8 mg kg^{-1} de S, aplicar 20 a 25 kg de S ha^{-1}; entre 8 y 12 mg kg^{-1}de S, 10 a 15 kg de S ha^{-1}; y mayor a 12 mg kg^{-1} de S, aplicar 0 a 15 kg de S ha^{-1} (Tay y Hirzel, 2011).

Magnesio (Mg)

El magnesio es parte de la molécula de la clorofila, por lo tanto, es clave en la fotosíntesis. Además, interviene en la activación de enzimas, síntesis de proteínas, partición de los carbohidratos, desarrollo del polen, macho esterilidad, tolerancia estrés, producción de materia seca y en el rendimiento de la planta (Boaro et al., 1997; Cakmak y Kirkby, 2008; Farhat et al., 2016; Nèjia et al., 2016; Wang et al., 2020; Ishfaq et al., 2022; Ahmed et al., 2023).

Deficiencia de magnesio. La deficiencia puede ocurrir en suelos ácidos, donde el porcentaje de saturación de bases es muy bajo o en suelos con altos contenidos de calcio y potasio (Howeler, 1978; Ishfaq et al., 2022).

Síntomas de la deficiencia de magnesio. Se presenta una clorosis intervenal y necrosis en las hojas más viejas, la que puede avanzar a las hojas más jóvenes (Howeler, 1978). Después

de su absorción del suelo, el Mg^{2+} es transportado a través del xilema hasta los brotes, como también a través del floema hacia los frutos y semillas, y desde los tejidos viejos a los jóvenes, lo que promueve su reutilización en condiciones de escasez de Mg (Foto 6). La movilidad en el floema también implica un reciclaje continuo de Mg^{2+} entre brotes y raíces (De Bang et al., 2021).



Fuente: Howeler, 1980.

Foto 6. Deficiencia de magnesio en frejol.

Recomendación de fertilización. La deficiencia de magnesio se puede controlar mediante la aplicación de MgO o con aplicaciones de sulfato de magnesio al suelo o al follaje, sin embargo, las aplicaciones al suelo son más efectivas, ya que su translocación dentro de la planta es más rápida, en comparación a las aplicaciones foliares (Howeler, 1978; 1980).

Basado en el contenido de Mg intercambiable (cmol kg^{-1}), se recomienda aplicar entre 25 a 30 kg de MgO ha^{-1} para un suelo con 0,8-1,2 cmol kg^{-1}; para un suelo con 0,8 a 1,2 cmol kg^{-1}, aplicar 15-20 kg de MgO ha^{-1}; y para suelos con un valor mayor a 1,2 cmol kg^{-1}, aplicar entre 0 a 10 kg de MgO ha^{-1} (Tay y Hirzel, 2011).

Calcio (Ca)

El calcio juega un rol importante en varios procesos de la planta, tales como; la permeabilidad e integridad de la membrana celular, proceso de germinación y crecimiento del polen, activación de enzimas, división celular, síntesis de proteínas, transporte de carbohidratos, interacción con microrganismos y respuestas a estrés bióticos y abióticos (Heppler y Wayne, 1985; White y Broadley, 2003; Ge et al., 2007; Tuteja y Mahajan, 2007; Park y Shin, 2022; Agaras et al., 2023).

Deficiencia de calcio. La disponibilidad de calcio en las plantas de frejol depende de su concentración en la solución del suelo, de las propiedades químicas, tales como la acidez y la concentración de aluminio. La deficiencia de calcio se presenta en combinación con la toxicidad de aluminio en suelos Oxisoles y Ultisoles (Howeler, 1978; 1980).

El calcio es un elemento que no se mueve en la planta, ya que no puede penetrar fácilmente al floema (Thung, 1991), aunque otros autores señalan que, la transpiración, así como la absorción de agua de la planta podría impulsar el transporte de Ca en la vía del xilema hacia los tejidos vegetativos de la planta de frejol (Bell y Biddulph, 1963; Biddulph et al., 1961; Pomper y Grusak, 2004), que el movimiento del Ca^{2+} depende de la velocidad del movimiento del agua y de la capacidad de unión del Ca^{2+} (absorción-desorción) con las células intervinientes (Gilliham et al., 2011).

Síntomas de la deficiencia de calcio. Los síntomas de la deficiencia de calcio aparecen en los primeros estados de desarrollo de la planta, en la parte aérea y en las raíces (Thung, 1991). Las plantas permanecen pequeñas y tienen un escaso desarrollo radicular. Las hojas presentan un color verde intenso, con un leve amarillamiento en los márgenes y ápices, por lo cual, se pueden arrugar o enroscar hacia abajo (Foto 7). Los entrenudos son cortos y la planta tiene un desarrollo en 'roseta' (Howeler, 1978; 1980; Thung, 1991). La deficiencia de calcio, se confunde con la toxicidad de aluminio en suelos ácidos o aluminio o manganeso en suelos derivados de cenizas volcánicas (Thung, 1991).



Fuente: Howeler, 1980.

Foto 7. Deficiencia de calcio en frejol**.**

Recomendación de fertilización. La deficiencia de calcio se controla mediante la incorporación de cal agrícola. Las aplicaciones de calcio deben ir acompañadas con las de fósforo, ya que aumenta la translocación de fósforo de las raíces a las hojas. Basado en el pH del suelo, se recomienda aplicar 2.500 a 3.000 kg de $CaCO_3$ si el suelo posee un pH inferior a 5,8. Cuando el pH varía entre 5,8 - 6,2, aplicar entre 1.000 a 1.500 kg de $CaCO_3$; y con un pH mayor a 6,2, aplicar 0 a 500 kg de $CaCO_3$ (Tay y Hirzel, 2011).

Zinc (Zn)

El zinc participa en una amplia variedad de funciones fisiológicas, incluyendo síntesis de proteínas, producción de energía, mantención de la integridad de la membrana, multiplicación y crecimiento de las células, actividad fotosintética y actividades enzimáticas y fertilidad del polen (Broadley et al., 2007; Sharma et al., 2012; Saleem et al., 2022). Por lo cual, el frejol sembrado en suelos con deficiencia de zinc, presentan un bajo potencial de rendimiento y calidad de grano (Sadeghzadeh, 2013).

Deficiencia de zinc. Las deficiencias de hierro y zinc están entre las principales causas de la malnutrición mineral en el mundo. En los humanos el zinc es importante para la función inmune, síntesis de proteínas, síntesis de ADN y división celular. La deficiencia de zinc en la dieta de los humanos causa problemas en el crecimiento, sistema inmune y susceptibilidad a infecciones (Prasad, 2001; Roohani et al., 2013). Debido a esta situación, existen esfuerzos para mejorar la concentración de zinc en varios granos alimenticios como el frejol, trigo a través de la biofortificación (Blair, 2013; Bouis y Saltzman, 2017; Hall y King, 2022).

Las raíces de la planta absorben el zinc principalmente desde la solución del suelo, como Zn^{2+}, el que es translocado vía la xilema al resto de la planta (Broadley et al., 2007). La deficiencia de zinc, se presenta en suelos con pH alto, en suelos ácidos sobre encalados, de bajo contenido de Zn, aunque puede ser inducida también por altas aplicaciones de fósforo (Howeler, 1978; 1980; Thung, 1991).

Síntomas de la deficiencia de zinc. La deficiencia de Zn, se manifiesta como una clorosis intervenal de las hojas inferiores y superiores, las que luego se vuelven necróticas (Howeler, 1978; 1980; Thung, 1991) (Foto 8).



Fuente: Howeler, 1980.

Foto 8. Deficiencia de zinc en frejol.

Recomendación de fertilización. La deficiencia de zinc se puede controlar, en general, con aplicaciones de 5 a 10 kg de zinc en la forma de sulfato de zinc, quelatos de zinc o aplicaciones foliares de sulfato de zinc al 0,5% (Howeler, 1978; 1980).

La recomendación basada en el contenido de Zn disponible en el suelos indica que en suelos con menos de 0,5 mg kg^{-1} de Zn disponible en el suelo, aplicar 0,8 - 1,2 kg de Zn ha^{-1}; suelos con 0,5 - 1,0 mg kg^{-1} de Zn disponible, aplicar 0,4 - 0,8 kg de Zn ha^{-1}; y para suelos con un contenido mayor a 1,0 mg kg^{-1} de Zn disponible, aplicar 0 - 0,4 kg de Zn ha^{-1} (Tay y Hirzel, 2021). Dividir la fertilización en dos o tres aplicaciones foliares no es efectiva comparada con una sola aplicación. Por otro lado, la fertilización combinada, al suelo y foliar aumenta la concentración de zinc en el grano (Cambria et al., 2019).

Hierro (Fe)

El hierro, es un elemento importante para el crecimiento y desarrollo de la planta, ya que participa en varios procesos fisiológicos, como: síntesis de ADN, clorofila, fotosíntesis, respiración, y transferencia de energía. Además, es componente de enzimas y proteínas (Schmidt et al., 2020; Li et al., 2023). Sin embargo, el exceso de hierro en las plantas causa problema en el desarrollo y reduce el rendimiento, debido a que en condiciones aeróbicas el Fe reacciona con el peróxido

de hidrogeno (H_2O_2) generando especies reactivas de oxígeno (ROS) que son dañinas para la célula (Dixon y Stockwel, 2014).

Para absorber el hierro, las plantas no gramíneas liberan protones y secretan compuestos fenólicos para solubilizar el hierro y reducir el Fe^{+3} a Fe^{+2} para ser transportado a la raíz por un transportador regulado por hierro (IRT1) (Jeong y Connolly, 2009; Cesco et al., 2010). En general, el 80 % del hierro se encuentra en las células fotosintéticas, donde cumple un rol fundamental en la síntesis de citocromos, clorofila, trasporte de electrones y construcción de grupos Fe-S (Briat et al., 2007).

Deficiencia de hierro. A pesar que el hierro es un elemento abundante en la tierra, se presentan deficiencias debido a que el hierro está en una forma poco soluble, especialmente en suelos neutros y con pH alcalino (Zuo y Zhang, 2011; Briat et al., 2015).

Síntomas de la deficiencia de hierro. La deficiencia de hierro se manifiesta en un pobre desarrollo y estabilización de la clorofila, produciendo clorosis intervenal en las hojas superiores, las que pueden avanzar a un color amarillo uniforme muy pálido, un pobre crecimiento y un escaso rendimiento (Guerinot y Yi,1994; Zuo y Zhang, 2011; Briat et al., 2015) (Foto 9).



Fuente: Howeler, 1980.

Foto 9. Deficiencia de hierro en frejol.

En humanos el fierro es esencial para varios procesos celulares, su deficiencia puede causar anemia (Steinbicker y Muckenthaler, 2013; López et al., 2016), debido a esta situación se ha desarrollado un programa de biofortificación de hierro en varias especies alimenticias como frejol, maíz entre otras (Petry et al., 2015; Sperotto y Ricachenevsky, 2017; Kumar y Pandey, 2020).

Recomendación de fertilización. La deficiencia de hierro se controla con aplicaciones foliares de quelatos de hierro (Howeler, 1978; 1980; Thung, 1991).

Molibdeno (Mo)

El molibdeno, es un componente importante de enzimas necesarias para el metabolismo del nitrógeno como la nitrogenasa, esencial para la fijación de nitrógeno y el nitrato reductasa,

indispensable para el uso de los nitratos absorbidos por la planta de frejol (Mendel y Haensch, 2002; Kaiser et al., 2005; Huang et al., 2022). Participa además en la degradación de purinas, síntesis de fitohormonas, detoxificación de sulfitos (Brittner, 2014) y en el microbiota del suelo (Rana et al., 2025).

Deficiencia de molibdeno. La deficiencia de molibdeno en el frejol es muy poco frecuente (Thung, 1991). Sin embargo, existe información sobre el efecto positivo de aplicaciones de molibdeno en la nodulación; rendimiento en grano (Biswas et al., 2020); contenido de clorofila, fotosíntesis concentración de CO_2 y transpiración (Bambara y Ndakidemi, 2009; Biscaro et al., 2009).

Boro (B)

Es un elemento esencial en las plantas, ya que participa en muchos procesos fisiológicos, como: transporte de azúcares, síntesis de la pared celular, estructura de la célula, metabolismo de los carbohidratos, respiración, germinación y desarrollo del polen, puede bloquear la síntesis de clorofila y la actividad fotosintética y reducir la elongación de las raíces. Además, el boro interactúa con otros nutrientes tales como calcio, nitrógeno, fósforo, zinc, entre otros, y también contribuye a la adaptación de las plantas a diferentes ambientes (Arunkumar et al., 2018; Shireen et al., 2018; Brdar-Jokanovic, 2020; Nejad y Etesami, 2020; Pereira et al., 2021; Long, y Peng, 2023; Vera-Maldonado et al., 2024).

Deficiencia. La deficiencia de boro es común en suelos de textura liviana, con bajo contenido de materia orgánica y alto contenido de hidróxidos de aluminio y de hierro o en suelos aluviales con pH alto y bajo contenido total de boro. El boro posee un estrecho rango entre la deficiencia y la toxicidad (Brdar-Jokanovic, 2020). La toxicidad por boro produce hojas amarillas con bordes necróticos (Howeler, 1978; 1980).

Síntomas de la deficiencia de boro. Los síntomas de boro se presentan después de la germinación, cuando las plantas están pequeñas, ya que el contenido de boro en la semilla de frejol es bajo (Thung, 1991). Plantas deficientes presentan tallos y hojas muy gruesas, con manchas amarillas y necróticas, las hojas tienden a curvarse hacia abajo, las yemas terminales mueren y las laterales proliferan (Foto 10). En casos extremos las plantas se atrofian o pueden morir rápidamente (Howeler, 1978; 1980; Thung, 1991; Zhao, 2024).



Fuente: Howeler, 1980.

Foto 10. Deficiencia de boro en frejol.

Recomendación de fertilización. La deficiencia de boro se puede corregir haciendo aplicaciones de boro a la siembra o aplicaciones foliares. Aplicaciones al suelo de 1 a 2 kg de boro ha^{-1}, como borax o aplicaciones foliares de 1% de borax pueden ser suficientes para eliminar los síntomas leves de deficiencia (Thung, 1991). Otra alternativa es fertilizar un suelo con menos de 0,5 mg kg^{-1} de boro disponible, con 0,8 - 1,2 kg ha^{-1} de boro; suelos con 0,5 - 1,0 mg kg^{-1} de boro disponible, aplicar 0,4 - 0,8 kg ha^{-1} de boro; suelos con más de 1,0 mg kg^{-1} de boro disponible, aplicar 0 - 0,4 kg ha^{-1} de boro (Tay y Hirzel, 2011).

Manganeso (Mn)

El manganeso participa en la síntesis de clorofila, vitaminas (riboflavina, ácido ascórbico, aminoácidos y de ATP, lignina, activación hormonal, división celular, germinación y madurez fisiológica del grano. Además, participa en la fotosíntesis, respiración, fotólisis del agua, asimilación del dióxido de carbono (CO_2), reacciones de óxido-reducción, activación de enzimas, metabolismo de lípidos, asimilación y transporte de nitrógeno, fósforo, calcio y magnesio y fijación de nitrógeno (Foy et al., 1978; González y Lynch, 1999a; Millaleo et al., 2010; Mousavi et al., 2011; Fernando y Lynch, 2015; Li et al., 2019; Alejandro et al., 2020).

Deficiencia de manganeso. La planta necesita una pequeña cantidad de manganeso para cumplir con sus procesos metabólicos, sin embargo, la planta está expuesta a diversas cantidades de manganeso en el suelo que debe regular utilizando diversos mecanismos, para evitar deficiencias o toxicidades (Shao et al., 2017). La deficiencia de manganeso se puede presentar en suelos orgánicos o en suelos minerales con pH alto. Las plantas deficientes se atrofian y las hojas superiores toman un color amarillo dorado intervenal (Foto 11), sintomatología semejante a un moteado (Howeler, 1978; 1980), lo que afecta la fotosíntesis de la planta (Schmidt et al., 2016).



Fuente: Howeler, 1980.

Foto 11. Deficiencia de manganeso en frejol.

Toxicidad de manganeso. El frejol, es una planta sensible al exceso de manganeso, aunque existe variación genética entre las variedades (France et al., 1986; González y Lynch, 1999b;

Beebe et al., 2020). La toxicidad de manganeso ocurre principalmente en suelos de origen volcánico con pH menores a 5,5, y en suelos con problemas de drenaje o suelos con sistemas de inundación (Thung, 1991; Alejandro et al., 2020).

Síntomas de toxicidad de manganeso. El exceso de la concentración de manganeso en los tejidos de las plantas puede alterar varios procesos tales como actividad enzimática, absorción, translocación y utilización de otros minerales como calcio, magnesio, hierro y fósforo, causando un estrés oxidativo (González et al., 1998).

El manganeso es absorbido como Mn^{2+} y se acumula en los tejidos en activo crecimiento, por lo cual las hojas jóvenes son las más afectadas por la toxicidad (Thung, 1991). Cuando la toxicidad es severa, las hojas se curvan hacia abajo y se deforman. Las hojas más viejas presentan necrosis debido a la acumulación de manganeso y por la deficiencia de hierro. Además, se presenta una reducción en la producción de materia seca y en el rendimiento (Thung, 1991; France et al., 1986) (Foto 12).



Fuente: Howeler, 1980.

Foto 12. Toxicidad de manganeso en frejol.

En nuestro país, se detectó un problema de toxicidad de manganeso ('bronceado'), asociado a un déficit de nitrógeno y agua (France et al., 1986; Rodríguez et al., 1995).

Recomendación de fertilización. La deficiencia de manganeso se puede controlar con aplicaciones al suelo de 5-10 kg de manganeso ha^{-1}, en la forma de sulfato de manganeso o con aplicaciones foliares de quelatos de manganeso**.** Por otra parte, el exceso de manganeso se puede aliviar con aplicaciones de cal y mejorando las condiciones de drenaje del suelo (Howeler, 1978; 1980).

Referencias

Agaras, B., Grossi, C., Ulloa, R. 2023. Unveiling the secrets of calcium-dependent proteins in plant growth-promoting rhizobacteria: An abundance of discoveries awaits. Plants 12(19):3398.

Ahmed, N., Zhang, B., Bozdar, B., et al. 2023. The power of magnesium: Unlocking the potential for increased yield, quality, and stress tolerance of horticultural crops. Front. Plant. Sci. 14:1285512.

Alejandro, S., Höller, S., Meier, B., et al. 2020. Manganese in plants: From acquisition to subcellular allocation. Front. Plant. Sci.11:300.

Araos, F., Infante, J., Basualdo, E. 1974. Fertilidad de suelos de Coquimbo a Talca, según resultados de análisis de suelos. Inv. Progr. Agric. (Chile) 7(1):38-40.

Arunkumar, B., Thippeshappa, G., Anjali, M., et al. 2018. Boron: A critical micronutrient for crop growth and productivity. J. Pharmacogn. Phytochem. 7 (2):2738-2741.

Baginsky, C., Brito, B., Sherson, R., et al. 2005. Genetic diversity of *Rhizobium* from nodulating beans grown in a variety of Mediterranean climate soils of Chile. Arch. Microbiol. 197:419-429.

Bambara, S., Ndakidemi, P. 2009. Effects of *Rhizobium* inoculation, lime and molybdenum on photosynthesis and chlorophyll content of *Phaseolus vulgaris* L. Afr. J. Microbiol. Res. 3 (11):791-798.

Barbosa, N., Portilla, E., Buendía, H., et al. 2018. Genotypic differences in symbiotic nitrogen fixation ability and seed yield of climbing bean. Plant Soil 428(1):223-239.

Beebe, S. 2012. Common bean breeding in the tropics. Plant Breed. Rev. 36:357-426.

Beebe, S., González, V., Rengifo, J. 2020. Research on trace minerals in the common bean. Food Nutr. Bull. 21(4):387-391.

Bell, C., Biddulph, O. 1963. Translocation of calcium. Exchange versus mass flow. Plant Physiol. 38:610-614.

Biddulph, O., Nakayama, F., Cory, R. 1961. Transpiration stream and ascension of calcium. Plant Physiol. 36:429-436.

Biscaro, G., Goulart-Junior, S., Soratto, R., et al. 2009. Molybdenum applied to seeds and side dressing nitrogen on irrigated common bean in Cerrado soil. Cienc. Agrotec. 33 (5):1280-1287.

Biswas, S., Banerjee, A., Acharyya, P., et al. 2020. Response of French bean (*Phaseolus vulgaris* L. cv. Arka Arjun) to *Rhizobium* inoculation under varied levels of nitrogen and molybdenum. Int. J.Curr. Microbiol. Appl. Sci. 9 (3):2759-2767.

Blair, M. 2013. Mineral biofortification strategies for food staples: The example of common bean. J. Agric. Food Chem. 61(35):8287-8294.

Boaro, C., Rodríguez, J., Pedras, J., et al. 1997. Dry matter production of common bean with different magnesium levels in nutrient solution. Pesq. Agrop. Brasileira 32: 965-70.

Bouis, H., Saltzman, A. 2017. Improving nutrition through biofortification: A review of evidence from HarvestPlus, 2003 through 2016. Global Food Sec. 12:49-58.

Brdar-Jokanovic, M. 2020. Boron toxicity and deficiency in agricultural plants. Int. J. Mol. Sci. 21(4):1424.

Briat, J., Curie, C., Gaymard, F. 2007. Iron utilization and metabolism in plants. Curr. Opin. Plant. Biol. 10:276-282.

Briat, J., Dubos, C., Gaymard, F. 2015. Iron nutrition, biomass production, and plant product quality. Trends Plant. Sci. 20:33-40.

Brittner, F. 2014. Molybdenum metabolism in plants and crosstalk to iron. Front. Plant. Sci. 5:28.

Broadley, M., White, P., Hammond, J., et al. 2007. Zinc in plants. New Phytol. 173(4):677-702.

Cakmak, I., Kirkby, E. 2008. Role of magnesium in carbon partitioning and alleviating photooxidative damage. Physiol. Plant. 133: 692-704.

Cambraia, T., Fontes, R., Vergütz, L., et al. 2019. Agronomic biofortification of common bean grain with zinc. Pesq. Agrop. Brasileira 54:e01003.

Cesco, S., Neumann, G., Tomasi, N., et al. 2010. Release of plant-borne flavonoids into the rhizosphere and their role in plant nutrition. Plant Soil 329:1-25.

Cobra, A. 1967. Absorçao e deficiencias dos macronutrientes pelo feijoeiro (*Phaseolus vulgaris* L., var. Roxinho). Tese apresentada a Escola Superior de Agricultura Luis de Queiroz para obtençao do título de Doutor em Agronomia, Piracicaba, Estado de Sao Paulo, (SP), Brazil. 71p.

Crusciol, C., Soratto, R., Silva, L., et al. 2006 Aplicação de enxofre em cobertura no feijoeiro em sistema de plantio direto. Bragantia 65:459-465.

De Bang, T., Husted, S., Laursen, K., et al. 2021. The molecular–physiological functions of mineral macronutrients and their consequences for deficiency symptoms in plants. New Phytol. 229(5):2446-69.

Díaz, L., Ricaurte, J., Cajiao, C., et al. 2017. Phenotypic evaluation and QTL analysis of yield and symbiotic nitrogen fixation in a common bean population grown with two levels of phosphorus supply. Mol. Breed. 37:76.

Dixon, S., Stockwell, B. 2014. The role of iron and reactive oxygen species in cell death. Nat. Chem. Biol. 10:9-17.

Dwivedi, S., Sahrawat, K., Upadhyaya, H., et al. 2015. Advances in host plant and rhizobium genomics to enhance symbiotic nitrogen fixation in grain legumes. Adv. Agron. 129: 1-116.

Fageria, N., Filho, B., M., Da Costa, J., et al. 2001. Potassium-use efficiency in common bean genotypes. J .Plant. Nutr. 24(12):1937-45.

Faiguenbaum, H. 2003. Frejol (pp. 473-533). En Labranza, siembra y producción de los principales cultivos de Chile. Impr. y Edit. Ograma S.A., Santiago, Chile.

Farhat, N., Elkhouni, A., Zorrig, W., et al. 2016. Effects of magnesium deficiency on photosynthesis and carbohydrate partitioning. Acta Physiol. Plant. 38(6):145.

Farid, M., Earl, H., Pauls, K., et al. 2017. Response to selection for improved nitrogen fixation in common bean (*Phaseolus vulgaris* L.). Euphytica 213:99.

Fenta, B., Beebe, S., Kunert, K. 2020. Role of fixing nitrogen in common bean growth under water deficit conditions. Food Energy Secur. 9:e183.

Fernández, M. 1983. Fertilización del poroto. Inv. Progr. Agrop. La Platina 19:35-36.

Fernando, D., Lynch, J. 2015. Manganese phytotoxicity: New light on an old problem. Ann. Bot. 116:313-319.

Flor, M. 1985. Revisión de algunos criterios para la recomendación de fertilizantes en frejol (pp. 287-312). En M. López, F. Fernández, A. van Schoonhoven (Comp.). Frijol: Investigación y producción. Centro Internacional de Agricultura Tropical, CIAT, Cali, Colombia. 419p.

Foy, C., Chaney, R., White, M. 1978. The physiology of metal toxicity in plants. Annu. Rev. Plant. Physiol. 29:511-566.

France, A., Tay, J., Rodríguez, N. 1986. El bronceado del poroto. Un nuevo problema del cultivo. Inv. Prog. Agrop. Quilamapu 30:22-26.

Gallardo, I., Paredes, M. 1990. Efecto de la frecuencia de riego, fertilización nitrogenada y fosfórica sobre el frejol (*Phaseolus vulgaris* L.). Agric. Tec. 50(4):374-378.

Ge, L., Tian, Q., Russel, S. 2007. Calcium function and distribution during fertilization in angiosperms. Amer. J. Bot. 94(6):1046-1060.

Gilliham, M., Dayod, M., Hocking, B., et al. 2011. Calcium delivery and storage in plant leaves: Exploring the link with water flow. J. Exp. Bot. 62(7):2233-2250.

González, A., Lynch, J. 1999a**.** Subcellular and tissue Mn compartmentation in bean leaves under Mn toxicity stress. Aust. J. Plant. Physiol. 26(80):811-822.

González, A., Lynch, J. 1999b. Tolerance of tropical common bean genotypes to manganese toxicity: Performance under different growing conditions. J. Plant. Nutr. 22(3):511-525.

González, A., Steffen, K., Lynch, J. 1998. Light and excess manganese: Implications for oxidative stress in common bean. Plant. Physiol. 118(2):493-504.

Guerinot, M., Yi, Y. 1994. Iron: Nutritious, noxious, and not readily available. Plant. Physiol. 104:815-820.

Hall, A., King, J. 2022. Zinc fortification: Current trends and strategies. Nutrients 14:3895.

Hasanuzzaman, M., Bhuyan, M., Nahar, K., et al. 2018. Potassium: A vital regulator of plant responses and tolerance to abiotic stresses. Agronomy 8(3):31.

Heppler, P., Wayne, R. 1985. Calcium and plant development. Ann. Rev. Plant. Physiol. 36:397-439.

Hossain, Z., Wang, X., Hamel, C., et al. 2017. Biological nitrogen fixation by pulse crops on the semiarid Canadian prairie. Can. J. Plant. Sci. 97:119-131.

Howeler, R. 1978. Desordenes nutricionales (pp. 104-127). En H. Schwartz; G. Gálvez, A. Schoonhoven et al. (eds.). Problemas de campo en los cultivos de frejol en América Latina. Centro Internacional de Agricultura Tropical, CIAT, Cali, Colombia. 136p.

Howeler, R. 1980. Desordenes nutricionales (pp. 341-362). En H. Schwartz; G. Gálvez (eds.). Problemas de producción del frijol. Enfermedades, insectos, limitaciones edáficas y climáticas de *Phaseolus vulgaris*. Centro Internacional de Agricultura Tropical, CIAT, Cali Colombia, 424p.

Huang, X-Y., Hu, D-W., Zhao, F-J. 2022. Molybdenum: More than an essential element. J. Exp. Bot. 73(6):1766-1774.

INIA, 1970. Frejol (pp. 32-48). En Investigación Agropecuaria. Instituto de Investigaciones Agropecuarias, INIA, Santiago, Chile. 446p.

Ishfaq, M., Wang, Y., Yan, M., et al. 2022. Physiological essence of magnesium in plants and its widespread deficiency in the farming system of China. Front. Plant. Sci. 13:802274.

Ishiguro, M., Makino, T. 2011. Sulfate adsorption on a volcanic ash soil (allophanic Andisol) under low pH conditions. Colloids Surf. A: Physicochem. Eng. Asp. 384:121-125.

Isidra-Arellano, M., Delaux, P., Valdes-Lopez, O. 2021. The phosphate starvation response system: Its role in the regulation of plant-microbe interactions. Plant. Cell Physiol. 62:392-400.

Jeong, J., Connolly, E. 2009. Iron uptake mechanisms in plants: Functions of the FRO family of ferric reductases. Plant. Sci. 176:709-714.

Kaiser, B., Gridley, K., Brady, J., et al. 2005. The role of molybdenum in agricultural plant production. Ann. Bot. 96(5):745-754.

Kumar, S., Pandey, G. 2020. Biofortification of pulses and legumes to enhance nutrition. Heliyon 6(3):4-9.

Lambers, H. 2022. Phosphorus acquisition and utilization in plants. Annu. Rev. Plant. Biol. 73:17-42.

Letelier, E. 1967. Manual de fertilizantes para Chile. Banco del Estado de Chile, Santiago, Chile. 99p.

Li, J., Jia, Y., Dong, R., et al. 2019. Advances in the mechanisms of plant tolerance to manganese toxicity. Int. J. Mol. Sci. 20(20):5096.

Li, M., Watanabe, S., Gao, F., et al. 2023. Iron nutrition in plants: Towards a new paradigm?. Plants (Basel) 12(2):384.

Long, Y., Peng, J. 2023. Interaction between boron and other elements in plants. Genes 14 (1):130.

Longeri, L., Herrera, A., Vidal, I. 1988. Fertilización nitrogenada y toxicidad de fierro (Fe) y manganeso (Mn) en frejol. En H. Urzúa (ed.). Resúmenes de trabajos presentados en la XIV RELAR. Cienc. e Investig. Agrar. 15:201-202.

Longeri, L., Vidal, I., Herrera, A. 1990. Fijación de N en cultivares de frejol utilizando la técnica de N^{15} y respuesta a la fertilización nitrogenada (pp. 227-232). En Proceedings VI Congreso Nacional de la Ciencia del Suelo, organizado por la Sociedad Chilena de la Ciencia del Suelo y Universidad de la Frontera. Temuco, Chile.

Longeri, L., Vidal, I., Schenkel, G., et al. 1992. Estado nutricional y nodulación de siembras de frijol de la VIII región de Chile. Agric. Téc. (Chile) 52(3):330-335.

Lopez, A., Cacoub, P., Macdougall, I., et al. 2016. Iron deficiency anemia. Lancet 387:907-916.

López, G., Ahmadi, S., Amelung, W., et al. 2023. Nutrient deficiency effects on root architecture and root-to-shoot ratio in arable crops. Front. Plant. Sci.13:5385.

Malavolta, E., Vitti G., Rosolem, C., et al. 1987. Sulfur responses of Brazilian crops. J. Plant. Nutr.10:2153-2158.

Malhotra, H., Sharma, M., Pandey, R. 2018. Phosphorus nutrition: Plant. growth in response to deficiency and excess (pp. 171-190). In H., Malhotra; S., Vandana-Sharma; R., Pandey (eds). Plant nutrients and abiotic stress tolerance. Springer Nature Singapore Pte Ltd.

Mendel, R., Haensch, R. 2002. Molybdoenzymes and molybdenum cofactor in plants. J. Exp. Bot. 53:1689-1698.

Millaleo, R., Reyes-Diaz, M., Ivanov, A., et al. 2010. Manganese as essential and toxic element for plants: Transport, accumulation and resistance mechanisms. J. Soil Sci. Plant. Nutr. 10(4):476-494.

Mousavi, S., Shahsavari, M., Rezaei, M. 2011. A general overview on manganese (Mn) importance for crops production. Aust. J. Basic Appl. Sci. 5(9):1799-1803.

Nejad, S., Etesami, H. 2020. The importance of boron in plant nutrition (pp. 433-449). In R., Deshmukh, D., Tripathi, G., Gerriero (eds.). Metalloid in plants. Advances and future prospects. John Willey & Sons Ltd.

Nèjia, F., Amine, E., Walid, Z., et al. 2016. Effects of magnesium deficiency on photosynthesis and carbohydrate partitioning. Acta Physiol. Plant. 38:145.

Nleya, T., Walley, F., Vandenberg, A. 2009. Response of determinate and indeterminate common bean genotypes to *Rhizobium* inoculant in short season rainfed production system in the Canadian prairie. J. Plant. Nutr. 32:44-57.

Novoa, R., Martínez, M., Letelier, E. 1991. Comparación de un sistema de fertilización mineral con uno de fertilización orgánica en una rotación trigo-frejol. Agric. Téc. (Chile) 51(1):1-8.

Park, C., Shin, R. 2022. Calcium channels and transporters: Roles in response to biotic and abiotic stresses. Front. Plant. Sci.13:964059.

Parodi, E., Opazo, J., Mosjidis, J. 1977. Efecto de la aplicación de fósforo sobre el rendimiento biológico y contenido de nitrógeno, fósforo y potasio en la planta de frejol. Agric. Téc. (Chile) 37(1):12-18.

Pereira, G., Siqueira, J., Batista-Silva, W., et al. 2021. Boron: More than an essential element for land plants? Front. Plant. Sci. 11:610307.

Petry, N., Boy, E., Wirth, J., et al. 2015. Review: The potential of the common bean (*Phaseolus vulgaris*) as a vehicle for iron biofortification. Nutrients 7(2):2.

Pomper, K., Grusak, M. 2004. Calcium uptake and whole-plant water use influence pod calcium concentration in snap bean plants. J. Am. Soc. Hort. Sci. 129(6) :890-895.

Prasad, A. 2001. Discovery of human zinc deficiency: Impact on human health. Nutrition 17:685-687.

Ragel, P., Raddatz, N., Leidi, E. 2019. Regulation of K^+ Nutrition in plants. Front. Plant. Sci. 10:281.

Rana, M., Alshehri, D., Wang, R., et al. 2025. Effect of molybdenum supply on crop performance through rhizosphere soil microbial diversity and metabolite variation. Front. Plant. Sci. 15:1519540.

Rao, I., Miles, J., Beebe, S., et al. 2016. Root adaptations to soils with low fertility and aluminum toxicity. Ann. Bot.118:593-605.

Reinprecht, Y., Schram, L., Marsolais, F., et al. 2020. Effects of nitrogen application on nitrogen fixation in common bean production. Front. Plant. Sci. 11:1172.

Rodríguez, N. 2004. Uso adecuado de fertilizantes en poroto. Zona Centro-Sur. Bol. INIA Quilamapu N° 116. Instituto de Investigaciones Agropecuarias, INIA., Centro Regional de Investigación Quilamapu. Chillán, Chile. 26p.

Rodríguez, N., France, A., Tay, J. 1995. Fertilización nitrogenada de frejoles. Serie Quilamapu Nº 63. Instituto de Investigaciones Agropecuarias, Centro Regional de Investigación Quilamapu, Chillán, Chile. 12p.

Rojas, C., Tay, J., Paredes, M. 1986. Fertilización fosfatada en leguminosas de grano. Inv. Prog. Agrop. Quilamapu 2:6-9.

Roohani, N., Hurrell, R., Kelishadi, R., et al. 2013. Zinc and its importance for human health: An integrative review. J. Res. Med. Sci. 18:144.

Sadeghzadeh, B. 2013. A review of zinc nutrition and plant breeding. J. Soil Sci. Plant. Nutr. 13(4):905-927.

Saleem, M., Usman, K., Rizwan, M., et al. 2022. Functions and strategies for enhancing zinc availability in plants for sustainable agriculture. Front. Plant. Sci. 13:1033092.

Schmidt, S., Jensen, P., Husted, S. 2016. Manganese deficiency in plants: The impact on photosystem II. Trends Plant. Sci. 21:622-632.

Schmidt, W., Thomine, S., Buckhout, T. 2020. Editorial: Iron nutrition and interactions in plants. Front. Plant. Sci. 10:1670.

Shao, J., Yamaji, N., Shen, R., et al. 2017. The key to Mn homeostasis in plants: Regulation of Mn transporters. Trends Plant. Sci. 22(3):215-224.

Sharma, A., Patni, B., Shankhdhar, D., et al. 2012. Zinc-An indispensable micronutrient. Physiol. Mol. Biol. Plants 19(1):11-20.

Shen, J., Yuan, L., Zhang, J., et al. 2011. Phosphorus dynamics: From soil to plant. Plant. Physiol. 156:997-1005.

Shireen, F., Nawaz, M., Chen, C., et al. 2018. Boron: Functions and approaches to enhance its availability in plants for sustainable agriculture. Int. J. Mol. Sci. 19 (7):1856.

Sierra, C., Araos, F. 1976. Resumen de análisis de nitrógeno y fósforo en suelos de la zona central. Inv. Progr. Agric. La Platina 9(1):3-6.

Silva C., Moreira, S. 2022. Nutritional demand and nutrient export by modern cultivars of common bean. Pesq. Agrop. Brasileira 57:e02248.

Singh, S., Terán, H., Muñoz-Perea, C., et al. 2003. Low soil fertility tolerance in landraces and improved common bean genotypes. Crop Sci. 43:110-119.

Smith, M., Hodecker, B., Fuentes, D., et al. 2022. Investigating nutrient supply effects on plant growth and seed nutrient content in common bean. Plants11(6):737.

Sotomayor, I. 1967. Algunos factores que limitan los rendimientos del cultivo del frejol. Simiente 37(5/6):32.

Sotomayor, I. 1973. Fertilización del frejol. Inv. Progr. Agric. La Platina 5(1):11.

Sperotto, R., Ricachenevsky, F. 2017. Common bean Fe biofortification using model species` lessons. Front. Plant. Sci. 8:1-6.

Steinbicker, A., Muckenthaler, M. 2013. Out of balance-systemic iron homeostasis in iron-related disorders. Nutrients 5:3034-3061.

Takahashi, H., Kopriva, S., Giordano, M., et al. 2011. Sulfur assimilation in photosynthetic organisms: Molecular functions and regulations of transporters and assimilatory enzymes. Annu. Rev. Plant. Biol. 62:157-184.

Tay, J., Hirzel, J. 2011. Fertilización del cultivo del poroto (pp. 233-258). En J. Hirzel (ed.). Fertilización de cultivos en Chile. Colección libros INIA-28. Instituto de Investigaciones Agropecuarias, INIA, Centro Regional de Investigación INIA Quilamapu, Chillán, Chile. 432p.

Thung, M. 1991. Bean agronomy in monoculture (pp. 737-834). In A. van Schoonhoven, O. Voysest. (eds.). Common beans. Research for crop improvement. CAB international, CIAT., Wallingford, UK. 980p.

Tuteja, N., Mahajan, S. 2007. Calcium signaling network in plants. Plant Signal Behav. 2(2):79-85.

Urzúa, H. 2005. Beneficios de la fijación simbiótica de nitrógeno en Chile. Cien. Inv. Agr. (Chile) 32:133-150.

Urzúa, H., Barrales, L., Faiguenbaum H., et al. 2003. Fertilización nitrogenada de porotos verdes, para uso agroindustrial en la zona central de Chile: Indicaciones preliminares. Cien. Inv. Agr. (Chile) 30: 57-60.

Urzúa, H., Silva., H. 1999. Fertilización y riego de leguminosas de grano para exportación en la zona centro-sur. Colección Extensión. Facultad de Agronomía e Ingeniería Forestal, Pontificia Universidad Católica de Chile. Santiago, Chile. 56 pp.

Urzúa, H., Tesser, B. 1998. Efecto de características químicas de suelos aluviales de la zona central de Chile en la concentración de ADN plasmidal de cepas de *Rhizobium leguminosarum* pv. *phaseoli*. Cien. Inv. Agr. (Chile) 25:185-187.

Vera-Maldonado, P., Aquea, F., Reyes-Diaz, M., et al. 2024. Role of boron and its interaction with other elements in plants. Front. Plant. Sci. 15:1332459.

Wang, Z., Hassan, M., Nadeem, F., et al. 2020. Magnesium fertilization improves crop yield in most production systems: A meta-analysis. Front. Plant. Sci. 10:1727.

White, P., Broadley, M. 2003. Calcium in plants. Ann. Bot.92:487-511.

Wilker, J., Humphries, S., Rosas-Sotomayor, J., et al. 2020. Genetic diversity, nitrogen fixation, and water use efficiency in a panel of Honduran common bean (*Phaseolus vulgaris* L.) landraces and modern genotypes. Plants 9:1238.

Zhao, S., Huq, Md., Fahad, S., et al. 2024. Boron toxicity in plants: Understanding mechanisms and developing coping strategies; a review. Plant. Cell Rep. 43:238.

Zuo, Y., Zhang, F. 2011. Soil and crop management strategies to prevent iron deficiency in crops. Plant Soil 339: 83-95.

Capítulo 12. Manejo del agua en frejol

Mario Paredes C., Raúl Ferreyra E.

Clima, suelo, planta

El suelo, el clima y la planta forman un sistema dinámico que influye en el balance hídrico de la zona. El clima y la planta son elementos que consumen y extraen agua del suelo por evaporación y transpiración, respectivamente, donde el clima también aporta agua al sistema a través de las precipitaciones. El suelo, es el almacén o reservorio que, de acuerdo a su textura, puede almacenar una cantidad de agua determinada (Varas y Sandoval, 1991).

Clima. El clima, es uno de los factores de mayor incidencia en las pérdidas de agua desde el suelo, ya que la temperatura, radiación, humedad relativa y vientos, son causantes de la evaporación, lo cual influye directamente en la traspiración de la planta, en mayor o menor medida.

En el caso de la zona central del país, la demanda evaporativa aumenta desde la siembra del frejol a fines de octubre, hasta la etapa de floración (enero), lo que coincide con una disminución de las precipitaciones en este mismo periodo. A partir de fines de enero, la evaporación empieza a disminuir y aumentan levemente las precipitaciones hacia la cosecha, a fines de marzo e inicios de abril. Esta situación, produce un importante déficit hídrico que debe ser enfrentado con la aplicación de riego durante todo el crecimiento y desarrollo del cultivo (Fig. 1). En la zona centro sur, la situación climática es más o menos similar, aunque en algunos años se puede presentar un mayor aporte de precipitaciones, aunque éstas no son suficientes como para reemplazar la necesidad de los riegos frecuentes que requiere el cultivo.

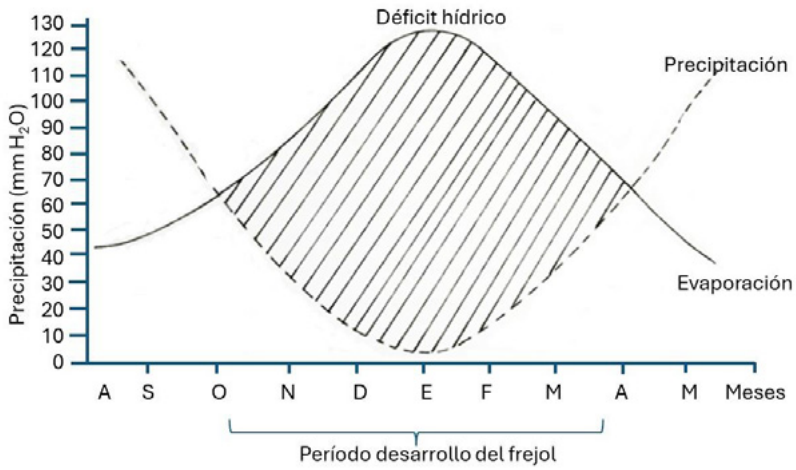


Figura 1. Déficit hídrico en el periodo de crecimiento y desarrollo del frejol en la zona central.

Suelo. El suelo, es una matriz compuesta de partículas de diversos tamaños que dejan espacios o poros, donde se almacena el agua y desde donde la planta la extrae para su crecimiento y desarrollo. Es así como, la textura del suelo influye en la capacidad de almacenamiento del agua del suelo y su capacidad de infiltración. Sin embargo, no toda el agua almacenada en el suelo puede ser aprovechada por la planta, este es el caso del frejol. Existe un contenido de humedad en el suelo, donde la planta no puede extraer el agua, que se denomina Punto de Marchitez Permanente (PMP). Por otra parte, el estado óptimo de humedad del suelo para el crecimiento y desarrollo de la planta, se denomina Capacidad de Campo (CC) y que corresponde al agua que el suelo puede almacenar después de haberse producido el drenado, después de la saturación.

Planta. La planta de frejol tiene diferentes necesidades hídricas de acuerdo a su estado de crecimiento y desarrollo (Costa et al., 2000), por lo cual, la falta de humedad en el suelo puede afectar diversos procesos fisiológicos (Santos et al., 2009; Saucedo et al., 2009) en las diferentes etapas de crecimiento y desarrollo de la planta (Guglielmetti et al., 1977; Aeschlimann et al., 1979; Paredes et al., 1987; Gallardo y Paredes, 1995). Sin embargo, el efecto del déficit hídrico en la planta depende de su frecuencia, duración, tiempo e intensidad y estado de desarrollo de la planta (Nielsen y Nelson, 1998; Terán y Singh, 2002).

La planta de frejol posee un sistema radicular poco profundo, con una concentración de raíces cerca de la superficie, por lo cual un alto porcentaje del agua usada por la planta se realiza en los primeros 40 cm de profundidad del suelo. Sin embargo, diversos estudios han demostrado que algunas variedades podrían explorar una mayor o menor superficie del suelo para extraer agua y nutrientes en el crecimiento de sus raíces (Sponchiado et al., 1989; White y Castillo, 1989; Polanía et al., 2009).

Para que la raíz cumpla con su función debe tener condiciones físicas que favorezcan su desarrollo, es decir, estar libre de cualquier elemento que restrinja su desarrollo, como: pie de arado, nivel freático alto y/o abundancia de pedregosidad (Guglielmetti et al., 1977; Paredes et al., 1987).

Siembra. El suelo, al momento de la siembra, debe tener un buen contenido de humedad para favorecer la germinación de la semilla y la emergencia de las plántulas (Foto 1). Si el suelo no posee humedad a la siembra, es imperativo regar, ya que la semilla necesita tener un contenido de humedad y temperatura adecuada para favorecer la germinación, emergencia y establecimiento de las plántulas (Acosta et al., 2007) (Foto 2). Por otro lado la compactación del suelo puede implicar una dificultad para la emergencia de las plántulas y forzar el 'gateo' o la quebradura del hipocótilo, lo que va afectar la población de plantas establecidas y el rendimiento final del cultivo. Adicionalmente, un exceso de humedad en el suelo puede favorecer la presencia de hongos y la pudrición de semillas (Ziver et al., 1973; Guglielmetti et al., 1977; Aeschlimann et al., 1979; Miranda, 1982).



Foto 1. Suelo listo para la siembra de frejol.



Foto 2. Adecuada germinación, emergencia y establecimiento del cultivo.

Período vegetativo. La planta una vez establecida necesita también de un buen contenido de humedad en el suelo para su crecimiento y desarrollo desde la emergencia hasta llegar al completo desarrollo de los granos (Foto 3). Específicamente, durante las primeras etapas del desarrollo vegetativo, los tallos y las hojas de la planta de frejol comienzan a crecer rápidamente, aumentando la producción de materia seca y la acumulación de carbono, lo que está asociado a una mayor producción de asimilados que van a ser trasladados posteriormente a las vainas y semillas (Geiger et al., 1989), por lo cual se necesita una provisión adecuada de agua para la planta. Un estrés hídrico en el estado vegetativo puede producir una disminución del crecimiento en tallos y hojas lo que, significará finalmente, una menor acumulación de materia seca y rendimiento de la planta (Ramírez y Kelly, 1998; Boutraa y Sanders, 2001). Una vez en este periodo, se determina el primer componente de rendimiento, el número de vainas por planta.



Foto 3. Una adecuada frecuencia del riego permite un buen desarrollo de las plantas para cubrir entre hileras.

Estudios realizados en la zona central (Tosso, 1974) y centro sur del país (Miranda y Belmar, 1977; Gallardo y Paredes, 1995) demostraron que la falta de humedad en el suelo, durante el periodo vegetativo de la planta, previo a la floración, produjo pérdidas de rendimiento superiores a un

25 %, lo que se vió reflejado también en un menor crecimiento de las plantas, número de vainas y número de granos por vaina (Tosso, 1974; Miranda y Belmar, 1977; Gallardo y Paredes, 1995). Resultados similares obtuvo Rai et al., (2020), quienes detectaron una reducción de un 30 % del rendimiento en grano bajo estrés hídrico, asociado a una reducción del número de vainas por planta y el peso de los granos.

Período reproductivo. Se ha determinado que las etapas más sensibles al déficit de humedad en frejol, son el periodo de floración y el llenado del grano (Costa et al., 2000), donde es posible obtener pérdidas de rendimiento superiores a un 20 % (Miranda y Belmar, 1977; García, 1984; Gallardo y Paredes, 1990). Otro estudio, realizado con la variedad ´Seaferer´, sembrada bajo condiciones de riego y de secano, sufrió una reducción de un 80 % en rendimiento en grano; 26 % en índice de cosecha; 63 % en el número de vainas por planta; 29 % en semillas por vaina y 22 % en el peso de los granos cuando la variedad fue sembrada en condiciones de secano en comparación con la siembra bajo riego (Núñez et al., 2005). Por otro lado, las variedades Flor de Mayo y frejol negro, sometidas a estrés hídrico redujeron en un 31 % la biomasa; 13,4 % el índice de cosecha; 36,5 % el número de vainas por planta; 43,9 % el número de granos por planta; 10,3 % el número de granos por vaina y 16,2 % el peso de los granos, en comparación a la siembra realizada con riego adecuado (Romero-Félix et al., 2019). Otros autores, informan reducciones de rendimiento entre 22 y un 70 %, dependiendo de la duración e intensidad del estrés (Assefa et al., 2013). Sin embargo, otros autores informan reducciones de rendimiento entre 34 a 50 % en diferentes variedades de frejol sometidas a estrés hídrico durante el periodo de floración (Acosta-Gallegos y Shibata, 1989; Ramírez y Kelly, 1998).

Al comparar el efecto del déficit de humedad en el periodo vegetativo y reproductivo en dos genotipos, uno tolerante y otro susceptible, se determinó una reducción significativa en el rendimiento, número de vainas por planta y número de granos por vaina, siendo este efecto mayor en el genotipo susceptible (Jara, 1985). Un estudio con tres accesiones chilenas tipo 'Coscorrón' y 'Tórtola', y 13 accesiones tipo 'Great Northern' y cuatro accesiones tipo 'Pinto', 'negro pequeño' y 'crema' bajo dos sistemas de riego: normal y riego discontinuo a partir de la floración, determinó que el riego discontinuo redujo el rendimiento en un 22,7 %; la materia seca en 37 %; el índice de cosecha en 19,5 %; el número de granos por vaina en 61,3 % y el peso de los 100 granos en un 10,1 %. El estrés hídrico causó una reducción de rendimiento de un 54 % en el cultivar 'Blanco Español', en la accesión 'Coscorrón' un 27,9 % y en las accesiones 'Tórtola-INIA', como 'Zorzal-INIA' un 29,5% y en la 'Sel 6' un 33,6 % (Tay et al., 2025).

Otro estudio realizado en tres accesiones chilenas pertenecientes a las clases comerciales 'Coscorrón', 'Tórtola', 'Manteca' y seis extranjeras, 'Blanco grande', 'Pinto', 'Negro pequeño', 'Bayo' y 'Red Kidney' bajo dos sistemas hídricos, óptimo (Capacidad de Campo) y restrictivo (20 a 30 % capacidad de campo) durante el periodo reproductivo, indicó que el déficit hídrico aumentó la temperatura y el potencial osmótico de la hoja y redujo la fecha a madurez fisiológica, la duración del llenado de grano en algunas variedades y el rendimiento en grano en todas las variedades estudiadas. El déficit hídrico en las variedades 'Manteca', 'Tórtola' y 'Pinto' no afectó el periodo de siembra a madurez fisiológica y la duración del llenado de grano, lo que podría estar relacionado a su baja área foliar comparada con las variedades 'Enriqueta', 'Bayote', 'Negro Argel', Coyunda y 'Coscorrón' que presentaron una mayor área foliar y fueron afectadas por el déficit hídrico. La reducción de rendimiento estuvo correlacionada negativamente con el número

de vainas y la tasa de expansión relativa de las hojas (Tapia et al., 2022).

En general, el déficit hídrico puede reducir al estado reproductivo el número de vainas por planta, semillas por vaina y en menor grado el peso de los 100 granos (Acosta et al., 1997).

Un síntoma visible de estrés hídrico en la planta de frejol, es la presencia de un color verde oscuro en las hojas de la planta (Foto 4), el que desaparece cuando se aplica agua. Sin embargo, el exceso de agua puede favorecer la presencia de enfermedades, como pudrición de raíces al estado de plántulas y la presencia de enfermedades foliares, como 'esclerotinia' en tallos y vainas, entre otras en estados mas avanzados de la planta.



Foto 4. Estrés hídrico (color verde oscuro) en el cultivo del frejol.

Cosecha. El riego se debería detener cuando las plantas presentan al menos un 80 % de las vainas amarillas o un 50 % de las hojas están amarillentas en la planta.

Manejo del agua

Para el agricultor, es importante conocer la disponibilidad real de agua de su predio, para planificar la superficie a sembrar en la temporada. Esta situación es compleja, aunque el agricultor conoce sus derechos de agua (acciones), el caudal de los ríos varía entre temporadas y durante la temporada de crecimiento del cultivo, por lo cual debiera estar bien informado y medir el caudal real que recibe en su campo. Debido a esta situación, el manejo del agua pasa a ser un factor fundamental en el éxito de la producción del cultivo.

Abastecimiento del agua de riego. El agua de riego se puede obtener como agua superficial, desde los ríos, la cual es conducida extra predialmente por medio de canales (Foto 5), y acumuladores de agua, ubicados dentro de los predios, y también desde pozos profundos. Esta agua disponible se regulará a través de las compuertas ubicada en los canales de riego (Fig. 6).



Fuente: Indap, 2010.

Foto 5. Canal de conducción de agua extra-predial y acumulador de agua.



Fuente: Indap, 2010.

Foto 6. Compuerta de riego.

Conducción y distribución

Desde estas fuentes, el agua es transportada por canales, hasta el predio de los agricultores y hasta el lugar donde se van a sembrar los porotos (Indap, 2010). En este trayecto normalmente se producen pérdidas, sobre todo, si se recorren grandes distancias, por lo cual es necesario limpiar, sellar o revestir los canales, a fines de invierno, para que el agua cumpla su función desde principios de primavera.

Las pérdidas de agua en los canales en algunos tipos de suelos, pueden llegar a 398 $m^3\ km^{-1}$ recorrido, lo que podría servir para regar una hectárea de frejoles (Varas y Sandoval, 1991). Otra información disponible indica que un canal de tierra que conduzca 1 $m^3\ s^{-1}$ y tenga filtraciones de 300 l $m^2\ dia^{-1}$, podría perder 970.800 l km^{-1}, lo que equivale a un 1,1 % de pérdida de caudal por Km. Una posibilidad de reducir estas pérdidas es revestir los canales, es decir cubrir las paredes y el piso con algún material de impermeabilización (Indap, 2010).

Adicionalmente, es importante destacar el efecto negativo del transporte de malezas en los canales de riego, las que contaminan los suelos (Ferreyra et al., 1986; 1989; Tosso et al., 1986a; b), por lo cual es necesario controlar esta situación construyendo decantadores o trampas de semillas.

Canales y otras obras. Existen diferentes alternativas de conducción de agua, como la entubada, en canoa, sifón, marco partidor, aforador y compuerta (Indap, 2010).

Conducción entubada. Consiste en la utilización de tuberías para la conducción y distribución de agua, para lo cual se puede usar tuberías de polietileno de alta densidad o mangas plásticas (Foto 7) (Indap, 2010).



Foto 7. Tubería de polietilenos y mangas plásticas de conducción de agua.

Canoa. Una estructura comúnmente usada por los agricultores es la 'canoa', que permite conducir el agua entre canales, quebradas, caminos y sectores bajos del predio, sin perder la cota o nivel del agua (Foto 8). Las canoas se pueden construir de metal, madera, cemento y generalmente toma la forma del canal, es decir, rectangular semicircular o en V (Varas y Sandoval, 1991; Indap, 2010).



Fuente: Indap, 2010.

Foto 8. Canoa, confeccionada con la unión de tambores metálicos, canoa de cemento.

Marco partidor. Es una estructura que sirve para dividir aguas de diversos propietarios en un canal de riego. El reparto de aguas se realiza en forma proporcional a las acciones o derechos de aprovechamiento de cada regante (Foto 9) (Indap, 2010).



Fuente: Indap, 2010.

Foto 9. Marco partidor de agua de riego.

Aforador. Son estructuras especiales para la medición de caudal en canales abiertos como los vertederos, la canoa Parshall y canoa aforadora de fondo plano (Foto 10) (Indap, 2010).



Fuente: Indap, 2010.

Foto 10. Canoa aforadora.

Para sacar agua desde los canales y regar el frejol mediante métodos de riego tradicionales, generalmente se 'taquea' el agua, formando una barrera con tierra y champas de pasto, o pedazos

de plástico, para subir el nivel del agua y producir un rebalse del agua, la cual se conduce a través de una 'boca' hecha en el canal. Sin embargo, es posible usar otras tecnologías más eficientes, como los sifones, cajas de distribución, mangas plásticas perforadas, entre otros (Varas y Sandoval, 1991).

Adecuación del suelo previo a la siembra. Junto a la planificación de la siembra, es importante revisar el potrero donde se realizará la siembra para analizar las condiciones del suelo que va a recibir el agua del riego. En muchos casos, es importante considerar una nivelación o emparejamiento del suelo para eliminar microrelieves (Foto 11). Con un suelo bien nivelado, se logrará una mayor eficiencia en la distribución superficial; aplicación; evacuación del agua; prevenir acumulaciones de agua; reducir la mano de obra; la erosión del suelo y obtener un mayor rendimiento. Sin embargo, para nivelar un suelo se debe tener en consideración la profundidad del suelo y los cambios de fertilidad del suelo que podrían ocurrir en las zonas niveladas. La nivelación de suelos poco profundos puede dejar al descubierto subsuelo de menor fertilidad, por lo cual, es recomendable tratar las zonas de corte con una fertilización diferente al resto del sector, basado en un análisis de suelo de los sectores cortados (Gallardo, 1989).



Fuente: Indap, 2010.

Foto 11. Diferentes sistemas de nivelación del suelo.

Manejo del agua durante el cultivo

El manejo del riego consiste en lograr reponer a la planta el agua requerida para su desarrollo, en la cantidad y momento adecuado (Ferreyra et al., 2005), para lo cual se deben considerar varios factores: requerimientos de agua del cultivo, frecuencia, volumen y método de aplicación del agua (Tosso et al., 1981, Ferreyra et al., 2005).

Requerimientos de agua del cultivo (evapotranspiración). Es uno de los aspectos importantes a considerar en la programación del riego.

Existen varias metodologías tendientes a determinar la evapotranspiración del cultivo, es decir, el agua perdida desde el suelo por evaporación y desde la planta por transpiración. El procedimiento más utilizado para estimar la evapotranspiración es a través de la evaporación de la bandeja (Ferreyra et al., 2005; Antúnez, 2024).

La **evapotranspiración potencial** se puede estimar mediante:

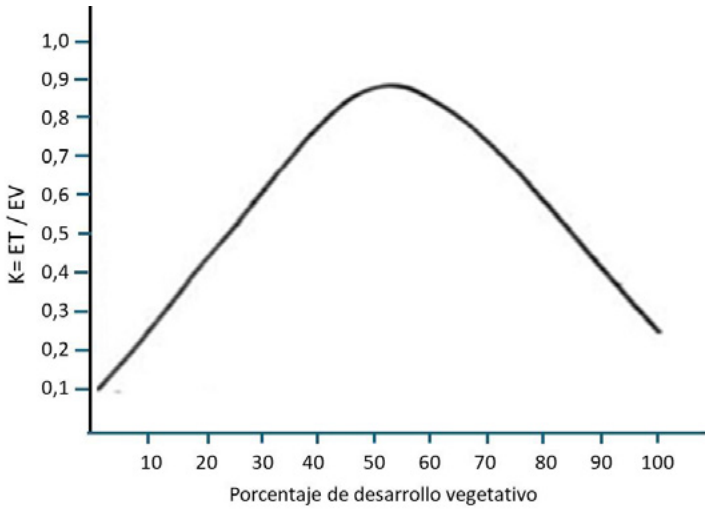
$E_{TP} = E_b K_p$; donde E_{TP}=evapotranspiración potencial; K_p=coeficiente de la Bandeja tipo A; E_b= evaporación de la bandeja (mm día^{-1}), que integran los factores climáticos como radiación, viento, humedad relativa, entre otros, que afectan la evapotranspiración de los cultivos.

La **evapotranspiración actual** se puede estimar mediante:

$E_{Ta} = E_{Tp} K_c$; donde E_{Ta}= evapotranspiración actual del cultivo (mm día^{-1}); E_{Tp}= evapotranspiración potencial; K_c=coeficiente del cultivo.

El coeficiente del cultivo es un valor variable y depende del estado de desarrollo del cultivo. Por ejemplo, para frejol varía de 0,15 cuando la planta posee un 10 % de su desarrollo a 0,91 cuando alcanza a un 60 % de su desarrollo, valor que se reduce a 0,33 cuando alcanza un 100 % de su desarrollo (Miranda, 1982).

La correlación entre el uso-consumo y evaporación de bandeja clase A puede dar una estimación de evapotranspiración (ET) en los diferentes estados de desarrollo de la planta (Tosso, 1975). Esta relación, se conoce como coeficiente K de evapotranspiración, que está en función del porcentaje de desarrollo del cultivo, parámetro que puede extrapolarse a otras zonas de cultivo. Por ejemplo, para Santiago se determinó la relación ET= -6,30 + 1,60 EV para frejol; donde ET=evapotranspiración estimada y EV= evaporación de bandeja Clase A; r=0,73 y el coeficiente K=ET/EV. Los promedios mensuales de evapotranspiración que está en este estudio fueron de 19, 112, 206, 95 y 40 mm durante los meses de octubre a marzo, con un valor total de 472 mm (Tosso, 1976) (Fig. 2).



Fuente: Tosso, 1976

Figura 2. Relación uso-consumo/evaporación de bandeja en frejol. Promedio de tres años en Estación Experimental La Platina, INIA, Santiago.

Para la región Metropolitana, se ha estimado que las necesidades de agua del cultivo, por evapotranspiración, son de alrededor de 4.720 m^3, la que esta de acuerdo a las condiciones climáticas de las etapas de desarrollo de la planta y por lo tanto de los meses del año. Es así

como, las mayores necesidades de agua de la planta serán los meses de diciembre y enero, donde se observa una mayor evapotranspiración (Cuadro 1).

Cuadro 1. Necesidades de agua del frejol en la región Metropolitana.

Mes	m^3 de agua
Noviembre	190
Diciembre	1.120
Enero	2.060
Febrero	950
Marzo	400
Total	**4.720**

Fuente: Aeschlimann et al., 1979; Tosso et al., 1981.

Momento, frecuencia y tiempo de riego. Con fines de programación del riego, es importante determinar el momento oportuno, la frecuencia y el tiempo de riego, lo que depende de las propiedades físicas del suelo y de las características del cultivo.

Métodos de control de humedad del suelo. Entre los métodos de control de la humedad del suelo, el más sencillo es el uso del barreno edafológico, que consiste en tomar muestras de suelo a distintas profundidades, considerando la profundidad donde se encuentra la mayor concentración de raíces y observar el contenido de humedad al tacto, moldeando con la mano el suelo que se extrae (Ordenes, 2024a; Ferreyra et al., 2005). Otro método utilizado es el uso de tensiómetros, que mide la energía con que el agua es retenida en el suelo. La lectura del manómetro indica el estado de humedad del suelo, por ejemplo, una lectura de 10 a 25 Kpa o centibares (cb), indica un suelo adecuadamente mojado un rango de 25 a 60 cb indica realizar un riego y un valor superior a 60 cb indica un suelo seco. Sin embargo, para tener una estimación del potrero sembrado es necesario tomar varias muestras de suelo o colocar varios tensiómetros en lugares representativos, debido a la variabilidad espacial del terreno (Ferreyra et al., 2005).

Actualmente, existe también un control del monitoreo a través de sensores y sistemas automatizados, que recopilan datos en tiempo real de la humedad del suelo, temperatura y radiación solar, los cuales son transmitidos a un mando central para tomar decisiones y ajustar los tiempos y frecuencias de riego y envían al agricultor alertas tempranas en caso que se presenten problemas (Ordenes, 2024a).

Frecuencia de riego. El cuándo regar o frecuencia de riego, se refiere al lapso de días entre un riego y otro. La periodicidad en la reposición del agua dependerá de los requerimientos de la planta, que varían mensualmente debido a las condiciones climáticas, a la retención de

humedad del suelo y a la profundidad de arraigamiento de la planta (Tosso et al., 1981; Miranda, 1982; Gallardo, 1988a).

El nivel de precipitación que simula un riego cuando se ha agotado un 30 % del agua disponible para la planta en los primeros 60 cm del suelo, y donde toda el agua aportada por la lluvia es retenida en el suelo es de aproximadamente 47,7 mm para un suelo arcilloso, 42,0 mm para un suelo trumao del valle central y de 21,6 mm para un suelo arenoso (Gallardo, 1988a).

Los volúmenes de agua retenidos por los suelos de diferentes texturas varían entre ellos con la profundidad del suelo (Cuadro 2).

Cuadro 2. Volumen de agua retenida a diferentes profundidades y tipos de suelo.

Profundidad (cm)	Tipo de suelo		
	Arcilloso	Trumao Valle	Arenoso
0-30	626	730	384
30-60	964	664	304
60-90		599	354

Fuente: Gallardo, 1988.

Las investigaciones realizadas en la zona centro-sur indican que, dependiendo del tipo de suelo, precocidad de la planta y condiciones climáticas, es recomendable regar cuando el suelo ha agotado el 30 % de la humedad aprovechable para obtener un mayor rendimiento, lo que equivale más o menos a realizar entre seis a ocho riegos en la temporada (Miranda y Belmar, 1977), o regar con una frecuencia de 12 a 15 días en un suelo trumao, dependiendo de la necesidades del cultivo con la cantidad de agua necesaria para reponer el nivel de capacidad de campo (Gallardo y Paredes, 1995) (Cuadro 3).

Cuadro 3. Frecuencia de riego en el cultivo de frejol en la zona centro sur en dos tipos de suelos.

Tipo de suelo	Frecuencia de riego (días)				
	Noviembre	Diciembre	Enero	Febrero	Marzo
Trumao	15	13	13	15	24
Arenoso	17	6	6	7	11

Fuente: Paredes et al., 1987; Gallardo, 1988a.

En el caso de considerar como criterio de riego la etapa de desarrollo de la planta, se ha determinado que, en la zona central es importante considerar un esquema de riego similar al que se presenta en el Cuadro 4.

Cuadro 4. Número de riegos, etapa de desarrollo de la planta, días después de la siembra.

N° de riegos	Etapa de desarrollo de la planta	Días después de la siembra	Observaciones
	Crecimiento		
1	Primera hoja trifoliada	20-25	El número de días después de la siembra depende de la variedad y condiciones climáticas
2	Estado de botón floral	35-40	
	Floración		
3	Comienzo de floración	45-50	Primer riego a floración Segundo y 3er riego cada 4 a 7 días según condiciones climáticas
4	Plena floración	50-55	
5	Término de floración	55-60	
	Madurez		
6	Formación de vainas	60-65	Primer riego formación de vaina
7	Vaina verde	65-70	
8	Vaina inmadura	75-80	
9	Vaina inmadura	85-90	

Fuente: Aeschlimann et al., 1979; Tosso et al., 1981.

Cantidad de agua en el riego del frejol. La cantidad de agua se relaciona con el tiempo de riego o el número de horas en que el agua debe escurrir sobre el suelo, para que infiltre y moje la zona de las raíces de la planta. La cantidad de agua que necesita un cultivo a través de su periodo de crecimiento y desarrollo, se expresa como uso-consumo o evapotranspiración, el cual es fundamental para determinar la tasa de riego, sin embargo, este parámetro es influenciado por las características climáticas de cada localidad y por la variedad.

El rango de humedad entre Capacidad de Campo y Punto de Marchitez Permanente, se denomina Humedad Aprovechable (HA) por las plantas.

HA= CC-PMP /100, que se puede expresar como altura de agua a reponer (cm).

h= ((CC-PMP) /100) Da x H

donde, **h=** lámina de agua a reponer (cm); **Da=** densidad aparente del suelo (gr cm^{-3}); **H=** profundidad de las raíces del cultivo (cm).

La humedad aprovechable del suelo, depende del tipo de suelo (Cuadro 5).

Cuadro 5. Humedad aprovechable (mm) para algunos suelos de la región de Maule y Ñuble, considerando una profundidad de 90 cm.

Tipo de suelo	Serie de suelo	Humedad aprovechable (HA) (mm)
Trumaos	Arrayán, Mañil	199
Rojos arcillosos	Coihueco, Parral	150
Arcillosos	Quella, Bulnes, San Nicolás	175
Aluviales	Arenales, Human, Linares	104

Fuente: Gallardo, 1988a

Para el manejo del agua en el cultivo del frejol, la retención de humedad del suelo tiene mucha importancia, pues suelos con mayor retención permitirán un abastecimiento de agua por un periodo mayor, sin la necesidad de reponer esta humedad mediante el riego. Además, un suelo con una mayor capacidad de retención de humedad necesitará un mayor tiempo de riego para completar esta capacidad. En forma inversa, un suelo con una menor capacidad de retención de humedad necesitará riegos más frecuentes. Sin embargo, es importante considerar también que el clima durante el periodo de crecimiento de la planta también influenciará los requerimientos hídricos de la planta, ya que determinará la demanda por evapotranspiración (Gallardo y Paredes, 1990).

Conocida la cantidad de agua almacenada en el suelo y la tasa de extracción representada por la evapotranspiración actual, es posible determinar la frecuencia y el volumen de agua a aplicar.

La frecuencia de riego queda definida por la relación:

$F = H_s \times 0{,}5/E_{ad,}$ donde F= frecuencia (N° de días); H_s= humedad aprovechable; E_{ad}= Evaporación actual diaria (cm día^{-1})

La planta tiene diferentes necesidades hídricas, de acuerdo a su estado de desarrollo y, por lo tanto, la frecuencia y el tiempo del riego deben aumentar a medida que se desarrolla la planta, llegando a su máximo desarrollo durante el periodo de floración y llenado de grano (Gallardo y Paredes, 1995). En general, se recomienda regar cada vez que la HA se reduzca en un 50 %.

El volumen de agua se puede calcular como:

$R = H_s\ 0{,}5/Ef$; donde R= agua de riego (cm); H_s= humedad aprovechable (cm); Ef= porcentaje de eficiencia de riego (fracción)

La evaluación de la cantidad cantidad de agua y frecuencia de riego (305, 440 y 446 mm) en tres, seis y ocho riegos, dos aplicaciones de nitrógeno (sin aplicación y 45 kg ha^{-1}) y tres aplicaciones de fósforo (sin aplicación, 31 y 62 kg de P_2O_5 ha^{-1}) sobre el rendimiento de la variedad 'Cuyano INIA' en un suelo de la serie Digüillín (11 ppm de N, 11 ppm de fósforo y 130 ppm de potasio

y pH 6,0), indicó un efecto positivo de las mayores frecuencias de riego sobre el número de granos por vaina, peso de los granos y rendimiento. Sin embargo, no se observó un efecto positivo de la fertilización de nitrógeno y fósforo, ni una interacción de la frecuencia de riego por fertilizantes sobre el rendimiento de la dosis de fertilizantes y componentes de rendimiento (Gallardo y Paredes, 1990).

Por otro lado, un estudio realizado para medir la extracción del agua que realiza la planta desde el perfil del suelo, indicó que la planta de frejol es capaz de extraer agua hasta la profundidad de 2 m. Sin embargo, la planta extrajo el mayor volumen de agua en los estratos de 15 a 45 cm que a mayores profundidades del suelo, lo cual está relacionado con el perfil de distribución de las raíces de la planta. A pesar de esta situación, es necesario considerar que la extracción de agua es un proceso muy dinámico, que varía a través del periodo de crecimiento y desarrollo de la planta, profundidad del suelo, cantidad de agua presente en el perfil y concentración de sales (Tosso, 1988).

Tiempo de riego. Otro aspecto importante por definir es el tiempo de riego, es decir, el número de horas que el agua debe estar en contacto con el suelo para que penetre a la profundidad de las raíces.

El tiempo de riego se puede estimar a través de:

TR= R /VI; donde TR= tiempo de riego; R= requerimiento de riego (h); VI=velocidad de infiltración básica del suelo (cm h^{-1}).

La velocidad de infiltración depende del tipo de suelos, por ejemplo, para suelos franco arenosos se pueden observar velocidades de infiltración que varían entre 0,8 a 2,0 cm h^{-1}, para suelos franco limoso (0,7 a 1,0 cm h^{-1}) y para suelos arcillosos (0,3 a 0,6 cm h^{-1}).

El tiempo de riego va a depender de la cantidad de agua que es capaz de almacenar el suelo, el Punto de Marchitez Permanente (PMP) y la profundidad de arraigamiento de la planta. Si se considera una profundidad a mojar de 60 cm, el tiempo de riego en un suelo de textura franca varía entre 6-7 h, en un suelo franco de 3 a 4 h y en suelo arenoso de 1 a 2 horas (Gallardo, 1988a).

La determinación de cuanto regar, se realiza a través del tiempo de riego. Para ello, es necesario efectuar pruebas de infiltración *in situ*. En el caso de riego por surcos, se utiliza la técnica del surco infiltrómetro. Esta técnica consiste en medir los caudales de entrada y salida de los surcos, la diferencia representa el volumen del agua infiltrada en el suelo (Miranda, 1982).

Otra forma de estimar el tiempo de riego, es mediante una prueba de terreno. Para ello, se pueden elegir tres surcos y tres tiempos de riego. Después de las 24 o 36 horas de haber regado, se toman muestras de suelo con un 'barreno' de gusano o pala y se determina la profundidad de la mojadura, y el tiempo que tomó el agua para llegar a esta profundidad. El tiempo de riego va a depender de la textura del suelo, pero también del desarrollo de la planta y sus raíces (Tosso et al., 1981).

En general, el manejo del agua en el frejol es deficiente e insuficiente tanto en volumen del agua aplicada como en la frecuencia de riego. Los trabajos realizados para detectar las necesidades de agua del frejol determinaron que en la zona central (suelo Maipo), se producía un mayor rendimiento en grano, la producción de materia seca y el peso de los granos, regando a 0,4-0,5 atmósferas comparado con 0,7 atmósferas (INIA, 1970; Ziver et al., 1973; Bascur y Fritsch,

1975). Por otro lado, en un estudio realizado en la zona centro sur (suelo Arrayán), indicó que hubo un efecto negativo y significativo al utilizar una frecuencia de riego de 70 % humedad aprovechable sobre los rendimientos, el número de vainas por planta y el número de granos por vaina, en comparación con la frecuencia de 30 % (Miranda y Belmar, 1977).

Otro de los aspectos importantes a tener en consideración en el manejo del agua, es la calidad del agua. Estudios realizados en la zona central (suelos de la serie Maipo), indican que las aguas de riego pueden inducir una alta acumulación de sales, la cual se puede sumar a la proporcionada por los fertilizantes. Esta concentración de sales afecta el desarrollo de la planta y el rendimiento del cultivo, lo que se ve agravado con la menor disponibilidad de agua para la planta, debido a que las sales del suelo se concentran en los primeros horizontes del suelo (INIA, 1970).

Métodos de riego

Riego superficial o gravitacional. Es el riego en que el agua escurre sobre la superficie del suelo manteniéndose sobre ella para que se infiltre por gravedad. La preocupación principal del riego superficial es disminuir las pérdidas de agua que se producen por escurrimiento, como aquellas que se producen por percolación del agua más allá de la profundidad de las raíces de las plantas (Ferreyra et al., 2001).

Riego por tendido o 'botado'. Por muchos años, este ha sido el método de riego más usado en el país, debido al desnivel que presentaban los suelos y al escaso uso de nivelación (INIA, 1970; Guglielmetti et al., 1977). Este método consiste en trazar acequias con cierta pendiente y mediante 'tacos' provocar el desborde del agua para inundar el suelo. Las regueras interceptoras se construyen en forma perpendicular a la pendiente para recoger el agua que tenderá a acumularse en las partes bajas del terreno y poder redistribuirla en forma más uniforme, por lo cual es un método que posee una eficiencia que puede variar entre un 15 y 25 % (Varas y Sandoval, 1991; Ferreyra et al., 2001) (Foto 12).



Foto 12. Riego por tendido.

Las características que presenta este método hacen difícil el manejo del agua lo que produce pérdidas de suelo por erosión, un uso excesivo de regueras para distribuir el agua, un alto consumo de agua, desuniformidad en la mojadura del suelo y un alto costo (Ziver, 1973; Guglielmetti et al., 1977; Gallardo y Paredes, 1995; Ferreyra et al., 2001).

A pesar de su baja eficiencia se pueden usar algunas prácticas que pueden mejorar este riego, por ejemplo, usar mantas de riego o compuertas en los canales, uso de sifones, compuertas para sacar el agua de los canales, uso de regueros con poca pendiente, regar el tiempo necesario para mojar la zona de raíces y usar una cantidad de agua que se pueda manejar (Varas y Sandoval, 1991).

Riego por curvas a nivel o acequias en contorno. Este método conlleva una mayor tecnificación que el método por tendido. En este método, el agua se conduce a través de regueras madres trazadas siguiendo las curvas de nivel del terreno, con una pendiente controlada de alrededor de 0,2 a 1% y separadas entre 10 a 50 m una de otra, dependiendo de la pendiente. La longitud de los regueros puede fluctuar entre 150 m para suelos permeables y 250 m para suelos de textura más densa (Fuentes, 1977). Este método, permite un mejor control de agua, disminuye la erosión del suelo, no requiere labores de nivelación de suelos y posibilita la reutilización de las aguas escurridas de las zonas altas del suelo (Fuentes, 1977; Gallardo y Paredes, 1995). La eficiencia de este método puede llegar a un 65 a 75 %, cuando el diseño es el correcto (Fuentes, 1977).

Riego por surcos. Este método, permite un mejor control del caudal del agua, la erosión del suelo, disminuye el 'descalce' de las plantas y tiene una mayor eficiencia en el uso del agua, tales como: almacenamiento, coeficiente de uniformidad, movimiento lateral y en profundidad del agua, lo que permite reducir las pudriciones de la plantas y vainas que están en contacto directo agua (INIA, 1970; Ziver, 1973; Guglielmetti et al., 1977; Gallardo, 1988a; Gallardo y Paredes, 1995). Además, se ahorra en mano de obra, pues una persona puede regar 2,4 ha día^{-1} con una eficiencia entre un 40 a un 60 % (Gallardo, 1988a; Varas y Sandoval, 1991).

El diseño de riego por surcos debe contemplar los siguientes aspectos: a) pendiente del terreno; b) distancia entre los surcos; c) forma de los surcos; d) largo de los surcos; e) caudal a aplicar; f) tiempo de riego (Varas y Sandoval, 1991; Ferreyra et al., 2001).

Pendiente del terreno. Este método, se aplica cuando la pendiente del terreno en el sentido del riego es inferior al 2 %. El caudal a utilizar depende de la pendiente del terreno para evitar la erosión del suelo. Por ejemplo, para una pendiente del suelo de 0,5 %, el caudal máximo erosivo es de 1,2 l seg^{-1} y para 2 % de pendiente, el caudal no erosivo es de 0,3 l seg^{-1} (Tosso et al., 1981). Los surcos pueden variar entre 80 a 100 m, en suelos arenosos y de 150 a 200 m en suelos francos (Varas y Sandoval, 1991).

Distancia entre los surcos. La distancia entre los surcos depende, entre otros factores, de la textura del suelo, el cultivo a sembrar y la maquinaria agrícola a utilizar. En suelos arenosos predomina el mojamiento en profundidad por sobre el lateral, por lo tanto, la distancia entre surcos es menor que para los suelos arcillosos, donde los surcos podrán estar más distanciados unos de otros. En el caso del frejol, para suelos arcillosos la distancia de siembra recomendada puede ser de 50 cm (Gallardo y Paredes, 1995),o de 50 a 60 cm, para que permita ajustar al paso del cultivador (Ferreyra et al., 2001).

Forma de los surcos. Existen muchas variaciones del método de riego por surcos, que son adaptaciones a la pendiente como: surcos rectos, surcos en contorno, entre otros. En las variaciones del método de surcos rectos, se pueden considerar: surcos alternados, cada dos hileras, a media falda o en banda (Aeschlimann et al., 1979; Tosso, 1974) (Foto 13).





Foto 13. Riego por surcos en una siembra de frejoles.

Surcos alternados. Es un sistema que permite una economía del agua y de mano de obra. Surcos a media falda o en borde. En este caso, las plantas no están ubicadas sobre el camellón, sino que están desplazadas a un costado de él. El riego por surcos alternados es usado en suelos con sales ya que permite un desplazamiento de las sales del suelo, a las cuales el frejol es muy sensible, y además involucra una economía de mano de obra y volumen de agua (Aeschlimann et al., 1979; Tosso, 1974).

Surcos en contorno. Es el que sigue las curvas de nivel del terreno, dándole al surco una pequeña pendiente para que escurra el agua. Este método se puede usar en terrenos con pendientes entre 2 y 8 % (Aeschlimann et al., 1979; Tosso et al., 1981).

Largo del surco. Los factores principales que determinan el largo máximo de los surcos son: el tipo de suelo, la pendiente del terreno, la profundidad del sistema de raíces de la variedad, además del caudal que se utilice y el tiempo de aplicación del agua o tiempo de riego.

El largo del surco va a depender del tipo suelo, y del caudal de agua a usar (Cuadro 6).

Cuadro 6. Caudal, largo del surco, eficiencia esperada, en cuatro tipos de suelo.

Tipo de suelo	Caudal (L seg^{-1})	Largo máximo del surco (m)	Eficiencia esperada (%)
Arrayán	2,0	190	70
Mañil	1,5	160	70
San Carlos	2,0	100	70
Arenal	2,0	50	60

Fuente: Gallardo, 1988a.

En general, se pueden utilizar surcos más cortos en la medida que aumenta la pendiente del terreno, en suelos arenosos, plantas de arraigamiento superficial y con una menor cantidad de agua. Por otro lado, los surcos más largos son recomendables en suelos arcillosos, en plantas que tengan un arraigamiento de mayor profundidad y con un mayor caudal de agua, observando que no produzca erosión (Ferreyra et al., 2001).

Tiempo de riego. El tiempo de riego depende de las condiciones del suelo, en particular de las condiciones de infiltración y de la profundidad de raíces.

La evaluación de diferentes métodos de riego, surco simple, surco alternado, surco en banda y surco cada dos hileras en la zona Central (suelo Maipo), indicó que los sistemas evaluados no presentaron diferencias significativas entre ellos (Bascur y Fritsch, 1975).

Riego por aspersión. Para lograr altos rendimientos, ha sido necesario en la mayoría de los cultivos extensivos, la incorporación de sistemas de riego más eficientes, como lo es el sistema de aspersión (Ramírez, 2005) mediante pivote central (De Albuquerque et al., 2020; De la Guarda et al., 2024; De Souza Junior et al., 2022), carrete, entre otros (Foto 14).



Foto 14. Riego por aspersión.

El método de riego por aspersión tiene una alta eficiencia del orden del 70 a 80 %, es muy versátil y se adapta a diferentes condiciones de cultivo y topográficas del suelo (Gallardo, 1988b; Varas y Sandoval, 1991).

Dentro de los factores que se deben considerar para seleccionar este tipo de riego están: la topografía y tipo de suelo, viento, agua disponible, tamaño de la explotación y aspectos socio-económicos (Varas y Sandoval, 1991; Ferreyra et al., 2001). En general, el riego por aspersión se recomienda en cultivos exigentes en cantidad y oportunidad del agua aplicada; suelos con excesiva o muy lenta infiltración de agua (arenosos y arcillosos, respectivamente); topografía ondulada o con pendientes; escasez de agua y necesidad de una muy buena distribución, con alta eficiencia de riego y necesidad de elevar el nivel agua para poder regar (Gallardo, 1988b).

Las principales desventajas del método de riego por aspersión son: elevado costo inicial del equipo, consumo de energía, personal especializado para operarlo y es afectado por la velocidad del viento y las altas temperaturas. Por lo cual, es muy importante realizar un estudio detallado sobre las características técnicas del equipo a utilizar, con el objeto de elegir uno acorde a las necesidades del predio (Gallardo, 1988b).

Los sistemas de aspersión se pueden dividir (Ferreyra et al., 2001) en:

a) Estacionarios:

- **a.** Móviles.
- **b.** Semimóviles: Tubería móvil y semi fija.
- **c.** Fijos: Permanentes y temporales.

b) Desplazamiento continuo:

- **a.** Ramales desplazables: Pivote, lateral de avance frontal, ala sobre carro.
- **b.** Aspersor gigante: cañones viajeros, enrolladores.

Actualmente, varios agricultores usan fertirrigación, donde aplican fertilizantes disueltos en el agua de riego al momento de regar, lo que facilita suministrar a la planta los nutrientes en el momento que los necesita, o sea, en sus diferentes etapas de su desarrollo. Para utilizar un fertilizante a través del sistema de riego es necesario conocer la composición de los productos, solubilidad y su compatibilidad, en caso que se use mezcla de fertilizantes (Ferreyra et al., 2005; Ordenes, 2024b).

Referencias

Acosta, D., Kohashi, S., Acosta, A. 1997. Rendimiento y sus componentes en frijol bajo condiciones de sequía. Agric. Téc.(México). 23(2):139-150.

Acosta, D., Amador, D., Padilla, C., et al. 2007. Biomasa y rendimiento de frijol tipo flor de junio bajo riego y sequía. Agric. Téc. (México). 33(2):153-162.

Aeschlimann, J., Álvarez, M., Cafati, C., et al. 1979. El cultivo del frejol. Boletín Divulgativo N° 52. Instituto de Investigaciones Agropecuarias, INIA. Estación Experimental La Platina, Santiago, Chile. 38p.

Antúnez, A. 2024. Programación de Riego tecnificado (pp. 85-90). En C., Morales (ed.). Riego tecnificado: Evaluación, manejo, programación y casos de estudio en la pequeña y mediana agricultura en la región del Maule. Boletín INIA N°498. Instituto de Investigaciones Agropecuarias. Centro Regional de Investigación INIA Raihuén. Villa Alegre. Chile. 118 p.

Assefa, T., Beebe, S., Rao, I., et al. 2013. Pod harvest index as a selection criterion to improve drought resistance in white pea bean. Field Crops Res. 148:24-33.

Bascur, G., Fritsch, N. 1975. Efectos de métodos y frecuencias de riego sobre componentes de rendimiento en frejol (*Phaseolus vulgaris* L.). Agric. Téc. (Chile) 35(3):147-152.

Boutraa, T., Sanders, E. 2001. Influence of water stress on grain yield and vegetative growth of two cultivars of bean (*Phaseolus vulgaris* L.). J. Agron. Crop Sci. 187(4):251-257.

Costa, F., Thi, A., Pimentel, C., et al. 2000. Differences in growth and water relations among *Phaseolus vulgaris* cultivars in response to induced drought stress. Environ. Exp. Bot. 43(3):227-237.

De Albuquerque, A., de Carvalho, O., de Carvalho, O., et al. 2020. Deep semantic segmentation of center pivot irrigation systems from remotely sensed data. Remote Sens. (Basel) 12(13):10.2290.

De la Guardia, L., Honorio de Miranda, J., dos Santos, A. 2024. Assessment of irrigation water use for dry beans in center pivots using ERAS5 land climate variables and sentinel 2 NDVI times series in the Brazilian Cerrado. Agric. Water Mang. 305:109128.

De Souza Junior, M., Fonseca, L., do N. Bendini, H. 2022. Estimation of water use in center pivot irrigation using evapotranspiration time series derived by landsat: A study case in a Southeastern region of Brazilian Savanna. Remote Sens. (Basel) 14(23):5929.

Ferreyra, R., Tosso, J., Muñoz, L. 1986. Semillas de malezas transportadas por el riego. III. Estructuras de captación que evitan su distribución. Agric. Téc. (Chile) 46(2):131-135.

Ferreyra, R., Tosso, J., Muñoz, L. 1989. Semillas de malezas transportadas por el riego. IV. Contaminación de semillas de malezas a lo largo de un canal de riego. Agric. Téc. (Chile) 48(3):268-272.

Ferreyra, R., Selles, G., Ahumada, R., et al. 2005. Manejo del riego localizado y fertirrigación. Instituto de Investigaciones Agropecuarias, INIA. Centro de Investigación La Cruz. Boletín INIA Nº 126, Chile. 56 p.

Ferreyra, R., Selles, G., Uribe, H., et al. 2001. Método de riego (pp. 146-258). En I. Maldonado (ed.). Riego y drenaje, guía del extensionista. Instituto de Investigaciones Agropecuarias. Centro Regional INIA Quilamapu. Chillán, Chile. 327p.

Fuentes, J. 1977. Diseño y características del riego en curvas de nivel. Tesis de grado para optar al título de Ingeniero Agrónomo. Universidad de Concepción, Facultad de Ciencias Agrarias y Forestales, Chillán, Chile.

Gallardo, I. 1988a. Riego (pp. 12-15). En Día de campo de frejoles. Serie Quilamapu N° 4. INIA Quilamapu, Chillán, Chile.

Gallardo, I. 1988b. El riego por aspersión. Consideraciones generales para el uso de este método de riego. Inv. Progr. Agrop. Quilamapu (Chile) 37:17-19.

Gallardo, I. 1989. Adecuación de suelos para riego [en línea]. Chillán: Serie Quilamapu. Disponible en: https://hdl.handle.net/20.500.14001/39611 (Consultado: 2 mayo 2022).

Gallardo, I., Paredes, M. 1990. Efecto de la frecuencia de riego, fertilización nitrogenada y fosfórica sobre el frejol (*Phaseolus vulgaris* L.). Agric. Téc. (Chile) 50(4):374-378.

Gallardo, I., Paredes, M. 1995. Riego en porotos. Tierra Adentro (Chile) 4:20-22.

Gallegos, J. Shibata, J. 1989. Effect of water stress on growth and yield of indeterminate dry-bean (*Phaseolus vulgaris* L.) cultivars. Field Crops Res. 20:81-93.

García, A. 1984. Riegos fenológicos en frejol. Tesis de grado para optar al título de Ing. Agrónomo. Univ. de Concepción, Facultad de Ciencias Agropecuarias y Forestales. Chillán, Chile. 70 p.

Geiger, R., Shieh, J., Saluke, M. 1989. Carbon partitioning among leaves, fruits, and seeds during development of *Phaseolus vulgaris* L. Plant. Physiol. 91(1):291-297.

Guglielmetti, H., Tay, J., Paredes, M., et al. 1977. Cultivo del poroto en la zona centro sur. Estación Experimental Quilamapu, Instituto de Investigaciones Agropecuarias, INIA. 51p.

Instituto de Desarrollo Agropecuario, Indap. 2010. Manual de pequeñas obras de riego en la agricultura familiar campesina. Segunda versión. Instituto de Desarrollo Agropecuario, Indap. Santiago, Chile. 231p.

Instituto de Investigaciones Agropecuarias, INIA, 1970. Riego en frejol (pp. 38-39). En Investigación Agropecuaria. Instituto de Investigaciones Agropecuarias, INIA, Santiago, Chile. 446p.

Jara, J. 1985. Evaluación de la temperatura de la cubierta vegetal y otros parámetros biofísicos en frejol negro (*Phaseolus vulgaris* L.). Tesis post grado. Univ. de Concepción, Facultad de Ciencias Agropecuarias y Forestales. Chillán, Chile. 157p.

Miranda, O. 1982. Cuando y cuanto regar. Inv. Progr. Agrop. La Platina (Chile) 12: 41-43.

Miranda, O., Belmar, C. 1977. Déficit hídrico y frecuencia de riego en frejol (*Phaseolus vulgaris* L.). Agric. Téc. (Chile) 37(3):111-117.

Nielsen, D., Nelson, N. 1998. Black bean sensitivity to water stress at various growth stages. Crop Sci. 38:422-427.

Nuñez, B., Hoogenboom, G., Nesmith, D. 2005. Drought stress and the distribution of vegetative and reproductive traits of a bean cultivar. Piracicaba, Brazil. Sci. Agric. 62(1):18-22.

Ordenes, C. 2024a. Monitoreo y otros aspectos de interés en riego tecnificado (pp. 67-83). En C., Morales (ed.). Riego tecnificado: evaluación, manejo, programación y casos de estudio en la pequeña y mediana agricultura en la región del Maule. Boletín INIA N°498. Instituto de Investigaciones Agropecuarias. Centro Regional de Investigación INIA Raihuén. Villa Alegre. Chile. 118 p.

Ordenes, C. 2024b. Manejo y mantención del sistema de riego localizado (pp. 38-42). En C., Morales (ed.). Riego tecnificado: evaluación, manejo, programación y casos de estudio en la pequeña y mediana agricultura en la región del Maule. Boletín INIA N°498. Instituto de Investigaciones Agropecuarias. Centro Regional de Investigación INIA Raihuén. Villa Alegre. Chile. 118 p.

Paredes, M., Tay, J., France, A., et al. 1987. Programa promoción frejoles de exportación. Serie Quilamapu N°2. Instituto de Investigaciones Agropecuarias, INIA. Estación Experimental Quilamapu, Chillán, Chile. 34p.

Polanía, J., Rao, I., Beebe, S., et al. 2009. Desarrollo y distribución de raíces bajo estrés por sequía en fríjol común (*Phaseolus vulgaris* L.) en un sistema de tubos con suelo. Agron. Colomb. 27(1):25-32.

Rai, A., Sharma, V., Heitholt, J. 2020. Dry bean (*Phaseolus vulgaris* L.) growth and yield response to variable irrigation in the arid to semi-arid climate. Sustainability 12:3851.

Ramírez, P. 2005. Determinación de la incidencia de distintas enfermedades en frejol *(Phaseolus vulgaris* L.), soya (*Glycine max* L.) y girasol (*Helianthus anuus* L.), cultivados bajo dos sistemas de riego: aspersión mediante pivote central y riego por surcos [en línea]. Talca: Disponible en: https://hdl.handle.net/20.500.14001/37697 (Consultado:23 febr, 2022).

Ramírez, P., Kelly, J. 1998. Traits related to drought resistance in common bean. Euphytica. 99(2):127-136.

Romero-Félix, C., López-Castañeda, C., Kohashi-Shibata, J., et al. 2019. Changes in yield and its components in bean under irrigation and drought. Rev. Mex. Cienc. Agric. 10(2): 351-364.

Santos, G., Ribeiro, R., Machado, E., et al. 2009. Photosynthetic parameters and leaf water potential of five common bean genotypes under mild water deficit. Biol. Plant. 53:229-236.

Saucedo, M., Téllez, V., Hernández, A., et al. 2009. Physiological performance, yield, and quality of dry bean seeds under drought stress. Interciencia 34:748-754.

Sharma, V., Rai, A., 2022. Dry Bean (*Phaseolus vulgaris* L.) Crop water production functions and yield response factors in an arid to semi-arid climate. J. ASABE 65:51-65.

Sponchiado, B., White, J., Castillo, J., et al. 1989. Root growth of four common bean cultivars in relation to drought tolerance in environments with contrasting soil types. Exp. Agric. 25:249-257.

Tapia, G., Méndez, J., Inostroza, L., et al. 2022. Water shortage affects vegetative and reproductive stages of common bean (*Phaseolus vulgaris*) Chilean landraces, differentially impacting grain yield components. Plants 11: 749.

Tay, K., Zapata, N., Urrea, C., et al. 2025. Screening terminal drought tolerance in dry bean genotypes and commercial bean cultivars in Chile. Agronomy 15:1499.

Terán, H., Singh, S. 2002. Comparison of sources and lines selected for drought resistance in common bean. Crop Sci. 42:64-70

Tosso, J. 1974. Cuando y como regar un cultivo de frejol. Inv. Progr. Agric. (Chile) 6(2):28-30.

Tosso, J. 1975. Nueva fórmula para la determinación de evapotranspiración en Chile. Agric. Téc. (Chile) 35(3):139-147.

Tosso, J. 1976. Determinación de evapotranspiración y coeficiente K para varios cultivos. Agric. Téc. (Chile) 36(4):151-155.

Tosso, J. 1988. Relaciones hídricas del poroto (*Phaseolus vulgaris* L.). I. Extracción de agua del suelo bajo diferentes regímenes de aplicada. Agric. Téc. (Chile) 48(3):197-205.

Tosso, J., Ferreyra, R., Miranda, O. 1981. Riego en frejol. Inv. Progr. Agric. (Chile) (Nov/Dic):45-48.

Tosso, J., Ferreira, R., Muñoz, L. 1986a. Semillas de malezas transportadas por el riego. I. Evaluación cuantitativa y factores que la condicionan. Agric. Téc. (Chile) 46(2):119-123.

Tosso, J., Ferreira, R., Muñoz, L. 1986b. Semillas de malezas transportadas por el riego. II. Identificación, poder germinativo y distribución de especies en una temporada de riego. Agric. Téc. (Chile) 46(2):125-129.

Varas, E., Sandoval, J. 1991. Manual de riego. Instituto de Investigaciones Agropecuarias INIA. Estación Experimental Quilamapu, Chillán, Chile. 78p.

White, J., Castillo, J. 1989. Relative effect of root and shoot genotypes on yield of common bean under drought stress. Crop Sci. 29:360-362

Ziver, A., Ramírez, A., Sotomayor, I., et al. 1973. Manual del frejol. Instituto de Investigaciones Agropecuarias, INIA. Santiago, Chile. 71p.



Índice

SECCIÓN VI

Sanidad en frejol



Capítulo 13. Control de malezas en frejol

Mario Paredes C., Viviana Becerra V.

Las malezas constituyen uno de los principales problemas que enfrenta el cultivo del frejol, ya que compiten por luz, agua y nutrientes y pueden ser huéspedes de plagas y enfermedades (Foto 1). Además las malezas presentan características específicas, por las cuales proliferan y persisten en el campo: 1) poseen diferentes órganos de reproducción como rizomas, tubérculos y semillas; 2) producen semillas que presentan una alta viabilidad en el suelo ej. verdolaga (*Portulaca oleracea)*; bledo (*Amaranthus* sp.); romaza (*Rumex* sp.); 3) producen una gran cantidad de semillas; 4) poseen un rápido crecimiento, con ciclos vegetativos cortos, de 30 a 60 días como la pega pega (*Setaria* sp.); 5) poseen un alta capacidad competitiva; 6) poseen sistemas de diseminación eficientes; 7) presentan diferentes ciclos de crecimiento, anuales, bianuales y perennes (Ramírez, 1980).



Foto 1. Presencia de diferentes malezas en un campo con cultivo de frejol.

Competencia de las malezas con el frejol

Se ha comprobado que las malezas tienen gran habilidad para competir con el cultivo del frejol, durante todo su periodo de crecimiento y desarrollo. Sin embargo, el daño que puede causar la maleza a la planta de frejol dependerá de la cantidad, especie, tipo y época de infestación, siendo los primeros estados de desarrollo del frejol los más susceptibles a la competencia y al daño causado por estas plantas (Pedreros, 1994).

Las pérdidas en rendimiento que ocasionan las malezas al cultivo, se deben a que ambos organismos, frejol y maleza, tienen los mismos requerimientos para crecer y multiplicarse, es decir,

agua, nutrientes y luz (Ormeño, 1981). En este contexto, se considera que las plantas de frejol son menos eficientes para competir con algunos géneros de malezas como *Cynodon* (chépica), *Paspalum* (chépica gigante), *Sorghum* (maicillo); *Cyperus* (chufa), *Echinochloa* (hualcacho), *Digitaria* (pata de gallina), *Setaria* (pega pega), entre otras. Dada esta situación, cualquier práctica que garantice un rápido y vigoroso crecimiento de la planta del frejol, como: la siembra oportuna en una adecuada cama de semillas, uso de semilla de buena calidad, fertilización, manejo adecuado del riego, tenderá a disminuir el efecto perjudicial de las malezas (Ormeño, 1980).

Los primeros estados de desarrollo de la planta, desde que emergen los cotiledones e inicia la formación del primer par de hojas unifoliadas, las plántulas de frejol son más grandes que las malezas, debido al uso de las reservas existentes en los cotiledones. Sin embargo, a partir de la formación de la primera hoja trifoliada de la planta del frejol, las malezas crecen con la misma o mayor velocidad, compitiendo con la planta de frejol, por agua, luz y nutrientes, ya que muchas especies de malezas poseen un sistema fotosintético más eficiente que el frejol. Esto se debe a que pueden fotosintetizar a niveles de intensidad lumínica y temperatura, en que las plantas de frejol no pueden hacerlo, es decir, son más eficientes en incorporar carbono en la formación de carbohidratos y en su posterior reserva como almidón. Además, las malezas necesitan una menor cantidad de agua para producir una contenido de materia seca equivalente al de la planta de frejol, y poseen una mayor respuesta a los nutrientes (Ormeño, 1980; Ormeño, 1983).

Cómo las malezas son más competitivas que las plantas de frejol (Foto 2), es necesario proveer a las plantas de frejol de todo el manejo agronómico que favorezca un rápido crecimiento, en la que debe incluir una adecuada y oportuna estrategia para el control de las malezas (Ormeño, 1980; Ormeño, 1983).



Foto 2. Competencia de las malezas con la planta de frejol por espacio, luz, agua y nutrientes.

Periodo crítico

Dada esta situación, se ha establecido el concepto de periodo crítico de competencia entre el cultivo y las malezas. Este periodo identifica el estado de desarrollo de la planta de frejol, donde las malezas pueden causar el mayor daño en su crecimiento y desarrollo, lo que se traduce finalmente en una menor producción y pérdida económica (Ormeño, 1983; Ormeño, 1994).

Diversos estudios han demostrado que, cuanto mayor sea el periodo vegetativo de la variedad de frejol, mayor será el periodo en que la planta de frejol deberá permanecer libre de malezas, para maximizar la producción (Foto 3). En las condiciones de la zona central del país, se estima que el periodo libre de malezas es de 40 a 60 días después de la emergencia (Ramírez, 1973; Ziver et al., 1973; Ramírez y Martin, 1974; Ramírez y Avendaño, 1976; Nitsche, 1986a) (Foto 3 (A)). Aunque este periodo no es fijo y va a depender de las interrelaciones entre el frejol y las malezas presentes en el cultivo.



Foto 3. Periodo crítico de malezas (A), competencia entre hileras (B), y competencia sobre hileras (C) en un cultivo de frejol.

Dada esta situación, se ha estimado que la presencia de malezas, entre (Foto 3 (B)) y sobre hileras (Foto 3 (C)), puede reducir entre un 40 a 50 % el rendimiento (Ziver, 1956) y en algunos casos puede llegar a un 80 a 85 %, dependiendo de la cantidad de malezas presente en el cultivo y el estado de desarrollo de la planta de frejol (Ormeño, 1994; Pedreros, 1994; Tay et al., 1997; Pedreros, 2000). Otros estudios han determinado pérdidas de rendimiento de un 20 % en la variedad Tórtola con una población no controlada de 19 malezas m^{-2}, compuesta principalmente por verdolaga, hualcacho, correhuela, quinhuilla, rábano, yuyo, pata de gallina y tomatillo. La población de malezas presente en el cultivo produjo alrededor de una ton ha^{-1} de materia seca, en un suelo delgado de la región Metropolitana. Otros trabajos han señalado pérdidas de rendimiento de más de un 20 % con poblaciones de maicillo entre 26 y 42 tallos m^{-2} y pérdidas superiores a un 50 % con poblaciones de maicillo superiores a 52 tallos m^{-2} (Nitsche, 1986a).

En relación a las variedades, algunos estudios han determinado diferentes respuestas en relación a la reducción en rendimiento, por ejemplo la variedad, 'Tórtola' fue afectada en un 86 % su producción, 'Red Kidney' un 50 % y 'Seaway' un 45 %. Esta situación se observó cuando estas variedades crecieron con la presencia de malezas los primeros 50 días después de la emergencia, en comparación con testigos libres de malezas (Ramírez y Martin, 1974; Ramírez y Avendaño, 1976).

Malezas presentes en el cultivo

Las principales malezas que están presentes en el cultivo del frejol son: yuyo (*Brassica napus* L), rábano (*Rhaphanus sativus* L) chamico (*Datura stramonium* L), quinhuilla (*Chenopodium album* L.), tomatillo (*Solanum nigrum* L.), verónica (*Veronica anagallis* L.), sanguinaria (*Polygonum aviculare* L.) (Ramírez y Ziver, 1956). Posteriormente, otros estudios han citado otras malezas presentes en el cultivo del frejol en la zona norte y central del país, como: arvejilla (*Vicia* sp), bolsita del pastor (*Capsella bursa-pastoris*), calabacillo (*Silene gallica*), hierba de la culebra (*Fumaria officinalis*), manzanillón (*Anthemis cotula*), pimpinela o cizaña (*Cantaurea melitensis*), romacilla (*Rumex acetosella*), yuyo (*Brassica campestris*) y hierba del Chanco (*Hypochoera radicata*) (Ramírez, 1980). En 1994, se indicó que las principales malezas que estaban causando daño económico al cultivo en la zona centro norte (Nitsche, 1986a; Ormeño, 1994) (Cuadro 1) y centro sur (Paredes et al., 1987) del país eran las que se presentan en el Cuadro 2 (Foto 4).

Cuadro 1. Principales malezas presentes en el cultivo del frejol.

Maleza	*Nombre botánico*	Nombre común	Ciclo de vida	Importancia relativa
Monocotiledonea				
Cyperaceas	*Cyperus esculentus*	Chufa amarilla	Perenne	***
	Cyperus rotundus	Chufa colorada	Perenne	***
Poaceas	*Echinochloa crusgalli*	Hualcacho	Anual	***
	Digitaria sanguinalis	Pata de gallina	Anual	***
	Setaria verticillata	Pega-pega	Anual	**
	Panicum capillare	Pasto de la perdiz	Anual	*
	Paspalum distichum	Chépica	Perenne	*
	Sorghum halepense	Maicillo	Perenne	***

	Cynodon dactylon	Pasto bermuda	Perenne	**
	Pannisetum clandestinum	Kikuyo, chépica	Perenne	*
Dicotiledonea				
Latifoliadas o de hoja ancha	*Bidens pilosa*	Asta de cabra	Anual	**
	Bylderdikia convolvulus	Porotillo, enredadera	Anual	**
	Polygonum aviculare	Sanguinaria	Anual	***
	Chenopodium album	Quinguilla	Anual	***
	Amaranthus hibridos	Bledo	Anual	***
	Amaranthus deflexus	Bledo	Anual	***
	Portulaca oleracea	Verdolaga	Anual	***
	Raphanus sativus	Rábano	Anual	***
	Pistrum rugosum	Yuyo, mostacilla	Anual	**
	Convolvus arvensis	Correhuela	Perenne	**
	Solanum nigrum	Tomatillo	Anual	**
	Datura stramonium	Chamico	Anual	***
	Malva nicaensis	Malva	Anual	**
	Anoda cristata	Malvilla	Anual	**
	Naodora hastata	Malvilla	Anual	**
	Biden aurea	Falso té	Perenne	**
	Sonchus spp	Ñilhue	Anual	**
	Modiola carolineana	Pila pila	Perenne	*

*** Muy abundante; ** Abundante; * Mediana abundancia.

Fuente: Nitsche, 1986a; Ormeño, 1994.

Las principales malezas presentes en el cultivo de frejol en la zona centro-sur son (Cuadro 2, Foto 4).

Cuadro 2. Principales malezas asociadas al cultivo del frejol en la zona centro-sur de Chile.

Maleza	Nombre Botánico	Nombre común	Ciclo de vida
Monocotiledonea			
Cyperaceas	*Cyperus spp.*	Chufa o Lleivún	Perenne
	Cyperus esculentus	Chufa amarilla	Perenne
	Cyperus rotundus	Chufa colorada	Perenne
Poaceas	*Echinochloa crusgalli*	Hualcacho	Anual
	Digitaria sanguinalis	Pata de gallina	Anual
	Setaria viridis	Pega-pega	Anual
	Setaria lutescens	Pega-pega	Anual
	Setaria verticillata	Pega-pega	Anual
	Panicum capillare	Pasto de la perdiz	Anual
	Sorghum halepense	Maicillo	Perenne
	Cynodon dactylon	chépica	Perenne
Dicotiledonea			
	Polygonum convolvulus	Porotillo, enredadera	Anual
	Polygonum aviculare	Sanguinaria	Anual
	Polygonum persicaria	Sanguinaria	Anual
	Polygonum lapathifolium	Duraznillo	Anual

Dicotiledonea			
	Chenopodium album	Quinguilla	Anual
	Amaranthus hibridus	Bledo	Anual
	Amaranthus deflexus	Bledo	Anual
	Portulaca oleracea	Verdolaga	Anual
	Raphanus sativus	Rábano	Anual
	Convolvus arvensis	Correhuela	Perenne
	Solanum nigrum	Tomatillo	Anual
	Datura stramonium	Chamico	Anual
	Ambrosia elatior	Pasto negro	Anual
	Anoda cristata	Malvilla	Anual

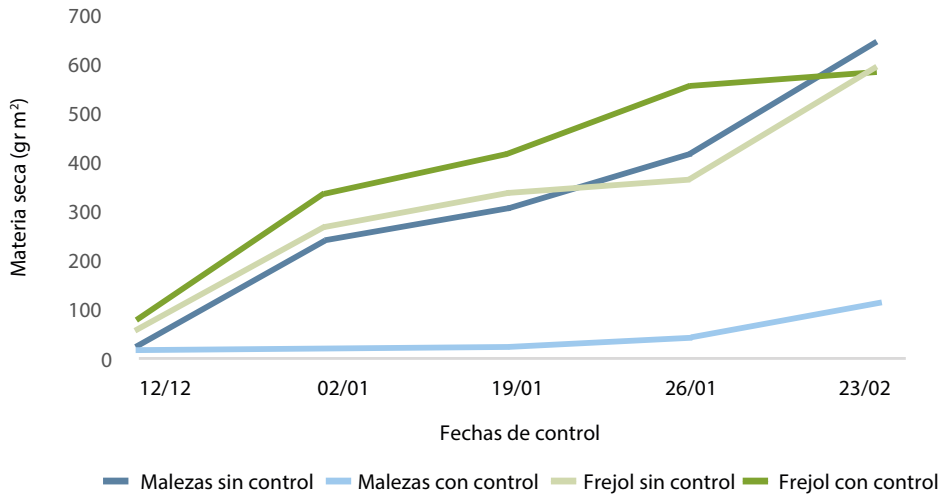
Fuente: Paredes, et al., 1987.



Foto 4. Algunas malezas presentes en el cultivo del frejol.

Métodos de control de malezas

Los métodos de control de malezas pueden ser de tipo cultural, mecánico y químico. Como se mencionó anteriormente, la planta de frejol no es muy eficiente en la competencia con las malezas, por lo cual, es importante mantener limpio el cultivo al menos durante el periodo crítico de competencia (Fig. 1). Para lograr este objetivo, se deben integrar varias estrategias de control de las malezas (Pedreros, 1994).



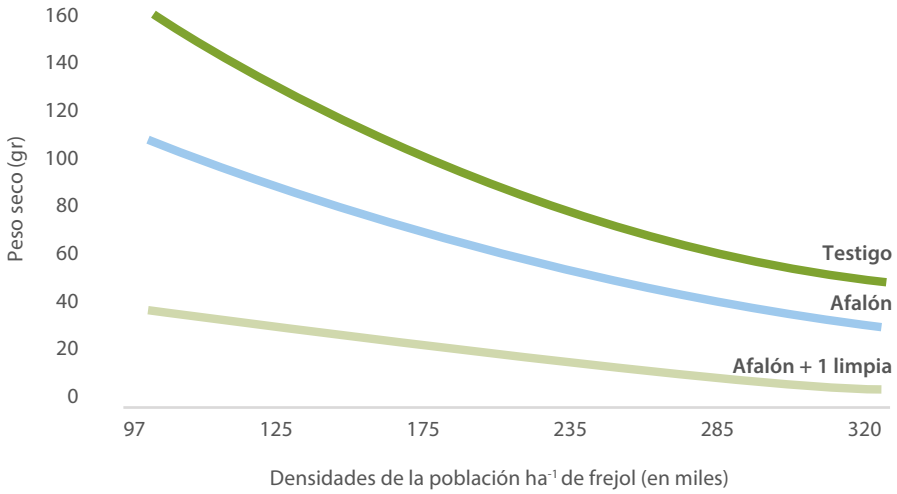
Fuente: Pedreros, 1994.

Figura 1. Acumulación de materia seca de malezas y de la planta de frejol.

Control cultural. El control cultural se refiere a cualquier labor agronómica que favorezca el desarrollo rápido de la planta, para que compita de mejor forma con las malezas (Pedreros, 2000). Algunas medidas de control cultural son el uso de rotaciones, preparación de suelos, densidad de plantas, uso de semilla certificada, desinfección de semilla, fertilización balanceada, buen manejo del agua, entre otras. Por ejemplo, una rotación adecuada debe incluir cultivos competidores con las malezas como son el trigo y el maíz (Nitsche, 1986b; Pedreros, 2000). En la preparación de suelos, se debe evitar el laboreo excesivo y los gastos innecesarios, por lo cual, el uso de maquinaria debe ser tal que permita obtener una buena cama de semilla, un suelo mullido, libre de terrones y que posea una buena humedad del suelo para la siembra. El uso de una adecuada densidad de plantas del cultivo (25 pl m^{-2}), puede ayudar a competir mejor con las malezas y cubrir rápidamente la superficie del terreno, sobre y entre hileras (Fig. 2) (Nitsche, 1986b).

Un factor importante que influye en la cantidad de malezas presentes en el cultivo, es la permanente infestación de las malezas en los campos (Ferreyra et al., 1989; Tosso et al., 1986a; b). Es así como un estudio realizado en un sistema de canales provenientes del río Maipo, desde la bocatoma a un predio, con muestras tomadas cada 15 días y en cinco puntos del trayecto, indicó que el agua de riego, era un buen medio de transporte de semillas y que la cantidad de semillas transportada incrementaba a medida que aumentaba la distancia desde la bocatoma al predio. Dada esta situación, es recomendable construir estructuras o trampas de malezas en los canales como una manera de reducir este problema. Algunas estimaciones realizadas indican

que, durante el periodo de cultivo del frejol, se pueden transportar alrededor de 40 mil semillas ha^{-1} $temporada^{-1}$ (Ferreyra et al., 1986; Tosso et al., 1986a; Ferreyra et al., 1989).



Fuente: Nitsche, 1986.

Figura 2. Densidad de plantas de frejol *vs* peso seco de malezas.

Control mecánico de malezas. El control mecánico de malezas consiste en el uso de herramientas manuales, de tracción animal/o mecánicas que tienen por objeto destruir las malezas. Sin embargo, en este aspecto es importante considerar que el laboreo del suelo puede provocar la dispersión, multiplicación y perpetuación de muchas malezas (Ormeño y Carrasco, 1999), especialmente de malezas perennes que posean un sistema de reproducción por rizomas o estolones (Cuadro 3). Por ello, es necesario seleccionar los equipos adecuados para estas labores.

Cuadro 3. Capacidad de reproducción vegetativa y reproductiva de las principales malezas de la zona central del país.

Tipo de estructura	Profundidad de los propágulos reproductivos	Producción de semillas	Capacidad invasiva de los propágulos
Raíz pivotante			
Siete venas	Superficial	Alta	Baja
Galega	Superficial	Alta	Baja
Malva	Superficial	Alta	Baja
Sanguinaria	Superficial	Alta	Baja
Buglosa	Supe rficial	Alta	Baja
Achicoria	Media	Media	Baja
Diente de león	Superficial	Alta	Baja

Tubérculos			
Papilla	Media	Media	Media
Chufa amarilla	Profundo	Baja	Alta
Chufa roja	Profundo	Baja	Alta
Bulbos basales			
Chufa amarilla	Superficial	Baja	Alta
Chufa roja	Superficial	Baja	Alta
Yemas radicales			
Brea o peril	Profundo	Alta	Alta
Correhuela	Profundo	Alta	Alta
Rizomas			
Zarzamora	Media/profundo	Alta	Alta
Hierba del té	Media	Media	Alta
Maicillo	Media/profundo	Baja	Alta
Pasto bermuda	Media	Baja	Alta
Chépica	Media	Baja	Media
Kikuyo	Media	Baja	Baja
Estolones			
Pila pila	Superficial	Media	Media
Chépica	Superficial	Baja	Media
Pasto bermuda	Superficial	Baja	Alta
Kikuyo	Superficial	Baja	Alta

Fuente: Ormeño y Carrasco, 1999.

Para el control de malezas recién emergidas, es recomendable el uso de una 'rastra de malla liviana' que permite mover el suelo y dejar a las malezas expuestas al sol (Foto 5). Sin embargo, el uso de estos métodos, en algunos casos, presenta una eficiencia inferior al control químico (Pedreros, 2000).

Para el control de malezas provistas de rizomas y estolones como, maicillo, falso té, pasto bermuda y chépica, entre otras, el uso de implementos de tipo cortante, como rastras de discos, no es recomendable, ya que los discos al cortar los propágulos vegetativos y enterrarlos contribuirán a propagar aún más este tipo de malezas (Ormeño y Carrasco, 1999; Pedreros, 2000). En este caso, es posible utilizar un vibrocultivador que permita arrancar y mover los propágulos, para dejarlos en la superficie del suelo para su deshidratación. Sin embargo, esta maquinaria es poco adecuada para el control de malezas con estructuras vegetativas profundas como correhuela y péril (Ormeño y Carrasco, 1999).



Fuente: Pedreros, 2000.

Foto 5. Control mecánico de malezas en frejol.

El control de malezas de especies perennes, con raíces superficiales de tipo no invasivo, como es el caso de galega, diente de león, achicoria, siete venas, entre otras, es posible usar una rastra de discos simple para el desarraigamiento superficial de las raíces (Ormeño y Carrasco, 1999).

Por muchas décadas, el control de las malezas en el cultivo del frejol, se realizó manualmente usando azadones, práctica conocida como 'pica del frejol'. En aquellos momentos se recomendaba realizar dos a tres 'picas' durante la temporada (Ziver et al., 1973; Ramírez y Martin, 1974; Ramírez y Avendaño, 1976; Nitsche, 1989b; Ormeño, 1994; Ormeño y Carrasco, 1999). Actualmente, la 'pica de frejol' es muy poco frecuente debido a la ausencia de mano de obra y a su alto costo. Sin embargo, en algunos casos, se realiza una limpia manual de malezas, como es el caso de enmalezamientos tardíos, actividad que realizan los 'trateros', personas que se contratan para arrancar malezas en base a una superficie determinada (¼ ha), por un valor determinado de dinero.

Los primeros trabajos de investigación en el control de malezas, se realizaron para determinar el efecto de las malezas en el cultivo del frejol y el número de controles necesarios para obtener un buen rendimiento. Estos estudios, indicaron que el primer control de malezas, se debía efectuar inmediatamente después del primer riego (Ziver, 1956), mediante el uso de cultivadores que ayudaba a controlar las malezas presentes entre las hileras del cultivo y a realizar los surcos de riego en el caso de usar el riego por surcos. Sin embargo, esta labor debía ser complementado con el uso de herbicidas, para controlar el crecimiento de malezas más tardías (Nitsche, 1986b).

En este aspecto, el análisis de 15 ensayos de control de malezas realizados en la zona centro norte del país en la década del 90, determinó que era necesario realizar dos a tres limpias en el cultivo del frejol para obtener un buen rendimiento (Nitsche, 1986b). Sin embargo, en la actualidad este tipo de control de malezas resulta antieconómico, de ahí la necesidad de utilizar otros tipos de control de malezas en el cultivo (Ormeño, 1994).

Control químico de malezas en frejol

Actualmente, la práctica de control de malezas más comúnmente utilizada es la aplicación de productos químicos. Los herbicidas recomendados para ser utilizados en el cultivo del poroto, se pueden clasificar en tres grupos, de acuerdo a la forma y época de aplicación.

Herbicidas de presiembra incorporado (PSI). Los herbicidas residuales o suelo-activos, se aplican antes de sembrar directamente al suelo, sobre una buena cama de semillas, que en lo posible tenga pocos terrones y una humedad adecuada para la germinación del frejol. Una vez aplicado el producto, se pasa una rastra de disco, o de preferencia, un vibrocultivador con rodillo compactador en la cola, en forma perpendicular a la dirección de la última labor de preparación de suelo, para incorporar el producto. No hay que olvidar que, la profundidad de incorporación del herbicida, es la mitad de la profundidad de trabajo para la cual fue regulado el implemento de arrastre (Foto 6). Por ejemplo, Treflán es un herbicida extremadamente volátil, por lo que se debe incorporar en forma inmediata después de la aplicación (Ormeño, 1994).



Foto 6. Preparación de suelos y control de malezas.

Herbicidas de preemergencia (PRE). Los herbicidas de preemergencia se deben aplicar después de realizada la siembra, pero antes de la emergencia de las plántulas (Foto 7). Son herbicidas residuales, que son retenidos (adsorbidos electrónicamente) a la materia orgánica (coloides orgánicos) y a las arcillas (coloides inorgánicos) del suelo. El nivel de fijación del herbicida al suelo depende en gran medida del contenido de humedad del suelo y de la dosis aplicada, por lo cual no se deben aplicar con la superficie del suelo seca. Se recomienda usar como mínimo un volumen de agua de 300 l ha^{-1}. Mientras más seco esté el suelo, más agua se debe usar, debido a que las aplicaciones realizadas con bajos volúmenes de agua (100 a 200 l ha^{-1}) en suelos secos, generalmente producen un bajo nivel de control (Ormeño, 1981; 1983). Las dosis mayores se deben aplicar en los suelos más pesados y las menores en suelos de textura más liviana. Ejemplo, Linuron (Afalon, Lorox, Linuron, Linurex) (Ormeño, 1983; Ormeño, 1994).



Foto 7. Aplicación de herbicidas de preemergencia.

Herbicidas de postemergencia (POST). Los herbicidas de postemergencia se aplican una vez que las plantas de frejol y las malezas han emergido, ya que el herbicida entra en contacto con la maleza emergida, donde el estado de desarrollo de las malezas y del frejol es muy importante. El estado de desarrollo de la maleza no debe estar más allá de tres a cuatro hojas verdaderas para la planta de frejol, una hoja trifoliada (Ormeño, 1981; Ormeño, 1983).

Los herbicidas graminicidas producen niveles de control más o menos similares en la mayoría de malezas gramíneas, excepto en *poa*, piojillo, pasto blanco (*Poa annua* y *Poa trivialis*) y pasto sedilla o vulpia (*Vulpia bromoides*). Los primeros síntomas del control de las malezas es la aparicion de clorosis y enrojecimiento de los brotes que aparecen alrededor de los 10 días después de la aplicación, si las temperaturas son bajas. Ejemplos de graminicidas son: Quizalofop-etil (Assure), Quizalofop-p-refuril (Pantera), Haloxifop-metil (Galant-plus), Fluaxifop-p-metil (Hache uno 2000 175 EC), Clethodim (Select 24 EC) (Ormeño, 1994). Los productos recomendados poseen un periodo residual de 40 a 45 días, por lo cual el control químico debe complementarse con un control mecánico (Ramírez, 1973) o químico (Ormeño, 1994).

En la zona norte y central (Vallenar-Talca), la mayoría de los ensayos han mostrado mejores resultados para los herbicidas de preemergencia y de postemergencia, en comparación los herbicidas de presiembra incorporado, posiblemente debido a problemas de falta de humedad en el suelo. Cabe destacar que, el control de malezas de presiembra y postemergencia, requieren un control mecánico complementario de malezas (Nitsche, 1986b).

Las primeras evaluaciones realizadas en el país de diferentes dosis y épocas de herbicidas (Dinitro selectivo y no selectivo, Pentaclorofeno más aceite, MCP, CMU, CIPC. DNOSBP, 2,4-D Amina), sobre el control de malezas en la variedad 'Cristal' y 'Coscorrón' en la zona central del país determinó: a) un efecto negativo de la presencia de malezas en el rendimiento del frejol, especialmente con la ausencia de control en el primer estado de desarrollo de la planta; b) ninguno de los herbicidas evaluados produjo un efecto adverso en el crecimiento y desarrollo de la planta de frejol; c) algunos de los herbicidas evaluados fueron muy efectivos en el control de malezas, pero sólo con un efecto residual acotado, por lo cual, era necesario completar el control químico con un control manual o mecánico (Ramírez y Ziver, 1956).

A principios de 1960, se continuó con la evaluación de otros herbicidas disponibles en el mercado como Aretit, Eptam, Carosen, Rondox, Alipur con 300 l de agua ha^{-1}, donde los resultados indicaron que el Eptam, se debía incorporar con una pasada de rastra y que todos los herbicidas evaluados en postemergencia no tenían un efecto residual lo suficientemente largo como para mantener el suelo limpio de malezas por un largo periodo (Ramírez, 1962; 1967).

A principios de 1970, en la zona centro-norte del país, se recomendaban los herbicidas Nitralín, presiembra incorporado, en dosis de 0,75 a 1 kg i.a. ha^{-1}, Linurón, preemergencia en dosis de kg de i.a. ha^{-1}, más Prometrina, preemergencia en dosis de 1 kg de i.a. ha^{-1}; Trifluralina, presiembra incorporado en dosis de 750 g de i.a ha^{-1}, más Linurón, preemergencia en dosis de 1 kg de i.a. ha^{-1} (Ramírez, 1973; Ziver et al., 1973; Ramírez y Martin, 1974; Ramírez y Avendaño, 1976).

A finales de 1970, la recomendación del control químico de malezas en la zona centro norte incluía a los herbicidas de presiembra incorporados como Eptam, Planavin (75 %); Treflán, aplicados al suelo inmediatamente antes de la siembra, incorporados con un rastraje cruzado, a los herbicidas Afalón (50 %), Lorox (80 %), Malorán (50 %), y Tribunil (70 %) de preemergencia y Aretit (40 %) y Basagrán como control de postemergencia. Se recomendaba además que el

control químico fuera complementado, si era necesario, con una limpia manual (Aeschilemann et al., 1979).

En la zona centro sur, a finales de los años 1970, los herbicidas recomendados eran: Terbutrina, Prometrina y Linurón en dosis de 1,0 a 1,5 kg i.a. ha^{-1}) de preemergencia y Bentazón (0,72 a 1,4 kg i.a. ha^{-1}) como control de postemergencia, cuando el frejol tenía de 2 a 4 hojas (Guglielmetti et al., 1977).

A finales de la década de 1980, los herbicidas recomendados en la zona centro norte se presentan en el Cuadro 4.

Cuadro 4. Principales herbicidas recomendados en el control de malezas en el cultivo del frejol.

Nombre herbicida Común	Comercial	Epoca de aplicación	Dosis (P.C. ha^{-1})	Volumen de agua (l ha^{-1})	Control
EPTC	Eptam	PSI	3,5-5.0 l	200-300	Gramíneas, ciperáceas y algunas hoja ancha.
Trifluralín	Treflan	PSI	2,0-3,0 l	200-300	Gramíneas, ciperáceas y algunas hoja ancha.
Alaclor	Lazo	PSI o PRE	1,5-2,5 l	200-300	Gramíneas anuales
Metaclor	Dual	PSI o PRE	3,0-5,0 l	200-300	Gramíneas anuales
Linurón	Afalón, Lorox	PRE	2,0-2,5 kg	400 o más	Malezas anuales y algunas gramíneas
Metabenztiazurón	Tribunil	PRE	3,0-4,0	400 o más	Malezas gramíneas y hoja ancha
Bentazón	Basagran	POST	1,5-2,0 l	300-400	Sólo hoja ancha hasta 3-4 hojas
Dinitro	Aretit	POST	4,0-6,0 kg	300-400	Sólo hoja ancha hasta 3-4 hojas
Diclofopmetil	Iloxán	POST	2,0-3,0 l	200-300	Sólo gramíneas anuales hasta 4 hojas

Fuente: Ormeño, 1983.

En esos años se planteaba que, para determinar la época de aplicación del herbicida y su dosis, se debía, considera el tipo y estado de desarrollo de las malezas, los factores ambientales, las características físicas y químicas del suelo y el uso de los equipos y pulverizadoras con boquillas adecuadas y calibradas. La consideración de las condiciones climáticas es importante, ya que la acción de algunos herbicidas depende de la temperatura y humedad del suelo (herbicidas presiembra), y temperatura ambiental (herbicidas de postemergencia) (Ormeño, 1983).

La recomendación general, era en lo posible, utilizar el control integrado de malezas, donde se deberían incorporar y complementar los métodos de control cultural, mecánico y químico (Ormeño, 1981; Ormeño, 1983).

A finales de la década de 1980, los herbicidas recomendados en la zona centro sur se presentan en el Cuadro 5.

Cuadro 5. Recomendaciones para el control químico de malezas en el cultivo del frejol en la zona centro sur del país.

Nombre común herbicida	Época de aplicación	Nombre comercial	Control de malezas
EPTC	PSI	Erradicane	Gramíneas, ciperáceas y algunas de hoja ancha. Se está retirando del mercado.
Trifluralina	PSI	Treflan	Gramíneas y algunas malezas hoja ancha.
Metaclor	PSI o PRE	Dual 960 EC	Gramíneas anuales.
Linurón	PRE	Afalón, Linurex, Lorox	Anuales, hoja ancha
Metabenztiazurón	PRE	Tribunil	Gramíneas y hoja ancha
Bentazón	POST	Basagrán, Bentax 48 SL	Solo hoja ancha 3-4 hojas.
Dinitro	POST	Aretit	Solo hoja ancha 3-4 hojas.
Diclofopmetil	POST	Iloxan	Solo gramíneas anuales hasta de 4 hojas
Quizalofop-p-etil	POST	Assure	Gramíneas, dosis menores anuales, 5-15 cm.
Haloxyfop-metil	POST	Galant	Gramíneas
Fluazifop-b-butil	POST	H-1 Super	Gramíneas pleno crecimento, 10 120 cm.
Setoxidim	POST	Poast	Gramíneas, dosis menores para anuales.

Fuente: Paredes et al., 1987.

En este caso, los herbicidas de presiembra incorporado poseen un excelente control de pata de gallina, hualcacho, pasto de la perdiz y pega pega. Los herbicidas de preemergencia como Afalón y Tribunil controlan muy bien malezas de hoja ancha anuales como bledo, quinhuilla, verdolaga, chamico, tomatillo, etc.; Lazo y Dual controlan casi todas las malezas gramíneas y algunas de hoja ancha. Los datos disponibles indicaban que todos los herbicidas disponibles en el mercado, eran altamente selectivos para el frejol, en las dosis recomendadas por el fabricante (Paredes et al., 1987).

A finales de la década de 1990, los herbicidas recomendados para el control de malezas en frejol eran: Trifluralina y Eptam de preemergencia incorporado, Linurón y Prometrina de preemergencia y Bentazón, Fomesafen y graminicidas selectivos en postemergencia (Tay et al., 1997).

A principios del 2000, los principales productos químicos recomendados para el control de malezas eran los siguientes (Cuadro 6).

Cuadro 6. Herbicidas recomendados para el control de malezas en frejol para producción de grano seco. 2004.

Nombre común herbicida	Época de aplicación	Nombre comercial	Control de malezas
EPTC	PSI	Erradicane	Gramíneas, ciperáceas y algunas de hoja ancha.
Trifluralina	PSI	Treflan	Gramíneas y algunas malezas hoja ancha.
Alaclor	PSI o PRE	Alanex, Alaclor 48SC	Hoja ancha y algunas gramíneas
Metaclor	PSI o PRE	Dual 960 EC	Gramíneas anuales.
Linurón	PRE	Afalón, Linurex, Lorox	Anuales, hoja ancha
Metabenztiazurón	PRE	Tribunil	Gramíneas y hoja ancha
Bentazón	POST	Basagrán, Bentax 48 SL	Sólo hoja ancha hasta 3-4 hojas.
Fomesafen	POST	Flex	Sólo hoja ancha, 2-4 hojas.

Clethodin	POST	Centurion	Gramíneas; dosis menores para anuales con 2-5 hojas. Dosis mayores para perennes.
Fluazifop-b-butil	POST	H-1 2000	
Propaquizafop	POST	Agil	
Quizalofopetil	POST	Flecha	
Quizalofop-p-etil	POST	Assure plus	
Quizalofop-p-tefuril	POST	Pantera	
Setoxidim	POST	Poast	

Fuente: Pedreros y Tay, 2004.

Índice de susceptibilidad de las malezas a los herbicidas. El Treflán controla bien el hualcacho, pata de gallina, pega pega, pasto de la perdiz, bledo, malva, porotillo, quinhuilla, sanguinaria y verdolaga (Cuadro 7). El Linurón posee un buen control de las malezas: asta de cabra, bledo, chamico, malva, ñilhue, porotillo, quinhuilla, rábano, verdolaga y yuyo (Cuadro7). El Fomesafen, por otro lado, controla además de las anteriores a la malvilla y el Bentazón controla irregularmente a la malva y malvilla (Cuadro 7). Ambos son productos de contacto, por lo cual la maleza debe estar expuesta para lograr una buena mojadura y control.

Cuadro 7. Índice de susceptibilidad relativa que presentan las malezas más importantes asociadas al cultivo a los herbicidas recomendados.

Maleza	Presiembra incorporado		Preemergencia		Postemergencia		
	Trifluralina	Alacloro	EPTC	Linurón	Bentazón	Fomesafen	Graminicida
Chufa	NC	MS/R	MS/R	NC	S/R	NC	NC
Hualcacho	S	S	S	MS	NC	NC	S
Pata de gallina	S	S	S	MS	NC	NC	S
Pega-pega	S	S	S	MS	NC	NC	S
Pasto de la perdiz	S	S	S	MS	NC	NC	S
Chépica	MS/R	MS/R	MS/R	NC	NC	NC	S

Maicillo	MS/R	MS-S/R	MS/R	NC	NC		NC
Pasto bermuda	MS/R	MS/R	MS/R	NC	NC	NC	MS
Kikuyo	MS/R	MS-S/R	MS/R	NC	NC	NC	S
Asta de cabra	NC	NC	MS	S	S	S	NC
Bledo	S	S	S	S	S	S	NC
Chamico	NC	NC	MS	S	S	S	NC
Malva	S	S	MS	MS	MS	S	NC
Malvilla	MS	MS	MS	S	MS	S	NC
Ñilhue	MS	S	S	S	S	S	NC
Porotillo	S	S	S	S	S	S	NC
Quinguilla	S	MS	S	S	MS/NC	MS/R	NC
Rábano	NC	S	MS	S	S	S	NC
Sanguinaria	S	S	S	MS	S	S	NC
Tomatillo	NC	NC	MS	MS	S	S	NC
Verdolaga	S	S	S	S	S	S	NC
Yuyo, mostacilla	NC	MS	MS	S	S	S	NC
Correhuela	MS/R	MS/R	MS/R	NC	S/R	S/R	NC
Falso té	NC	NC	NC	NC	MS/R	S/R	NC
Pila pila	MS/R	NC	MS/R	MS/R	MS/R	MS/R	NC
Susceptibilidad del frejol	B	B	B	B	B	B	MB

S=susceptibilidad; MS= medianamente susceptible; NC= no controla; R=rebrote de perenne, B=buena; MB=muy buena.

Fuente: Ormeño, 1994.

Las malezas gramíneas son controladas adecuadamente por algunos de los herbicidas recomendados (Cuadro 7), sin embargo, las malezas de hoja ancha o latifoliadas, han llegado a ser un problema complejo de enfrentar, debido a la escasa oferta de herbicidas, a la emergencia de nuevas poblaciones de malezas después de cada riego, que llegan a altas densidades en la etapa de floración y madurez de la planta de frejol, lo que dificulta la cosecha (Ormeño, 1994; Pedreros y Tay, 2004). Como no existe un herbicida que, por sí solo controle todas las malezas latifoliadas, la elección del herbicida se debe realizar en base a las especies presentes en el campo y al historial del potrero. El objetivo debe ser integrar un buen manejo agronómico del cultivo desde la siembra y realizar un control integrado de las malezas (Foto 8).



Foto 8. Cultivo del frejol con un control de malezas integrado.

Daño por productos químicos. El daño por la aplicación de productos químicos, se puede producir especialmente durante la germinación y desarrollo de las plántulas, cuando no se respetan las recomendaciones del fabricante (Schwartz et al., 1978) (Foto 9).



Foto 9. Daño por aplicación errónea de productos químicos.

Mezcla de productos químicos. Debido a un posible daño de la planta por productos químicos, es importante realizar una adecuada combinación de ellos para lograr un control de especies más amplio (Ormeño, 1994) y además de reducir los costos de las aplicaciones. Una posibilidad, es utilizar herbicidas en forma sucesiva como, por ejemplo, PSI, PRE y uno de postemergencia. Como también, combinar la aplicación de herbicidas sobre la hilera y limpiar entre hilera con cultivadores, o bien, realizar aplicaciones 'post' usando escudos protectores que, impidan que el herbicida entre en contacto con las plantas de frejol, para aplicar mezclas de herbicida postemergente, con un herbicida de contacto de control amplio (Ormeño, 1983).

Actualmente, lo más utilizado es la aplicación sucesiva de herbicidas. Por ejemplo, una aplicación de presiembra, más una de preemergencia y una o dos aplicaciones de postemergencia. Resultados obtenidos señalan que la dosis parcializada de Flex y Basagrán reducen la proporción de malezas, incluso de malezas como quinhuilla (*Chenopdium album*) y tomatillo (*Solanum nigum*), que no son bien controladas por estos herbicidas (Cuadro 8). Sin embargo, es importante considerar que los herbicidas aplicados tarde (botón floral, floración), producen daño por fitotoxicidad al cultivo, por lo cual su aplicación debe ser cuidadosamente evaluada (Pedreros y Tay, 2003; 2004).

Cuadro 8. Efecto de la aplicación parcializada de la dosis de herbicidas en el rendimiento de frejoles var. 'Curi INIA'.

Aplicaciones	Dosis p.c. kg o L ha^{-1}	Materia seca de maleza de hoja ancha respecto al testigo (%)	Rendimiento (t ha^{-1})
Basagrán (1 aplicación)	1	65,1	24,6
Basagrán (2 aplicaciones)	0,5-0,5	36,2	28,5
Basagrán (3 aplicaciones)	0,7-0,6-xx	30,9	30,2
Flex (1 aplicación)	1,5	30,7	25,2
Flex (2 aplicaciones)	0,75-0,75	22,6	27,2
Flex (3 aplicaciones)	0,5-0,5-0,5	19,3	31,0
Control	0	100	10,7

Fuente: Pedreros y Tay, 2003.

Finalmente, el éxito de control químico de malezas dependerá de los siguientes factores: especie, densidad y estado de desarrollo de las malezas presentes para determinar el herbicida, la dosis y época de aplicación; factores ambientales puesto que el efecto residual del herbicida depende de la humedad y temperatura del suelo y la temperatura ambiental; factores edáficos (contenido de materia orgánica, pH, textura) que son esenciales para los herbicidas de tipo residual; uso de equipos adecuados, selección correcta de boquillas y bien calibradas (Ormeño, 1994) (Foto 10).



Foto 10. Equipos de aplicación de herbicida de post emergencia.

Referencias

Aeschlimann, J., Álvarez, M., Cafati, C., et al. 1979. El cultivo del frejol. Programa de Leguminosas de grano. Estación Experimental La Platina, Instituto de Investigaciones Agropecuarias, Santiago, Chile. 38p.

Ferreyra, R., Tosso, J., Muñoz, L. 1986. Semillas de malezas transportadas por el riego. III. Estructuras de captación que evitan su distribución. Agric. Téc. (Chile) 46(2):131-135.

Ferreyra, R., Tosso, J., Muñoz, L. 1989. Semillas de malezas transportadas por el riego. IV. Contaminación de semillas de malezas a lo largo de un canal de riego. Agric. Téc. (Chile) 48(3):268-272.

Guglielmetti, H., Tay, J., Paredes, M., et al. 1977. Cultivo del poroto en la zona Centro Sur. Instituto de Investigaciones Agropecuarias, INIA. Estación Experimental Quilamapu, Chillán, Chile. Serie Quilamapu N°2. 51p**.**

Nitsche, J. 1986a. Leguminosas de grano. I Parte. Efecto de las malezas. Inv. Progr. Agrop. La Platina (Chile) 38:18-23.

Nitsche, J. 1986b. Leguminosas de grano. II Parte. Métodos de control de malezas. Inv. Progr. Agrop. La Platina (Chile) 38:24-29.

Ormeño, J. 1980. Conceptos de competencia, eficiencia y su relación con el control de malezas. En Curso producción de frejol. INIA-CIAT. Santiago, Chile.

Ormeño, J. 1981. Control de malezas en frejol. Inv. Progr. Agrop. Quilamapu (Chile) 5:15-17.

Ormeño, J. 1983. El control de las malezas como práctica agronómica en el cultivo del frejol. Inv. Progr. Agrop. Quilamapu (Chile) 15:9-20.

Ormeño, J. 1994. Use herbicidas para controlar malezas en porotos. Inv. Progr. Agrop. La Platina (Chile) 84:30-35.

Ormeño, J., Carrasco, J. 1999. El laboreo del suelo y su efecto sobre las malezas. Tierra Adentro (Chile) 29:40-43.

Paredes, M., Tay, J., France, A., et al. 1987. Programa promoción frejoles de exportación. Convenio INIA-Prochile-Odepa. Instituto de Investigaciones Agropecuarias, INIA. Estación Experimental Quilamapu, Chillán, Chile. Serie Quilamapu N°2. 34p.

Pedreros, A. 1994. Importancia de las malezas en frejol. Sistemas de control. Inv. Progr. Agrop. Quilamapu (Chile) 58:33-36.

Pedreros, A. 2000. Uso de rastra de malla. Manejo de las malezas en frejol. Infor. Agropecuario Bioleche-INIA Quilamapu (Chile) 13(4):48-51.

Pedreros, A., Tay, J. 2003. Malezas de hoja ancha en porotos: Control con herbicidas post emergentes. Informativo N° 70. Instituto de Investigaciones Agropecuarias INIA, Centro regional INIA Quilamapu, Chillán, Chile. 2p.

Pedreros, A., Tay, J. 2004. Uso de herbicidas en poroto para grano seco. Inf. Agrop. Bioleche-INIA Quilamapu (Chile) 17(1):20-23.

Ramírez, A. 1962. El control de malezas de frejoles. El Campesino (Chile) 94(12):52-53.

Ramírez, A. 1967. Porotos, evaluación del efecto de las malezas. Simiente (Chile) 37(5/6):32.

Ramírez, A. 1973. Control de malezas en frejoles. Inv. Progr. Agric. 5(1): 14-14.

Ramírez, A. 1980. Malezas de Chile. Instituto de Investigaciones Agropecuarias, INIA. Estación Experimental La Platina. Bol. Téc. N° 15. 45p.

Ramírez, A., Avendaño, M. 1976. Las malezas y el cultivo del frejol (*Phaseolus vulgaris* L.). Inv. Progr. Agric. INIA. (Chile) 9(1):59-60.

Ramírez, A., Martin, R. 1974. Frejoles: Control químico de malezas. Inv. Progr. Agric. INIA. (Chile) (6(2):27.

Ramírez, A., Ziver, A. 1956. Algunos resultados preliminares de control de malezas en porotos con aplicación de herbicidas en preemergencia. Agric. Téc. (Chile) 16(1):30-35.

Tay, J., Paredes, M., Velasco, R. 1997. Sistema de alta producción de poroto con rendimientos de 25-35 qq ha^{-1} a nivel de productor (pp. 230-236). En Anuario del campo: Alternativas para la modernización y diversificación agrícola. Publicaciones Lo Castillo S.A. INIA, SNA, Asociación de exportadores de Chile. 300p.

Tosso, J., Ferreira, R., Muñoz, L. 1986a. Semillas de malezas transportadas por el riego. I. Evaluación cuantitativa y factores que la condicionan. Agric. Téc. (Chile) 46(2):119-123.

Tosso, J., Ferreira, R., Muñoz, L. 1986b. Semillas de malezas transportadas por el riego. II. Identificación, poder germinativo y distribución de especies en una temporada de riego. Agric. Téc. (Chile) 46(2):125-129.

Ziver, A. 1956. Efecto de las malezas en porotos y su control por desmalezadura a azadón. Agric. Téc. (Chile) 16(2):97-100.

Ziver, A., Ramírez, A., Sotomayor, I., et al. 1973. Manual del frejol. Instituto de Investigaciones Agropecuarias, INIA. Santiago, Chile. 71p.

Capítulo 14. Descripción de las malezas presentes en el frejol

Alicia Marticorena G., Víctor Finot S.

Identificación de plantas

La primera información disponible, para iniciar el proceso de identificación de una planta, es el nombre científico. Es el nombre que permite la clasificación botánica, descripción morfológica e identificación, ya que el nombre común puede cambiar en las diferentes localidades, países y regiones geográficas. El nombre científico es estable, a diferencia del nombre común que puede ser variable.

Ejemplo:

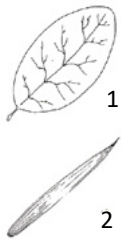
Nombre científico: ***Bidens pilosa*** L.
Amor seco, cacho de cabra, asta de cabra.

El nombre científico de una planta comprende dos palabras. La primera, indica el género a que pertenece la planta, en el ejemplo ***Bidens***, y la segunda, señala la especie (epíteto específico), en este caso ***pilosa***. Este nombre científico va acompañado de la abreviatura del nombre del autor, en este caso, L. (Linneo) que describió a la planta.

Clave de identificación

Para la identificación de las especies presentes en el cultivo del frejol, se confeccionó una clave dicotómica, la cual corresponde a un texto ordenado por frases de a pares que describen características opuestas y contrastantes, y que se observan en la planta que se desea identificar. El uso de esta clave comienza por las dos primeras sentencias 1 y 1' para determinar el tipo de venación de la hoja, si la planta es acuática o terrestre, respectivamente. Se elige una de ellas, la cual nos llevará al siguiente paso designado por un número de otro par de sentencias que volveremos a leer y elegir una de ellas. De este modo, se continúa hasta finalizar en un nombre. Para facilitar su uso, algunos caracteres van marcados en negritas y tienen un número entre paréntesis que lleva a una figura donde se muestran.

1. Contorno de la lámina linear, lanceolado, ovado a redondeado, con **venación reticulada** (1) 2
1'. Contorno de la lámina linear o linear-lanceolado, con **venación paralela** (2) 53
2. Planta con tallos cuadrangulares (sección cuadrada).....*Verbena litoralis*
2'. Planta con tallos teretes (sección circular).....3
3. Plantas con látex..... 4
3'. Plantas sin latex.....10


1

2

4. Flores en capítulos (3).....5
4’. Flores en ciatio (4).....7

5. Aquenios lisos en entre las costillas, aplanados y alados.....*Sonchus asper*
5’. **Aquenios rugosos o tuberculados entre las costillas**, no aplanados (5).....6


3

6. Hojas con lóbulos fuertemente contraídos en la base, angostamente lineares, lóbulo terminal de igual largo que los laterales.....*Sonchus tenerrimus*
6’. Hojas con lóbulos no contraídos en la base, lóbulo apical más grande que los laterales.....*Sonchus oleraceus*


4

7. Estípulas presentes.....8
7’. Estípulas ausentes.....9

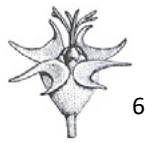
8. Láminas mayores de 5 mm de largo, con pelos largos en la base.....*Euphorbia maculata*
8’. Láminas menores de 5 mm de largo, glabras.....*Euphorbia klotschii*


5

9. Nectarios ovales, redondeados.....*Euphorbia helioscopia*
9’. Nectarios semilunares, **bicornados** (6).....*Euphorbia peplus*

10. Planta con espinas.....11
10’. Plantas sin espinas.....12

11. Espinas en los tallos y hojas..... *Xanthium spinosum*
11’. Espinas en los capítulos..... *Centaurea melitensis*


6

12. Hojas compuestas por folíolos..... 13
12’. Hojas simples o partidas.....16

13. Hoja compuesta, con **2 folíolos basales y 3 apicales**, lanceolados a lineares, margen entero (7).....*Lotus corniculatus*


7

13’. Hojas compuesta por 4 a 10 pares de folíolos.....14

14. Inflorescencia sésil o los pedúnculos más cortos que las flores ..... *Vicia sativa*
14’. Inflorescencia pedunculada, pedúnculos más largos que las flores.....15

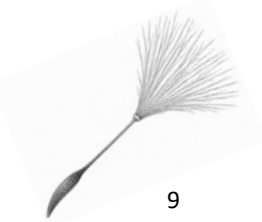
15. Corola azul-blanquecina, estípulas dentadas.....*Vicia hirsuta*
15’. Corola rojo-púrpura estípulas enteras.....*Vicia benghalensis*

16. Flores dispuesta en **capítulos** (8).....17
16’. Flores solitarias o dispuestas de otra forma.....23


8

17. Capítulos solitarios o alrededor de 5 hacia el ápice de las ramas.....18
17’. Capítulos numerosos.....21

18. Capítulos con flores todas liguladas. **Pappus plumoso** (9)...*Hypochaeris radicata*
18’. Capítulos con flores radiadas, lígulas notorias. Pappus presente o ausente.....19


9

19. **Hojas 2-3 pinnatisectas**, segmentos lineares. Pappus ausente (10)..... .....*Anthemis cotula*

19'. Hojas enteras a bipinnadas y con segmentos lanceolados. **Pappus formado por aristas** (11).....20

20. Hojas enteras, lanceoladas. **Aquenio obovado** (11).....*Bidens aurea*

20'. Hojas partidas en 3-5 segmentos oblongos. **Aquenio linear** (12).....*Bidens pilosa*

21. Hojas bipinnatifidas.....*Ambrosia artemisiifolia*

21'. Hojas lanceoladas, enteras, con dientes hasta algo partidas.....22

22. Capítulos ligulados, hojas glabras..... *Crepis capillaris*

22'. Capítulos radiados, hojas pubescentes..... *Conyza bonariensis*

23. Enredaderas..... 24

23'. Plantas erectas, rastreras, autosoportadas..... 25

24. Flores pequeñas, en fascículos poco numerosos agrupados **en racimos axilares laxos** (13)..... *Polygonum convolvulus*

24'. Flores vistosas, infundibuliformes, solitarias o en grupo de 2-3 flores..... .....*Calystegia sepium*

25. Plantas rastreras.....26

25'. Plantas erectas.....30

26. **Hoja con 5-7 lóbulos**, a veces profundamente lobulados, crenados (14).....

..... *Modiola caroliniana*

26'. Hojas enteras, margen liso..... 27

27. Hojas lineares, vaina con una membrana (**ócrea**) (15)..... *Polygonum aviculare*

27'. Hojas oblongas a oblanceoladas, sin vaina..... 28

28'. Flores pequeñas, no vistosas, láminas sin lóbulos..... *Portulaca oleracea*

28. Flores vistosas, lámina con **dos lóbulos basales** (16)..... 29

29. Flores zigomorfas, con un **espolón notorio** (17)..... *Kickxia elatine*

29' Flores actinomorfas, infundibuliformes..... *Convolvulus arvensis*

30. Flores muy pequeñas, de pocos milímetros, no vistosas, numerosas, dispuestas en grupos apretados..... 31

30'. Flores mayores, con pétalos notorios, solitarias o dispuestas en grupos numerosos..... 35

31. Hojas lineares y **sagitadas** (18)..... *Rumex acetosella*

31'. Hojas ovadas, oblongas, no sagitadas..... 32

32. Hojas glabras, con el margen sinuado..... *Chenopodium album*

32'. Hojas pubescentes, margen no sinuado..... 33

33. Perianto de **2-3 segmentos** (19)..... *Amaranthus deflexus*

33'. Perianto de **4-5 segmentos** (20)..... 34


10


11 12


13


14


15


16


17


18


19


20

34. Segmentos del perianto alargados en la parte superior, más o menos espatulados, **obtuso o truncado** (20)..... *Amaranthus retroflexus*
34'. Segmentos del perianto lanceolados o estrechamente ovados o elípticos, **agudos** (21)..... *Amaranthus hybridus*

35. Hojas con la base del pecíolo con una vaina membranosa (ócrea) que lo rodea..... 36
35'. Hojas sin vaina membranosa..... 37

36. Flores en **racimos espiciforme densos**, erguidos. Ócrea, que acompaña a las flores, acuminada (22)..... *Polygonum lapathifolium*
36'. Flores en **racimos espiciforme laxos**, a veces nutantes. Ócreas no acuminadas (23)..... *Polygonum persicaria*

37. Hojas con glándulas como **puntos translúcidos** (24)..... *Hypericum perforatum*
37'. Hojas sin glándulas de ese tipo.....38

38. Flores **zigomorfas** (simetría bilateral) (25).....39
38'. Flores **actinomorfas** (simetría radial) (26).....40

39. Hojas opuestas, **decusadas**. Flores celestes azuladas (27)..... *Veronica anagallis-aquatica*
39'. Hojas **alternas**. Flores rosadas (28)..... *Fumaria officinalis*

40. Flores con 5 pétalos libres o unidos, frutos variados..... 41
40'. Flores con 4 pétalos, fruto una cápsula, larga o corta 48

41. Hojas muy divididas, segmentos finos. Flores en **umbela** (29).....*Daucus carota*
41'. Hojas de otra forma. Flores solitarias o dispuestas de otra manera.....42

42. Lámina de ámbito **suborbicular o reniforme** (30)..... *Malva nicaeensis*
42'. Lámina espatuladas, triangulares, ovadas u oblongas.....43

43. Hojas **espatuladas** (31)..... *Silene gallica*
43'. Hojas de forma triangular, ovadas u oblongas.....44

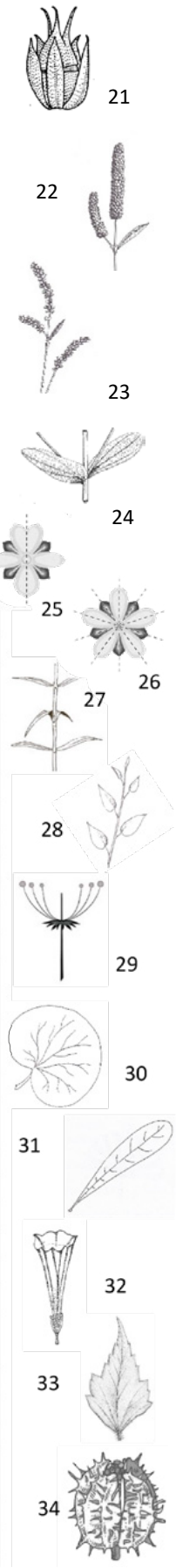
44. Corola con pétalos unidos solo en la base, estambres unidos en una columna... 45
44'. Corola gamopétala, **pétalos unidos**, 5-lobados, estambres libres (32).....46

45. **Hojas de forma triangular** (33)..... *Anoda cristata*
45'. Hoja partida en 3-5 segmentos, de tamaño similar..... *Hibiscus trionum*

46. Fruto una **cápsula espinosa**. Flores blancas, grandes, de hasta 10 cm de largo, infundibuliformes (34)..... *Datura stramonium*
46'. Fruto una baya. Flores de hasta 2,5 cm de largo, con 5 lóbulos agudos..... 47

47. Corola blanca a celeste..... *Solanum nigrum*
47'. Corola blanca con una mancha central amarillo verdoso, márgenes negros en forma de "V" o "U" .....*Solanum nitidibaccatum*

48. Fruto tan largo como ancho (silícula)..... 49
48'. Fruto más largo que ancho (silícua)..... 50



49. Flores blancas, fruto de **forma acorazonada** (35)..... *Capsella bursa-pastoris*
49'. Flores de color amarillo, **fruto globoso u ovoide, con un rostro** (36)..... *Rapistrum rugosum*

50. Fruto grueso, carnoso, raíces carnosas..... *Raphanus sativus*
50'. Fruto delgado, no carnoso, raíces no carnosas.....51
51. Frutos subsésiles, perpendiculares al eje de la infrutescencia**, rostro con 1-2 semillas** (37)..... *Hirschfeldia incana*
51'. Frutos pedunculados, separados del eje de la infrutescencia..... 52

52. Hojas glabras o con pelos ralos. Flores abiertas no sobrepasan los botones de la inflorescencia..... *Brassica napus*
52'. Hojas setoso-ciliadas. Flores abiertas sobrepasan los botones de la inflorescencia..... *Brassica rapa*

53. **Hojas largamente pecioladas**, con láminas linear-lanceoladas. Flores con perigonio petaloídeo de color rosado (38)..... *Alisma lanceolatum*
53.' Hojas lineares, sin diferencia entre pecíolo y lámina. Flores desnudas, pequeñas 54

54. Flores en **espiguillas reunidas en varias cabezuelas densas**, ovadas-orbiculares, que parten de un punto y están rodeadas de 3-7 hojas (brácteas) lineares, de entre 5-35 cm de largo (39).....55
54. Flores en espiguillas cilíndricas, compactas o interrumpidas, solitarias o a veces en grupos, con brácteas cortas o sin ellas..... 57

55. **Espiguillas oblongas a lanceoladas**, ordenadas en fascículos densos de forma globular (40)..... *Cyperus eragrostis*
55'. **Espiguillas cilíndricas**, lineares u oblongas, ordenadas en espigas laxas o densas, pero sin formar fascículos (41).....56

56. Espigas densas, usualmente con >15 espiguillas cilíndricas, de color verdoso ... . *Cyperus odoratus*
56'. Espigas laxas, usualmente con <15 espiguillas aplanadas, de color rojizo o castaño ..... *Cyperus rotundus*

57. **Espiguillas rodeadas por una o más setas** involucrales libres entre sí (42).... 58
57'. Espiguillas no rodeadas por setas involucrales..... 60

58. Setas involucrales caedizas junto con la espiguilla; plantas perennes rizomatosas y estoloníferas..... *Cenchrus clandestinus*
58'. Setas involucrales persistentes; plantas anuales..... 59

59. Espiguillas con 4-9 setas con escabrosidades antrorsas..... *Setaria pumila*
59'. Espiguillas con 1(-2) setas con escabrosidades retrorsas..... *Setaria verticillata*

60. **Inflorescencias digitadas** o subdigitadas (43)..... 61
60'. Inflorescencias en espigas, racimos o panículas, nunca digitadas..... 62

61. Plantas perennes, **estoloníferas**, radicantes en los nudos inferiores; inflorescencia formada por 2-8 racimos de 1,2-6 cm de largo (44) ..... *Cynodon dactylon*
61'. Plantas anuales; inflorescencia formada por 3-8 racimos de 5-15 cm de largo. .....*Digitaria sanguinalis*


35


36


37

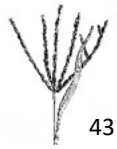

38


39


40

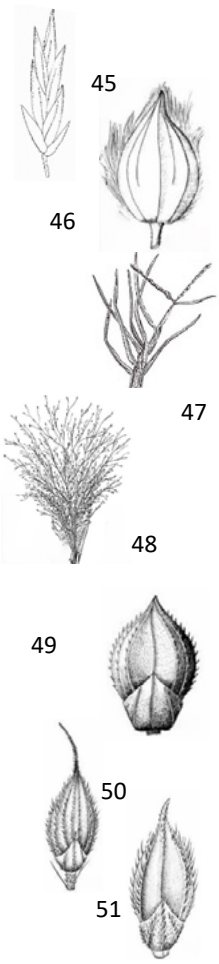

41


42


43


44

62. Espiguillas comprimidas **lateralmente** (45).....	63
62’. Espiguillas comprimidas **dorsalmente** (46).....	64
63. Glumas 2; plantas anuales; lígulas ciliadas.....	
.....*Eragrostis mexicana* subsp. *virescens*	
63’. Glumas 1 (excepto en la espiguilla terminal); plantas perennes; lígula membranosa.....	*Lolium perenne*
64. Inflorescencias formadas por **racimos espiciformes** dispuestos en panícula (47).....	65
64’. Inflorescencias **piramidales** (48).....	68
65. Panícula con dos racimos conjugados; lígulas membranáceas.....	
.....	*Paspalum distichum*
65’. Inflorescencia con 5-15 racimos alternos; lígulas ausentes.....	66
66. Espiguillas de 2-2,7 mm; **lemmas sin aristas** (49).....	*Echinochloa colona*
66’. Espiguillas de 3-3,6 mm; lemmas múticas, mucronadas o aristadas.....	67
67. **Espiguillas aristadas**; aristas hasta de 25 mm de largo (50).....	
.....	*Echinochloa crus-galli* var. *crus-galli*
67’. **Espiguillas múticas o mucronadas** (51).....	*Echinochloa crus-galli* var. *mitis*
68. Plantas anuales; espiguillas de 2-2,8(3,2) mm de largo, dispersas.....	
.....	*Panicum capillare*
68’. Plantas perennes con rizomas estoloniformes; espiguillas de 1,5-2 mm de largo, pareadas (una sésil y una pedicelada).....	*Sorghum halepense*



Descripción de las malezas presentes en el cultivo del frejol

Las malezas presentes en el frejol están ordenadas primero, por la familia a la que pertenecen; y dentro de cada familia por orden alfabético.

Familia Alismataceae

Alisma lanceolatum With.

Hualtata, llantén de agua

Hierbas perennes, acuáticas, arraigadas al sustrato, con hojas y flores emergentes en la superficie del agua. Hojas largamente pecioladas, de 5-10 cm de largo. Láminas linear-lanceoladas, de 5-15 cm de largo, ápice agudo, base atenuada. Flores en ramas dispuestas en verticilos. Flores hermafroditas, de 6-8 mm de diámetro, con 3 sépalos y 3 pétalos de color rosado. Fruto un aquenio, con una sola semilla, que se dispersa por el agua.

Especie nativa de Europa. En Chile, crece desde la provincia de Valparaíso a la de Osorno; se encuentra a orillas de ríos y cuerpos de aguas lentas, canales y esteros.

Familia Amaranthaceae

Amaranthus deflexus L.

Bledo

Planta anual o perenne, con tallos de 40 cm de largo, decumbentes, pilosos. Hojas rómbico-ovadas, de 3-5 cm de largo, margen ondulado, ápice obtuso, pecíolo de igual largo o un poco más corto que la lámina. Inflorescencia terminal, espiciforme. Bractéolas ovadas, de 1-1,5 mm de largo, agudas, mucronadas. Perianto con 2-3 segmentos, lineares a oblongo-espatulados, de 1,2-1,5 mm de largo. Estambres 2. Fruto oblongo-ovado, inflado, indehiscente, de 2,5-3 mm de largo. Semillas lenticulares, negras, brillantes.

Especie de origen sudamericano, común en calles y cultivos. Crece desde la provincia de San Felipe a la de Magallanes, también en el Archipiélago de Juan Fernández.

Amaranthus hybridus L.

Penacho, moco de pavo, visnaga, bledo

Hierba anual de hasta 100 cm de alto, tallos erectos, glabros a algo pubescentes. Hojas rómbico-ovadas, de 1-5 cm de largo, pecíolos de 1-8 cm de largo. Inflorescencia espiciforme, densa, de 1-10 cm de largo. Bractéolas ovadas, de 4-6 mm de largo, con un mucrón largo, casi del doble del largo del perianto. Segmentos del perianto 2-3, angostamente ovados, agudos, de igual largo que el fruto. Fruto transversalmente dehiscente. Semillas lenticulares, lustrosas, de color castaño, de ca. 1 mm de diámetro.

Especie originaria de América del norte. En Chile, se encuentra desde la provincia de Arica a la de Osorno, y en la isla Robinson Crusoe del Archipiélago de Juan Fernández. Crece en cultivos de papas, hortalizas, también en huertos frutales.

Amaranthus retroflexus L.

Moco de pavo, bledo, penacho

Hierba anual, con tallos de hasta 1 m de alto, vellosos en la parte superior. Hojas rómbico-ovadas, de hasta de 10 cm de largo, pecíolos generalmente más largos que la lámina. Inflorescencias espiciformes, densas, de 10-40 cm de largo. Bractéolas ovado-lanceoladas, desiguales, acuminadas, de 3-6 mm de largo. Segmentos del cáliz 4-5 espatulados, de 3-4 mm de largo, ápice emarginado o mucronado. Fruto con dehiscencia transversal. Semillas lenticulares, de ca. 1 mm de diámetro, de color castaño.

Especie de origen norteamericano. En Chile crece desde la provincia de Arica a la de Cautín, en cultivos escardados de papas, remolacha, maíz.

Familia Apiaceae

Daucus carota L.

Zanahoria silvestre

Hierba anual o bienal, con tallos de hasta 1 m de alto, ramificada. Hojas bi- a tripinnadas, segmentos linear-lanceolados. Flores dispuestas en umbelas de 3-7 cm de diámetro, con numerosos radios. Brácteas tan largas como los radios o más cortas, pinnado-pinnatifidas. Bractéolas de las umbelas menores externas trisectas, las internas simples. Pétalos blancos, a menudo con flores centrales de color púrpura. Fruto de 2-4 mm de largo, espinas de las costillas secundarias no más largas que el ancho de los mericarpos.

Especie de origen europeo. En el país, se le encuentran desde la provincia de Valparaíso a la de Osorno, también en Isla de Pascua, en praderas, orillas de camino y huertos.

Familia Asteraceae

Ambrosia artemisiifolia L.

Tomatillo, democracia

Hierba anual, con tallos de hasta 1 m de alto, ramificados, pubescentes. Hojas de forma ovada, alternas, profundamente partidas, con segmentos lanceolados, algo lobados, agudos. Flores unisexuales, en capítulos separados, los masculinos en racimos terminales y los femeninos en la parte inferior.

Especie centroamericana, actualmente cosmopolita. Es una maleza muy seria en cultivos agrícolas diversos. Sus frutos se dispersan por el agua. Es planta sumamente alergénica. En Chile, es abundante en las regiones del Maule, Ñuble y Biobío.

Anthemis cotula L.

Manzanillón, hierba hedionda, falsa manzanilla

Hierba anual, de hasta 50 cm de alto, tallos erectos, ramificados, glabros, de olor fuerte y desagradable. Hojas ovado-oblongas, de 1,5-6,5 cm de largo, 2-3 pinnatisectas, segmento finos, lineares, agudos. Capítulos solitarios en el extremo de las ramas, de 1,2-3 cm de ancho. Involucro hemisférico, brácteas involucrales lanceoladas, ápice agudo, margen membranoso y transparente. Flores liguladas blancas, las centrales amarillas. Aquenios obovoides, con 8-10 costillas tuberculadas o verrucosas, pappus ausente.

Especie de origen europeo. En Chile crece desde la provincia de Antofagasta a la de Magallanes, también en la isla Robinson Crusoe del Archipiélago de Juan Fernández. Se le puede encontrar a orilla de canales, en sitios eriazos, cultivos de lentejas, porotos, raps.

Bidens aurea (Aiton) Sherff

Falso té

Hierba perenne, con tallos de hasta 1 m de alto, rectangulares, glabros. Hojas línea-lanceoladas, enteras, raramente 3-5 partidas, de 5-15 cm de largo, pecíolos cortamente alados. Capítulos largamente pedunculados, dispuestos en cimas corimbosas. Brácteas del involucro de 3-6 mm de largo, en dos series, la externa de 8-14 brácteas, lineares, las internas algo mayores, lanceoladas, de color verde amarillento. Flores amarillas, las marginales 5-6. Páleas presentes. Aquenios lineares, margen cubierto de cerdas. Pappus formado por dos aristas de 1,5-2,7 mm de largo, con pelos antrorsos.

Especie originaria del América del Norte. En el país, se le encuentra entre las provincias de Iquique a la de Llanquihue, en lugares húmedos, a orillas de camino, huertos frutales y sitios eriazos.

Bidens pilosa L.

Amor seco, cacho de cabra, asta de cabra

Hierba anual, con tallos de hasta 1 m de alto, erectos, ramosos, de sección cuadrada. Hojas pinnatisectas, raro enteras, pecioladas. Capítulos de hasta 3 cm de diámetro, radiados o discoideos, largamente pedunculados. Brácteas del involucro en dos series, las externas lineares a linear-espatuladas, de 4-5 mm de largo, las internas lanceoladas. Flores marginales liguladas, ausentes

o presentes, blanco-rosadas a amarillas, las centrales amarillas. Páleas planas. Aquenios lineares, rectos, los del margen curvos, estriados, tuberculados, con cerdas antrorsas. Pappus formado por 2-3 aristas de 2-4 mm de largo, cubiertas de pelos antrorsos.

Planta originaria de América del Sur. En Chile 3 variedades de amplia distribución, desde la provincia de Arica a la de la Araucanía, en huertos frutales y viñedos.

Centaurea melitensis L.

Abrepuño, cizaña

Planta anual, tallos de hasta 80 cm de alto, erectos, ramosos. Hojas inferiores lirado-pinnatifidas, ápice obtuso, hojas superiores linear-lanceoladas, ápice agudo, decurrentes en la base, áspero-pubescentes. Capítulos solitarios en los extremos de las ramas, o en grupo de 2-3. Involucro de 12 mm de alto, ovoide. Brácteas del involucro ovadas, glabras, terminadas en una espina amarilla de 4-5 mm de largo, con 2-3 dientes espinosos a cada lado. Flores todas tubulosas, amarillas. Aquenio de 2,5 mm de largo, con una articulación lateral, glabros, cuneado-elípticos. Pappus formado por pajitas lineares, cortas, desiguales.

Especie originaria de Europa. En Chile se encuentra a lo largo de todo el país, también en el Archipiélago de Juan Fernández y en Isla de Pascua, de preferencia en suelos arcillosos, orilla de caminos, cultivos de trigo, lentejas.

Conyza bonariensis (L.) Cronquist

Planta anual, tallos de 40-100 cm de alto, pubescentes. Hojas inferiores oblanceoladas, de 5-8 cm de largo, margen entero o lobado, las superiores lineares, de 2-5 cm x 1-3 mm, agudas, muy pubescentes. Capítulos muy numerosos, dispuestos en panojas densas; involucro de 5-6 mm de largo, bráctea del involucro en 3 series. Flores del marginales blancas con lígula muy corta, las centrales 8-12, tubulosas. Aquenios oblongos, aplanados, de 1,5-2 mm de largo, pubescentes.

Especie originaria de América del Sur, introducida en Isla de Pascua y archipiélago de Juan Fernández. Frecuente en calles y sitios eriazos, también en praderas, huertos y viñedos.

Crepis capillaris (L.) Wallr.

Falsa achicoria

Hierba anual, con tallos de hasta 1 m de altura, ramificados desde la base o solo en la parte superior. Hojas glabras o con pelos cortos, las basales lanceoladas a oblanceoladas, de 10-25 cm de largo, ápice obtuso a agudo, margen denticulado, dentado, runcinado-pinnatifido, pinnatisecto a 2-pinnatisecto, hojas superiores más pequeñas y abrazadoras. Capítulos numerosos, involucro de 5-9 mm de largo. Brácteas del involucro linear-lanceoladas, con escasos pelos glandulosos, las externas algo más cortas. Flores amarillas, liguladas. Aquenios cilíndricos, algo comprimidos, con 10 costillas, glabros, algo contraído a la base y el ápice. Pappus blanco.

Especie de origen europeo. En Chile crece desde la región de Atacama a la de Magallanes, y en la isla Robinson Crusoe en el Archipiélago de Juan Fernández e isla de Pascua. En cultivos de lentejas y praderas.

Hypochaeris radicata L.

Hierba del chancho

Hierba perenne, con tallos de hasta 50 cm de alto. Hojas oblongas, pilosas, de borde ondulado-dentado. Hojas dispuestas en roseta, oblanceoladas a oblongas, de 4-16 x 1,2-4 cm, ápice

obtuso, runcinadas, pubescentes en ambas caras. Capítulos solitarios en el extremo de los escapos, que generalmente son algo tortuosos, hinchados. Brácteas del involucro en varias series que disminuyen de tamaño hacia el exterior. Flores amarillas todas liguladas. Fruto aquenios fusiformes, de 4-5 mm de largo, con costillas que poseen pequeños dientes. Pappus con 2 series de pelos, los externos cortos y simples, los internos largos y plumosos.

Especie de origen europeo. Crece desde la región de Coquimbo a la de Magallanes, también en el archipiélago de Juan Fernández e isla de Pascua. Frecuente en cultivos de trigo y praderas, orillas de camino y calles.

Sonchus asper (L.) J. Hill.

Ñilhue caballuno, nilgüe, serraja

Planta anual o bienal, con látex. Tallos erectos, de 10 a 150 cm de alto, a menudo con pelos glandulosos en la parte superior. Hojas glabras, de 5-15 cm de largo, las inferiores espatuladas, enteras a pinnatífidas, las superiores enteras a pinnatisectas, con lóbulos dentados, triangulares a redondeados. Capítulos en el ápice de las ramas, de 10-12 mm de alto, brácteas del involucro 35-45. Flores todas liguladas, de color amarillo. Aquenios aplanados, elípticos a anchamente oblanceolados, cortamente alados, con 3 costillas en cada cara, lisos entre las costillas, margen y costillas a menudo espinulosos.

Especie de origen europeo, cosmopolita. Crece en todo Chile continental y en Isla de Pascua. Se encuentra principalmente a orillas de caminos, calles, sitios eriazos, también en cultivo de hortalizas.

Sonchus oleraceus L.

Ñilhue, ñilhue caballuno, nilgüe, serraja

Planta anual, con látex. Tallos de 20 a 150 cm de alto, erectos, huecos, angulosos, glabro. Hojas de 5-15 cm de largo, glabras, glaucas; las basales ovadas, pecioladas, las superiores pinnatífidas a pinnatisectas, liradas o a veces con lóbulos profundos y arqueados hacia la base, lóbulo apical más ancho que los laterales, base con aurículas agudas. Capítulos dispuestos en cimas umbeliformes, de 2-2,5 cm de ancho. Flores amarillas, todas liguladas. Aquenios oblanceolados, aplanados, no alados, con 3 costillas longitudinales en cada cara, transversalmente rugosos.

Especie de origen europeo, cosmopolita, en Chile crece en todo el país, también en el Archipiélago de Juan Fernández e Isla de Pascua. Crece a orilla de caminos, en sitios eriazos, también en cultivos de trigo, arroz y hortalizas.

Sonchus tenerrimus L.

Ñilhue, Soncho

Planta anual o bienal, con látex. Tallos de 10 a 100 cm de alto, erectos, ramificados, huecos, glabros, estriados. Hojas de 5-10 cm de largo, pinnatisectas, lóbulos estrechos, lineares, espinulosos o dentados, base con aurículas casi obtusas a acuminadas. Capítulos de 9-10 mm de ancho, brácteas involucrales con pelos glandulosos. Flores todas liguladas, amarillas. Aquenios estrechos, angosto, con estrías longitudinales y rugosidades transversales.

Especie de origen europeo. En Chile crece en todo el país, y también en el Archipiélago de Juan Fernández. Frecuente en cultivos de hortalizas, también en calles y sitios eriazos.

Xanthium spinosum L.
Clonqui, abrojo, cepacaballo

Hierba anual, con tallos de hasta 1 m de alto, erectos, ramificados, con espinas largas trífidas, de color amarillo, en la base de las hojas. Hojas oblongas, enteras o lobuladas, de 3-4 cm de largo, alternas, sésiles o cortamente pecioladas, ápice agudo, base atenuada, cara superior levemente pubescente, cara inferior albo-tomentosa. Capítulos masculinos en espigas terminales laxas, globosas. Capítulos femeninos axilares, involucro oblongo, de 8-10 mm de largo, cubierto de espinas ganchudas. Aquenios obovoides, gruesos, sin pappus encerrados por le involucro acrescente.

Especie cosmopolita, originaria de América del Sur. En Chile se le encuentra desde la provincia de El Loa hasta la de Chiloé, y también en el Archipiélago de Juan Fernández, a orillas de camino, huertos, parronales.

Familia Brassicaceae

Brassica napus L.
Nabo

Hierba anual o bienal, con tallos de hasta 150 cm de alto, erectos y ramificados. Hojas basales liradas, de 10-15 cm de largo, con pelos escasos, tiesos, las hojas superiores acorazonadas, enteras, abrazadoras, de 3-10 cm de largo. Flores dispuestas en racimo. Sépalos amarillo-verdosos, de 4-5 m de largo. Pétalos unguiculados, de 6-9 mm de largo. Silicuas erguidas, de 4-7 mm de largo, rostro de 1-1,5 cm de largo. Semillas redondas, de 1,5-2,4 mm de diámetro, de color café claro, apneas reticuladas o casi lisas.

Originaria de Europa, en el país se le encuentra de la región de Atacama a la de Magallanes, y en el Archipiélago de Juan Fernández, en cultivos abandonados.

Brassica rapa L.
Yuyo

Hierba anual, de con tallos de hasta 1 m de alto, erectos. Hojas basales pecioladas, liradas, de 10-25 cm de largo, las inferiores sésiles, más o menos enteras, base acorazonada, de 1-10 cm de largo. Flores dispuestas en racimo, con las flores sobrepasando los botones. Sépalos de 3-4 mm de largo, de color amarillo-verdoso. Pétalos unguiculados, amarillos, de 7-10 mm de largo. Silicuas suberectas, de 5-7 cm de largo, atenuadas en rostro de 5-25 mm de largo. Semillas negras a castaño oscuras.

Especie de origen europeo. En Chile se le encuentra desde Arica a Magallanes, en prados, calles, sembrados de trigos, sitios eriazos, entre muchos otros.

Capsella bursa-pastoris (L.) Medik.
Bolsita del pastor

Planta anual o bianual, con tallos de 2-50 cm de alto, erectos, generalmente simples, glabros o pubescentes, estriados. Hojas basales en roseta, pecioladas, linear-lanceoladas, enteras, lobadas o pinnatífidas. Hojas caulinares simples, sagitadas, amplexicaules. Flores en racimos, pedúnculos de 0,5-1 mm de largo. Sépalos ovados, de 1-2 mm de largo, verdosos, a menudo pubescentes. Pétalos blancos, obovados, de 2-3 mm de largo. Fruto una silícula triangular-obcordada, de 6-9 x 4-9 mm. Semillas numerosas, hasta 24 por cápsula, de 0,8-1 mm de largo, linear-elípticas casi lisas, de color castaño.

Planta de origen mediterráneo. Crece desde la provincia de Arica a la de Tierra del Fuego, e isla de Pascua, a orilla de caminos, praderas naturales, cultivos.

Hirschfeldia incana (L.) Lagr.-Fossat.

Hierba anual, con tallos de hasta 1 m de alto, densamente pubescentes. Hojas inferiores lirado-pinnatífidas, pubescentes, las superiores lineares, enteras. Flores en racimos. Sépalos estrechamente oblongos. Pétalos espatulados, amarillos. Silicuas lineares, teretes o ligeramente 4-angulados, de 8-17 x 1-1,5 mm, segmento terminal que puede llevar hasta 2 semillas.

Especie de origen europeo. En Chile se le encuentra desde la provincia de Huasco a la de Cautín, también en el Archipiélago de Juan Fernández, común en terrenos ruderales, orillas de camino.

Raphanus sativus L.

Rábano

Planta anual o bienal, con raíz gruesa, tallos de 15-150 cm de alto, híspidos, erectos, ramificados. Hojas basales e inferiores liradas a pinnatisectas, las superiores dentadas. Flores en racimos, brácteas ausentes. Sépalos oblongos, d 7-12 mm de largo. Pétalos blancos, rosados o violáceos, de 12-20 mm de largo. Fruto cilíndrico, cónico, de 3-6 cm de largo, no lomentáceo o apenas contraído en las semillas. Semillas 5-12, ovoides, de 2-4 mm de largo.

Especie de origen europeo. En el país crece desde la provincia de Antofagasta a la de Ultima Esperanza, y en el Archipiélago de Juan Fernández, en cultivo de trigo, calles y caminos.

Rapistrum rugosum (L.) All.

Falso yuyo

Planta anual, tallos de 25-60 cm de alto, erectos, pubescentes en la parte inferior, glabros hacia el ápice. Hojas pecioladas, las basales lirado-pinnatífidas, de 5-15 x 1,5-5 cm, las superiores enteras, lanceoladas de borde entero o dentado. Inflorescencia en panícula espiciforme. Flores con pedúnculos de 3-5 mm de largo. Tépalos angostamente elípticos, 2,5-3,5 mm de largo, angostamente elípticos. Pétalos obovados, de 6-10 x 2-3 mm. Fruto lomentáceo, de 3-10 mm de largo, formado por 2 artículos superpuestos, el inferior dehiscente, vacío o con dos semillas, el superior indehiscente, engrosado, globoso, rugoso, rostrado, con 1-2 semillas angostamente elípticas a ovadas, de 1-2 x 0,7-1,5 mm.

Planta de origen europeo, del mediterráneo. En Chile se encuentra desde la provincia de Copiapó a la de Valdivia, e isla de Pascua, en orilla de caminos, sitios eriazos, praderas.

Familia Caryophyllaceae

Silene gallica L.

Calabacillo

Planta anual, tallos de 15-45 cm de alto, erectos, simples o ramificados, pubescentes, parte superior glandulosa. Hojas opuestas, de 1-4 cm de largo, las inferiores espatuliformes u obovadas, enangostándose hacia la base, las superiores sésiles. Flores en racimos espiciformes, pedicelos de las flores inferiores más largos que el de las superiores. Cáliz cilíndrico-ovoide, de 7-10 mm de largo, híspido, dientes triangulares y agudos, con 10 nervios oscuros. Corola con 5 pétalos blancos o rosados, limbo entero o emarginado. Cápsula de 6-9 mm de largo, encerrada por el cáliz, con un pequeño carpóforo. Semillas arriñonadas, de 0,7-1,2 mm de largo, estriadas y verrucosas.

Originaria de Europa. En el país crece desde la provincia de Antofagasta a la de Chiloé, y en el Archipiélago de Juan Fernández, en cultivos de cereales, caminos, sitios eriazos.

Familia Chenopodiaceae

Chenopodium album L.

Quinguilla

Planta anual, con tallos de 10-150 cm de alto, erectos, estriados. Hojas rómbico-ovadas a lanceoladas, variables, de 1,2-8,2 x 0,3-5,5 cm, pruinosas, enteras o dentadas, a menudo trilobadas. Flores en espigas densas de glomérulos, con 5 sépalos pruinosos, aquillados y más o menos envolviendo al fruto. Semillas lenticulares, de 1,2-1,6 mm de diámetro, negras, horizontales.

Especie europea. Se encuentra a lo largo del todo el país, en cultivos o en calles, sitios eriazos.

Familia Convolvulaceae

Calystegia sepium (L.) R.Br.

Planta perenne con tallos volubles muy largos, estriados. Hojas pecioladas, laminas ovadas, ovado-lanceoladas o raro elípticas, de 2-15 x 1-10 cm, base cordada, sagitada o hastada, ápice agudo, glabras o subpilosas. Flores solitarias, pedúnculos de 1-20 cm de largo, glabras o pilosas en la base. Sépalos ovados, de 1-1,5 mm de largo, tenues, membranosos, con el borde hialino. Corola rosada, infundibuliforme o acampanada, de 4,8-5,7 cm de largo. Fruto una cápsula globosa de 1-1,3 cm de diámetro, con dos lóculos. Semillas negras, de 4,5-5,5 mm de largo.

Especie cosmopolita. En Chile habita desde la provincia de Cardenal Caro a la de Chiloé, en lugares húmedos a orilla de caminos y cercos.

Convolvulus arvensis L.

Planta perenne con rizomas enterrados profundamente. Tallos tendidos, de hasta 2 m de largo, ramificados, angulosos. Hojas con peciolos de hasta 4 cm de largo, glabros o tomentosos. Láminas de forma variada, ovadas, ovado-lanceoladas a elípticas, de 0,3-4 cm de largo, glabras o tomentosas, enteras o con los márgenes levemente ondulados, base cordada, hastada o sagitada. Flores solitarias o en cimas de 2-3 flores, pedúnculos de 1-9 cm de largo, glabros o tomentosos, anguloso, con brácteas elípticas. Sépalos elípticos, de 3-4,5 x 2-3 mm. Corola infundibuliforme, de 1,2-2,5 cm de largo y 2-3,5 cm de diámetro, de color blanco a rosado. Estambres 5. Fruto una cápsula subglobosa u ovoide, de 5-7 mm de diámetro, glabra. Semillas de 3-4 mm de largo, negras a parduscas, tuberculadas.

Planta europea. En el país crece desde la provincia de Parinacota a la de Magallanes, y Archipiélago de Juan Fernández, frecuente en huertos, cultivos de hortalizas cereales, legumbres, sitios eriazos, orillas de camino.

Familia Cyperaceae

Cyperus eragrostis Lam.

Hierba perenne, tallos trígonos. Hojas escabrosas, de 20-36 cm de largo. Inflorescencia simple, contraída o laxa, involucro de 5-7 brácteas foliáceas de hasta 34 cm de largo. Radio 4-7 de hasta 7 cm de largo. Espiguillas oblongo-lanceoladas, de 5,5-15 x 2,4-3,8 mm, reunidas en cabezuelas compactas, redondas o deltoides. Glumas dísticas, lanceoladas a ovado-lanceoladas,

acuminadas, de ca de 2 mm de largo. Aquenio trígono, de ca. de 1 mm de largo, ligeramente estipitado, obovoide.

Originario de América tropical. En Chile se encuentra desde la provincia de Huasco a la de Osorno, y en Isla de Pascua y Archipiélago de Juan Fernández. Presente en cultivos de arroz, hortalizas, sitios eriazos.

Cyperus odoratus L.

Hierba perenne, tallos de hasta 130 cm de alto, trígonos, lisos. Hojas lineares 3-6, lineares, de hasta 65 cm de largo y 12 mm de ancho, margen y quilla ásperos. Brácteas 6-9, de 60-0,1 cm. Radios 6-12, de ca. De 15 cm de largo. Espigas 1-4, sésiles al final de los radios, ovoides a cilíndricos, de 15-38 x 10-30 mm. Espiguillas 20-60, lineares, teretes a levemente comprimidas, de 8-16 mm de largo. Glumas 6-14, ovado-elípticas, mucronuladas, 5-7 nervadas. Aquenio trígonos, comprimido, oblongo, de ca. de 1,7 mm, subtruncado y apiculado, caras finamente papilosas, casi lisas.

Especie de origen americano. En Chile crece de la provincia de Colchagua a la de Concepción.

Cyperus rotundus L.

Chufa roja, coquilla

Hierba perenne. Flores en espiguillas reunidas en pocas cabezuelas, ovadas, de color castaño oscuro, con pedúnculos largos, que parten de un punto y están rodeadas de 3 hojas (brácteas) lineares. Espiguillas filiformes, agrupadas en una cabezuela laxa, abierta, mayores de 1,1 cm de largo.

Especie originaria de Asia, pero presente en casi todo el mundo. Crece desde las regiones de Valparaíso a la Metropolitana, a orilla de canales, acequias.

Familia Euphorbiaceae

Euphorbia helioscopia L.

Pichoga

Planta anual, con látex. Tallos de 40-60 cm de alto, erectos, generalmente simple, ramoso en la parte superior, glabrescente, verdes. Hojas obovado-espatuladas, de 2,5-3 cm de largo, dentadas en el borde superior, sésiles, obtusas, aserradas en la mitad superior, verde claras. Hojas florales, obovadas, de 1,5-3,5 cm de largo, sin estípulas. Involucro con 4 nectarios ovales, sin apéndices, lóbulos rectangulares, dentados. Cápsula subesférica, de 2-2,5 mm de largo. Semillas de 2 mm de largo, reticuladas, ovoides.

Especie de origen europeo. En Chile crece desde la región de Tarapacá a la de Los Lagos.

Euphorbia klotschii Oudejans

Hierbas anuales, con latex, decumbentes, hasta de 30 cm, glabras, ramificación alterna, entrenudos de 0,8-2 cm. Hojas opuestas, ovadas de bordes lisos, ápice retuso, de 8-10 x 3- 5 mm, pecíolo de hasta 1 mm. Estípulas libres, membranosas, triangulares o laciniadas. Ciatios solitarios, terminales. Involucros urceolados, de 1-1,5 x 0,5-1,3 mm; 4 nectarios cóncavos, con apéndices pequeños, lobulados; lóbulos triangulares, enteros. Flores masculinas 10, bractéolas ausentes. Flores femeninas sin pedúnculo, estilos cortos, bífidos. Cápsulas ovoides, de 2- 2,5 x 1,8-2 mm. Semillas ovoide-prismáticas de 1,2 a 1,5 mm de largo, ruguladas, color castaño claro.

Especie nativa de Chile y Argentina. Crece desde Arica a la Araucanía.

Euphorbia maculata L.

Hierba anual, con látex, tallos erectos o decumbentes, de hasta 50 cm de largo. Hojas oblongo-lanceoladas, de 0,5-1,5 cm de largo, pilosas, margen aserrado. Estípulas con margen ciliado. Inflorescencias solitarias o en glomérulos. Involucro obcónico a campanulado, de hasta 1 mm de diámetro, lóbulos triangulares, enteros, con dientes lineares. Nectarios 4 largamente estipitados, circulares a anchamente elípticos. Cápsula anchamente ovoide, glabras, ca de 2 mm de largo. Semillas globosas, superficie finamente rugosa.

Especie pantropical. En el país se le encuentra desde la provincia de Huasco a la de Ñuble.

Euphorbia peplus L.

Pichoga

Planta anual, con látex. Tallos de 10-30 cm de alto, erectos, glabros, ramificados desde la base, de color verde a rojizo. Hojas alternas, obovado-espatuladas, de 3 x 1,2 cm, pecioladas; las superiores en verticilo, sésiles, espatuladas. Ciatio con involucro acopado, de 1,2 x 1,2-1,4 mm, nectarios 4, planos, bicornados, lóbulos triangulares enteros, con pelos en el borde, reunidos formando cimas dicotómicas. Cápsula subglobosa, de 2,5 x 2,3-3 mm, con dos quillas en cada valva. Semillas subprismáticas, un lado bisurcadas y, el otro, punteadas.

Especie de origen europeo. En Chile crece desde Arica a Chiloé. Frecuente en jardines, lugares sombríos y húmedos, también a orilla de caminos y en terrenos cultivados.

Familia Fabaceae

Lotus corniculatus L.

Alfalfa chilota, lotera

Planta perenne con tallos erectos o decumbentes, de 5-30 cm de alto, glabros, sólidos o fistulosos. Hojas pinnadas, con los 3 folíolos apicales lanceolados, oblanceolados o suborbiculares, de 4-18 x 1-10 mm; folíolos basales como estípulas, subcordiformes. Flores amarillas a anaranjadas, dispuestas en umbelas de 1-18 flores, pedúnculo de hasta 15 cm de largo. Cáliz pubescente, con tubo de 3-4 mm de largo, dientes subulados de 1,8-2,5 mm de largo. Corola de 12-14 m de largo. Legumbre subcilíndrica, comprimida, corniculada, de 15-30 mm de largo. Semillas semiglobosas, de 0,5-1 mm de diámetro, algo comprimidas, lisas.

Especie europea. En el país crece desde la provincia de Huasco a la de Magallanes, a orilla de caminos y calles.

Vicia benghalensis L.

Arvejilla

Hierba anual o perenne. Tallo erecto, de 20 a 80 cm de alto, piloso, estriado. Hojas con 5-9 pares de folíolos, de 10-25 mm de largo, lineares, oblongos o elípticos, pubescentes, en el ápice cortamente mucronados. Estípulas enteras o dentadas. Flores dispuestas de 2-12 en racimos, cáliz giboso, con dientes desiguales. Corola rojo-púrpura, generalmente negra en el ápice. Legumbre, de 2,5-4 cm de largo, de color café, pilosa, brevemente estipitada, con 3-5 semillas.

Especie de origen europeo. En Chile presenta una distribución por sectores, en Arica, luego la zona central y en Magallanes. Presente en cultivo de raps, trigo, lentejas y porotos.

Vicia hirsuta (L) Gray.
Arvejilla

Planta anual. Tallo trepador, débil, de 20-70 cm de largo. Hojas compuestas con 4-10 pares de folíolos lineares a estrechamente elípticos, de 5-16 mm de largo, estípulas semisagitadas, con 2-4 dientes setáceos. Flores dispuestas en racimos simples, con 3-8 flores de color blanco, con manchas de un ligero tinte púrpura. Fruto una legumbre de 6-11 x 3-5 mm, con 1-2 semillas, de color castaño, pubescente

Especie de origen europeo. En Chile crece desde la región de O'Higgins a la de Magallanes, especialmente en cultivo de trigo y raps, también a orilla de caminos.

Vicia sativa L.
Arvejilla

Planta anual. Tallo débil, trepador, de 40 a 120 cm de alto, ramificados, pubescentes. Hojas compuestas, por 3-8 pares de folíolos lineares a obcordados, de 6-20 x 1-6 mm, ápice agudo a emarginado, mucronado, con raquis terminado en zarcillo. Flores rojo-violáceo, dispuestas en racimos de 1-3, sésiles, en las axilas de las hojas. Legumbre dehiscente, café-amarillo a negro, glabro o pubescente; semillas 8-12, redondeadas, de 4 mm de diámetro.

Especie de origen europeo. En Chile crece desde la región de Coquimbo a la de Aisén, en cultivos de raps, remolacha, papas y porotos

Familia Hypericaceae

Hypericum perforatum L.
Hierba de San Juan, Alfalfa Argentina

Perenne. Tallos 10–100 cm de alto, ramificados, glabros, erectos o decumbentes y con dos aristas notorias. Hojas 8–30 mm de largo, ovadas a elípticas, opuestas, sésiles, con punteaduras translúcidas en la cara inferior. Flores dispuestas en densas cimas dicotómicas. Cáliz formado por 5 sépalos lanceolados y agudos. Pétalos 5, de 10 mm de largo, obovados, atenuados en la base, amarillos. Estambres numerosos. Fruto una cápsula ovoide, de 6 mm de largo, con numerosas semillas de 1 mm de largo, cilíndricas y cubiertas de filas longitudinales de pequeñas depresiones.

Especie de origen europeo. En Chile crece entre las provincias de Valparaíso y la de Osorno, también en el Archipiélago de Juan Fernández. Presente en cultivo de trigo y de cereales.

Familia Malvaceae

Anoda cristata (L.) Schltdl.
Malvilla, malva

Hierba anual, tallos de 30-50 cm de alto, pubescentes. Hojas con pecíolo de 1-4 cm de largo, lámina de forma triangular, con 3-5 lóbulos, el central agudo, margen dentado, pubescentes. Flores solitarias, axilares, cáliz pubescente, corola de color azul, mayor que el cáliz.

Especie americana, crece en Chile desde la región de Antofagasta hasta la Araucanía y también en el Archipiélago de Juan Fernández. Se encuentra en diversos cultivos y en los pretiles de arrozales.

Hibiscus trionum L.

Hierba anual, con tallo de 30-60 cm de alto, con pelos rígidos. Hojas con pecíolo de 2-4 cm de largo, láminas superiores divididas en 3-5 segmentos de margen aserrado, el central de mayor tamaño. Flores solitarias, axilares, de color crema o amarillo pálido, y con la base púrpura. Fruto una cápsula ovoide, hirsuta, cubierta por el cáliz concrescente.

Especie europea introducida en Chile centro-sur, asociada a cultivos agrícolas entre las regiones de Maule y Biobío.

Malva nicaeensis All.

Malva

Planta perenne con tallos erectos o decumbente de 20-60 cm de alto, ramificados, con pelos simples y ramificados. Hojas de forma variable, reniformes a suborbiculares, de 2-4 cm de largo, con 3-7 lóbulos, margen crenado, pecíolo de hasta 20 cm de largo. Flores axilares, solitarias o en grupos, pedicelos de 10 o más mm de largo. Calículo de 3 bractéolas ovadas, pestañosas. Cáliz de 4,5-7 mm de largo. Pétalos azules, bilobados, de 10-12 mm de largo. Mericarpos rugoso-reticulados, glabros. Semillas reniformes, de 2 mm de largo, finamente alveoladas.

Especie de origen europeo mediterráneo. En Chile crece desde la provincia de Petorca a la Valdivia, en el Archipiélago de Juan Fernández, común a orilla de caminos y en sitios eriazos.

Modiola caroliniana (L.) G. Don

Pila-pila

Planta perenne, con tallos rastreros o decumbentes, de 20-60 cm de largo, pubescentes, con raíces laterales. Hojas con pecíolo de 3-5 cm de largo, láminas suborbiculares, de 1-4 cm de largo, con 5-7 lóbulos, a veces profundamente lobulados, crenados, cubiertos de pelos estrellados. Flores solitarias, axilares, con pedúnculos de 1-3 cm de largo. Calículo con 2-3 bractéolas lanceoladas, pestañosas. Cáliz de 4-7 mm de largo, lanoso en el interior. Corola de 5 pétalos rojo-anaranjados, enteros, de 3-5 mm de largo, mayores que el cáliz. Mericarpos con 1-3 semillas, cara lateral reticulada, la dorsal densamente setosa, con 2 espinas. Semillas reniformes, de 1,5 mm de largo, comprimidas lateralmente.

Especie de origen norteamericano. En el país habita desde la provincia de Huasco a la de Osorno, en el Archipiélago de Juan Fernández, frecuente en calles y orilla de caminos, praderas, huertos, terrenos húmedos.

Familia Papaveraceae

Fumaria officinalis L.

Hierba de la culebra

Hierba anual, suberecta, glauca. Flores zigomorfas, dispuestas en racimos subsésiles o cortamente pedunculados, densos, de 10-45 flores. Brácteas de la mitad del largo o igual al largo del pedicelo fructífero, que es patente o erecto. Sépalos mayores de 2,5-3,5 mm de largo, casi siempre profundamente dentados, más estrechos que la corola, de hasta 1,5 mm de ancho. Corola de 7-9 mm de largo, rosadas, alas del pétalo superior con una mancha púrpura oscura en el ápice. Fruto redondo, ruguloso, algo truncado o casi emarginado, de ca. 2,5 mm, a veces apiculado.

Especie de origen europeo. En Chile crece se le encuentra en calles, terrenos baldíos, poco común.

Familia Plantaginaceae

Kickxia elatine (L.) Dumort.

Alfombrilla

Hierba anual, con tallos de 15-60 cm de largo, decumbentes, tendidos, glanduloso-pubescentes. Hojas ovadas, de 3-14 mm de largo, pecioladas, base sagitada, ápice apiculado, hirsutas. Cáliz con 5 lóbulos lanceolados, acuminados. Corola zigomorfa, bilabiada, de 7-15 mm de largo, labio superior de color violeta, los demás amarillos, y el de la base, blanco. Espolón de igual largo que la corola. Cápsula subglobosa, de 4-4,5 mm de largo. Semillas linear-elípticas, con superficie tuberculada.

Especie europea. En Chile principalmente en Santiago y la Araucanía, también en el Archipiélago de Juan Fernández, en cultivo de trigo, arvejas.

Veronica anagallis-aquatica L.

Verónica

Planta perenne, ocasionalmente anual, con tallos erectos de 30-60 cm de alto, fistulosos, con la base tendida, simples o ramificados, cilíndricos o tetragonales. Hojas opuestas, ovado-lanceoladas, de 5-12 x 1,5-4 cm, margen aserrado, las del medio y superiores amplexicaules, las inferiores cortamente pecioladas. Flores en racimos axilares, de 10-30 cm de largo, pedicelos erectos de 4-7 mm de largo. Cáliz formado por 4 sépalos ovado-lanceolados. Corola azul con venas violáceas, de 5-10 mm de diámetro, tubo muy corto y limbo rotáceo. Estambres 2. Cápsula orbicular a elíptica, de 2,5-3,5 mm de largo, bivalva, dehiscencia primero loculicida y luego septicida. Semillas plano-convexas, de 0,6-0,7 mm de largo.

Especie de origen euroasiático. En Chile crece desde la provincia de Arica a la Aisén, y en el en el Archipiélago de Juan Fernández, frecuente en terrenos húmedos, márgenes de ríos esteros o canales.

Familia Poaceae

Cenchrus clandestinus (Hochst. ex Chiov.) Morrone

Perennes, rizomatosas y estoloníferas, rastreras. Lígulas de 1-3 mm de largo, formadas por un anillo de pelos sedosos, cortos. Láminas de 2-12 (-15) cm x 2-5 mm, lineares, planas o conduplicadas, de base ancha y ápice agudo. Panícula espiciforme terminal, breve, reducida a un fascículo de 2-5 espiguillas subsésiles, ocultas dentro de las vainas foliares superiores, de 2-3,5 x 1-2 cm considerando las setas. Espiguillas de (10-) 12-20 mm, lanceoladas, en grupos de 2-4 (-5) por involucro, la inferior sésil, las restantes brevemente pediceladas. Espiguilla inferior sésil 2-flora, con el antecio inferior estaminado y el superior perfecto. Espiguilla(s) superior(es) pedicelada(s) completas o con reducción en glumas, glumelas y/o en los órganos sexuales; base de la espiguilla con anillo de pelos. Gluma inferior ausente o presente, cuando presente reducida a una breve escamita, menor de 1 mm de largo; gluma superior ausente o presente, cuando presente ovada, hialina de 1-3 mm de largo. Lemma inferior membranácea, angostamente lanceolada, tan larga como la espiguilla. Pálea inferior ausente. Lemma superior membranácea, de ápice agudo. Pálea superior levemente menor que la lemma. Estambres 3. Gineceo con ramas estigmáticas exertas apenas soldadas en la base.

Especie nativa de África, introducida en áreas tropicales y subtropicales de varios países de América. Se cultiva como forrajera, como césped y para proteger el suelo contra los efectos

nocivos de la erosión. Se comporta como subespontánea y maleza agresiva para ciertos cultivos extensivos, ya que se propaga fácilmente por estolones y rizomas. En Chile se encuentra entre la provincia de Elqui y la de Santiago (29º52'- 33º35' S).

Cynodon dactylon (L.) Pers.

Pasto bermuda, pata de perdiz

Perennes, rastreras, estoloníferas, radicantes en los nudos inferiores. Lígulas de hasta 0,5 mm de largo, membranáceo-ciliadas. Láminas de 0,5-15 cm x 1-4 mm, lineares, planas o conduplicadas, glabras a hirsutas; prefoliación conduplicada. Inflorescencia formada por 2-8 racimos unilaterales, digitados; raquis de los racimos de 1,2-6 cm de largo, triquetro. Espiguillas de 2-2,5 mm de largo; 1-2 (-3)-floras, anchamente elipsoides; raquilla prolongada, setiforme. Glumas generalmente desiguales, 1-nervias; gluma inferior hasta 1/2 o mayor que la longitud del antecio; gluma superior desde 2/3-3/4 y hasta superando la longitud del mismo, de ápice mútico o aristulado. Lemma tan larga como la espiguilla, lisa, pajiza, comprimida lateralmente, carinada, con la carina brevemente ciliolada, mútica o mucronulada en el ápice. Pálea de similar consistencia que la lemma, 2-nervia, glabra. Cariopsis de 1 mm de largo, subelipsoídea, comprimida lateralmente, castaña.

Introducida, se distribuye en todo el mundo, excepto en la Antártica. En Chile se encuentra desde la provincia de Arica hasta la de Concepción (18º24'- 36º49' S), desde el nivel del mar hasta los 3000 m de altitud. Crece también en Isla de Pascua (Rapa Nui).

Digitaria sanguinalis (L.) Scop.

Pata de gallina

Anuales, de 20-70 cm. Lígula de 0,5-2,6 mm, membranácea, triangular. Láminas de 4-20 x 0,3-0,6 cm, lanceoladas. Panículas de 5-15 cm, digitadas a subdigitadas con 3-8 racimos. Espiguillas de 2,8-3,3 mm, elipsoides, ápice agudo, en grupos de 2. Gluma inferior de 0,3-0,5 mm, triangular, enervia; gluma superior de 1/2 la longitud de la espiguilla, 3-nervia, triangular, aguda, pilosa en zonas internerviales y marginales. Lemma inferior 7-nervia, nervio medio distante de los laterales contiguos, nervios escabrosos en el tercio superior, glabra a ambos lados del nervio medio. Antecio superior tan largo como la lemma inferior, pajizo. Lodículas de 0,4 mm, cordiformes. Anteras de 0,9- 1 mm, rojizas. Estigmas violáceos. Cariopsis de 1,5-2 x 0,7-0,9 mm; hilo aovado; embrión de 1/2 de la longitud total.

Originaria de Europa, en Chile crece desde la provincia de Huasco hasta la de Valdivia (28o30'-39o53' S). También en Isla de Pascua.

Echinochloa colona (L.) Link.

Hualcacho

Anuales, de 10-90 cm de alto. Lígulas ausentes; cuello glabro. Láminas de 1,5-17 x 0,4-1 cm, linear-lanceoladas, planas, glabras a esparcidamente pilosas, de base subcordada y ápice atenuado, los márgenes escabriúsculos. Inflorescencias de 1,5-17 x 1-1,5 cm, contraídas, exertas, terminales; espiguillas apareadas o solitarias, dispuestas en 2-4 series unilaterales; pedicelos breves, escabriúsculos. Espiguillas de 2-2,7 mm, anchamente elipsoides a obovoides, múticas o mucronadas, cortamente híspidas, estipitadas. Gluma superior y lemma inferior subiguales; gluma inferior aovada, 1/2 o poco menos del largo de la espiguilla, híspida, abrazadora, 3-nervia; gluma superior híspida, con espínulas cortas sobre los nervios, 5-7-nervia. Lemma inferior

glumiforme, 7-nervia. Pálea inferior lanceolada, glabra, membranácea, hialina, con márgenes dentados, 2-nervia. Flor inferior ausente. Antecio superior ovoide, plano-convexo, pajizo, lustroso, de dorso giboso. Lemma superior acuminada, escabriúscula, 5-nervia. Pálea superior de ápice reflexo, libre, 2-nervia. Estambres 3. Gineceo con 2 ramas libres. Cariopsis ovoide, de 1,2 x 1 mm; hilo punctiforme; embrión 1/2 del largo de la cariopsis.

Especie europea, crece en Chile entre las provincias de Huasco y la de Cautín (28º46'- 38º44' S), entre 110 y 800 m s.m. Crece frecuentemente en suelos inundados y a orillas de ríos; es invasora de cultivos. Florece y fructifica entre los meses de septiembre y mayo.

Echinochloa crus-galli (L.) P. Beauv.

Hualcacho

Anuales, de 0,30-1,80 m de alto. Culmos erectos a decumbentes, ramificados en los nudos inferiores y medios. Lígulas ausentes; cuello glabro. Láminas de 10-40 x 0,5-1,8 cm, linear-lanceoladas, planas, glabras, de base subcordada y ápice atenuado, los bordes inferiores glabros o papiloso-pilosos, luego escabriúsculos. Inflorescencias de 6,5-22 cm, de contorno elíptico, erectas; raquis primario de (2-) 4-7 cm de largo, triquetro, escabroso, esparcidamente piloso; espiguillas en pares o en fascículos, dispuestas unilateralmente; pedicelos breves, escabrosos. Espiguillas de 3-3,6 (sin las aristas) x 1,5-2 mm, ovoides a anchamente elipsoides, híspidas, con pelos equinados sobre los nervios, aristadas, plano-convexas, verdes o con tintes purpúreos, estipitadas. Gluma superior y lemma inferior desiguales; gluma inferior ovado-acuminada, 1/3-1/2 del largo de la espiguilla, cortamente híspida, escabriúscula, abrazadora, 3-5-nervia; gluma superior híspida, con pelos papilosos sobre los nervios, ápice apiculado a cortamente crestado, 5-7-nervia, caediza a la madurez dejando el dorso del antecio superior libre. Lemma inferior glumiforme, 7-nervia, arista de hasta 2,5 cm de largo. Pálea inferior lanceolada, glabra, membranácea, hialina, los márgenes denticulados, 2-nervia. Flor inferior ausente. Antecio superior ovoide a anchamente elipsoide, plano-convexo, pajizo, castaño claro a la madurez, lustroso, con el dorso giboso. Lemma superior aristulada; arístula escabriúscula, verdosa. Pálea superior con el ápice reflexo, 2-nervia. Estambres 3. Gineceo con 2 ramas estilares libres. Cariopsis de 1,8-2 x 1,2-1,6 mm, ovoide; hilo punctiforme; embrión 2/3 del largo de la cariopsis.

Comprende dos variedades en el país: var. *crus-galli* y var. *mitis*.

a. var. ***crus-galli***

Hualcacho.

Originaria de Europa, introducida en Chile, donde crece desde la provincia de Santiago hasta la de Valdivia (33º27'- 39º53' S), entre 10 y 500 m s.m.

b. var. ***mitis*** (Pursh) Peterm.

Hualcacho morado, hualcacho negro

Se distingue de la variedad *crus-galli* por las espiguillas sin aristas y con pálea inferior rudimentaria o hasta ½ del largo del antecio superior.

Crece en ambientes similares a los de la variedad tipo entre la provincia de Huasco y la provincia de Osorno (28º34'- 40º32' S), entre 5 y 800 m s.m.

Eragrostis mexicana (Hornem.) Link subsp***. virescens*** (J. Presl) S.D. Koch & Sánchez Vega.

Anuales, cespitosas. Culmos de 24-93,5 cm de alto, gruesos, erectos, ramificados y algo geniculados en la base; entrenudos y nudos glabros, generalmente con un anillo de glándulas por debajo de los nudos superiores. Vainas más cortas que los entrenudos. Lígulas de 0,4-0,6 mm, ciliadas, mechones con pelos de 1-3 mm a ambos lados de la lígula. Láminas de 3,2-28,5 cm, planas, agudas, glabras. Panículas de 11-31 cm, elípticas a ovadas, laxas; pulvínulos glabros, amarillo- anaranjados, algunos ralamente pilosos. Espiguillas de 3,8-9 mm, linear-lanceoladas, verde-oliváceas, 5-10-floras. Glumas linear-lanceoladas, agudas, violáceas en la madurez, caedizas, 1-nervias; gluma inferior de 0,8-1,8 mm; gluma superior de 1-2,8 mm. Lemmas de 1,2-2,8 mm, anchamente ovadas, agudas, herbáceas, superficie dorsal glabra, 3-nervias. Páleas de 0,6-1,8 mm, similares en longitud a las lemmas, elípticas. Anteras de 0,2-0,4 mm, castaño-rojizas. Cariopsis de 0,6-1,4 mm, elipsoide u oblonga, castaño-rojiza, reticulada, con surco longitudinal ancho poco profundo; mácula embrional igual a la mitad de su longitud, generalmente rodeada por un halo de coloración verdosa.

Nativa de Argentina, Perú, Bolivia, Brasil, Chile y Ecuador. En Chile crece desde la provincia de Arica hasta la provincia de Valdivia (18º18'- 39º50' S), entre 20 y 2500 m de altitud.

Lolium perenne L.

Ballica, ballica inglesa

Perennes, con rizomas cortos. Culmos de 10-90 cm de alto, erguidos o geniculados en la base. Vainas lisas, glabras; aurículas presentes, cortas. Lígula de 1-2,5 mm, truncada. Láminas de 5-14 cm de largo x 2-4 mm de ancho. Espiga de 10-30 cm de largo, comprimida, recta o apenas curvada. Espiguillas de 1-1,5 mm de largo, 4-14-floras, solitarias, sésiles, con el dorso de la lemma ubicado en excavaciones alternas del raquis; raquilla articulada por arriba de la gluma y entre los antecios. Gluma inferior ausente, excepto en la espiguilla terminal; gluma superior de 3,5-12 mm de largo, con el dorso redondeado, menor que el conjunto de los antecios, 3-9-nervia. Lemmas de 3,5-9 mm de largo, redondeadas en el dorso, obtusas en el ápice. Pálea tan larga o poco menor que la lemma, con quillas escabrosas. Cariopsis de 4 mm de largo, fuertemente adherida a la lemma y a la pálea.

Especie europea, cultivada en Chile como forrajera. Crece naturalizada desde la provincia de Huasco hasta la provincia de Tierra del Fuego (28º34'- 53º18'S), entre 5 y 1110 m s.m. También en el archipiélago de Juan Fernández (Isla Robinson Crusoe) y en Isla de Pascua (Rapa Nui).

Panicum capillare L.

Pasto de la perdiz

Anuales, cespitosas, herbáceas, de 30-80 cm de alto. Culmos erectos a subgeniculados en la base, ramificados en los nudos inferiores y medios, cilíndricos. Vainas de 2-10 cm, pajizas, mayores que los entrenudos. Lígulas de 0,9-1,5 mm, membranáceo-ciliadas. Láminas de 5-26 x 0,4-1,5 cm, linear-lanceoladas, planas, delgadas, de base subcordada, híspidas. Inflorescencias de 13-37 cm, difusas, piramidales, las espiguillas dispersas sobre las ramas; eje principal escabroso, triquetro; pulvínulos pilosos. Espiguillas de 2-2,8 (-3,2) mm, angostamente elipsoides a lanceoladas. Gluma superior y lemma inferior subiguales, superando en 0,8-1,2 mm al antecio superior; gluma inferior de (0,9-) 1,2-1,6 mm, 1/2 del largo de la espiguilla, 3-5-nervia, de ápice agudo; gluma superior de 1,8-2,7 (-3,1) mm, 7-9-nervia, nervio medio escabriúsculo. Lemma inferior de 1,9-2,6 (-3) mm, glumiforme. Pálea inferior ausente o vestigial, cuando presente bilobada, de hasta 0,3 mm, aproximadamente 1/5 del largo del antecio superior. Antecio superior de 1,5-1,9

mm, elipsoide, crustáceo, glabro, lustroso. Lemma superior 7-nervia. Pálea con papilas simples hacia el ápice. Cariopsis de 1,3-1,5 mm, anchamente elipsoidea; hilo punctiforme; embrión la mitad del largo de la cariopsis.

Especie introducida, originaria de América del Norte. En Chile, se halla presente desde la provincia de Elqui hasta la provincia de Valdivia (29º58'- 39º52' S), entre 10 y 2000 m de altitud.

Paspalum distichum L.

Chépica

Plantas perennes, con cañas estoloniformes, rastreras. Culmos floríferos de 10-30 cm. Lígulas de 0,8-2 mm, membranáceas, delicadas. Láminas linear-lanceoladas, de 2-9 cm, planas, dispuestas ligeramente en forma dística. Inflorescencias terminales, de 2-6 cm; racimos 2, conjugados, raro un tercero aproximado, terminando en una espiguilla desarrollada; espiguillas solitarias, imbricadas, dispuestas en 2 series. Espiguillas elipsoides, de 2,6-3,6 mm, de ápice acuminado, plano-convexas, pubescentes. Gluma superior y lemma inferior subiguales, coriáceas; gluma inferior ausente, en ocasiones presente, triangular a lanceolada, 3/4 a tan larga como la espiguilla; gluma superior tan larga como la espiguilla, esparcida a densamente pubescente, con pelitos adpresos. Lemma inferior glumiforme, tan larga como la espiguilla, glabra a esparcidamente pilosa. Pálea y flor inferior ausentes. Antecio superior elipsoide, de 2,2-2,8 mm, crustáceo, finamente papiloso, pajizo, 0,4 mm más corto que la gluma superior y lemma inferior, con un mechón de pelos en el ápice y micropelos bicelulares en el ápice de la lemma y pálea. Lemma 3-5-nervia, con los márgenes involutos. Lodículas 2, de 0,2 mm. Estambres 3, anteras de 1,2 mm. Cariopsis elipsoidea, de 1,5 mm.

Especie americana, se distribuye desde la provincia de Arica y Parinacota hasta la de Valdivia, frecuente en bañados y campos bajos, arrozales y tierras labradas.

Setaria pumila (Poir.) Roem. & Schult.

Anuales, cespitosas. Culmos de 30-100 cm de alto, simples o ramificados, por lo general geniculados en la base. Vainas glabras, con el dorso carinado o redondeado, con los márgenes glabros. Lígulas de 0,8-1,5 mm, membranáceo-ciliadas. Láminas de 8-22 cm x 5-8 mm, linear-lanceoladas, planas. Inflorescencia una panícula espiciforme, cilíndrica, densa, de 3-16 cm. Espiguillas de 2,9-3,2 mm, ovoides, acompañadas por 8-9 setas involucrales antrorso-escabrosas de 3-6 mm. Gluma inferior 1/4-1/2 del largo de la espiguilla, 3-nervia; gluma superior alcanzando 1/2(-3/4) del largo del antecio superior, 5-nervia, ambas glumas con el ápice apiculado u obtuso. Antecio inferior generalmente asexuado, a veces estaminado, estambres 3, bien desarrollados. Lemma inferior de igual largo que la lemma superior, 5-nervia, apiculada. Pálea inferior bien desarrollada, igualando el largo de la pálea superior. Antecio superior de 2,9-3,2 mm, ovoide. Lemma notablemente rugosa en toda su extensión, de ápice apiculado u obtuso. Pálea de igual textura.

En Chile, crece desde la provincia de Arica hasta la provincia de Cautín (18º30'- 38º29' S), entre los 90 y 840 m s.m.

Setaria verticillata (L.) P. Beauv.

Pega-pega

Anuales, cespitosas o decumbentes, gráciles. Culmos de 30-60 (-100) cm de alto, geniculados, ramificados, por lo general enraizados en los nudos inferiores. Vainas carinadas, glabras o

con algunos pelos aislados, con los márgenes glabros o ciliados, hialinos. Lígulas de 1-2 mm, membranáceo-ciliadas. Láminas de 5-25 x 0,4-1,2 cm, linear-lanceoladas, acuminadas, planas. Inflorescencia una panícula espiciforme, densa o algo interrumpida, de 3-15 cm. Espiguillas de 1,8-2,2 mm, elipsoides, verdosas, acompañadas por 1-2 setas de 3-6 mm, retrorso-escabrosas en toda su extensión. Gluma inferior 1/4-1/2 del largo de la espiguilla, 1-3-nervia, con el ápice agudo u obtuso; gluma superior 4/5 o igualando el largo del antecio superior, 5-7-nervia, apiculada. Lemma inferior de igual largo que la lemma superior, 5-7-nervia, con el ápice obtuso o apiculado. Pálea inferior alcanzando 1/4-1/2 del largo de la pálea superior, lanceolada. Antecio superior de 1,8-2,2 mm, elipsoide, con lemma suavemente rugosa, apiculada, pajiza, lustrosa. Cariopsis de (1-) 1,5-1,6 mm, elipsoidea; hilo punctiforme; embrión alcanzando 3/4 del largo de la cariopsis.

Introducida, de amplia distribución. En Chile se distribuye desde la provincia de Arica hasta la de Cautín (18º31'- 38º44' S), desde el nivel del mar hasta los 1900 m de altitud.

Sorghum halepense (L.) Pers.

Sorgo de Alepo, maicillo

Perennes, con rizomas estoloniformes largos e invasores. Culmos floríferos de 1-1,5 m de alto, raramente mayores, huecos, plurinodes, glabros; nudos y vainas glabras. Láminas de 20-40 x 1-2 cm. Inflorescencia de 20-40 cm, laxa, piramidal u oblonga; raquis y pedicelos pilosos. Espiguillas pareadas, bifloras, dimorfas, una sésil hermafrodita, la otra pedicelada masculina o neutra. Espiguilla sésil de 4-5 mm, aovada o elíptica, pilosa en el dorso, pajiza, castaña, violácea o negra y caediza a la madurez. Gluma inferior 7-nervia, ligeramente convexa, bicarinada con los márgenes inflexos, ápice tridentado; gluma superior lanceolada, más o menos navicular, con los márgenes abrazados por la gluma inferior. Lemma fértil aristada o mútica; arista geniculada, de 10-15 mm. Androceo con 3 estambres. Cariopsis de 2-3 mm, obovada, castaño-oscura, totalmente incluida en las glumas; mácula embrional alcanzando o sobrepasando la mitad de la longitud de la cariopsis. Espiguilla pedicelada masculina, lanceolada, de 5-6 mm, violáceas.

Especie africana, adventicia en América. En Chile crece desde la provincia de Arica hasta la de Malleco (19º25'-37º48´ S), desde los 20 hasta los 2100 m s.m. También está presente en Isla de Pascua. Frecuente en orillas de caminos y como maleza en cultivos de frambuesas, porotos, alfalfa, olivos, habas y alcachofas.

Familia Polygonaceae

Polygonum aviculare L.

Sanguinaria

Hierba anual, con tallos de hasta 100 cm de largo, decumbentes, estriados. Hojas elípticas o linear-lanceoladas, de 0,5-4 x 0,2-1 cm, subsésiles. Ocreas profundamente laciniadas, de hasta 1 cm de largo. Flores en grupos de 2-4 en las axilas de las hojas. Perigonio formado por 5 tépalos obtusos, glabros, de 2-4 mm de largo. Aquenio ovoide, trígono, de 2,5-3 mm, de color negro-rojizo.

Especie de origen asiático. Es una maleza común en las calles de todo el país, en cultivos de remolacha, hortalizas entre otros.

Polygonum convolvulus L.

Enredadera, porotillo

Hierba anual, trepadora, tallos volubles de 30-100 cm de largo. Hojas triangulares, base sagitada, ápice agudo, 1,5-6 x 1-3,5 cm. Ocreas infundibuliformes, glabras, de 2-5 mm de largo. Flores en fascículos poco numerosos agrupados en racimos axilares laxos. Perigonio unido hasta la mitad, verdoso, de 3-4 mm de largo. Aquenio triangular, granuloso.

Especie europea. En el país se le encuentra desde la provincia de Limarí a la de Chiloé, en cultivos escardados, de remolacha, hortalizas, papas.

Polygonum lapathifolium L.

Duraznillo

Hierba perenne, con tallos de hasta 80 cm de alto, cubiertos por manchas rojizas. Hojas ovadas a linear-lanceoladas, de 5-12 cm de largo, ápice agudo a obtuso, a menudo con una mancha central de color negro. Ócrea tubular de 0,5-1 cm de largo, ciliada. Flores en racimos espiciforme densos, de 1-5 cm de largo, erguidos, ócrea que acompaña a las flores acuminada.

Especie europea, maleza de numerosos cultivos agrícolas, incluyendo arroz. También en sitios ruderales.

Polygonum persicaria L.

Duraznillo

Hierba anual, con tallos de 50-90 cm de alto. Hojas lanceoladas a linear-lanceoladas, de 1,5-7 x 0,5-2,5 cm, margen con rígidos. Ócrea tubular, ápice con pelos cortos, cubren solo una pequeña parte del entrenudo. Flores en racimos cortos y densos, de 1,5-3 cm de largo, erguidos o nutantes.

Especie originaria de Europa, muy similar a la anterior y crece en los mismos hábitats. Crece desde la provincia de Chacabuco a la Llanquihue.

Rumex acetosella L.

Vinagrillo, romacilla

Planta perenne, dioica, rizomatosa, con tallos de 10-50 cm de alto, erguidos o decumbentes, glabros. Ócreas de 0,5-1,8 cm de largo, algo infundibuliformes, laciniadas. Hojas con pecíolos de 0,5-7 cm de largo, láminas lineares a ovadas con la base hastada, de 1-5 cm de largo. Inflorescencia laxa, pedicelos de igual largo que la flor o algo mayores. Perianto formado por 6 segmentos, elípticos, de 1,8-2,5 mm de largo, 3 externos y 3 internos. Fruto una nuez ovada, trígona, de 1,3-1,5 mm de largo. Valva fructífera sin callo, soldada o libre de la nuez.

Planta originaria de Europa. En Chile ampliamente distribuida, desde Parinacota a Tierra del Fuego, y también en el Archipiélago de Juan Fernández, en calles, orilla de caminos, praderas, sitios eriazos, en cultivos de cereales, huertos, etc.

Familia Portulacacea

Portulaca oleracea L.

Verdolaga

Hierba anual, con tallos de 10-30 cm de largo, tendidos, glabros, ramosos. Hojas oblongo-ovadas, de 1-2 cm de largo, algo espatuladas, base cuneada, ápice redondo, carnosas, brillantes, planas, alternas hacia la base, y opuestas hacia las flores. Estipulas reducidas a cilios. Flores solitarias o aglomeradas en el ápice de las ramas o las axilas de las hojas. Cáliz de 2 sépalos aquillados, unidos en la base, de 4 mm de largo. Corola con 5 pétalos amarillos. Fruto un pixidio, con numerosas semillas negras, brillantes.

Especie europea. En Chile es una maleza abundante, se le encuentra desde la provincia de Arica a la de Llanquihue, también en el Archipiélago de Juan Fernández.

Familia Solanaceae

Datura stramonium L.

Chamico

Hierba anual, con tallos de hasta 120 cm de alto, erectos, algo pubescente a glabros. Hojas elípticas a ovadas, sinuadas a lobuladas, de 5-20 cm de largo, pecíolos de la mitad del largo. Flores solitarias en la axila de las hojas. Cáliz con 5 dientes de 5-10 mm de largo, desiguales. Corola infundibuliforme, de 6-8 cm de largo, con 5 dientes. Fruto una cápsula ovoide, espinosa, de 4-5 cm de largo, espinas de 1-3 cm de largo. Semillas reniformes, de 5 mm de largo, café claras, rugosas.

Especie de origen norteamericano, cosmopolita. En Chile crece desde la provincia de Arica a la Cautín, y en el Archipiélago de Juan Fernández, en huertos frutales, orilla de caminos, sitios eriazos.

Solanum nigrum L.

Tomatillo

Planta anual, tallo de 30-80 cm de alto, subglabro o algo pubescente, herbáceo, ramoso, con pelos simples. Hojas ovado-oblongas, de 2,5-7 x 2-4,5 cm, enteras o sinuado-dentadas, con la base cuneada. Pecíolo generalmente 1-3 cm de largo. Inflorescencia cimosa, con 5-10 flores, rara vez solitarias. Cáliz de 1-2,5 mm de largo, 5-partido, las divisiones ovadas, levemente acrescentes. Corola 5,5-9 mm de largo, blanca a celeste, externamente pubescente. Anteras amarillas. Fruto una baya globosa, de 6-9 mm de diámetro, negra, rara vez verdosa, con numerosas semillas de 2 mm de diámetro.

Planta de origen europeo. En Chile se la encuentra desde Arica y Parinacota a Aisén, en cultivos escardados, praderas, huertos, orilla de casas.

Solanum nitidibaccatum Bitter

Hierbas anuales postradas o extendidas de hasta 20 cm de altura, ramificadas en la base, tallos decumbentes o ascendentes. Hojas ovadas a anchamente ovadas, raramente elípticas, de 2,0-5,5 x 1,5-5,0 cm, membranosa, verde, concolora, pubescentes, márgenes enteros o sinuado-dentados; ápice agudo a obtuso; base atenuada a cuneada, pecíolos de 0,5-2,7 cm de largo. Inflorescencias internodales simples, flores 4-8(-10) espaciadas a lo largo del raquis. Tubo del cáliz de 1-2 mm de longitud, cónico, lóbulos 5, de 1,7-2,5 mm de largo, triangulares, ápices agudos a obtusos. Corola de 4-6 mm de diámetro, blanca con una mancha central amarillo verdoso, márgenes negros en forma de "V" o "U" en los senos de los lóbulos, rotada-estelada, lobulada a 1/3 de la hasta la base. Fruto una baya globosa, de 4-13 mm de diámetro, de color verde parduzco y jaspeado de blanco en la madurez, cáliz fructífero creciente. Semillas 13-24 por baya, aplanadas y en forma de lágrima, de color marrón. Células pétreas generalmente (1-)2-3 por baya.

Nativa del sur de Sudamérica. En Chile crece desde la provincia de Parinacota a la de Llanquihue.

Familia Verbenaceae

Verbena litoralis Kunth

Hierba perenne. Tallos de 60-200 cm de alto, ramificado en la parte superior, tallos cuadrangulares, áspero en los ángulos, glabro o con pelos ralos. Hojas sésiles, oblongo-lanceoladas, de 3-6 cm de largo, atenuadas hacia la base, terminadas en una punta aguda y alargada, las inferiores aserradas, las superiores enteras y más cortas. Inflorescencia en espigas cilíndricas, de 5-8 cm

de largo, brácteas ovado-lanceoladas, agudas, pestañosas. Cáliz con 3 dientes cortos. Corola violácea, infundibuliforme. Fruto compuesto de 4 mericarpos, lineares, uniseminados, de 2 mm de largo.

Especie de origen americano, nativa de Chile. Crece en Arica, y desde Antofagasta a Chiloé, también en el Archipiélago de Juan Fernández e Isla de Pascua. Crece a orilla de caminos, casas, sitios eriazos, línea férrea, en cultivos.

Glosario

- Abrazador: Que abraza al tallo, como la base de la lámina en algunas hojas. Amplexicaule.
- Actinomorfa: Se dice de la flor con simetría radial, es decir que una línea dibujada a través de la mitad de una estructura, a lo largo de cualquier plano produce la misma imagen.
- Acuminado: ápice de un órgano (ej. hoja, glumas, lemmas) que termina gradualmente en una punta aguda.
- Agudo: se refiere al ápice de la hoja que forma un ángulo agudo.
- Alterno: Que se disponen unas después de las otras.
- Amplexicaule: Que abraza al tallo, como la base de la lámina en algunas hojas. Abrazador.
- Antecio: En la espiguilla de gramíneas, cada una de las unidades que llevan las flores y, cuando maduros, a los frutos; se componen de dos brácteas denominadas lemma y la pálea, que encierran una flor.
- Antrorso: Se refiere a la disposición de los órganos, apéndices, etc. (ej. pubescencia) que se dirige hacia adelante o hacia el ápice del órgano (en oposición a retrorso).
- Anual: Se refiere a la planta que nace, se desarrolla, florece y fructifica durante un solo periodo de un año.
- Aquenio: Fruto indehiscente, seco, con una semilla, coel pericarpio no soldado a la semilla.
- Arista: Extremidad sutil, pero tiesa, presente en las glumas y glumelas de las gramíneas.
- Aserrado: Con el margen con dientes agudos y juntos.
- Atenuado: Adelgazado, estrechado.
- Aurícula: Apéndice foliáceo, pequeño, ubicado en el pecíolo o en la base de la lámina.
- Auriculada: Que lleva aurículas.
- Baya: Fruto carnoso, con muchas semillas, como el tomate.

- Bienal: Se refiere a la planta que vive más de un año, sin pasar de dos, el primer año, germina y se desarrolla, y el segundo florece y fructifica.
- Bilabiada: Hace referencia a la flor cuando se divide formando como una boca abierta.
- Bráctea: Cualquier órgano que foliáceo que se ubica cerca de las flores, diferente a las hojas.
- Cáliz: Estructura formada por los sépalos, que son las partes más externas de la flor, generalmente verdes.
- Capitada: Inflorescencia con forma de cabezuela.
- Capítulo: Inflorescencia donde las flores van dispuestas sobre un disco cónico, plano, o cóncavo, algo dilatado.
- Cápsula: Fruto seco, dehiscente.
- Cariopsis: Fruto con una semilla, seco, indehiscente, con el pericarpio unido a la semilla.
- Carpóforo: Prolongación delgada del receptáculo, formando un eje central entre los carpelos.
- Ciatio: Inflorescencia de las *Euphorbia*, formada por involucro como una cúpula contiene un único pistilo y flores masculinas con un único estambre.
- Ciliolado: Cubierto de cilíolos, cilios muy pequeños, pelo muy fino.
- Cima: Inflorescencia que remata en una flor, al igual que los ejes secundarios.
- Concolora: Con todas las partes de color uniforme.
- Conduplicada: En las hojas, cuando se doblan a lo largo del nervio medio.
- Connadas: Se refiere a los órganos que al desarrollarse juntos parecen más o menos unidos entre sí.
- Cordada: con forma de corazón.
- Corola: Formada por los pétalos, generalmente coloreada.
- Cuadrangular: Tallos de algunas especies de *Verbena*, que en sección transversal tienen forma cuadrada.
- Culmos: Tallo articulado de las gramíneas. Se divide en nudos y entrenudos; éstos últimos pueden ser huecos o sólidos.
- Decumbente: Que se reclina sobre suelo, pero con el extremo de la rama ascendente.
- Decusada: Hojas, brácteas o ramas que van opuestas y colocadas en cruz con los nudos siguientes, tanto el de arriba como el de abajo.
- Dentado: Con prominencias como dientes, no agudos.
- Dehiscente: Que se abre en la madurez. Lo contrario de indehiscente.

- Digitado: Que tiene lóbulos semejantes a dedos. Órgano que tiene sus partes alargadas y divergentes, partiendo desde un punto.
- Discoideo: Se refiere a un capítulo de las Asteraceae compuesto sólo flores tubulosas.
- Elíptico: Con forma de elipse.
- Equinulada: Cubierto por espinas o púas delgadas o pequeñas.
- Escabriúscula: Apenas cubierto de asperezas
- Escalariforme: En forma de peldaños, como una escalera.
- Espiciforme: Con forma de espiga.
- Espiga: Inflorescencia racemosa, simple, con las flores sésiles dispuestas a lo largo del eje floral.
- Espiguilla: Unidad fundamental de la inflorescencia de las gramíneas. Se compone de dos brácteas estériles (glumas) y una o más brácteas fértiles o glumelas (lemma y pálea) que encierran a las flores y posteriormente a los frutos.
- Espolón: Apéndice delgado, hueco, de un pétalo o sépalo, o del cáliz o corola.
- Estaminado: Que tiene estambres.
- Estipitado: Que nace sobre un estipe o ramita.
- Estolón: Brote lateral, más o menos delgado, a menudo largo, que nace de la base de los tallos y crece de manera horizontal sobre o bajo el suelo.
- Estriado: Que lleva estrías.
- Exerto: Se refiere a los estambres que se asoman por sobre los sépalos o pétalos.
- Filiforme: De forma delgada, muy fina.
- Flores liguladas: Flor zigomorfa de las Asteráceas, con un lado alargado, la lígula, terminada en 3 a 5 dientes.
- Foliáceo: Que parece una hoja en color y textura.
- Forme: Sufijo, con forma de.
- Geniculado: Con un nudo en el tallo o caña.
- Glomérulo: Inflorescencia formada por una cima muy contraída de forma más o menos globosa.
- Glumas: En la espiguilla de gramíneas, las dos primeras brácteas que la conforman. Las glumas son brácteas estériles, esto es, no llevan flores o frutos.
- Hastada: Con forma de flecha, pero con las puntas hacia afuera.
- Hermafroditas: Plantas y flores que tienen ambos sexos.

- Hialina: Transparente, diáfano.
- Híspida: Cubierto de pelos muy tiesos y sumamente áspero al tacto.
- Hoja compuesta: Formada por más de una lámina, cada una de las cuales es un folíolo.
- Hoja simple: Formada por una lámina solamente.
- Homógama: Inflorescencia compuesta por flores con igual sexualidad, por ejemplo, con todas las flores fértiles (en oposición a inflorescencias compuestas por flores fértiles y estériles).
- Inflorescencia: Es un sistema de ramificación que termina con una flor o varias flores.
- Infundibuliforme: Con forma de embudo.
- Involucro: Todo conjunto de brácteas dispuestas cerca de las flores o que las envuelven en mayor o menor grado.
- Lámina: Parte de la hoja; es la parte más o menos ensanchada que se una al tallo ppor el pecíolo (o en las gramíneas por la vaina).
- Lanceolada: Con forma de lanza, angostamente elíptica, con los extremos agudos
- Lemma: En la espiguilla de las gramíneas, cada una de las brácteas fértiles que encierran a las flores o frutos. Ver también antecio.
- Lígula: Parte alargada y plana al extremo de las flores del radio en las Asteraceae.
- Linear: Con forma alargada y angosta, con los bordes casi paralelos.
- Lirado: Aplícase a las hojas con forma de lira, pinnatisectas, cuyos segmentos inferiores son más pequeños, y el apical grande y redondeado.
- Liso: Con bordes sin prominencias, ni resaltos.
- Lobado/Lobulada: Margen con lóbulos.
- Lóbulo: Cada parte poco profunda en que se divide un órgano, de forma redondeada.
- Lodícula: En la flor de las gramíneas, las lodículas son dos o tres pequeñísimas brácteas situadas en la base del ovario. Permiten la separación de la lemma y la pálea durante la antesis.
- Lomento: Legumbre que presenta constricciones entre las semillas.
- Mericarpo: Cada una de las secciones de un esquizocarpo, cada una lleva una semilla.
- Mucrón: Punta aguda, corta, punzante.
- Mútico: Órgano sin punta o sin arista terminal.
- Nudo: Zona del tallo donde nacen las hojas.

- Nutante: Péndulo, colgante, generalmente en referencia a las flores.
- Oblonga: Órgano alargado, más largo que ancho, con los lados algo paralelos.
- Obovada: De forma ovada, pero con la parte ancha hacia el ápice.
- Obtuso: En el ápice sus bordes forman un ángulo obtuso. También se dice de un órgano no terminado en punta.
- Ócrea: Estípulas membranosas concrescentes que se unen en una pieza rodeando al tallo, y acompañando a la hoja. Son típicas de la familia Polygonaceae.
- Opuesto: Cuando los órganos se encuentras situados unos frente al otro. Las hojas van en número de a dos en cada nudo.
- Ovado: Con forma de huevo.
- Panícula: Inflorescencia de tipo racemoso en que los ramitos van decreciendo de la base al ápice, es un racimo de racimos. Consiste en un eje más o menos alargado, que lleva ramificaciones simples o ramificadas. Pueden ser laxas o contraídas, en este último caso, pueden tener ramificaciones tan cortas que semejan una espiga (panoja espiciforme). También se denomina panoja.
- Panoja: Sinónimo de panícula.
- Pappus: Papo o vilano, es el cáliz transformado en pelos simples o plumosos, cerdas, pajitas, en un fruto proveniente de un ovario ínfero. Común en Valerianaceas, Asteráceas y Dipsacáceas.
- Partida: Lámina dividida hasta casi la mitad sin alcanzar el nervio medio.
- Pedicelado: Con un pedicelo, es decir con cabo o rabillo.
- Perenne: Planta que vive tres o más años.
- Perianto: Cáliz y corola de una flor, de apariencia similar, difícil de distinguir.
- Perigonio: Envoltura floral en formada por piezas de idéntica morfología no pudiendo distinguirse el cáliz y de la corola, por lo cual las piezas se denominan tépalos (en oposición a sépalos y pétalos).
- Pinnado: Estructura partida donde las partes se disponen una frente a otra a lo largo de un eje central.
- Pinnatifido: Hoja partida en forma de pinna, donde la hendidura no alcanza el nervio medio.
- Pinnatisecto: Hoja partida en forma de pinna, donde la hendidura alcanza el nervio medio.
- Piramidal: Que tiene forma de pirámide.
- Pruinoso: Con una capa de polvo ceroso, generalmente blanquecina, en la superficie.

- Pseudo: Para indicar algo falso.
- Pubescente: Cubierto por pelo fino y suave.
- Punzante: Que pincha.
- Quilla: En las flores de leguminosas, se refiere a los dos pétalos más internos de la flor, unidos formando una estructura con forma de bote. En las gramíneas, las brácteas pueden tener forma de bote, con la parte inferior parecida a la quilla de un bote.
- Radiado: Se refiere a un capítulo de las Asteraceae que lleva en la periferia flores lígulas y en el centro flores tubulosas.
- Racimo: Inflorescencia compuesta de un eje del cual brotan flores pediceladas más o menos distantes.
- Raquilla: En la espiguilla de las gramíneas, la raquilla es el eje que sostiene a los antecios.
- Raquis: Eje principal de una inflorescencia compuesta de gramínea.
- Rastrera: Se refiere al tallo que crece apoyado en el suelo.
- Reflexo: Dícese de las hojas, brácteas, pedicelos, pelos, etc., que se dirigen hacia la base del tallo, de la rama. Encorvado, hacia atrás.
- Reniforme: Con forma de riñón.
- Rizoma: Tallo subterráneo que posee yemas y brotes.
- Rotada: Con forma de disco, plano y circular, como en una corola con los pétalos ampliamente extendidos en un plano.
- Runcinado: Marcadamente pinnatífidas o hendidas, los segmentos dirigidos hacia abajo.
- Sagitada: Con forma de saeta, flecha, pero con las puntas hacia abajo.
- Seta: Pelo algo tieso no muy corto.
- Setácea: Fino como una seta,
- Silicua: Fruto dehiscente de las Brassicaceae, de más del doble de largo que ancho.
- Silícula: Fruto dehiscente de las Brassicaceae, de menos del doble de largo que ancho.
- Sub-: Prefijo que significa casi y se emplea para atenuar el significado de la otra parte de la palabra.
- Trígono: Tallos con tres caras, como en las Cyperaceae.
- Triquetro: Tallos de sección triangular, con tres cantos.
- Truncado: Que termina o remata en un borde o un plano transversal como si estuviera cortado.

- Tuberculado: Con nudos o bultos semejantes a tubérculos.
- Umbela: Inflorescencia racemosa donde las flores parten de un mismo punto y los pedicelos tienen la misma longitud.
- Venación paralela: Hojas con las venas o nervios principales dispuestos en forma paralela.
- Venación reticulada: Hojas con una sola vena o nervio principal; las venas o nervios secundarios y de menor eorden están interconectados formando un retículo o red.
- Verticilo: Conjunto de hojas que nacen a un mismo nivel del tallo.
- Verrucoso: Verrugoso, cubierto de elevaciones parecidas a verrugas.
- Zigomorfa: Se dice de la flor con simetría bilateral, donde al dibujar una línea a través de la mitad de la estructura solo un único plano produce la misma imagen.

Referencias.

Espinoza, N. 1988. Malezas del sur de Chile. IX -X regiones. Instituto de Investigaciones Agropecuarias. Estación Experimental de Carillanca. Temuco Chile. Boletín técnico N°117. 115p.

Matthei, O. 1995. Manual de las malezas que crecen en Chile. Alfabeta Impresores. 545 pp.

Nitsche, J. 1986. Leguminosas de grano. I Parte. Efecto de las malezas. Inv. Progr. Agrop. La Platina (Chile) 38:18-23.

Ormeño, J. 1994. Use herbicidas para controlar malezas en porotos. Inv. Progr. Agrop. La Platina (Chile) 84:30-35.

Paredes, M., Tay, J., France, A., et al. 1987. Programa promoción frejoles de exportación. Convenio INIA-Prochile-Odepa. Instituto de Investigaciones Agropecuarias, INIA. Estación Experimental Quilamapu, Chillán, Chile. Serie Quilamapu N°2. 34p.

Ramírez, A. 1980. Malezas de Chile. Instituto de Investigaciones Agropecuarias. Estación Experimental La Platina. Boletín técnico N°15. 45p.

Ramírez, A., Ziver, A. 1956. Algunos resultados preliminares de control de malezas en porotos con aplicación de herbicidas en preemergencia. Agric. Téc. (Chile) 16(1):30-35.

Capítulo 15. Plagas del frejol

Carlos Quiroz E., Patricia Larraín S.

En la actualidad, existen alrededor de cincuenta especies de insectos y ácaros fitófagos que se alimentan del cultivo del frejol y que pueden causar un daño económico. Sin embargo, alrededor de una docena de ellas son plagas habituales que requieren atención y monitoreo durante la estación de crecimiento del cultivo. Es fundamental conocer las plagas que pueden estar presentes en un determinado momento del ciclo de la planta, su potencialidad de daño, sus enemigos naturales y las condiciones ambientales que facilitan su ataque, por lo cual es importante monitorear sistemáticamente el cultivo, para tomar decisiones oportunas ante eventuales amenazas de que una especie de insecto o ácaro este presente en el cultivo y se pueda transformar en plaga.

Ante la presencia de una plaga en el cultivo, se debe considerar, por un lado, el estado de desarrollo de las plantas, las estructuras dañadas y las condiciones ambientales y por otro lado su control, el que debe incluir en lo posible, herramientas culturales, biológicas y químicas.

Las plagas más importantes que afectan al frejol se pueden agrupar en función del estado de desarrollo de las plantas a la cual pueden dañar. Es así como, las plagas del suelo son especies de insectos capaces de atacar las semillas desde la siembra hasta la emergencia de la plántula. Las plagas del follaje, son insectos capaces de atacar a la estructura aérea de la planta y finalmente están los insectos que pueden atacar a las vainas y granos en el campo y cuando están almacenados, después de cosechados. A estos insectos habría que agregar a los ácaros que son capaces también de atacar algunas estructuras vegetativas de las plantas (Caballero, 1969; 1973; Dell ´Orto, 1977; Dell'Orto, 1981a; Dell'Orto et al., 1981b; Quiroz, 1987; Gerding et al., 1988a; b; Larraín et al., 2010).

Insectos del suelo

Los insectos que afectan al frejol en los primeros estados de desarrollo, no siempre se presentan en poblaciones económicamente perjudiciales, por lo cual se pueden considerar, como plagas secundarias. Aunque en algunas temporadas y bajo ciertas condiciones ambientales estos insectos son capaces de alcanzar poblaciones, que pueden causar serios daños al cultivo. Las especies más importantes son: la mosca del frejol, el gusano barrenador del cuello y el gusano cortador. Ocasionalmente, se pueden presentar también ataques de gusanos blancos y colémbolos en suelos húmedos de la zona centro sur del país (Ziver et al., 1973; Quiroz, 1987).

Mosca del frejol (Mosca de la semilla, gusano del poroto). *Delia platura* (Meigen), (Diptera: Anthomyiidae).

Este insecto se encuentra en Chile entre las regiones de Valparaíso y Los Lagos. Además del frejol, las larvas de las moscas pueden atacar a otras especies hortícolas tales como arveja, espárrago, zanahoria, maíz, papa, entre otras (Prado, 1991).

El adulto de este insecto es similar a la mosca común, aunque su cuerpo es más delgado, más grisáceo y piloso (Fig. 1). Las hembras se presentan durante la preparación del suelo, atraídas por la materia orgánica en descomposición del rastrojo, donde depositan sus huevos. A partir de los

huevos emergen las larvas, de color blanco-amarillento, las que se alimentarán, en su primera etapa de desarrollo, de la materia orgánica del suelo para luego penetrar en las semillas del frejol.

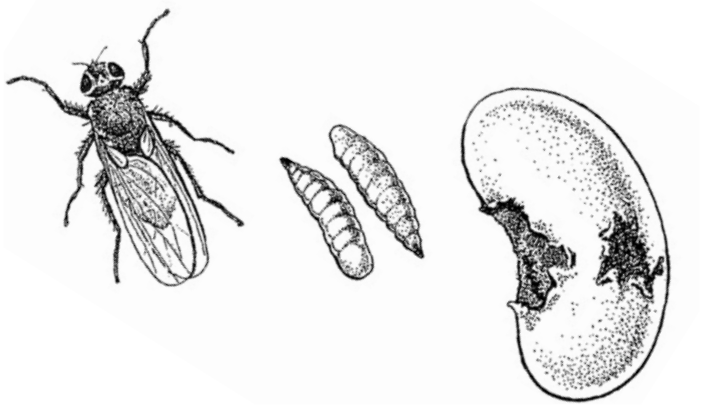


Figura 1. Adultos y larvas de la mosca del frejol y semilla dañada.

Bajo condiciones favorables para su desarrollo, la mosca del frejol puede generar grandes pérdidas, alcanzando en casos extremos un 100 % de mortalidad de las plántulas, debido a que el ataque puede comenzar durante la hidratación de la semilla después de la siembra, impidiendo la germinación de los granos. Sin embargo, en algunos casos puede causar también daños menos intensos, a los cotiledones y el epicótilo de la plántula (Foto 1). Además de destruir algunas estructuras de las plántulas, este insecto actúa como vector de enfermedades (bacterianas o fúngicas) que pueden ser transmitidas a las plántulas.



Foto 1. Daño a los cotiledones y epicótilo de la plántula.

La mosca del frejol tiene varias generaciones en el año, pudiendo pasar el invierno como pupa bajo la superficie del suelo, o como larva en las raíces de especies forrajeras, estiércol o en la materia orgánica en descomposición, completando su desarrollo larvario en 8 a 15 días, en función de las temperaturas primaverales (Ziver et al., 1973; Álvarez et al., 1981; Quiroz, 1982; Quiroz et al., 1986; Gerding y Quiroz, 1987). Por lo cual, los suelos con alta humedad, recién preparados y con abundante materia orgánica son muy atractivos para los adultos, ideales para la ovipostura. Las temperaturas bajas de primavera aumentan la susceptibilidad al ataque, ya que prolonga el periodo de emergencia de las plantas (Quiroz, 1982; Gerding y Quiroz, 1987).

Dentro de este contexto, algunas prácticas culturales pueden contribuir a controlar esta plaga, como evitar las siembras tempranas, profundas, puesto que ambos aspectos aumentan el periodo de susceptibilidad de las semillas en el suelo, eliminar el exceso de rastrojos en descomposición en el suelo y la aplicación de guano, ya que la materia orgánica puede favorecer el desarrollo y el ataque del insecto (Quiroz, 1982; Gerding y Quiroz, 1987).

Cuando la presencia de la plaga es predecible, es necesario tomar medidas preventivas como el uso de insecticidas. Hasta ahora, la desinfección de la semilla es una práctica preventiva eficaz (Gerding y Quiroz, 1987). La evaluación de diferentes formas de aplicación y dosis de insecticidas en la región Metropolitana, indica que el mejor método de control corresponde a la aplicación de un insecticida más un adherente a la semilla, realizado lo más próximo a la siembra e independientemente del producto empleado. En este caso se recomienda usar un insecticida de baja toxicidad, que no dañe a la semilla y que esté autorizado para su uso en frejol. En el país, no se ha descrito la presencia significativa de enemigos naturales que reduzcan las poblaciones de esta especie (Quiroz, 1987).

Gusano barrenador del cuello. *Elasmopalpus lignosellus* (Zeller), (Lepidoptera: Pyralidae).

Este insecto se encuentra presente desde Arica hasta La Araucanía afectando leguminosas, cucurbitáceas, maíz e incluso raíces de frutales (Prado, 1991).

El adulto es una polilla de alrededor de 1,5 cm de expansión alar. Los machos presentan un color café pajizo en las alas anteriores, mientras que las hembras son de color marrón más oscuro con bandas transversales claras (Álvarez et al., 1981; Quiroz, 1982). Las hembras colocan más de 100 huevos en la base de los tallos de plantas recién germinadas o en hojas jóvenes. La larva es un pequeño gusano de poco más de un cm de longitud a pleno desarrollo, de color blanco rosáceo y con tenues franjas de color café y cabeza de color café oscuro brillante (Foto 2).

En los primeros estadios, la larva se alimenta de hojas, raíces y posteriormente barrena el cuello de la planta cerca de la superficie del suelo y forma una galería a lo largo del tallo central produciendo la muerte de la planta (Ziver et al., 1973; Quiroz et al., 1986). *Elasmopalpus* puede completar su etapa de larva en dos semanas con temperaturas entre 25° y 30 °C, tolerando muy bien las altas temperaturas del suelo. Desde su orificio de entrada produce un tubo con hilos sedosos, restos vegetales y tierra adherida a la sedosidad, dentro del cual pupa para emerger como adulto en una a tres semanas, de acuerdo con la temperatura del suelo. Por lo tanto, una característica que permite reconocer fácilmente la presencia de este gusano es que teje su capullo o lanosidad (que le sirve de protección), que está pegado en el sitio donde está haciendo el daño.



Fuente: Van Schoonhoven, 1978.

Foto 2. Gusano barrenador del cuello.

Para su control, se recomienda una adecuada labranza del suelo y la eliminación de malezas antes de la siembra, estas labores contribuyen a destruir las larvas. Por otro lado, el riego frecuente es una práctica agronómica que puede ayudar a controlar este insecto, ya que los suelos húmedos impiden que las polillas hembras pongan huevos, disminuyendo el nivel poblacional de larvas (Smith y Ota, 2002).

Gusanos cortadores. *Agrotis* spp; *Spodoptera frugiperda; Copitarsia decolora*, (Lepidoptera: Noctuidae).

Numerosas especies de larvas de polillas, de la Familia Noctuidae, pueden dañar a las plantas de frejol durante sus primeros estados de desarrollo. Las larvas corresponden a gusanos u orugas de cuerpo liso, de color grisáceo, cabeza de color café oscuro, patas verdaderas en los segmentos toráxicos y propatas o falsas patas en los últimos segmentos abdominales (Foto 3). En pleno desarrollo larval, estas especies miden hasta cinco cm de longitud, viven enterrados en los primeros centímetros del suelo y salen a la superficie durante la noche a alimentarse. Al estado adulto, son polillas de colores grisáceos, de cuerpo grueso y miden alrededor de cinco cm de expansión alar, generalmente con manchas en las alas lo que facilita su identificación. Las hembras ponen sus huevos en el follaje de las plantas hospederas o en el suelo y de éstos nacen las larvas que se entierran, permaneciendo allí durante el invierno en cualquier estado de desarrollo larvario, de diferentes tamaños (Ziver et al., 1973; Álvarez et al., 1981; Quiroz, 1982). El daño en frejol se produce en la primavera siguiente, cuando los gusanos reinician su actividad, alimentándose del tallo de las plántulas recién emergidas, a nivel del cuello de la planta o ligeramente bajo la superficie del suelo, cortando las plántulas. La identificación del agente causal del daño es difícil, pues las larvas permanecen enterradas y no se observan durante el día. Durante su desarrollo larvario, el gusano es capaz de alimentarse de varias plantas, por lo que una sola larva puede causar serios daños al establecimiento la siembra (Quiroz, 1982; Quiroz et al., 1986). En la zona central, el ataque disminuye a partir de diciembre a medida que las larvas completan su desarrollo y pupan (Ziver et al., 1973).

Los gusanos cortadores pueden ser controlados por una amplia gama de enemigos naturales, entre los que se cuentan avispas parasitoides de la familia Ichneumonidae y varias especies de

moscas taquínidas. También hay especies de chinches (Nabidae, Pentatomidae) que depredan a estos gusanos. Estos enemigos naturales pueden ser importantes reguladores de las poblaciones de gusanos cortadores, especialmente si se presentan a mediados o fines del verano, ya que en esas condiciones regularán las poblaciones invernantes de los gusanos cortadores.



Fuente: Van Schoonhoven, 1978.

Foto 3. Gusanos cortadores y tipo de daño que hacen al frejol.

Manejo de las plagas del suelo

En el caso de la mosca del frejol y el gusano barrenador del cuello, el periodo de susceptibilidad es desde la siembra hasta la emisión de la primera hoja verdadera, posteriormente, el mayor vigor de la planta impide el daño (Álvarez et al., 1981; Quiroz, 1982).

Existen algunas normas prácticas que pueden ayudar a colaborar en el control de los insectos que atacan a nivel del suelo como, una buena preparación del suelo que: a) destruye larvas de gusanos cortadores y barrenadores, que permanecen bajo la superficie durante el invierno; b) deja expuesta a las larvas sobre la superficie, que serán fácil presa de los pájaros que normalmente vuelan detrás de la maquinaria en busca de este alimento; y c) ayuda a una emergencia más rápida de las plantas, lo que acorta el periodo susceptible del cultivo a estos insectos. Por otro lado, una siembra no temprana en primavera pueda ayudar al control de este insecto, puesto que las bajas temperaturas no favorecen su desarrollo. Tampoco es recomendable sembrar frejol en suelos con exceso de materia orgánica o inmediatamente después de la preparación del suelo, pues, todos estos factores favorecen el ataque de esta plaga.

A pesar de todas estas precauciones y normas de manejo cultural, puede ser necesario recurrir al control químico, de tipo preventivo, cuando haya antecedentes de ataque en temporadas anteriores, o cuando se observa una gran cantidad de moscas del frejol volando cuando se

está preparando el suelo. El control químico curativo del gusano barrenador debe realizarse cuando comienzan a aparecer plantas dañadas o con problemas de germinación, por ataque de insectos (Álvarez et al., 1981; Quiroz, 1982; Quiroz et al., 1986). En los casos de ataques de gusanos cortadores se recomienda la aplicación localizada de insecticidas selectivos, que no afecten a los enemigos naturales u otros insectos, como los sistémicos al suelo o los cebos tóxicos (Gerding et al., 1989). Para su control se recomienda revisar 25 plantas en diferentes sectores de la siembra y aplicar, si existe un 10 % o más plantas afectadas (Larraín et al., 2010). El uso de cebos tóxicos, donde se mezcla un insecticida con una sustancia atrayente como es el afrecho humedecido, produce un buen control, especialmente si es aplicado al atardecer, antes de que las larvas emerjan en la superficie del suelo. Si el cultivo anterior tuvo un ataque de gusanos cortadores, o si éstos son encontrados sin gran dificultad en el suelo, se puede hacer uso de estos cebos (Quiroz, 1982; Quiroz et al., 1986).

Insectos del follaje y vainas

Varias especies de insectos son capaces de causar daño en las hojas y vainas, entre los que destacan cuncunillas, áfidos, langostinos y la polilla del frejol (Álvarez et al., 1981; Ripa, 1981; Quiroz, 1983; Rodríguez, 2017).

Cuncunilla de las chacras; cuncunilla verde del frejol *Rachiplusia nu* (Guenée), (Lepidoptera: Noctuidae).

Es una especie que está presente desde Arica hasta la región de Los Lagos, es polífaga y afecta leguminosas, solanáceas y cucurbitáceas, entre otras (Prado, 1991).

Los adultos son polillas de color café claro grisáceo de 2,5 a tres cm de expansión alar, son de hábitos diurnos, a diferencia de la mayoría de las especies de noctuidos. Las hembras ponen sus huevos en forma aislada en el envés de las hojas desde donde emergen las larvas que comienzan comiendo el tejido verde (parénquima) sin dañar la nervadura. El daño ocasionado, por los últimos estadios larvarios, es el más importante, pues consumen el 80 % de lo ingerido en todo su desarrollo. Las larvas son de color verde, con franjas blancas tenues a lo largo del cuerpo, poseen tres pares de patas falsas en los últimos segmentos abdominales, siendo característica su forma de caminar juntando la cabeza con el extremo abdominales al avanzar, por lo cual también son llamadas larvas cuarteras o medidoras (Foto 3). En los meses de diciembre y enero se pueden observar altas densidades de larvas en la zona centro norte, por lo cual es recomendable evitar las siembras tardías en sectores donde la presencia de esta especie es recurrente (Quiroz et al., 1986; Prado, 1991).

En estudios efectuados en la localidad de Talca, correspondiente a la zona centro sur. En esta localidad, se observaron ataques severos de cuncunillas que produjeron defoliaciones entre un 24,2 y 37,5 % de la masa foliar, con pérdidas de rendimiento entre un 27,6 % y un 42 %, al comparar los tratamientos con y sin protección, dependiendo de la variedad de frejol. En estos ensayos la mayor intensidad del ataque se observó entre la segunda quincena de enero y la primera quincena de febrero (Gerding et al., 1989). Es recomendable el control químico cuando se observa en promedio más de una larva de 3 cm por planta desde el estado de floración en adelante (Álvarez et al., 1981; Quiroz, 1983; Quiroz et al., 1986). Los insecticidas deben ser selectivos de baja toxicidad y autorizados para su uso en frejol. También se debe considerar

que la cuncunilla de las chacras, al igual que otros insectos de la familia Noctuidae, presenta una gran cantidad de enemigos naturales que disminuyen las poblaciones de sus larvas. Entre ellos, está los chinches y coccinélidos (chinitas) como depredadores, avispas parasitoides de larvas y microavispas parasitoides de huevos (Quiroz, 1983; Quiroz et al., 1986).



Fuente imagen derecha: Van Schoonhoven, 1978.

Foto 3. Cuncunilla de las chacras.

Polilla del frejol. *Crocidosema (Epinotia) aporema* (Walsingham), (Lepidoptera: Tortricidae)

La polilla del frejol es un insecto que está presente entre Arica y La Araucanía. Es una plaga importante en leguminosas de granos y forrajeras.

Este insecto puede completar su ciclo de vida en 25 a 35 días dependiendo de las condiciones ambientales, siendo más corto durante el verano. Las larvas completan su desarrollo en alrededor de 15 días y el estado pupal tiene una duración de 10 a 13 días (Giménez et al., 2002). El adulto tiene un tamaño de 12 a 15 mm, las alas presentan un diseño típico de manchas color marrón oscuro y claro (Foto 4). La hembra puede oviponer hasta 200 huevos, los que va depositando aisladamente en los pecíolos, brotes, hojas y vainas de la planta (Quiroz, 1983; Quiroz et al., 1986).

Los huevos son de color blanco amarillento, algo ovalados, de un diámetro menor a 0,5 mm. Las larvas son de color blanquecino y la cabeza café claro en sus primeros estados de desarrollo, para adquirir colores más oscuros en los estadios de desarrollo posteriores. El último estadio larvario presenta la cabeza y el escudo del pronoto de color café brillante y el cuerpo verde claro, puede llegar a medir 12 mm de largo (Foto 4).

El ataque puede comenzar en primavera y aumentar hacia el verano. Los huevos inicialmente son colocados en brotes donde, quedan protegidos por la pilosidad de la planta. En plantas en pleno crecimiento, las larvas se ubican en el follaje, en el cual efectúan pequeñas perforaciones o consumen los bordes, pero generalmente doblan las hojas o juntan dos o más mediante la secreción de hilos sedosos, lo que les permite protegerse y alimentarse. Las hojas continúan creciendo en forma irregular, encarrujadas y con bordes irregulares. Las larvas también pueden perforar tallos y horadarlos en sentido longitudinal (Quiroz et al., 1986). Además, hacen galerías en el interior de los brotes nuevos lo que, causa la muerte de estas estructuras y los foliolos que en ellos se estaban desarrollando. El daño continúa en la fase reproductiva de la planta, produciendo el aborto de los botones florales. Posteriormente, las larvas perforan la vaina y consumen los

granos (Álvarez et al., 1981; Quiroz, 1983). El daño en las vainas es el más importante, pudiendo causar severas pérdidas de rendimiento en el cultivo. El ataque es especialmente grave cuando el objetivo de la producción es vaina verde o granada. En la zona central, el ataque comienza a intensificarse en la segunda quincena de enero, observándose la mayor intensidad entre los meses de febrero y marzo, por lo cual las siembras tardías son las más dañadas (Quiroz, 1983; Quiroz et al., 1986).



Fuente: Van Schoonhoven, 1978.

Foto 4. Polilla del frejol y daño sobre la planta de frejol.

Entre las medidas de control cultural, se pueden mencionar las rotaciones de cultivos, evitar cultivos hospederos y eliminar residuos de cosechas, idealmente incorporándolos al suelo (Quiroz, 1983). Existen varios enemigos naturales como avispitas parasitoides (himenópteros), moscas parasitoides (taquínidos), chinches depredadores (hemípteros) y enfermedades como el virus granulosis. Todos estos agentes de control contribuyen a la reducción de los diferentes estados de la plaga (Rodríguez, 2017). Una prospección realizada en la región de Valparaíso, principalmente en alfalfa, se detectó la presencia de una bacteria del género *Streptococcus* y de un virus granulosis, los que estarían regulando la población de *C. aporema* (Ripa, 1981).

Al observarse una alta densidad de ataque (10 % de los brotes afectados) y escasa presencia de controladores biológicos, es necesario realizar aplicaciones de insecticidas para disminuir los daños causados por las larvas del insecto, principalmente en las vainas del frejol, haciendo uso de productos selectivos (Larraín et al., 2010; Rodríguez, 2017). En sectores donde habitualmente se presenta el ataque de este insecto, es recomendable iniciar el control apenas aparezcan los primeros síntomas de daño en el follaje, generalmente a partir de la segunda quincena de enero en la zona central para evitar un aumento de la población de la plaga (Álvarez et al., 1981; Quiroz, et al., 1986). Ensayos de control químico realizados en laboratorio y campo en la zona central de Chile mostraron una alta mortalidad, entre 84 y 98 % con insecticidas reguladores de crecimiento, 12 días después de la aplicación, reduciendo significativamente el daño en vainas (Ibarra et al., 1992).

Langostino del frejol. *Empoasca curveola* Oman, (Hemiptera: Cicadellidae)

El langostino del frejol o langostino de la papa, está presente entre Atacama y Biobío. Los langostinos son insectos pequeños, de tres a 3,5 mm de longitud, siendo la hembra un poco más grande que el macho. El insecto se asemeja a langostas diminutas, son de color verde amarillento, cabeza y tórax con pequeñas manchas blanquecinas; alas y patas de color verde intenso (Foto 5). Los huevos de esta especie son alargados y de forma cilíndrica. El estado de ninfa puede llegar a medir 2.6 mm de largo.



Fuente: Van Schoonhoven, 1978.

Foto 5. Langostino del frejol.

Estos insectos siempre se encuentran en el follaje del cultivo del frejol en la zona central, a veces en altas poblaciones. Se puede también encontrar langostinos, de color café, que corresponden a otras especies, pero su presencia es limitada y no causan daño de importancia económica. Los langostinos aparecen en primavera en el cultivo y después del apareamiento las hembras colocan los huevos insertándolos entre las epidermis superior e inferior de las hojas, en forma paralela a la nervadura foliar, desde donde emergen las ninfas. Las ninfas del langostino verde se ubican, generalmente en la parte inferior de las hojas, mientras que los adultos se alimentan tanto del haz como del envés de la hoja (Larraín, 2003).

Cuando la población de langostinos es alta, su presencia se nota fácilmente puesto que, al mover la vegetación, aparece una gran cantidad de adultos alzando cortos vuelos a través del follaje. Las ninfas completan su desarrollo en 15 a 35 días dependiendo de la temperatura ambiental. Los adultos invernan en restos vegetales hasta el momento de aparearse y así iniciar un nuevo ciclo (Larraín, 2003). Para evaluar las poblaciones de langostinos, se utiliza la población al estado de ninfas, ya que éstas no pueden abandonar la planta por no poseer alas (Álvarez et al., 1981; Quiroz, 1983)**.** Tanto los adultos, como las ninfas hacen daño al frejol, pues, al alimentarse extraen savia desde la planta, y en este proceso inyectan una toxina, la que en determinadas circunstancias obstruye los conductos internos de la planta, detiene el crecimiento de la planta y puede reducir el rendimiento en grano (Larraín, 2003).

En ensayos efectuados en la zona centro norte se ha determinado que, a pesar de que los langostinos son insectos que pueden alcanzar altas poblaciones, el daño que provocan tiene generalmente poca importancia si no hay inyección de toxinas; la extracción de savia que efectúan puede producir clorosis e incluso necrosis en algunas hojas, pero este daño no es significativo como para implicar una reducción de rendimiento (Quiroz, 1983). Sin embargo, en la zona centro sur, en ensayos en la localidad de Chillán han detectado una defoliación entre un 3,7 % y 6,0 %, y una disminución del rendimiento entre el tratamiento protegido en comparación al tratamiento sin protección de hasta un 32,6 %, dependiendo de la variedad (Gerding et al., 1989). En condiciones de altas poblaciones y ataque intenso, donde se observa necrosis foliar y defoliación, se recomienda la aplicación localizada de insecticidas selectivos, que no afecten a los enemigos naturales (Gerding et al., 1989).

El langostino del frejol puede ser controlado mediante métodos culturales, biológicos, genéticos y químicos. Con respecto a las medidas culturales, se recomienda principalmente evitar la

rotación de cultivos con hospederos susceptibles a la aparición del insecto, como alfalfa, papa y remolacha. En relación con su control biológico, en Chile se ha detectado la presencia de la microavispa *Anagrus armatus,* enemigo natural que parasita los huevos de langostino (Prado, 1991; Larraín et al., 2010). Para el control químico de la plaga, se aconseja el uso de diversos ingredientes activos, tales como Profenofos y Cipermetrina (Larraín et al., 2010).

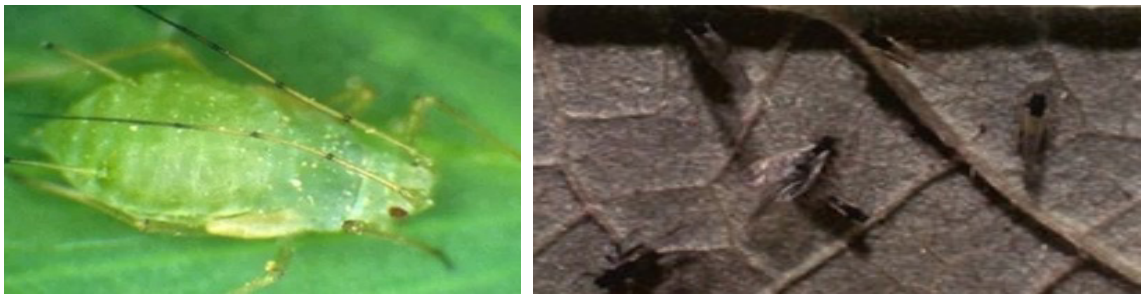
Pulgones o áfidos, (Hemiptera: Aphididae.)

Los pulgones que frecuentemente atacan el frejol son, el pulgón negro de la alfalfa (*Aphis craccivora*), el pulgón del haba (*Aphis fabae*), el pulgón verde del duraznero (*Myzus persicae*) y el pulgón de la solanáceas (*Aulacorthum solani*) (Foto 6).

Los pulgones son insectos pequeños, de dos a tres mm de largo, de variados colores, dependiendo de la especie, desde amarillo a verde negruzco, con un cuerpo en forma de pera, antenas largas y cornículos en la parte posterior del abdomen. Tienen reproducción partenogenética, es decir, todos los individuos son hembras que, en su madurez reproductiva dan origen a ninfas hembras, las que en verano alcanzan su madurez en 10 a 15 días, por lo tanto, su reproducción es muy rápida pudiendo alcanzar altas poblaciones en cortos periodos. Para el pulgón verde del duraznero y los otros pulgones, la temperatura óptima para su reproducción es de 21 °C, por lo cual, a medida que disminuyen las temperaturas invernales y primaverales, es menor la sobrevivencia y capacidad de reproducción. Por ello, la presencia y actividad de estos insectos disminuye de norte a sur en Chile (Larraín, 2003). Los pulgones viven en colonias formadas por ninfas y adultos alados y ápteros, siendo capaces de ocasionar daños directos e indirectos al cultivo, especialmente si las colonias se presentan antes de la floración. El daño directo al cultivo es ocasionado por la extracción de savia y nutrientes desde la planta y, por la inoculación de sustancias tóxicas al insertar su estilete en el tejido vegetal durante su alimentación. Además, estos insectos excretan mielecilla, en la cual crece el hongo saprófito fumagina, con lo cual las hojas quedan con una capa ennegrecida que dificulta la fotosíntesis, lo que puede reducir el rendimiento. En frejol su verdadera importancia económica radica en su capacidad de transmitir enfermedades virales, como son el virus del mosaico común, mosaico amarillo, del pepino y de la alfalfa (Ziver et al., 1973; Álvarez et al., 1981; Quiroz, 1983).

La colocación de trampas amarillas, con agua son eficientes en atraer las formas aladas de los pulgones que quedan allí atrapados, de esta forma se detectan las primeras infestaciones de la plaga. Será necesario recurrir al control químico si aparecen pulgones en más del 50 % de las hojas de plantas en formación o cuando hay colonias densas del pulgón negro, ya que producen abundante mielecilla. La recomendación de su control está relacionada con los niveles críticos, el que puede realizarse utilizando productos de baja toxicidad, selectivos y autorizados para su uso en el cultivo (Larraín et al., 2010).

Los áfidos son bioregulados, por una gran cantidad de insectos benéficos parasitoides y depredadores que contribuyen a reducir los niveles poblacionales de esta plaga. Entre los enemigos naturales de pulgones existen varias especies depredadoras entre las que destacan larvas y adultos de crisopas (*Chrsoperla spp*.), chinitas (*Coleopteros coccinélidos*), larvas de dípteros (Sírfidos) y varias especies de avispitas parasitoides (Himenópteros). También pueden ser controlados por hongos entomopatógenos. Los enemigos naturales mantienen, en general, muy reducidas las poblaciones de pulgones, por lo cual rara vez es necesario recurrir al uso de insecticidas para el control de estos insectos (Larraín et al., 2010).



Fuente: Van Schoonhoven, 1978.

Foto 6. Pulgones que atacan el frejol.

Moscas minadoras. *Liriomyza huidobrensis*, *Liriomyza quadrata*, (Diptera: Agromyzidae).

Las moscas minadoras se encuentran presentes en todas las zonas de producción de frejol del país, *L. huidobrensis* corresponde al minador de las chacras y *L. quadrata* al minador de la papa, ambas tienen un gran número de hospederos, además del frejol (Larraín et al., 2010).

Los individuos son de color negro y pueden alcanzar hasta 2.3 mm (hembras) y 1.8 mm (machos), con patas amarillas (Foto 7). Estas moscas depositan sus huevos blanquecinos en la superficie inferior de la hoja, insertándolos debajo de la epidermis con su aparato ovipositor. Una vez que eclosionan los huevos, las larvas blanquecinas, aguzadas y sin patas, pueden alcanzar los tres mm de longitud y se alimentan del mesófilo de la hoja, creando galerías con formas irregulares (Larraín et al., 2010).



Fuente: Van Schoonhoven, 1978.

Foto 7. Mosca minadora.

La presencia de moscas minadoras se puede detectar al observar un punteado en el envés de las hojas o las galerías irregulares, las que son visibles tres días después de la oviposición. Las larvas completan su desarrollo alimentándose entre las epidermis superior e inferior de las hojas (Foto 7). En un principio estas galerías son de color blanco, pero posteriormente se oxidan y se tornan de color café, presentando una apariencia necrótica. Cuando están completamente

desarrolladas, estas larvas emergen de la hoja para pupar en la superficie foliar o en el suelo, desde donde emergen posteriormente los adultos. En la zona central, su daño al cultivo del frejol no es de importancia económica, ya que la densidad poblacional no es muy alta, debido al control biológico de las avispitas parasitoides que son sus enemigos naturales (Quiroz, 1983). En Arica, la mosca minadora de las chacras puede alcanzar poblaciones más altas, por lo que se recomienda el uso de trampas amarillas pegajosas para capturar los insectos adultos y complementar el monitoreo con una revisión semanal de plantas para detectar galerías activas. Si hay más de 30 % de hojas con galerías activas (con larvas en desarrollo) es recomendable efectuar su control (Larraín et al., 2010).

Trips. Trips de la cebolla. *Thrips tabaci* Lindermann; Trips californiano o Trips occidental de las flores *Frankliniella occidentalis* Pergande, (Thysanoptera: Thripidae).

Los trips son insectos que están presentes en una gran variedad de cultivos, incluyendo especies hortícolas, frutales, florales y ornamentales. Son insectos de pequeño tamaño, uno a dos mm en su estado adulto, de colores café castaño a café oscuro, cuerpo alargado, con alas delgadas terminadas en punta y con flecos laterales (Foto 8). Tienen un aparato bucal raspador chupador con el que destruyen las células de la epidermis durante su alimentación (Larraín et al., 2010).

Desde su aparición en Chile en 1995 (González, 1999), el trips de las flores (*Frankliniella occidentalis*) se ha transformado en el trips más importante de muchas especies vegetales, incluyendo al frejol. En ensayos de frejol realizados en el norte de Chile (Arica), se determinó que este trips fue la única especie presente (Larraín et al., 2010). Mientras que el trips de la cebolla (*Thrips tabaci*) es la especie con mayor presencia en la zona central (Ziver et al., 1973; Álvarez et al., 1981).

Ambas especies de trips, se pueden encontrar en las hojas en una primera etapa de desarrollo de la planta del frejol, por lo que pueden producir un plateado foliar producto de su alimentación. Luego invaden los botones florales donde destruyen los pétalos y pueden llegar a producir aborto floral, lo cual reduce el rendimiento. Las hembras insertan los huevos bajo la epidermis foliar, los que se desarrollan en cinco a ocho días, emergiendo luego las ninfas que se alimentan vorazmente durante los cinco a 10 días del estadio ninfal. Luego se produce un estado de seudo pupa, en que no se alimenta, para alcanzar finalmente el estado adulto.



Foto 8. Trips de la cebolla**.**

Este insecto posee enemigos naturales entre los que se pueden mencionar a los chinches del género *Orius* (Prado, 1991), depredadores que ayudan a controlar las poblaciones de trips. Sin embargo, los *Orius* son muy sensibles a insecticidas de amplio espectro, por lo cual se recomienda monitorear las flores del cultivo para verificar su presencia, antes de hacer aplicaciones químicas (Larraín et al., 2010).

Ácaros o Arañitas. Arañita bimaculada. *Tetranychus urtlcae* (Koch); Arañita cinabarina. *T. cinnabarlnus* (Boisd.); (Acari: Tetranychidae).

Las arañitas son muy polífagas, presentando una gran cantidad de hospederos y en condiciones favorables para su desarrollo pueden alcanzar poblaciones muy altas, capaces de producir considerables daños al cultivo (Foto 9).

Las arañitas tetraníquidos que se encuentran en frejol son de cuerpo globoso, siendo las hembras más globosas y de mayor tamaño que los machos, todos los cuales miden menos de un mm. En primavera-verano, el ciclo se completa en 10 a 15 días y se pueden encontrar al mismo tiempo, huevos en distintos estados de desarrollo de las hojas. Los huevos son esféricos, de color blanco amarillento o blanco anaranjado, los que son depositados individualmente en el envés de las hojas y adheridos mediante una tela o lanosidad producida por los adultos. Desde los huevos emerge el primer estado juvenil llamado larva, la cual tiene tres pares de patas, a diferencia de los otros estados móviles que tienen cuatro pares, posteriormente ocurren dos estados ninfales y finalmente, el adulto.

Las arañitas rompen con su estilete las células superficiales de las hojas para absorber el contenido celular como alimentación. El síntoma más característico, es la aparición inicial de un punteado que se transforma en un bronceado foliar y luego una desecación de los tejidos, lo cual implica una disminución de la fotosíntesis. En el envés de las hojas se puede observar la presencia de arañitas en todos sus estadios y telas.



Fuente: Van Schoonhoven, 1978.

Foto 9. Daño progresivo de arañitas en frejol.

Los daños son de mayor importancia cuando ocurren en los primeros estados de desarrollo de la planta, provocando un retraso en su crecimiento, disminución de la producción y calidad. En casos extremos, con presencia de grandes poblaciones de arañitas, pueden llegar a desecar la

planta por completo (Foto 9). Se pueden presentar ataques focalizados, generalmente en los bordes del cultivo, por ser allí donde llegan los primeros individuos arrastrados por el viento, observándose en esos sectores la presencia inicial de telas de arañitas (Ziver et al., 1973; Álvarez et al., 1981). Ataques intensos a las hojas pueden ocurrir en siembras de frejoles cercanas a alfalfares o huertos frutales (Ziver et al., 1973).

Como control preventivo, se deben eliminar los residuos de cultivos anteriores y malezas, monitorear los primeros estados de desarrollo de las plantas, puesto que los ataques en plantas jóvenes pueden ocasionar graves daños económicos. Si las poblaciones son altas y se observa bronceado en las hojas, se debe considerar un control químico de la plaga. Al ser un ataque localizado, el control se puede focalizar a la zona infestada. Esta plaga presenta resistencia ante los acaricidas, por lo cual, es conveniente alternar los ingredientes activos utilizados y autorizados para su uso en frejol (Álvarez et al., 1981).

Las arañitas tetraníquidas presentan también varios enemigos naturales, entre los que destaca la acción depredadora que ejercen los ácaros fitoseídos de los géneros *Amblyseius* y *Phytoseiulus*. Además existen otros agentes de control biológico, como las chinitas depredadoras de los géneros *Symnus y Stehorus,* y el chinche del género Orius. Comercialmente, existen productos biológicos para el control de arañitas que actúan como depredadores de huevos, larvas y adultos (Álvarez et al., 1981).

Insectos de granos almacenados

Bruco del frejol. *Acanthoscelides obtectus* (Say), (Coleoptera: Bruchidae).

El bruco del frejol está presente en América, Europa, Oriente próximo, centro de África y sectores de Oceanía y Asia (Devotto, 2017). En el país la presencia del bruco es bastante temprana, desde 1890 y con una amplia distribución geográfica que abarcaba entre Arica y Chillán (Olalquiaga, 1944; Barriga, 1990), y que, posteriormente se extendió hasta la región de Los Lagos (Prado, 1991). En 1939 se efectuó la primera campaña de erradicación del bruco del frejol sin lograr el objetivo planteado (Montaldo, 2004). Eventualmente, también producto de las importaciones de frejol, se ha detectado en Chile (Santiago-Arica), la presencia del bruco *Zabrotes subfasciatus*, plaga importante en frejoles almacenados en países de clima tropical y subtropical. Esta especie no se ha establecido a nivel de campo en Chile.

El bruco del frejol es una plaga de gran importancia ya que puede causar graves daños económicos en granos secos, especialmente cuando están almacenados (Dell´Orto, 1977; Dell´Orto, 1981a; b; Álvarez et al., 1981). Las pérdidas pueden llegar a ser del orden de un 20 % a nivel de almacenaje, y si no se toman medidas de control estas pérdidas pueden llegar a ser totales. Debe considerarse, además, que la presencia de algunos granos dañados puede significar el rechazo de la partida completa o al menos sufrir una fuerte depreciación (Dell´Orto, 1981b).

El adulto es un pequeño escarabajo, de un tamaño entre dos y cinco mm y colores que varían desde un café claro a café oscuro. Sus élitros (alas duras) tienen manchas longitudinales más oscuras y no alcanzan a cubrir totalmente el abdomen (Foto 10). Su ciclo de vida es de aproximadamente un mes, durante el cual la hembra es capaz de oviponer más de 50 huevos. Estos son de color blanco, muy difíciles de localizar. Tienen un desarrollo lento (entre uno a

1,5 meses) y son colocados en el campo sobre las vainas o entre medio de los granos secos en almacenaje. La larva es de cuerpo blanco, con la cabeza inicialmente amarilla y luego café. Tienen cerdas y tres pares de patas verdaderas. Pasan por varias mudas mientras se alimentan de las semillas, lo que les toma entre tres a cuatro semanas. La pupa se encuentra al interior del grano atacado, la que se transforma en adulto para reiniciar el ciclo (Devotto, 2017).



Fuente: Van Schoonhoven, 1978.

Foto 10. Bruco del frejol.

Durante el cultivo del frejol, el ataque de los brucos se inicia a nivel de campo, cuando la hembra ovipone en las valvas de la vaina cuando la planta está empezando a madurar, o directamente sobre los granos cuando la vaina se abre. Al interior de la vaina, la larva recién nacida penetra en el grano, donde continúa su desarrollo larvario y pupal, para emerger como adulto dejando las perforaciones típicas del ataque en la bodega durante el almacenamiento. Los adultos que emergen pueden reinfestar los granos sanos almacenados (Saravia, 1961; Ziver et al., 1973; Dell´Orto, 1981a) y cada grano puede ser atacado por seis o más individuos. De esta forma, el insecto puede completar entre cinco a seis generaciones en una temporada, bajo condiciones favorables para su multiplicación y desarrollo (Saravia, 1961).

El control del bruco es complejo, se puede hacer tanto en el campo, como en el almacenaje (Saravia, 1961; Dell´Orto, 1981b). A nivel de campo, el manejo del cultivo es importante para evitar la infestación y el daño causado por el bruco. En este sentido, es fundamental eliminar las fuentes potenciales de infestación, como granos que quedan en el rastrojo del frejol, como también las plantas aisladas de frejol que quedan después de la cosecha, ya que el insecto puede permanecer en ese sustrato durante el invierno; cosechar lo antes posible, evitando dejar por un tiempo innecesario las vainas en el campo, ya que éstas son las estructuras ideales para la ovipostura del bruco. El control químico en campo, es poco eficiente puesto que las larvas están protegidas al interior de los granos, una vez que se ha producido la infestación (Dell´Orto, 1981b).

En las bodegas de almacenaje, se deben eliminar los restos de frejol que queden de la temporada anterior debido a que, pequeños focos de granos infestados pueden ser el punto de partida de la dispersión de esta plaga (Dell´Orto, 1981b). Dada esta situación, el tratamiento más efectivo es fumigar el grano cosechado, en forma preventiva en la bodega. Los fumigantes son gases tóxicos que penetran al interior del grano, matando al insecto en cualquier estado de desarrollo. Los

fumigantes no tienen efecto residual, lo que implica que los granos tratados pueden reinfestarse, por lo cual es muy importante mantener las bodegas libres de bruco u otros insectos de productos almacenados (Dell´Orto, 1981b). Las fumigaciones son realizadas en carpas plásticas o en cámaras, considerando el tiempo de exposición de la semilla al producto y las condiciones ambientales de aplicación. Debido a la toxicidad de los productos utilizados, el operador debe tomar todas las precauciones indicadas por los fabricantes. Posterior a la fumigación, los granos deben ser almacenados en la bodega previamente desinfestada (Dell´Orto, 1981b).

Referencias

Álvarez, M., Cafati, C., Gerding, M., et al. 1981. Plagas y enfermedades del frejol. Estación Experimental La Platina, Instituto de Investigaciones Agropecuarias, INIA. Boletín N° 43. Santiago, Chile. 60p.

Barriga, J. 1990. Revisión de los brucos de importancia agrícola y cuarentenaria en Chile. Memoria para optar al título profesional de Ingeniero Agrónomo. Facultad de Ciencias Agrarias y Forestales, Escuela de Agronomía, Universidad de Chile. Santiago, Chile. 246p.

Caballero, C. 1969. Principales insectos y arañitas que afectan el frejol (pp. 130-131). En Producción de semilla de frejoles en Chile. INIA, Santiago, Chile.

Caballero, C. 1973. Plagas del frejol. Inv. Progr. Agric. La Platina (Chile) 5(1):12-13.

Dell´Orto, H. 1977. Diferenciación entre machos y hembras del bruco del frejol *Aconthoscelides obtectus* Say (Coleoptera: Bruchidae). Agric. Téc. (Chile) 37(2):88-89.

Dell´Orto, H. 1981a. Infestación artificial de frejoles por medio de huevos y primeros estadios larvarios de bruco *Acanthoscelides obtectus* (Say) Coleoptera Bruchidae. Agric. Téc. (Chile) 41(2):103-104.

Dell´Orto, H., Tapia, F., Aeschlimann, J. 1981b. Bruco del frejol. Inv. Progr. Agric. La Platina (Chile) 23-25p.

Devotto, L. 2017. Plagas en cultivos: Bruco del frejol. Ficha Técnica N°96. Instituto de Investigaciones Agropecuarias (INIA) Chile. 2p.

Gerding, M., Quiroz, C. 1987. Control de la mosca del frejol. Insecto que debe tenerse en cuenta al sembrar frejoles. Inv. Progr. Agrop. (Chile) 32:16-18.

Gerding, M., Paredes, M., Figueroa, A. 1988a. Pérdidas de frejoles causadas por *Rachiplusia nu* Guenée (Lepidóptera: Noctuidae) y *Emposaca curveola* Oman (Homóptera: Cicadellidae) en la VII y VIII regiones. Trabajo presentado a las XXXIX Jornadas Agronómicas. Simiente (Chile) 58:21.

Gerding, M., Paredes, M., Figueroa, A. 1988b. Control de langostinos y cuncunillas en el cultivo del frijol: control biológico y manejo integrado de plagas del frejol. Inv. Prog. Agrop. Quilamapu (Chile) 38:8-11.

Giménez, J., Arias, J., Casalderrey, N., et al. 2002. Descripción y manejo de plagas, enfermedades y malezas (pp. 122-170). En El cultivo de poroto en la República Argentina. (eds) De Simona, V. INTA, Salta.

González, R. 1999. El trips de California y otros tisanópteros de importancia hortofrutícola en Chile (*Thysanoptera: Thripidae*). Ograma S.A., Santiago, Chile. 143p.

Ibarra, L., Araya, J., Arretz, P. 1992. Laboratory and field studies in Chile on the control of *Epinotia aporema* (Lepidoptera: Olethreutidae) and *Rachiplusia nu* (Lepidoptera: Noctuidae) on *Phaseolus vulgaris* with growth regulators, *Bacillus thuringiensis,* and *avermectin*. J. Crop Prot. 11(2):185-190.

Larraín, P. 2003. Plagas de la Papa y su manejo. Colección Libros INIA N° 9. Instituto de Investigaciones Agropecuarias, INIA Chile. 116p.

Larraín, P., Sepúlveda, P., González, V., et al. 2010. Manejo de plagas y enfermedades en poroto verde, incorporando criterios de producción limpia. Informativo INIA Ururi (Chile) N° 35. 4p.

Montaldo, P. 2004. Antecedentes históricos y anecdóticos de la agricultura chilena. Universidad Austral de Chile. Valdivia, Chile. 287p.

Olalquiaga, G. 1944. Origen y dispersión de algunos bruquidos del frejol en Chile. Agric. Téc. (Chile) 4(1):41-53.

Prado, E. 1991. Artrópodos y sus enemigos naturales asociados a plantas cultivadas en Chile. Serie Boletín Técnico Nº 169. Instituto de Investigaciones Agropecuarias, INIA. 207 p.

Quiroz, C. 1982. Plagas del poroto en los primeros estados de desarrollo. Inv. Progr. Agrop. La Platina (Chile) 13:14-14.

Quiroz, C. 1983. Plagas del poroto en el follaje y la vaina. Inv. Progr. Agrop. La Platina (Chile)15:4-7.

Quiroz, C. 1987. Control químico de la mosca de la semilla, *Delia platura* (Meig.) (Dip., Anthomyiidae), en porotos. Agric. Téc. (Chile) 47:372-377.

Quiroz, C., Sepúlveda, P., Tapia, F., et al. 1986. Enfermedades y plagas en el cultivo del poroto. Inv. Progr. Agrop. La Platina (Chile) 37:38-43.

Ripa, R. 1981. Presencia de dos nuevos patógenos en *Epinotia aporema* Wals. Agric. Téc. (Chile) 41(1):55-56.

Rodríguez, F. 2017. Polilla del frejol. Ficha técnica N° 26. Sanidad vegetal. Instituto de Investigaciones Agropecuarias, INIA. 2p.

Saravia, G. 1961. Gravedad del ataque del 'bruco' en frejoles de exportación. El Campesino (Chile) 92 (10):38-39.

Smith, H., Ota, A. 2002. An overview of the lesser cornstalk borer management program at HARC-HSPA, 1986-2002. Hawaii Agricultural Research Center. http://www.hawaiiag.org/harc/EntR1.htm (7 May 2020).

Van Schoohoven, A. 1978. Insectos dañinos (pp. 67-103). En H. Schwartz, G. Gálvez, A. van Schoohoven, et al. (eds.). Problemas de campo en los cultivos de frijol en América Latina. Centro Internacional de Agricultura Tropical, Cali Colombia. 136p.

Ziver, A., Ramírez, A., Sotomayor, I., et al. 1973. Manual del frejol. Instituto de Investigaciones Agropecuarias, INIA. Santiago, Chile. 71p.

Capítulo 16. Enfermedades del frejol

Paulina Sepúlveda R.

El frejol es afectado por diversas enfermedades que pueden atacar al cultivo desde la siembra, dañando a la semilla, hasta la planta adulta. En este sentido, a continuación, se describirán las principales enfermedades que pueden causar pérdidas económicas en el cultivo de frejol en Chile.

Enfermedades causadas por hongos

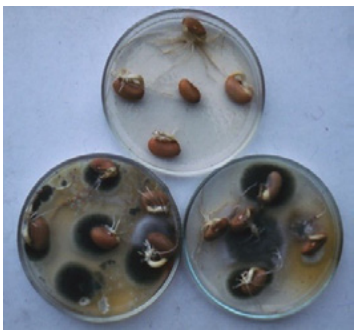
Dentro de las enfermedades causadas por hongos, existen aquellos que atacan las estructuras de la plántula que están bajo el suelo, es decir, desde el cuello de la plántula hacia las raíces y otros que afectan estructuras ubicadas a la parte aérea de la planta, como tallos, hojas, vainas y semillas.

Los hongos necesitan condiciones ambientales apropiadas que favorezcan su desarrollo, durante el proceso de infección, desarrollo y diseminación. En general, estas condiciones están dadas por las altas temperaturas y la humedad presentes en el suelo y en el ambiente. Dado que en Chile se presentan primaveras y veranos más bien secos y calurosos, el número de enfermedades fungosas y su severidad es menor, en comparación a otros países productores de frejoles.

Enfermedades que afectan a semillas y raíces

Pudrición de la semilla

La pudrición de semillas es causada por un complejo de hongos que incluye a los géneros *Penicillium*, *Rhizopus*, *Mucor*, *Alternaria*, *Aspergillus*, *Botrytis, Pythium* (*P. ultimun*, *P. aphanidernatum*) (Álvarez et al., 1981; France, 1983; Quiroz, et al., 1986) (Foto 1). Estos hongos, pueden dañar interna y/o externamente la semilla durante la germinación y/o antes de la emergencia de la plántula. Por lo cual, la pudrición de la semilla, puede influir en una mala germinación, emergencia, densidad de plantas y en el rendimiento del cultivo.



Fuente: Paulina Sepúlveda.

Foto 1. Daño en semilla causado por hongos presentes en el suelo.

Existen varios factores que predisponen a la semilla a ser atacada por hongos, tales como; el manejo de la semilla en la cosecha (humedad del grano, quebraduras o trizaduras), y almacenaje (temperatura, humedad, presencia de residuos), y condiciones de la siembra (calibración de la maquinaria, contenido de humedad y bajas temperaturas). Estos factores afectarán finalmente el proceso de germinación y emergencia de las plántulas, favoreciendo la infestación, desarrollo de los patógenos y finalmente la pérdida de semilla (Álvarez et al., 1981).

Caída de plántulas de pre y post emergencia

Este daño es causado por hongos del género *Fusarium*, *Rhizoctonia*, *Pythium* y *Sclerotinia* (Álvarez et al., 1981; Quiroz, et al., 1986).

El control de la caída de plántulas es a través del uso de semilla de buena calidad, elección de una época de siembra adecuada, evitar el exceso de humedad en el momento de la siembra y el uso de fungicidas de semilla en las dosis recomendadas para frejol (Quiroz, et al., 1986).

Pudrición seca o fusariosis

Esta enfermedad es causada por *Fusarium solani* f. sp. *phaseoli* (Álvarez et al., 1981; France, 1983). Este hongo, es un habitante del suelo que puede sobrevivir como saprófito, en ausencia del huésped, por varios años. Este hongo posee dos tipos de esporas, las conidias y las clamidosporas (esporas de resistencia), mediante las cuales se mantiene de una temporada a otra (Sepúlveda, 2008).

La pudrición seca es la principal enfermedad radicular del frejol en Chile, ya que se encuentra presente en toda el área del cultivo, afectando a todas las variedades en uso en el país (Cafati, 1973; Álvarez et al., 1981).

El patógeno puede atacar a la planta en cualquier estado de desarrollo, pero su mayor daño se produce en los primeros estados. Los primeros síntomas de la enfermedad son una coloración rojiza en la raíz principal, y a medida que avanza la infección se producen grietas longitudinales en el tejido y la coloración de la zona dañada se torna de color café (Foto 2). Las raíces secundarias se destruyen totalmente, lo que se traduce en la formación nuevas raicillas sobre las lesiones y bajo la superficie del suelo, provocando un retardo del crecimiento de la planta, clorosis del follaje y defoliación en casos severos (Cafati, 1973; Álvarez et al., 1981).



Fuente fotografía izquierda: Paulina Sepúlveda. / Fuente fotografía derecha: Schwartz, 1978.

Foto 2. Daño de *Fusarium* sp. al estado de planta.

El agente causal no se transporta internamente a través de la semilla, pero si puede ser diseminado a través de semilla contaminada externamente, movimientos de suelo, agua de riego y lluvias (Cafati, 1973; Álvarez et al., 1981; France, 1983).

El control de este patógeno se puede realizar a través del uso de rotaciones de cultivos, por al menos cuatro años. El control químico es caro y poco eficiente una vez producido el daño (Cafati, 1973; Álvarez et al., 1981; France, 1983; Quiroz et al., 1986).

Rizoctoniasis

Esta enfermedad es causada por el hongo *Rhizoctonia solani* (Kühn). Este patógeno se caracteriza por no formar esporas, por lo cual se ubica dentro del grupo de hongos 'micelio estéril'. Sin embargo, forma unos pequeños cuerpos negros, llamados esclerocios, que sirven como órganos de resistencia del hongo y vehículo de diseminación (Sepúlveda, 2008).

Este patógeno se encuentra ampliamente distribuido en el mundo atacando a una amplia gama de huéspedes como malezas, cultivos hortícolas, extensivos, ornamentales y árboles (Álvarez et al., 1981). En Chile, este patógeno se encuentra presente en toda el área de cultivo del frejol, aunque la planta presenta una mayor predisposición a ser atacada por el hongo en lugares o estaciones frías y húmedas, debido a que las bajas temperaturas retardan la germinación de la semilla y emergencia de la plántula (Foto 3), favoreciendo el ataque del hongo (Sepúlveda, 2008).

Los principales síntomas de la enfermedad son: la formación de cancros de bordes definidos de color café rojizo en el cuello del tallo y raíz principal. En ataques tempranos, se produce un estrangulamiento eventual del tallo y muerte de la planta, sin embargo, si el tallo está parcialmente lignificado, se puede producir tendedura de la planta. Las vainas en contacto con el terreno infectado pueden producir los síntomas de la enfermedad y causar daño a la semilla. Las plantas dañadas quedan de menor tamaño, cloróticas y debilitadas, lo que reduce su capacidad de producción (Álvarez et al., 1981; France, 1983; Quiroz, et al., 1986).



Fuente fotografía izquierda: Paulina Sepúlveda. / Fuente fotografías derecha: Schwartz, 1978.

Foto 3. Daño de *Rhizoctonia solani* al estado de plántula

R. solani se puede diseminar a través de la semilla infectada y la maquinaria que lleva suelo infestado de un lugar a otro (Sepúlveda, 2008).

El control del patógeno puede incluir una buena preparación del suelo para facilitar la germinación y emergencia de las plántulas, sembrar a menor profundidad para favorecer una emergencia

rápida, evitar siembras tempranas y acumulaciones de agua en el potrero, rotación de cultivos y desinfección de la semilla (Álvarez et al., 1981; France, 1983; Quiroz, et al., 1986).

Marchitamiento por *Pythium*

Esta enfermedad es causada por varias especies como *P. ultimun* (Trow) y P. *aphanidermatum* (Edson). Este hongo está presente habitualmente en el suelo, ya que puede sobrevivir saprofíticamente y/o formando estructuras de resistencia llamadas 'oosporas'. Las especies de *Pythium,* generalmente, penetran a través de la superficie sana o herida del hospedante, por medio de hifas individuales (Sepúlveda, 2008) (Foto 4).

Este hongo presenta una amplia distribución en la zona productora de frejol del país y su desarrollo y ataque se ven favorecidos por una alta humedad y una baja temperatura del suelo (Sepúlveda, 2008).

Los síntomas se caracterizan por una amarillez, seguida de falta de vigor de las plantas, síntomas que pueden ser confundidos con otras enfermedades. Los tallos, a nivel del cuello, presentan una pudrición con crecimiento de abundante micelio blanco. El avance de la enfermedad puede ser bastante rápido y en algunos casos producir la muerte de las plantas (Sepúlveda, 2008).



Fuente: Schwartz, 1978.

Foto 4. Daño de *Pythium* al estado de plántula.

La diseminación de la enfermedad en el campo se produce a partir de las zoosporas, las que pueden moverse a través del agua del suelo; esporangios y fragmentos de micelio que se desprenden y se transportan por el viento o por las salpicaduras de agua contaminada. La diseminación a grandes distancias se puede realizar a través de las oosporas y clamidosporas, que son transportadas en residuos vegetales o partículas de suelo, en el agua de riego o viento (Sepúlveda, 2008).

Algunas medidas de control pueden incluir labores de manejo del cultivo que favorezcan la aireación de las plantas, como una adecuada densidad de plantas; evitar las inundaciones del

suelo y el daño de las raíces, por el uso inadecuado de implementos y maquinaria agrícola (Sepúlveda, 2008).

Marchitamiento y pudrición

Esta enfermedad es causada por *Sclerotium rolfsii* (Sepúlveda, 2008). Este patógeno fue detectado por primera vez en Chile, en el cultivo del frejol en la temporada 1986/1987 en la localidad de Nogales, región de Valparaíso. Su crecimiento y multiplicación es favorecido por las altas temperaturas (sobre 28 °C) y buena humedad (Sepúlveda et al., 1987; Montealegre y Esterio, 1989).

Los principales síntomas de esta enfermedad son: amarillez de la planta, seguida de marchitez y falta de vigor. Los tallos a nivel del cuello presentan una pudrición con crecimiento de micelio blanco y gran cantidad de esclerocios (estructuras de resistencia), lo que produce la muerte de la planta (Foto 5) (Sepúlveda et al., 1987; Montealegre y Esterio, 1989).



Fuente fotografías izquierda: Paulina Sepúlveda. / Fuente fotografía derecha: Schwartz, 1978.

Foto 5. Muerte de planta, daño causado por *Sclerotium rolfsii.*

Su diseminación es a través del agua de riego, movimiento del suelo y herramientas de trabajo (Álvarez et al., 1981; France, 1983; Quiroz, et al., 1986; Sepúlveda et al., 1987).

El control de la enfermedad es complejo, debido a su amplia gama de huéspedes y a la presencia de estructuras de resistencia en el suelo. Sin embargo, algunas prácticas que pueden ayudar a evitar la presencia del hongo son, el uso de rotaciones de cultivo; la introducción de material vegetal y herramientas procedentes de siembras contaminadas con este patógeno (Álvarez et al., 1981; France, 1983; Quiroz, et al., 1986) y usar semilla de buena calidad (France, 1983).

Agricultores que usan su propia semilla deben considerar la realización de una cosecha temprana para evitar la contaminación de patógenos y saprófitos que se presentan después de la maduración de la semilla; evitar la cosecha de vainas que hayan estado en contacto con el suelo; eliminar las plantas enfermas; regular adecuadamente los componentes de la cosechadora, para evitar golpes a la semilla que puedan causar trizaduras en cotiledones y cutícula que permitan la entrada de microorganismos (France, 1983).

Enfermedades del follaje

Las principales enfermedades del follaje que afectan al frejol en Chile son: mancha de la hoja o alternariosis (*Alternaria tenuis* Nees); antracnosis (*Colletoctrichum lindemuthianum* (Sacc. Y Mang) Scribner; Appel y We *f. phaseoli* (Burk.) Synd y Hans; oídio (*Erysiphe poligoni* DC., ex Merat.); polvillo o roya (*Uromyces phaseoli* (Per.) Wint., var. *typica* Arth; y tizón ceniciento (*Macrophomina phaseoli*) (Ziver et al., 1973; France, 1983; Paredes et al., 1987).

Mancha de la hoja o alternariosis

El organismo causal es *Alternaria tenuis* Nees. El hongo presenta conidióforos oscuros, simples, relativamente cortos con conidias oscuras septadas dispuestas en cadena y de forma elíptica (Sepúlveda, 2008).

Esta enfermedad, está distribuida desde Aconcagua a Ñuble, pero su presencia es eventual, dependiendo de las condiciones climáticas, como alta humedad (90-100 %) y temperaturas medias (16º a 20 °C) (Sepúlveda, 2008).

Los síntomas se presentan en las hojas como lesiones pequeñas de color café con bordes rojizos, de forma irregular con apariencia húmeda y rodeada por un borde café oscuro. Lentamente, las lesiones aumentan de tamaño formando lesiones concéntricas que pueden cubrir parte importante de la hoja y producir defoliaciones parciales y prematuras (Foto 6). Este tipo de lesiones se pueden presentar también en las vainas afectando el desarrollo de la semilla (Álvarez et al., 1981).



Fuente fotografías izquierda: Schwartz, 1978. / Fuente fotografía derecha: Paulina Sepúlveda.

Foto 6. Daño de Alternaria en follaje y vainas de frejol.

Durante la temporada, el patógeno se disemina por esporas mediante el viento desde plantas enfermas a sanas, por la semilla y los rastrojos ya que, el hongo es capaz de sobrevivir como saprófito en los restos de vegetales que quedan en el suelo (Sepúlveda, 2008).

Las medidas de control son aquellas que tienden a favorecer la aireación de las plantas, a través de una adecuada densidad de plantas y la rotación de cultivos (Álvarez et al., 1981).

Antracnosis

Esta enfermedad es causada por *Colletotrichum lindemutianum* (Saac et Mang) Scribner. Este hongo produce conidios unicelulares hialinos, en acérvulos provistos de setas. El micelio es septado y ramificado, inicialmente hialino para posteriormente tomar una coloración oscura (Sepúlveda, 2008).

Esta enfermedad fue detectada en Chile, en las localidades de La Serena, Mallarauco, La Cruz, Quillota, Limache, Santiago, Angol, Contulmo, entre otras, donde causó pérdidas importantes de rendimiento, siendo más severo el ataque en las variedades para consumo de vaina verde, sin embargo, actualmente el hongo está presente en todo el país. El mayor daño económico está focalizado en localidades que presentan temperaturas medias (18 a 22 °C) y alta humedad (92 a 100 %) (Álvarez et al., 1981).

Estudios genéticos realizados en el país determinaron la presencia de una sola raza, denominada 'autóctona' o 'criolla', a diferencia de otros países donde existen diferentes razas. En este estudio realizado en el país, la mayoría de las variedades reaccionaron como susceptible o muy susceptible a esta enfermedad, con excepción a las variedades Arroz, Cristal, Red Kidney y Michelite que fueron inmunes. Las variedades chilenas Coscorrón, Tórtola, Frutilla, Pajaritos, Hallados y Burritos fueron muy susceptibles (Mujica, 1952).

Los síntomas de la enfermedad se manifiestan en todos los órganos aéreos de la planta. El hongo ocasiona lesiones cafés con contornos rojizos, y bajo condiciones de alta humedad se observa la formación de micelio. En hojas, las lesiones se ubican en las nervaduras y en el mesófilo de las hojas. En tallos y pecíolos el hongo produce lesiones alargadas y hundidas que pueden causar la muerte de la planta. En las vainas se presentan lesiones pequeñas e irregulares de color anaranjado llegando a ser circulares (Foto 7), y que pueden infectar a la semilla (Cafati, 1973; Álvarez, 1981).



Fuente fotografías izquierda: Schwartz, 1978. / Fuente fotografías derecha: Paulina Sepúlveda.

Foto 7. Daño de Antracnosis en hojas, planta y vainas.

La semilla contaminada interna o externamente es la principal vía de transmisión de la enfermedad de una temporada a otra (Cafati, 1973; Álvarez, 1981).

Las principales medidas de control son: el uso de semilla libre del patógeno, uso de variedades resistentes, rotación de cultivos y desinfección de la semilla (Cafati, 1973; Álvarez, 1981; Quiroz, et al., 1986).

Oídio

Esta enfermedad es causada por *Erysiphe polygoni* (DC ex Merat). Hongo imperfecto que posee un micelio grueso tabicado, ramificado y que crece en forma radial. Las hifas penetran a las células subepidérmicas por una estructura llamada 'haustorio'. Presenta conidióforos no ramificados con conidias dispuestas en cadena (Sepúlveda, 2008).

Es una enfermedad secundaria, ya que se presenta ocasionalmente en siembras tardías o en zonas costeras del país (Álvarez et al., 1981; Quiroz et al., 1986). El desarrollo de este patógeno es favorecido por la temperatura y humedad moderada, sin embargo, prevalece en una amplia gama de condiciones ambientales (Sepúlveda, 2008).

El patógeno puede afectar a todas las partes aéreas de la planta. Su síntoma principal es la presencia de micelio blanco sobre las hojas de la planta (Foto 8). En casos severos las hojas se pueden deformar y producir defoliación prematura sin causar la muerte de las plantas (Álvarez et al., 1981; Quiroz et al., 1986).



Fuente: Schwartz, 1978.

Foto 8. Ataque de Oídio en hojas, planta y vainas.

La principal fuente de diseminación es a través de las esporas que se diseminan por el viento durante la temporada (Sepúlveda, 2008).

El control de la enfermedad se puede realizar a través del uso de semilla limpia, siembras tempranas y el control químico en casos excepcionales (Álvarez et al., 1981; Quiroz et al., 1986).

Moho blanco o esclerotiniosis

El agente causal de la enfermedad es *Sclerotinia sclerotium*. Este hongo produce unas estructuras de resistencia ('esclerosios') que pueden permanecer en el suelo por mucho tiempo en estado de reposo, pero que al germinar producen hifas y micelio (Sepúlveda, 2008).

Es una enfermedad secundaria que se encuentra presente en siembras de frejol en Chile desde el año 1942 (Mujica y Vergara, 1945) y se presenta en localidades con condiciones de alta humedad y temperaturas cálidas (21 °C)

Los principales síntomas de la enfermedad son: manchas acuosas irregulares en los tallos, ramas y hojas. La pudrición húmeda produce abundante crecimiento de micelio blanco algodonoso y presencia de esclerocios sobre los órganos afectados (Foto 9) (Sepúlveda, 2008).



Fuente fotografía izquierda: Paulina Sepúlveda. / Fuente fotografía derecha: Schwartz, 1978.

Foto 9. Daño de Sclerotinia sobre las ramas y vaina de frejol.

Las principales formas de diseminación de la enfermedad son a través de la semilla contaminada y de los esclerocios que caen al suelo y que son transportados a todo el campo, a través del agua del riego (Mujica, 1957).

Las principales medidas de control son: la rotación de cultivo, evitar los excesos de humedad en el suelo y tener una densidad de plantas que facilite la aireación del cultivo (Álvarez et al., 1981; Quiroz et al., 1983; Quiroz et al., 1986).

Roya o polvillo

El organismo causal de la enfermedad es *Uromyces phaseoli* (Reben) Wint, parásito obligado, que no puede ser cultivado en medios artificiales. Tiene un ciclo de vida autoico, es decir, es capaz de completar todo su ciclo de vida en un solo huésped (Sepúlveda, 2008).

El ciclo biológico de *Uromyces phaseoli* consta de cinco estados, sin embargo, en nuestro país se presentan sólo dos de ellos, el uredospórico y teleutospórico. Las uredosporas o esporas de verano son las que completan el ciclo y mantienen la enfermedad de una temporada a otra y la teleutospora (esporas de resistencia) que se forman hacia el final del periodo de crecimiento en pústulas llamadas teleutosoros (Foto 10) (Sepúlveda, 2008).



Fuente fotografía izquierda: Schwartz, 1978. / Fuente fotografías derecha: Paulina Sepúlveda.

Foto 10. Daño de roya en hojas y vainas.

Es una enfermedad secundaria, que se presenta principalmente en sectores de la costa o en siembras tardías. Las condiciones que favorecen el desarrollo del patógeno son temperaturas medias a altas (17º a 27 °C) y condiciones de alta humedad relativa (95 %), por un periodo de 10-18 horas (Sepúlveda, 2008).

Los síntomas se presentan principalmente en las hojas, aunque en casos severos se pueden presentar en tallos y vainas, se caracterizan por la presencia de pústulas de color café rojizas que se ubican de preferencia en el envés de la hoja y puede producir defoliación en ataques severos (Álvarez et al., 1981).

El hongo se disemina dentro de la temporada a través de las uredosporas, por el viento y entre temporadas, por la permanencia de estas esporas en restos de cultivos (Sepúlveda, 2008).

Posibles medidas de control son: evitar las siembras tardías, utilizar rotación de cultivos y eliminar restos de cosechas anteriores y en casos necesarios, el uso de fungicidas (Álvarez et al., 1981; Quiroz et al., 1986).

Tizón ceniciento del tallo del frejol

Esta enfermedad es causada por *Macrophomina phaseoli* (Maubl.) Sabih p *M. phaseolina* (Tassi) Goidanich. El hongo produce conidias fusiformes, unicelulares, rectas o levemente curvas, puntiagudas en un extremo y redondeadas en el lado opuesto que forman conidióforos (Sepúlveda, 2008).

Después de la infección, el hongo produce 'esclerocios' que se ubican sobre y dentro del tallo infectado. También se pueden formar picnidios pequeños, negros, sumergidos sobre un fondo gris, que presenta una apariencia cenicienta característica (Sepúlveda, 2008) (Foto 11).



Fuente fotografía izquierda: Paulina Sepúlveda. / Fuente fotografías derecha: Schwartz, 1978.

Foto 11. Defoliación causada por *Macrophomina phaseoli* en planta adulta de frejol.

Este hongo se determinó por primera vez en Chile en el año 1972, en la localidad de Pirque, región Metropolitana (Latorre y Cafati, 1973). Es un patógeno propio de temperaturas cálidas y tiene un amplio rango de huéspedes, como frejol, sorgo, soya, maíz, entre otros. Se presenta en forma ocasional en la zona central del país, cuando las temperaturas son elevadas (Sepúlveda, 2008).

Al estado de plántula, se producen cancros negros, deprimidos, con un margen bien definido y en anillos concéntricos. El hongo puede producir la destrucción del punto de crecimiento o debilitar el tallo en el lugar del cancro. El hongo puede avanzar hacia el hipocótilo, raíz de la plántula o hacia los pecíolos de las hojas primarias. En ataque a plantas adultas se puede producir menor desarrollo de la planta, clorosis de las hojas, defoliación prematura y muerte de la planta, las que quedan erectas sin hojas, pero con sus vainas (Álvarez et al., 1981) (Foto 11).

La diseminación se puede producir a través del viento, que puede transportar las conidias a otras plantas y producir manchas en las hojas; los esclerosios pueden permanecer en el suelo bajo condiciones ambientales adversas y ser transportados, por medio de la semilla, el agua de riego, maquinarias y rastrojos del cultivo (Sepúlveda, 2008).

El control se realiza a través del uso de semilla limpia, desinfección de semilla, destrucción de rastrojos y rotaciones culturales (Álvarez et al., 1981). Se han identificado también algunas cepas de bacterias (*Bacillus subtilis*, *B. amyloloquefaciens*, *B. pumilus* y *B. stearothermophilus*) con capacidad inhibidora del crecimiento del hongo en condiciones *in vitro*, que pueden alcanzar hasta un 70 % de reducción del crecimiento del micelio (Gacitúa et al., 2009).

Enfermedades causadas por bacterias

Las enfermedades bacterianas que afectan a la planta de frejol en el país son: bacteriosis común y el tizón del halo.

Bacteriosis o tizón común

Causada por *Xanthomonas phaseoli* pv *phaseoli* (E:F:Sm.) Dowson. Es un patógeno cuarentenario, por lo cual, todas las importaciones de frejol al país deben certificar la ausencia de esta bacteria (Acuña, 1993; Sepúlveda, 2008).

Esta enfermedad se determinó por primera vez en 1968 (Pinto, 1969), posteriormente se ha detectado su presencia desde la región de Coquimbo hasta la región de Los Ríos y desde entonces se ha constatado como un problema ocasional en Ovalle, La Calera, Santiago, Maipú, Graneros, Curicó, Ñuble, Biobío y Valdivia (Sepúlveda, 2008), sin embargo, debido a las condiciones climáticas para el desarrollo de la bacteria, su ataque no adquiere caracteres epifíticas. A pesar de esta situación, este patógeno podría ser un peligro potencial para el cultivo ya que, en caso de presentarse las condiciones climáticas favorables (alta humedad ambiental y temperaturas medias) para su desarrollo, el ataque podría ser de extrema gravedad, considerando que todas las variedades de frejol cultivadas en el país son en mayor o menor grado susceptibles a este patógeno (Pinto de Torres et al., 1969; Álvarez et al., 1981; Acuña, 1989).

Los síntomas de la enfermedad se manifiestan principalmente como pequeñas manchas translúcidas y acuosas en las hojas, no mayores de un mm de diámetro, producto del daño causado por la bacteria al penetrar a través de las estomas de las hojas. Posteriormente, las manchas originales crecen y se unen con otras y adquieren una coloración parda, dando un aspecto de hoja quemada. Generalmente, en la confluencia del tejido enfermo con el tejido sano de la hoja se puede notar un estrecho halo amarillo difuso (Ziver et al., 1973; Álvarez et al., 1981; Quiroz et al., 1986) (Foto 12).

En tallos y pecíolos pueden aparecer manchas o estrías, inicialmente acuosas y, posteriormente café rojizas, afectando especialmente la región del nudo del tallo principal lo que, debido al peso de la parte superior, la planta se puede quebrar. Un síntoma característico de la enfermedad, es la presencia de exudaciones serosas de color amarillo en los centros de ataque, lo que corresponde a masas de colonias bacterianas (Ziver et al., 1973; Álvarez et al., 1981; Quiroz et al., 1986).



Fuente fotografía izquierda: Schwartz, 1978. / Fuente fotografías derecha: Paulina Sepúlveda.

Foto 12. Daño en hojas y vainas de *Xanthomonas phaseoli pv phaseoli.*

Los granos pueden ser infectados desde la sutura de la vaina; las células bacterianas penetran hacia el interior del grano por el rafe o el micropilo, alojándose finalmente debajo de la cutícula, donde puede permanecer en latencia por muchos años. Los síntomas se manifiestan en las vainas en forma de manchas inicialmente acuosas, hundidas, para luego tomar un color café rojizo. Los granos en desarrollo, presentes en una vaina infectada, pueden no alcanzar su tamaño normal y aquellos que ya están formados se contraen y arrugan, tomando un color café rojizo (Ziver et al., 1973; Álvarez et al., 1981).

El principal medio de diseminación de esta bacteria es mediante semilla contaminada. La semilla al germinar infecta a los cotiledones y al sistema vascular, por lo cual se distribuye en toda la planta. La bacteria se dispersa también por factores externos como insectos, lluvia, viento, riego e implementos de trabajo (Álvarez et al., 1981). Se ha demostrado que los granos que presentan un desarrollo normal y sin síntomas visibles, pueden transportar internamente la bacteria (Ziver et al., 1973; Álvarez et al., 1981) y que la bacteria puede crecer epifíticamente no sólo sobre la superficie de las hojas de frejol, sino que también sobre otras plantas o huéspedes, incluyendo diversas malezas (Sepúlveda, 2008).

El control de la enfermedad se puede realizar utilizando semilla sana producida en zonas con escasa humedad ambiental, libres del patógeno, una rotación de cultivos de dos a tres años, un eficiente control de malezas para eliminar posibles huéspedes (Pinto, 1969; Ziver et al., 1973; Álvarez et al., 1981; Quiroz et al., 1986) y enterrar o quemar todos los restos del cultivo, inmediatamente después de la cosecha, en aquellas siembras que hayan presentado ataque (Sepúlveda, 2008).

Estudios realizados sobre el comportamiento varietal frente a *X. phaseoli* y *X. phaseoli* var. *fuscans* se determinó que, la variedad Great Northern Nebraska N° 1 selección 27 y *Phaseolus acutifolius* var l*atifolius* fueron resistentes a los aislamientos evaluados. El aislamiento X-2 de *X. phaseoli* chileno fue menos agresivo que los aislamientos brasileños (X-1 y X-3) y X-4 de *X. phaseoli* var. *fuscans* (Cafati y Kimati, 1972).

Estudios de microscopia electrónica indicaron que las células bacterianas se fijan a las paredes celulares en las hojas del frejol resistente, fenómeno que ocurre ocho horas posterior a la inoculación y previo a la manifestación de la reacción de hipersensibilidad (Cafati y Seattler, 1980).

Mancha café, Tizón o bacteriosis del halo

Esta enfermedad es causada por *Pseudomonas syringae* pv *phaseolicola* (Burk) Dows. Actualmente, es una enfermedad cuarentenaria y su ausencia es un requisito para la comercialización mundial de semillas de frejol, debido a que un pequeño número de semillas infectadas puede ser suficiente para provocar una epidemia (Acuña, 1993).

Esta bacteria fue detectada en el país en el año 1972, en la ciudad de Valdivia (Dubin y Ciampi, 1974) y está presente normalmente en las semillas que usan los pequeños agricultores de esta zona (Chacón, 2005). En el año 1993, fue detectada en algunos semilleros de frejoles de exportación de la región del Maule. El desarrollo de la bacteria es favorecido, por temperaturas más bien bajas, razón por la cual, se le ha encontrado principalmente en la zona sur del país (Sepúlveda, 2008).

Los síntomas de la enfermedad se pueden presentar en tallos, vainas y semillas y son muy parecidos a los descritos en bacteriosis común. Sin embargo, la sintomatología de esta bacteria en las hojas produce áreas amarillo-verdosas más o menos circulares alrededor de las lesiones y son de menor tamaño que las observadas en bacteriosis común. En las vainas se producen exudaciones serosas de color crema claro (Foto 13). La forma de diseminación y control son similares a la bacteriosis común.



Fuente: Schwartz, 1978.

Foto 13. Daño en hojas y vainas de *Pseudomonas syringae* pv *phaseolicola.*

Enfermedades causadas por virus

Los virus son el principal problema sanitario del cultivo de frejol en Chile (Álvarez y Prieto, 1964; Beemster, 1964; Álvarez et al., 1981; Herrera, 1983), debido a que las pérdidas en rendimiento y calidad de producto pueden variar entre un 30 a más de 50 %, dependiendo del grado de infección y de las variedades infectadas (Ziver y Álvarez, 1967; Kramm, 1982a; b; Sepúlveda y Meneses, 1995).

Los virus que afectan al cultivo de frejol en Chile son: el virus del mosaico común del frejol; virus del mosaico común necrótico del frejol; virus del mosaico amarillo del frejol; virus del mosaico del pepino; y el virus del mosaico de la alfalfa (Sepúlveda, 1993; Sepúlveda y Meneses, 1995), todos los cuales se encuentran distribuidos desde la región de Valparaíso hasta las regiones de Ñuble y Biobío (Sepúlveda y Meneses, 1995; Sepúlveda y Mora, 2014).

Virus del mosaico común del frejol (MCF o BCMV, en inglés)

El MCF (BCMV) es causado por un virus perteneciente al género Potyvirus. Actualmente, es una enfermedad importante, presente en toda la zona productora de frejol y ataca en mayor o menor grado a todas las variedades tradicionales que crecen en el país. En un comienzo, el ataque del mosaico común fue mayor en la zona centro-norte del país y afectó prácticamente a todas las variedades cultivadas en el país (Álvarez y Prieto, 1964).

En el mundo se han descrito varias razas de mosaico común del frejol que corresponden a variantes fisiológicas del virus. Esto significa que algunas razas tienen un comportamiento diferente ante distintas variedades de frejol. Por lo tanto, las variedades que son resistentes a algunas razas pueden ser susceptibles a otras y viceversa (Álvarez, 1977; Cafati, 1968; Sepúlveda, 2008). Las razas se pueden dividir en dos grupos, aquellas que producen sólo mosaico; y las que pueden producir mosaico o necrosis, dependiendo de la raza y variedad de frejol. En nuestro país se han detectado tres razas, dos que producen mosaico, 'tipo' y 'NY 15' y una que produce necrosis como la 'raza necrótica' o virus del mosaico necrótico del frejol (Cafati y Álvarez, 1975; Sepúlveda y Mora, 2014).

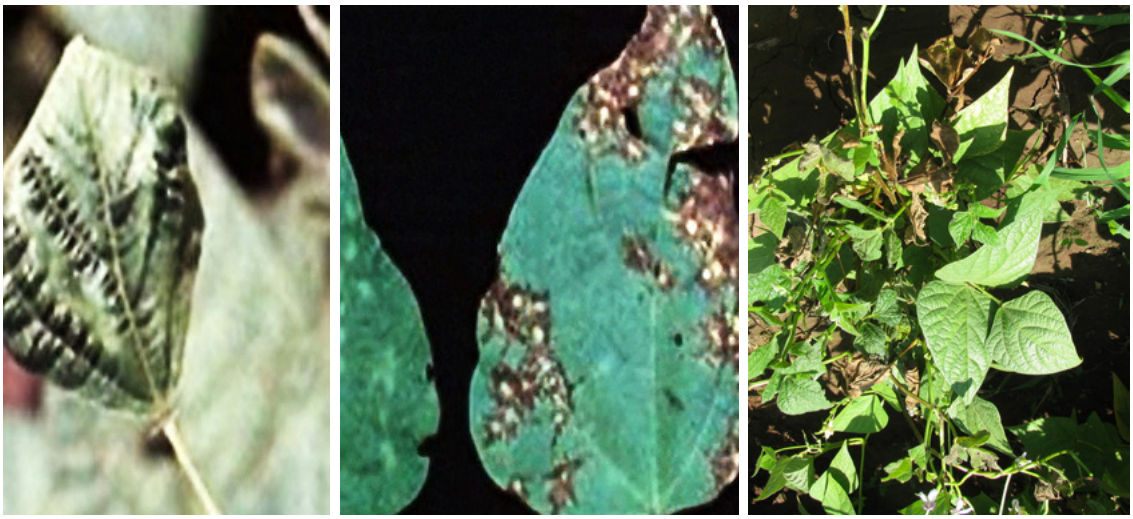
Hasta mediados de 1960, se había observado en el país, solo la presencia de una raza ('tipo'), pero a partir de entonces se empezó a detectar que las variedades resistentes al mosaico común ('Michelite', 'Robust' y 'Sanilac'), eran fuertemente atacadas por el virus, lo que permitió determinar la presencia de la raza, denominada 'NY 15'. La determinación de esta nueva cepa se realizó utilizando la inoculación del virus en las variedades estudiadas y variedades diferenciales como 'Stringless Green Refugee', 'Pinto UI 11', 'Red Mexican 34', 'Great Northern 31' y 'Topcrop'. Las variedades que presentaron resistencia a esta nueva cepa fueron 'Great Northern 31' y 'Topcrop'. Se determinó también que esta raza inducía una reacción de hipersensibilidad en aquellas variedades con el tipo de resistencia 'Corbette Refugee', cuando se inoculaban artificialmente con el virus (Álvarez, 1965; Álvarez y Ziver, 1965).

En la temporada 1977-1978 se observó en varias localidades del país, síntomas de necrosis apical sistémica, con muerte de plantas jóvenes y con o sin muerte de las plantas adultas. En todos los casos, la sintomatología principal estaba asociada a la presencia de necrosis del floema en la raíz, tallo principal, secundarios y en vainas. El virus aislado correspondió a la raza 'necrótica' del mosaico común, diferente a las razas 'tipo' y 'NY 15'. Esta cepa producía mosaico en las variedades tradicionales y muerte de la planta en las variedades con resistencia dominante (gen *I*). Esta

identificación fue comprobada mediante sintomatología, prueba de hospederos, propiedades físicas, serología, transmisión por semilla, mecánica y áfidos en forma no persistente y por el tamaño y morfología de las partículas (Álvarez, y Sepúlveda, 1982).

Los síntomas del virus del mosaico común son variables y dependen de la variedad de frejol, raza del virus, medio ambiente y edad de la planta al momento de la infección. El virus no destruye a las plantas atacadas (excepto las razas 'necróticas' infectando a ciertas variedades), ya que ellas continúan su periodo vegetativo hasta el final de la temporada. Las razas 'no necróticas' dependiendo de la susceptibilidad de la variedad, producen síntomas benignos o severos. Por ejemplo, la variedad 'Cristal Blanco' es la variedad nacional más susceptible, por lo tanto, presenta una fuerte reacción y síntomas de mosaico (Foto 14) (Sepúlveda, 2008).

En general, las hojas afectadas muestran 'mosaico', es decir, la lámina se presenta con moteado consistente en áreas irregulares verde-claras, combinadas con manchas verde-oscuras. Las áreas oscuras que contienen más clorofila se desarrollan más rápido que aquellas zonas cloróticas. Esto último origina deformaciones de la hoja, las que se 'acucharan' hacia abajo por los bordes de la lámina debido al crecimiento desigual del tejido. La hoja se presenta, por lo tanto arqueada, encarrujada a lo largo de la vena principal y ampollada (Foto 14). Por otro lado, en plantas resistentes las altas temperaturas, mayores a 26° C, favorecen el desarrollo de lesiones necróticas en las hojas (Foto 14), necrosis sistémica, cuando la planta es infectada por el virus. Además de estos síntomas, las plantas pueden presentar acortamiento de los periodos fenológicos y proliferación anormal de guías. En plantas afectadas ocurre un mayor aborto de flores, lo que se puede traducir en una fuerte reducción del rendimiento (Cafati, 1973; Sepúlveda, 2008).



Fuente fotografías izquierda: Schwartz, 1978. / Fuente fotografía derecha: Paulina Sepúlveda.

Foto 14. Virus del mosaico común (MCF) en frejol.

La raza 'necrótica' en algunas variedades puede inducir los mismos síntomas descritos anteriormente y en otras producir necrosis, dependiendo del genotipo o variedad. En condiciones de campo, la necrosis ocurre en las venas de algunas hojas; continúa con una necrosis apical la cual desciende paulatinamente hacia la parte inferior de la planta. Si la infección ocurre en estados jóvenes

de la planta, esta muere. Si la planta se infecta en estado de desarrollo avanzado puede ocurrir una muerte parcial. Internamente la planta afectada muestra necrosis de los vasos del floema, incluyendo vainas y raíces (France y Paredes, 1987; Sepúlveda, 2008) (Foto 15).



Fuente fotografía izquierda: Schwartz, 1978. / Fuente fotografías derecha: Paulina Sepúlveda.

Foto 15. Daño del virus necrótico sobre la planta y vaina del frejol.

Los virus se transmiten por la semilla e insectos vectores (*Myzus persicae*, *Aphis rumicis, Macrosiphum solanifolii* y otros) y artificialmente por frotación mecánica. La transmisión por áfidos es en forma no persistente, es decir, que puede transmitirse en un periodo muy corto (5 a 10 segundos), aunque también pueden perder su infectividad en un periodo breve (France y Paredes, 1987; Sepúlveda, 2008).

La transmisión por semilla puede fluctuar entre un 35-80 % ya que, en una planta y en una vaina se pueden detectar semillas infectadas y no infectadas. Dada esta situación, el porcentaje de transmisión por este medio no es constante, sino que varía dependiendo del estado de crecimiento del huésped al momento de la infección, variedad y raza del virus. Las flores que se infecten después de la fertilización, producirán semillas libres de virus. El virus una vez en el interior de la semilla puede permanecer activo hasta que la semilla germine (Sepúlveda, 2008).

La transmisión del virus, por condiciones naturales es muy baja o no existe, lo mismo que la transmisión por contacto entre plantas o raíces sanas y enfermas. Sin embargo, la transmisión mecánica, a través de la inoculación del virus artificialmente por frotación es sumamente efectiva, por lo cual, mediante este sistema se puede obtener un alto porcentaje de infección en trabajos experimentales (Sepúlveda, 2008).

El control más efectivo y único para esta enfermedad, es el desarrollo de variedades resistentes, a través del mejoramiento genético, trabajo que ha realizado sistemáticamente el INIA, en el país (France y Paredes, 1987).

Las variedades de frejol se pueden clasificar en dos grupos, según su condición genética: dominante (*I*) o recesiva (*i*) del gen de hipersensibilidad. Esta condición y en combinación con

la raza del virus puede producir síntomas de mosaico o necrosis. Las variedades que poseen el gen recesivo sólo pueden presentar síntomas de mosaico, si es infectada por las razas que producen mosaico o necrosis. Por el contrario, las variedades que contienen el gen dominante, producen inmunidad en las variedades que presentan mosaico, pero en aquellas que producen necrosis se produce la muerte de la planta. Por lo cual, una planta con mosaico y necrosis puede haber sido atacada por otros virus como, por ejemplo, el virus del mosaico amarillo del frejol (France y Paredes, 1987).

Bruna (1967), utilizando inoculaciones en progenies provenientes de 'Corbett Refugee' con cuatro variedades chilenas determinó que, la herencia de la resistencia a la hipersensibilidad, se debía a un par de genes de herencia dominante.

En el año 1960, se iniciaron en el INIA los primeros trabajos de mejoramiento genético del frejol en Chile para obtener resistencia a mosaico común. Para ello, se utilizaron como padres mejorantes las variedades que poseían el gen de resistencia dominante (gen *I*), como 'Topcrop', 'Wisconsin Refugee', 'Seminole', para cruzarlas con variedades tradicionales chilenas tipo 'Cristal Bayo', 'Tórtola', 'Cristal Blanco', 'Bayos', 'Coscorrón' y 'Pinto´ (Cafati y Álvarez, 1975). Producto de este trabajo se desarrollaron las primeras variedades de frejol resistentes al mosaico común: 'Apolo' (Ziver et al., 1972), 'Bayos Titán' (Ziver et al., 1971); 'Suaves' (Tay et al., 1986); 'Pinto Dorado' (Guglielmetti, 1973), 'Tórtola Diana' (Cafati y Alvarez, 1975) y 'Cristal Blanco Fénix' (Bascur y Cafati, 1977).

En 1978, debido a la presencia de la 'raza necrótica' se inició un nuevo proyecto tendiente a obtener variedades resistentes a esta raza. Este trabajo permitió la obtención de las variedades: 'Orfeo INIA', 'Tórtola-INIA' y 'Blanco-INIA' que poseían genes recesivos. En este periodo, se incorporaron como fuentes de resistencia a la raza severa y necrótica del mosaico común a las variedades 'Great Northern N°31' y 'Blanco-INIA'. Además de la variedad 'Amanda', que posee resistencia a la raza severa del mosaico amarillo y el gen dominante *I*, más un gen recesivo, que confiere resistencia a todas las razas del mosaico común presentes en el país (Herrera y Bascur, 1986).

El control químico de vectores para reducir la incidencia del MCF, tiene poco valor práctico, ya que los áfidos virulíferos al transmitir el virus en forma no persistente, pueden diseminar el virus antes de que sean afectados por los insecticidas. Sin embargo, aplicaciones de aceite mineral al 0.5 % (cada siete días) desde la primera hoja trifoliada hasta floración han demostrado controlar el ataque del virus y aumentar el rendimiento (Sepúlveda y Navarrete, 1996; Sepúlveda, 2008; Madariaga et al., 2024; Donoso, y Madariaga, 2024).

En resumen, los estudios realizados en el país han determinado que: a) todas las variedades tradicionales son susceptibles al mosaico común; b) el virus se transmite por semilla y por pulgones durante la temporada, en forma no persistente; c) la sintomatología típica que se presenta en mosaico en las hojas, es la deformación de vainas, disminución del número y peso de los granos; aunque hay cepas del virus que producen necrosis; d) el ataque de virus es variable, aunque puede llegar a un 100 % en las plantas; e) la reducción del rendimiento pueden variar entre un 30 a 50 %, dependiendo del nivel de infección del cultivo y de las variedades; y f) el método de control más efectivo es el uso de variedades resistentes (Álvarez y Prieto, 1964; INIA, 1970; Álvarez y Ziver, 1965; Cafati, 1973; Álvarez et al., 1981; Quiroz et al., 1986).

Virus del Mosaico amarillo del frejol

Esta enfermedad es causada por un Potyvirus. En Chile existen tres razas de mosaico amarillo del frejol: 'benigna', 'severa' y 'Orfeo'(Sepúlveda, 2008).

En el año 1964, fue detectada por primera vez la presencia del virus del mosaico amarillo en el país, tomando en cuenta la sintomatología a nivel de campo (Beemster, 1964). Sin embargo, a partir de 1970, esta enfermedad se presentó específicamente en la zona Ñuble y Biobío (Tollenar et al., 1973). Desde 1987, se encuentra distribuido en toda la zona del cultivo, afectando a todas las variedades comerciales (Sepúlveda et al., 1987).

La planta puede presentar dos tipos de síntomas, mosaico y necrosis apical, dependiendo de la raza del virus y de la variedad (Foto 16). Ambos síntomas se pueden presentar en forma separada, o juntos en la misma planta. El mosaico se presenta como un moteado verde con amarillo sobre las hojas, las cuales se pueden volver duras y quebradizas (Cafati, 1973). Puede haber producción de flores, pero estas son anormales y producen pocas semillas (Bruna y Urbina, 1976; Cafati et al., 1976). La necrosis apical consiste en la muerte del brote terminal, acompañado de una brotación anormal de las yemas (Álvarez et al., 1981). El virus que produce necrosis apical en la mayoría de las variedades tiene una temperatura de inactivación entre 50º a 55° C. Las plantas menos afectadas pueden producir brotes de yemas laterales con brotes anormales, hojas pequeñas y moteadas (Bruna y Urbina, 1976).

La comparación del rendimiento de plantas infectadas por el virus y de plantas sanas indicó una disminución de la producción de un 70 %.

Este virus no es transmitido por semilla, pero si por áfidos, similar al mosaico común de forma no persistente, manteniéndose de una temporada a otra en plantas huéspedes, en especial de la familia de las leguminosas (arveja, tréboles, haba, soya, garbanzo, lenteja, lupino, etc.) y otras como el gladiolo. Al igual que el mosaico común, el mosaico amarillo del frejol se puede transmitir artificialmente por frotación mecánica (Sepúlveda, 2008).



Fuente fotografías izquierda: Paulina Sepúlveda. / Fuente fotografía derecha: Schwartz, 1978.

Foto 16. De izquierda a derecha, daño del virus del mosaico amarillo mosaico, necrosis apical sobre la variedad Orfeo INIA de frejol, y mosaico.

La forma más eficiente de control es el desarrollo de variedades resistentes (Herrera et al., 1984; Herrera y Sepúlveda, 1986; Sepúlveda et al., 1987). En el año 1976, se determinó la presencia

de la 'raza severa' que afectó a todas las variedades comerciales causando la muerte gradual de las plantas, comenzando por los brotes de crecimiento (Bruna y Urbina, 1976; Herrera, 1983). A través de mejoramiento genético realizado en INIA, se obtuvieron las primeras variedades chilenas resistentes al mosaico amarillo, raza severa: 'Orfeo-INIA', 'Tórtola-INIA' y 'Blanco INIA' (Herrera y Sepúlveda, 1984; Herrera y Sepúlveda, 1986).

A principios de 1980, las variedades 'Apolo', 'Cristal Bayo', 'Tórtola Diana', 'Orfeo-INIA', 'Red Kloud', y 'Araucano-INIA' empezaron a presentar un mosaico severo en sus hojas y durante las temporadas 1982-1984 se observó que las variedades resistentes presentaron síntomas de infección. En base a la sintomatología, transmisión mecánica, por áfidos en forma no persistente, huéspedes infectados y propiedades físicas, morfología y tamaño de las partículas del virus se detectó la presencia de una nueva raza de mosaico amarillo, no determinada en Chile, a la que se denominó 'Orfeo-INIA', por haber sido aislada desde esa variedad (Herrera y Sepúlveda, 1984; Herrera y Sepúlveda, 1986).

Virus del Mosaico del pepino

El virus del mosaico del pepino (Cucumber mosaic virus, CMV), es un virus perteneciente a los Cucumovirus (Sepúlveda, 2008).

En 1992, se detectó por primera vez la presencia de este virus en Chile, el que actualmente se encuentra distribuido en toda la zona productora de frejol en el país (Sepúlveda, 1993). Es así como, en una prospección realizada en la temporada 1991-1992 en siembras de frejol verde y tipo coscorrón desde la región de Valparaíso hasta la región Metropolitana, se detectó que un 60 % de las muestras poseían este virus y que un 20 % contenía a los virus del mosaico común y amarillo (Sepúlveda et al., 1993). En otra prospección realizadas en las temporadas 1993-1994, desde la región de Valparaíso a la región del Maule, se encontró que este virus estaba presente en el 32 % de las muestras y que un 42 % de las muestras se encontraban infectadas por más de un virus (Sepúlveda y Meneses, 1995) (Foto 17).



Fuente: Paulina Sepúlveda.

Foto 17. Virus del mosaico del pepino en frejol (CMV).

El virus del mosaico del pepino presenta una sintomatología muy parecida al mosaico común y amarillo, por lo cual, la diferenciación entre ellos a simple vista es difícil (Foto 17) (Sepúlveda, 2008).

Este virus se transmite eficientemente por áfidos, en forma no persistente, manteniéndose el virus de una temporada a otra en plantas huéspedes como tomate, pimiento, arvejas y malezas solanáceas. No existe evidencia en el país que, este virus se pueda transmitir por semilla. Al igual que los otros virus del frejol, se puede transmitir artificialmente por frotación mecánica (Sepúlveda, 2008).

Actualmente, no existen fuentes de resistencia a este virus, por lo cual las medidas de control son: uso de semilla libre de virus y siembra de frejoles en lugares con baja incidencia de pulgones, que son los vectores que transmiten esta enfermedad (Sepúlveda, 1993; Sepúlveda et al., 1993). Las fuentes de infección más importantes la constituyen las plantas huéspedes perennes, como los tréboles; razón por la cual, los frejoles no deben cultivarse cerca de estos cultivos cuando están infectados (Sepúlveda, 2008).

Virus del mosaico de la alfalfa

El virus del mosaico de la alfalfa, (Alfalfa mosaic virus, AMV) es un virus perteneciente al género Alfamovirus que puede infectar a un amplio número de especies de leguminosas (Sepúlveda, 2008).

Esta enfermedad fue descrita, por primera vez en el año 1949 afectando a los frejoles en el estado de Washington, Estados Unidos, donde se describió su sintomatología como un moteado en las hojas, por lo cual se le llamó 'punto amarillo'. En Chile, este virus fue detectado en el año 1992, afectando siembras de frejol en las regiones Metropolitana y O'Higgins (Sepúlveda et al., 2001).

En las temporadas 1993 y 1994, se realizó una prospección en campos de frejoles de las regiones de Valparaíso y O´Higgins, donde se colectaron 173 muestras de plantas afectadas por diferentes síntomas virales. Las plantas fueron sometidas a pruebas de ELISA con un antisuero específico para el virus. Los resultados indicaron que el virus estaba distribuido en toda esta zona productora de frejol, con una frecuencia de un 2 a un 4 % (Morales et al., 2001; Sepúlveda et al., 2001).



Fuente: Paulina Sepúlveda.

Foto 18. Virus del mosaico de la alfalfa (AMV) en frejol al estado vegetativo.

Otras determinaciones de virosis realizadas entre las regiones de Coquimbo a Biobío durante las temporadas 2012 y 2014, en muestras tomadas al azar de plantas de frejol con y sin síntomas indicaron que en la región de O'Higgins presentó un 66,7 % de virus del mosaico común mientras que, en la región del Maule, un 66,7 % de las muestras fueron positivas a CMV. En la región Metropolitana se presentó con un mayor porcentaje de muestras positivas el AMV (17,9 %), mientras que el mosaico amarillo se presentó mayoritariamente en la región del Maule en un 40,4 % de las muestras (Sepúlveda y Mora, 2014).

Los principales síntomas de la enfermedad son: un amarillamiento foliar intenso de las hojas, una necrosis interna y externa de los tallos y vainas deformadas con presencia de lesiones circulares necróticas (Foto 18) (Sepúlveda, 2008).

El virus se transmite por insectos en forma no persistente y no por semilla en el caso de Chile. Al igual que los otros virus del frejol, se puede transmitir artificialmente por frotación mecánica (Sepúlveda, 2008).

No existen variedades resistentes y el control de los vectores no es eficiente (Sepúlveda, 2008).

Nodo rojo del frejol

La enfermedad es producida por el virus de la raya del tabaco (*Tabacco streak virus*, TSV), tiene un rango de hospederos de más de 200 especies y fue descrita recientemente en la región del Maule (Madariaga y Ramírez, 2019).

La presencia del virus se caracteriza por presentar un color rojizo en los puntos de unión de los pecíolos desde las hojas a los tallos, en ataques más severos se puede observar una línea rojiza en las venas de las hojas y la presencia de anillos de color marrón en las vainas. Las plantas afectadas se presentan atrofiadas y con muy poca o nula producción de grano (Madariaga y Ramírez, 2019) (Foto 19).



Fuente: Madariaga y Ramírez, 2019.

Foto 19. Vainas de frejol con daño del virus del nodo rojo del frejol.

Las principales vías de diseminación son los vectores (trips), semilla y polen (Madariaga y Ramírez, 2019).

El control de la enfermedad es complejo, debido a las variadas formas de diseminación. Lo más recomendable son medidas culturales: control de malezas hospederas del virus, monitoreo y control de insectos y el uso de semilla certificada libre de virus (Madariaga y Ramírez, 2019).

Técnicas de identificación de virus

Los métodos más utilizados en la detección de virus en INIA ha sido la prueba de ELISA (Enzyme-Linked Inmunosorbent Assay), la microscopía electrónica y la prueba de ARN-dh. La prueba de ARN-dh se puede aplicar en hojas (material fresco o deshidratadas, o congeladas) y en semillas. El uso de esta tecnología permitió detectar la presencia del virus del mosaico del pepino en un 66,0 % y en un 33,0 % del mosaico común y amarillo de las muestras de hojas deshidratadas que estaban almacenadas por 10 años. Estos resultados permitieron concluir que la presencia del mosaico pepino podría estar afectando al frejol desde al menos el año 1983 (Sepúlveda, 1995), aún cuando había sido reportado sólo en el año 1993 (Sepúlveda, 1993). Para la detección de virus en semillas se utilizó un tamaño de muestra de 20 a 40 semillas (Sepúlveda y López, 1997).

Enfermedades causadas por nemátodos

En Chile, se han identificado dos géneros de nematodos que atacan al frejol: *Meloidogyne* y *Pratylenchus* (Ziver et al., 1973; Álvarez et al., 1981) (Foto 20).



Fuente: Schwartz, 1978.

Foto 20. Presencia de agallas y lesiones en la raíz, producto del daño causado por nematodos.

Nematodo del nudo de la raíz (*Meloidogyne* spp.)

Se encuentra distribuido desde la localidad de Arica a Los Ángeles, sin embargo, las regiones de mayor importancia son la de Coquimbo, Valparaíso y Metropolitana (Ziver et al., 1973) (Foto 20).

Los nemátodos son especies endoparásitos, es decir, se alimentan de las raíces de sus huéspedes, pero si no lo encuentran pueden morir por falta de alimento. Los machos son móviles y las hembras son sedentarias. Los principales síntomas de las plantas atacadas por este nematodo son: plantas débiles con escaso crecimiento y tendencia a marchitarse en días calurosos. Las raíces infestadas producen nudos o agallas que en casos de ataques fuerte reducen considerablemente

el rendimiento (Foto 21). Algunas de las medidas de control son el uso de barbechos, control de las malezas huéspedes y rotación de cultivos con trigo, maíz, algunas especies forrajeras (Álvarez et al., 1981).



Fuente: Paulina Sepúlveda.

Foto 21. Nematodo del nudo de la raíz.

Nemátodo de las lesiones radiculares (*Pratylenchus* spp.)

Es un parásito obligado que ataca interna y externamente la raíz del frejol y se moviliza dentro del tejido atacado. Todos los estados larvarios, incluido el adulto, pueden dañar a las raíces. Su sintomatología y tipo de control es similar al descrito para el nematodo del nudo de la raíz (Álvarez et al., 1981).

Anormalidades genéticas

Ocasionalmente las plantas de frejol presentan anormalidades genéticas producto de mutaciones, incompatibilidades cromosómicas o irregularidades citoplasmáticas. Estas anormalidades se pueden presentar como plantas albinas, las que mueren después de la emergencia o como variegaciones foliares con presencia de un mosaico de manchas verdes, amarillas o blancas (Foto 22).



Fuente Schwartz, 1978.

Foto 22. Anormalidades genéticas en hojas de frejol.

Referencias

Acuña, R. 1989. *Xanthomonas campestris* pv. *phaseoli*. Informativo Fitosanitario Año VIII Nº 2. Servicio Agrícola y Ganadero, Departamento de Diagnóstico y Vigilancia, División Protección Agrícola. Santiago, Chile. 2p.

Acuña, R. 1993. *Pseudomonas syringae* pv *phaseolicola* (Burkh). Informativo Fitosanitario Año X Nº 6. Servicio Agrícola y Ganadero, Departamento de Diagnóstico y Vigilancia, División Protección Agrícola. Santiago, Chile. 2p.

Álvarez, M. 1965. Determinación de la resistencia por hipersensibilidad al mosaico común del frejol *Phaseolus virus 1*. Agric. Téc. (Chile) 25(3):114-118.

Álvarez, M. 1977. Determinación de hipersensibilidad al mosaico común del frejol en hojas amputadas y factores genéticos que condicionan la herencia. Agric. Téc. (Chile) 37(1):19-25.

Álvarez, M., Cafati, C., Gerding, M., et al. 1981. Plagas y enfermedades del frejol. Instituto de Investigaciones Agropecuarias. Estación Experimental La Platina. Santiago, Chile. Bol. Téc. N° 43. 60p.

Álvarez, M., Prieto, F. 1964. El 'mosaico común' del frejol. El Campesino (Chile) 96(9):50-55.

Álvarez, M., Sepúlveda, P. 1982. Determinación de una raza necrótica del virus del mosaico común del poroto en Chile. Agric. Téc. (Chile) 42(1)61-66.

Álvarez, M., Ziver, A. 1965. El 'strain' N.Y. 15 del mosaico común del frejol en Chile. Agric. Téc. (Chile) 25(4):171-172.

Bascur, G., Cafati, C. 1977. Cristal Blanco Fénix: Nueva variedad de frejol producida por el INIA. Inv. Progr. Agric. INIA (Chile) 9(1):52-53.

Beemster, B. 1964. Enfermedades de virus de ciertos cultivos en Chile. FAO. Informe 1812. Santiago, Chile.

Bruna, A. 1967. Estudio de los factores hereditarios que condicionan la resistencia del frejol (*Phaseolus vulgaris*) al mosaico común (*Phaseolus virus* 1). Memoria de título para optar al grado de Ingeniero Agronomo. Facultad de Agronomía, Universidad de Chile. 88 p.

Bruna, A., Urbina, C. 1976. Presencia del virus mosaico amarillo del frejol en Chile. Agric. Téc. (Chile) 36(1):19-25.

Cafati, C. 1968. Inoculación de frejoles con *Phaseolus virus 1* a partir de harina de semillas de plantas enfermas. Agric. Téc. (Chile) 28(3):130-131.

Cafati, C. 1973. Enfermedades del frejol. Inv. Progr. Agric. INIA La Platina (Chile) 5(1):15-16.

Cafati, C., Álvarez, M. 1975. Mejoramiento en frejoles (*Phaseolus vulgaris* L.) para resistencia al mosaico común (*Phaseolus virus 1*) y su strain N.Y. 15. Agricultura Técnica (Chile) 35 (1): 152-157.

Cafati, C., Bascur, G., Guglielmetti, H. 1976. Reacción de variedades y de líneas de cruzamiento de frejoles frente al mosaico amarillo del frejol. Agric. Téc. (Chile) 36(4):183-185.

Cafati, C., Kimati, H. 1972. Reacción de variedades de frejol a *Xanthomonas phaseoli* (E.F. Sm.) y *Xanthomonas phaseoli* var. *fuscans* (Burk) Starr y Burk. Agric. Téc. (Chile) 32(3):153-160.

Cafati, C., Seattler, A. 1980. Inmovilización de *Xanthomonas phaseoli* (E.F. Smith) Dowson en hojas de frejol Tepary (*Phaseolus acutifolius*) resistente a la bacteriosis o tizón común. Agric. Téc. (Chile) 40(2):58-62.

Chacón, M. 2005. Determinación de bacterias fitopatógenas asociadas a semillas de poroto (*Phaseolus* spp.) comercializadas por pequeños productores de la comuna de Valdivia (X Región). Tesis presentada como parte de los requisitos para optar al grado de Licenciado en Agronomía, Univ. Austral de Chile. Valdivia, Chile. 94p.

Donoso, A., Madariaga, M. 2024. Prevención de virosis aumenta el rendimiento en el cultivo de poroto (Parte 2). Instituto de Investigaciones Agropecuarias, INIA. Informativo INIA La Platina (Chile) N°55. 4p.

Dubin, H., Ciampi, L. 1974. *Pseudomonas phaseolicola* en Chile. Fitopatología (Perú) 9(2):91-92.

France, A. 1983. Patología de la semilla y enfermedades radiculares del poroto. Plantas sanas producen un buen rendimiento. Inv. Progr. Agrop. Quilamapu (Chile) 18:21-25.

France, A., Paredes, M. 1987. El mosaico común del poroto. La principal enfermedad del cultivo. Inv. Prog. Agrop. Quilamapu (Chile) 34:20-24.

Gacitúa, S., Valiente, C., Díaz, K., et al. 2009. Identification and biological characterization of isolates with activity inhibitive against *Macrophomina phaseolina* (Tassi) Goid. Agric. Téc. (Chile) 69(4):526-533.

Guglielmetti, H. 1973. Pintos Dorados, nueva variedad de frejol para consumo interno seco. Inv. Progr. Agric. La Platina (Chile) 5(1):17.

Herrera, G. 1983. Enfermedades del poroto causadas por virus, mosaico común y mosaico amarillo Inv. Prog Agrop. La Platina (Chile) 19:10-13.

Herrera, G., Bascur, G. 1986. Bases del programa de mejoramiento genético del poroto en el INIA. Agric. Téc. (Chile) 46(2):203-207.

Herrera, G., Sepúlveda, P. 1984. Una nueva raza del virus del mosaico amarillo del poroto. Inv. Progr. Agrop. La Platina (Chile) 26:19-20.

Herrera, G., Sepúlveda, P. 1986. Determinación de una nueva raza del virus del mosaico amarillo del frejol en Chile. Agric. Téc. (Chile) 46(2):137-142.

Instituto de Investigaciones Agropecuarias, INIA. 1970. Frejol (pp.32-48.) En Investigación agropecuaria. Instituto de Investigaciones Agropecuarias, INIA. Santiago, Chile. 446p.

Kramm, V. 1982a. El mosaico común del poroto. Inv. Prog. Agrop. Quilamapu (Chile) 13:18-19.

Kramm, V. 1982b. Variedades mejoradas de frejol para grano seco. Ventajas de su uso. Inv. Progr. Agrop. Quilamapu (Chile) 13:15-17.

Latorre, B., Cafati, C. 1973. Presencia del tizón ceniciento del tallo del frejol (*Macrophamina phaseoli* (Maubl.) Ashby, en cultivos de la zona central. Agric. Téc. (Chile) 33(1):20-24.

Madariaga, M., Donoso, A., Sepúlveda, P. 2024. Prevención de virosis aumenta el rendimiento en el cultivo de poroto (Parte 1). Instituto de Investigaciones Agropecuarias, INIA. Informativo INIA. La Platina (Chile) N°55. 4p.

Madariaga, M., Ramírez, I. 2019. Nodo rojo del frejol. Virus de la raya del tabaco. Ficha Téc. N° 07. Instituto de Investigaciones Agropecuarias, INIA. Santiago, Chile. 2p.

Montealegre, J., Esterio, M. 1989. Presencia de *Sclerotium rolfsii* Saac, en siembras de porotos (*Phaseolus vulgaris* L.) en la V región de Chile. Agric. Téc. (Chile) 49(1)66-68).

Morales, F., Castaño, M., Sepúlveda, P. 2001. Detección del virus del mosaico de la alfalfa en regiones productoras del frejol (*Phaseolus vulgaris* L.) en Chile. Agric. Tec. (Chile) 61(3):379-384.

Mujica, F. 1952. Razas fisiológicas y susceptibilidad varietal de los frejoles chilenos a la antracnosis. Agric. Téc. (Chile) 12(1):37-45.

Mujica, F. 1957. Estudios sobre esclerotiniosis. Agric. Téc. (Chile) 15(2):64-74.

Mujica, F., Vergara, C. 1945. Flora fungosa chilena. Impr. Stanley, Santiago, Chile.

Paredes, M., Tay, J., France, A., et al. 1987. Programa promoción frejoles de exportación. Convenio INIA-ProChile-Odepa. Serie Quilamapu Nº 2. Instituto de Investigaciones agropecuarias, INIA Estación Experimental Quilamapu. Chillán, Chile. 34p.

Pinto, A. 1969. Bacteriosis o tizón común del frejol en Chile. Agric. Téc. (Chile) 29(1):14-20.

Pinto de Torres, A., Ziver, A., Cafati, C. 1969. Bacteriosis del frejol en Chile. Simiente 39(1/3)42.

Quiroz, C., Sepúlveda, P., Tapia, F. 1983. Enfermedades y plagas del poroto. Inv. Progr. Agrop. La Platina (Chile) 19: 14-19.

Quiroz, C., Sepúlveda, P., Tapia, F., et al. 1986. Enfermedades y plagas en el cultivo del poroto. Inv. Progr. Agrop. La Platina 37:38-43.

Schwartz, H. 1978. Enfermedades causadas por plantas (pp. 8-19). En H. Schwartz, G. Gálvez, A. van Schoonhoven, et al. (eds.). Problemas de campo en los cultivos de frijol en América Latina. Centro Internacional de Agricultura Tropical, CIAT. Cali, Colombia. 136p.

Sepúlveda, P. 1993. Nuevos virus afectan al cultivo del poroto en Chile. Inv. Prog. Agrop La Platina (Chile) 74:30-33.

Sepúlveda, P. 1995. Detección de virus en material vegetal deshidratado por medio de ARN viral de doble hebra. Agric. Téc. (Chile) 55(2):170-175.

Sepúlveda, P. 2008. Enfermedades del frejol. Instituto de investigaciones Agropecuarias, INIA. La Plantina (Chile). 26p.

Sepúlveda, P., Herrera, G., Piña, C. 1987. Mosaico amarillo del frejol. Puede disminuir el rendimiento hasta un 70 % por planta. Inv. Progr. Agrop. La Platina (Chile) 39:27-28.

Sepúlveda, P., López, L. 1997. Uso de la prueba de ARN viral de doble hebra (ARN-dh) en la detección de virus en semilla de frejol (*Phaseolus vulgaris* L.) Agric. Téc. (Chile) 57(1):1-7.

Sepúlveda, P., Meneses, L. 1995. Aumentan los virus de poroto en Chile. Tierra Adentro (Chile) 1: 30-33.

Sepúlveda, P., Meneses, L., Soza, P. 1993. Los virus del poroto. Distribución e incidencia en siembras en las regiones V y Metropolitana. Inv. Prog. Agrop. La Platina (Chile) 77: 26-27.

Sepúlveda, P., Morales, F., Castaño, M. 2001. Detección del virus del mosaico de la alfalfa en regiones productoras de frejol (*Phaseolus vulgaris* L.) en Chile. Agric. Téc. (Chile) 61(3):379-384.

Sepúlveda, P., Mora, R. 2014. Incidencia del complejo de virus del poroto en el país: Prospección y diagnóstico (pp. 49-62). En: Bascur, G.; Pino, M., González, M. (eds.). 2014. Santiago, Chile. Instituto de Investigaciones Agropecuaria. Boletín INIA Nº 287. 146 p.

Sepúlveda, P., Navarrete, F. 1996. Empleo del aceite en la reducción de la transmisión de virus por áfidos en frejol (*Phaseolus vulgaris L.*). Agric. Téc (Chile) 56(2):99-106.

Tay, J., France, A., Paredes, M. 1986. New Chilean cultivars: Cuyano INIA, Araucano INIA y Suaves INIA. Annu. Rep. Bean Improv. Coop. 29:134.

Tollenar, H., Valdevenito, R., Guglielmetti, H. 1973. Informe técnico interno del Instituto de Investigaciones Agropecuarias, sobre mosaico amarillo en frejol. Estación Experimental Quilamapu. Chillán, Chile.

Ziver, A., Álvarez, M. 1967. Ensayo comparativo de semillas seleccionadas en plantas libres de *Phaseolus virus 1* versus no seleccionadas de variedades susceptibles. Simiente (Chile) 37(5/6):33.

Ziver, A., Álvarez, M., Cafati, C. 1971. 'Titan', nueva variedad de frejol bayo para consumo en grano seco. Simiente (Chile) 41(3-4):53-54.7

Ziver, A., Álvarez, M., Cafati, C., et al. 1972. 'Apolo', nueva variedad de porotos para consumo en verde [en línea]. Santiago: Inv. Progr. Agríc. (Chile) Disponible en: https://hdl.handle.net/20.500.14001/38480 (Consultado: agosto 2025).

Ziver, A., Ramírez, A., Sotomayor, I., et al. 1973. Manual del frejol. Instituto de Investigaciones Agropecuarias, INIA. Santiago, Chile. 71p.





Índice

SECCIÓN VII

Recomendaciones y sugerencias







Capítulo 17. Principales factores a considerar en la producción de frejol

Mario Paredes C., Viviana Becerra V., Felipe Valderrama Z.

En forma comercial el frejol se cultiva en el valle central del país, bajo condiciones de riego, debido a las buenas condiciones climáticas. Sin embargo, esta zona posee algunas limitaciones en su potencial productivo como el bajo contenido de nitrógeno de los suelos, la baja disponibilidad de agua y la limitación de fósforo en los suelos trumaos en la zona centro sur del pais. Además de esta limitaciones, actualmente estos suelos agrícolas están sometidos a una alta presión urbana y casi un 20 % de ellos presenta problemas de erosión (Novoa y Villaseca, 1985). Todo lo cual, hace necesario aumentar los niveles de productividad de los cultivos para abordar la creciente demanda por alimentos de la población actual y futura (Novoa, 1985).

Por otro lado, la escasa cantidad de lluvias, su estacionalidad y duración hacen necesario regar el cultivo de frejol en toda su zona de producción comercial. Adicionalmente, a este problema desde el río Aconcagua al sur, existe preocupación por la contaminación antrópica y de metales de los recursos hídricos disponibles, producto de la situación minera del país (González, 1986).

Rotaciones. El frejol es susceptible a un número importante de patógenos del suelo (*Rhizoctonia*, *Phytium*, *Sclerotinia*), por lo cual se recomienda un sistema de rotaciones de tres a cuatro años lo que, puede reducir el riesgo del ataque de estas enfermedades.

Por otro lado, se recomienda sembrar frejol como cabecera de rotación, debido a que, el laboreo del suelo y el control de malezas que se debe realizar antes y durante el cultivo, ya que el suelo bastante limpio de malezas para el próximo cultivo de la rotación. Además, por ser una leguminosa mejora los niveles de fertilidad del suelo y facilita la incorporación al suelo de la escasa cantidad de rastrojo que queda después de la cosecha (Mera y Rouanett, 2003, Urzúa, 2005, Espinoza et al., 2012). Por otro lado, es un cultivo que tiene un corto periodo de crecimiento comparado en el maíz, la remolacha y la achicoria, lo que facilita su incorporación en una rotación con algún cereal como trigo u otro cultivo.

Algunos posibles ejemplos de rotación son: Frejol-trigo-remolacha-(maravilla, papa); Frejol-maíz-remolacha-(maravilla); u otra de acuerdo a las necesidades del agricultor y posibilidades de la zona.

Elección de suelos. El frejol se desarrolla bien en un amplio tipo de suelos, sin embargo, los más adecuados son aquellos que, poseen una profundidad mediana (mayor a 50 cm), un buen drenaje, textura franca, buen contenido de materia orgánica y fertilidad. El frejol no se adapta bien a suelos con un pH ácido o alcalino (Novoa y Villaseca, 1985; Villaseca y Novoa, 1988), compactados, muy arcillosos y con otras limitaciones en el perfil del suelo, como pedregosidad o un nivel freático alto.

En suelos arcillosos y con un alto contenido de humedad, se suele observar daño en el crecimiento de las raíces por falta de oxígeno y/o presencia de hongos que producen pudrición de raíces, con la consiguiente reducción de la población de plantas y un menor rendimiento. En condiciones de altas temperaturas, el exceso de humedad superficial en el suelo puede producir escaldadura en las plantas, por lo cual es importante mantener una buena nivelación del suelo.

Preparación del suelo. La preparación del suelo puede empezar con un barbecho químico, con una aplicación de Glifosato en dosis de 2,0 l ha^{-1} (Round Ultra Max, Rango Full, Panzer Gold) para eliminar las malezas invernales. Posteriormente, esta labor puede continuar con la incorporación de la materia orgánica al suelo, mediante un rastraje para reducir el tamaño de los terrones, y el paso de equipos livianos para eliminar las nuevas malezas y obtener una buena cama de semilla, es decir, un suelo firme, mullido y libre de malezas (Foto 1). Un suelo con muchos terrones dificultara la siembra y la incorporación de los herbicidas posteriormente (Aeschlimann et al., 1979; Faiguenbaum, 1988; 2003a; c).



Foto 1. Preparación de suelo: barbecho químico, cincelado y rastraje del suelo.

Época de siembra. Existen varios factores que es necesario tomar en cuenta para realizar la siembra, por ejemplo, la temperatura y la humedad del suelo, la precocidad de la variedad, entre otros. En relación a la temperatura es necesario tomar en cuenta que, la planta de frejol es susceptible a las heladas y que las bajas temperaturas del suelo retardarán el proceso de germinación y emergencia de las plántulas, lo que puede favorecer el ataque de patógenos y una reducción de la población de plantas.

Experimentos realizados indican que, el suelo debe tener alrededor de 10 a 12 °C al momento de la siembra, lo que implica sembrar en el mes de octubre en la zona centro norte del país, la segunda quincena de octubre en la zona de Talca y Linares y la primera quincena de noviembre en Chillán y los Ángeles (Tay et al., 2005). Se recomienda también realizar siembras en la segunda quincena de septiembre en la región de Valparaíso y Metropolitana; primera quincena de octubre en la región de Maule, segunda quincena de octubre para las regiones de Ñuble y Biobío y a fines de octubre y primeros días de noviembre en la región de la Araucanía (Faiguenbaum, 1988; 2003b; c). Otro aspecto importante a considerar, al elegir la época de siembra es la variedad, es recomendable sembrar temprano las variedades tardías para evitar problemas de lluvias tempranas, disminuciones de la temperatura y aumento de la humedad ambiental a la cosecha, especialmente en la zona centro sur y sur del país. Por otro lado, sembrar una variedad precoz puede permitir evitar problemas de escasez de agua de riego en el periodo crítico de llenado del grano, y manejar de mejor manera la disponibilidad de maquinaria y fecha de la cosecha.

Para realizar la siembra es muy importante tener un buen contenido de humedad en el suelo, lo cual facilitará una rápida germinación, emergencia y establecimiento del cultivo. Siembras realizadas en un suelo con poca humedad, producirán una emergencia desuniforme y una baja población. La baja población puede ser el resultado de la ruptura del hipocótilo al tratar de romper el suelo seco, de una elongación excesiva del hipocótilo o de un crecimiento debilitado

producto del gateo en la búsqueda de un lugar adecuado para emerger (Foto 2). En este sentido, un riego superficial posterior a la siembra puede producir una compactación superficial del suelo que dificultará la emergencia. Sin embargo, un riego por aspersión podría mejorar la humedad del suelo y para evitar la compactación superficial o encostramiento.



Foto 2. Plántulas con diferentes problemas en la emergencia.

Una siembra temprana puede permitir realizar una 'segunda siembra' en el año, en la zona centro norte, después de la cosecha de un cereal como el trigo, siempre y cuando se disponga de una variedad precoz o semi precoz (Bascur y Tapia, 1988); sin embargo, realizar una segunda siembra en la zona sur es una tarea mas compleja debido a las condiciones climáticas y la ausencia de variedades precoces (del Canto y otros, 1987; del Canto y otros, 1988).

Aplicación de herbicidas de presiembra. Una vez preparado el suelo se aplica el herbicida de presiembra, el cual debe ser incorporado con un rastraje liviano, para posteriormente realizar la siembra. Para el control de malezas de hoja angosta y algunas malezas de hoja ancha se recomienda aplicar los herbicidas S-Metolacloro + Trifluralina (Dual Gold + Triflurex 48 EC) en dosis de 2 + 1,5 l ha^{-1}, respectivamente.

Desinfección del suelo y la semilla. Previo a la siembra es muy importante desinfectar la semilla. En la semilla existen hongos en la parte interna y externa que, la pueden dañar durante la germinación y la emergencia de la plántula. La contaminación con hongos se puede producir durante el cultivo, la cosecha o el almacenaje. Los hongos frecuentemente detectados en semillas son: *Rhizoctonia solani* Kuhn, *Rhizopus stolonifer* Lind., *Botrytis cinerea* Pers., y *Fusarium oxysporum* Schlecht y otros géneros de hongos saprófitos (Nitsche y Cafati, 1985); *Penicillium*, *Rhizopus*, *Alternaria*, *Mucor* y *Aspergillus* y en el suelo, *Rhizoctonia*, *Fusarium* y *Pythium* (INIA, 1970; France, 1983).

El control de estas enfermedades se debe comenzar con la compra de semilla certificada o uso de semilla de buena calidad. Si el agricultor no puede comprar semilla y produce su propia semilla debe tener varios cuidados como: elegir un potrero o parte de un potrero donde producirá la semilla, sembrar una pequeña cantidad de semilla de buena calidad, cosechar temprano y con buena humedad del grano, para evitar la contaminación con hongos patógenos y saprófitos que se presentan antes y después de la maduración de la semilla. Es aconsejable cosechar plantas cuyas vainas no hayan estado en contacto con el suelo, eliminar las plantas enfermas, y utilizar la maquinaria adecuada a la cosecha para evitar golpes de la semilla (France, 1983). Otra medida

de control de los patógenos es la desinfección de semilla con fungicidas e insecticidas (Foto 3) para prevenir el ataque de hongos que producen pudriciones de semilla, caída de plántula y ataques de insectos como la larva de la mosca del poroto (*Delia platura*) (INIA, 1970; France, 1983; Nitsche y Cafati, 1983; Paredes et al., 1987; Faiguenbaum, 1988; 2003c; Tay et al., 2005).

Para la desinfección de la semilla se puede utilizar una mezcla de fungicida Fludioxonilo + Metalaxil-M (Celest XL 035FS) más el insecticida Tiametoxam (Cruier 350 FS) o Force en dosis de 200 cc + 150 cc /100 kg de semilla. Este tratamiento se puede realizar en forma manual o con máquina.



Foto 3. Desinfección de semilla de frejol.

Sistemas de siembra. En el país se han evaluado diferentes sistemas de siembra como el tradicional, complementado con una aporca, en camellones y en platabanda, donde no se han detectado diferencias significativas en el rendimiento (INIA, 1970).

La siembra del frejol se realiza a 'chorro continuo', en forma manual o con máquina sembradora (Foto 4), a una profundidad entre 4 a 6 cm, dependiendo de la humedad del suelo al momento de la siembra y tamaño de la semilla. El suelo después de la siembra debe quedar firme, pero no compactado para facilitar una buena germinación y emergencia de las plántulas (Aeschlimann et al., 1979; Faiguenbaum, 1988; 2003c).

En siembras de superficies pequeñas de la zona centro sur, es posible observar siembras de frejol por 'golpe', que consiste en abrir un surco con un arado liviano tirado por caballos, dentro del surco se siembran entre 4-8 granos en un punto ('golpe'), a una distancia de 30 cm de otro 'golpe' sobre la hilera y a 40 ó 50 cm entre hilera. Este sistema de siembra, favorece el trabajo manual del cultivo y uso de variedades postradas y con guías.

Un factor importante en la siembra es la regulación de la máquina sembradora, para obtener la densidad de plantas recomendada para la variedad. Es importante seleccionar los platos o discos sembradores adecuados y verificar la regulación de la máquina, antes de la siembra.

La regulación de la máquina, se puede verificar haciendo un recorrido a la velocidad de trabajo de la máquina una distancia determinada que, multiplicado por el ancho de las hileras o de la máquina nos dará la superficie en m^2 y luego contar el número de granos caídos en cada

hilera, para obtener un promedio de los granos caídos. Posteriormente, se multiplica el número de granos caídos por un factor y luego se multiplica por 10 mil. El factor en siembras a 0,50 m de distancia entre hileras es 2,0; a 0,60 m entre hileras es 1,67 y a 0.70 m entre hileras es 1,43 (sugerencia: revisar el manual del operador específico para cada tipo de máquina).



Foto 4. Siembra mecanizada de frejol.

Densidad de población. La densidad de plantas óptima para el cultivo del frejol va a depender del hábito de crecimiento, tamaño del grano de la variedad a utilizar, calidad de la semilla, época de siembra y humedad del suelo (Ziver, 1956; Guglielmetti, 1962; Ziver et al., 1973; Guglielmetti et al., 1977; Aeschilemann et al., 1979; Faiguenbaum, 2003c; Paredes et al., 1987; Tay et al., 1997; Tay et al., 2005). Estudios realizados en el país y en el extranjero señalan que las poblaciones óptimas varían entre 220 a 250 mil plantas ha^{-1}, en variedades de hábito de crecimiento tipo II y III.



Foto 5. Densidad de plantas en una siembra de frejol.

La distancia entre hileras recomendada varía entre 40 a 70 cm, lo que va a depender del sistema de siembra, variedad y hábito de crecimiento y del equipo a usar en el control de malezas. En general, una menor distancia va aumentar el rendimiento y favorecer un mejor control de malezas, especialmente en variedades de hábito de crecimiento arbustivo o semi arbustivo. La distancia entre hileras debe permitir el paso del tractor y cultivador para realizar un control mecánico de las malezas y los surcos de riego, si se va regar por surcos (Foto 5).

Siembras mecanizadas de variedades arbustivas o semi arbustivas y con un control de malezas con herbicidas, se siembran generalmente a 50 a 60 cm entre hileras (Foto 5). La distancia sobre la hilera puede fluctuar entre 4,5 a 7 cm, dependiendo de la dosis de semilla y distancia entre hileras (Paredes et al., 1987).

Para la siembra de la variedad 'Zorzal-INIA' se recomienda una dosis de semilla de 100 a 120 kg ha^{-1} sembrada a 40-60 cm (Foto 6), lo que puede dar una densidad de aproximadamente 220 a 240 mil plantas ha^{-1} (INIA, 2018). La cantidad de plantas por metro lineal para variedades arbustivos debería fluctuar entre 14 a 16 y para variedades postradas entre 11 y 14 plantas por metro lineal (Faiguenbaum, 2003c).

La dosis óptima de plantas para la variedad 'Coscorrón' es de 10 plantas m^{-2}, para 'Red Kidney' 14' plantas m^{-2} y para 'Tórtola' 18 plantas m^{-2}, lo que está relacionado también con el tamaño o calibre de la semilla. Por ejemplo, en el caso de la variedad 'Coscorrón' un kilo de semilla de 9 mm posee 1.500 granos, de 8,25 mm contiene 1.900 granos y de 6 mm contiene 2.200 granos, por lo cual, en el caso de la variedad 'Coscorrón' es recomendable sembrar alrededor de 100 kg de semilla ha^{-1}, para tener una población de 200 mil ha^{-1} (Alamos, 1963).

Clases comerciales, variedades. Las variedades del frejol se pueden dividir de acuerdo a su hábito de crecimiento (I, II, III y IV), precocidad (precoces, semi-precoces y tardías), uso (consumo en verde, granados y seco) y destino de su producción (consumo nacional y exportación). En las variedades de consumo verde se distinguen aquellas que poseen vainas tableadas y aquellas con vainas redondas, consumo fresco o congelado. En general, las variedades destinadas a granados (vainas de color rojo intenso con un jaspeado verde claro, granos y caldo claro) que se utilizan también para grano seco (ej. var. tipo 'Coscorrón') (Paredes, 1994) (Foto 6).



Foto 6. Algunas clases comerciales de frejol comercializadas en Chile.

Las principales clases comerciales consumidas para grano seco en el país son 'Tórtolas' y 'Coscorrón' y otros tipos como 'Burros Argentinos', 'Cuyanos', 'Frutillas', 'Bayos', 'Pajaritos', entre otros, los que forman la raza Chile. Además, se siembran otras clases comerciales destinadas a la exportación como: 'Arroz', 'Negro pequeño', 'Great Northern', 'Pinto', 'Cranberry', 'Kidney', dependiendo de las condiciones del mercado internacional (Paredes, 1994; Tay et al., 1997) (Foto 6).

Una de las variedades tórtolas recomendadas para el consumo interno es 'Zorzal-INIA'. Las principales características de esta variedad son plantas, semi-erectas, con altura entre 50 a 60 cm, con guías de 30 a 35 cm, precocidad de 108-110 días de siembra a cosecha, uniformidad a madurez, rendimiento potencial de 4 t ha^{-1}, grano tipo tórtola (gris claro) es de forma arriñonada, con 3 a 5 vainas por vaina y un peso de 50,5 g por 100 granos, con buena calidad culinaria y tolerancia al mosaico común (INIA, 2018).

Actualmente, la empresa Tucapel mantiene un programa de compra de semilla de frejol tipo Tórtola (var. 'Zorzal-INIA'), basado en un contrato con el agricultor en que, se fija un precio, se entrega semilla, se asegura la compra del producto y entrega asistencia técnica (Foto 7).



Foto 7. Siembra de la variedad 'Zorzal-INIA'.

Fertilización. El frejol es una planta que hace una extracción moderada de nutrientes, comparada con el maíz y el trigo. Sin embargo, en el suelo donde se siembra frejol, el nitrógeno, fósforo y potasio no se encuentran en concentraciones adecuadas para obtener altos rendimientos, por lo cual, es necesario fertilizar la planta con estos nutrientes (Tay et al., 1997; Tay y Hirzel, 2011) (Foto 8).

El frejol es una planta perteneciente a la familia de las leguminosas, y que tiene la capacidad de entrar en simbiosis con rizobios específicos del suelo para obtener el nitrógeno, mediante el proceso de fijación. Por esta razón, se recomienda inocular la semilla con la cepa del *Rhizobium* adecuada (Guglielmetti et al., 1977). A pesar de ello, la planta de frejol no es capaz de satisfacer sus necesidades totales de nitrógeno, por lo cual, es necesario aplicar nitrógeno (90 kg de N ha^{-1}) para obtener altos rendimientos, especialmente cuando la concentración del nitrógeno en el suelo es baja (Rodríguez et al., 1995; Rodríguez, 2004; Tay y Hirzel, 2011) (Foto 8).





Foto 8. Fertilización NPK a la siembra y de nitrógeno posterior a la siembra.

Por otro lado, el fósforo es un elemento indispensable para algunos procesos fisiológicos de la planta. Los suelos nacionales presentan una deficiencia de este elemento, debido a su cultivo intenso, al origen volcánico y a la alta capacidad de fijación de fósforo de algunos suelos donde se siembra el frejol. Dada esta situación, es necesario aplicar fertilizantes fosfatados, en cantidades recomendadas por un análisis de suelo (Ziver et al., 1973; Guglielmetti et al., 1977; Aeschlimann et al., 1979; Paredes et al., 1987; Faiguenbaum, 2003c; Tay y Hirzel, 2011). La dosis generalmente recomendada es de 90 kg de P_2O_5 ha^{-1} (Tay y Hirzel, 2011).

El potasio, es también un elemento esencial en varios procesos fisiológicos de la planta. Debido al uso intensivo de los suelos del país, es más frecuente encontrar suelos con deficiencia de potasio en la zona central y sur del país. Por lo cual, es recomendable determinar el nivel de potasio, en base a un análisis de suelo, para suplementarlo si es necesario. En este caso, se han utilizado dosis entre 30 y 100 kg de K_2O ha^{-1}. Como regla general, en el caso de que el agricultor haya incorporado los residuos de la cosecha anterior al suelo, se puede usar un 70 % de la dosis sugerida para fósforo y un 40 % de la dosis sugerida para potasio (Tay y Hirzel, 2011).

Riego. La disponibilidad y calidad del agua en el suelo es un factor determinante en la producción de frejol, debido a que las precipitaciones son escasas durante el periodo de crecimiento y desarrollo del cultivo (González, 1986). En primer lugar, es muy importante tener una buena humedad en el suelo al momento de la siembra, para favorecer la germinación y emergencia de las plántulas, la absorción de nutrientes y contribuir a que los herbicidas de pre-siembra hagan un buen control de las malezas (Tay et al., 1997).

Estudios realizados en épocas de aplicación de riego, señalan que la planta de frejol es sensible al déficit hídrico durante la fase vegetativa y reproductiva, donde las pérdidas pueden alcanzar de un 20 a un 30 % del rendimiento (Miranda y Belmar, 1977; Tosso et al., 1981).

En general, es recomendable utilizar métodos de riego por surcos, uso de pivotes, carretes u otros equipos que contribuyan a un uso eficiente del agua (Gallardo, 1988; Ferreyra et al., 2001) (Foto 9). La frecuencia de riego va a depender del estado de desarrollo de la planta, condiciones climáticas, retención de la humedad del suelo, entre otros factores. Basado en estos factores, la frecuencia de riego en un suelo trumao de la zona centro-sur fluctúa entre los ocho y 15 días. Precipitaciones de 40 mm se podrían considerar como equivalente a un riego en un suelo trumao en la zona centro sur (Gallardo y Paredes, 1990; 1995; Tay et al., 1997).



Foto 9. Sistema de riego por aspersión en frejol.

Control de malezas. La presencia de malezas en el cultivo del frejol puede causar importantes pérdidas de rendimiento, debido a su competencia por agua, luz y nutrientes, ya que las malezas poseen una mayor velocidad de crecimiento y habilidad competitiva que las plantas del frejol. Las pérdidas de rendimiento pueden alcanzar un 80-85 % (Tay et al., 1997).

Las principales malezas que afectan al cultivo del frejol se presentan en el Cuadro 1.

Cuadro 1. Principales malezas presentes en el cultivo del frejol.

Maleza	*Nombre botánico*	Nombre común	Ciclo de vida	Importancia relativa
Monocotiledonea				
Cyperaceas	*Cyperus esculentus*	Chufa amarilla	Perenne	xxx
	Cyperus rotundus	Chufa colorada	Perenne	xxx
Poaceas	*Echinochloa crusgalli*	Hualcacho	Anual	xxx
	Digitaria sanguinalis	Pata de gallina	Anual	xxx
	Setaria verticillata	Pega-pega	Anual	xx
	Panicum capillare	Pasto de la perdiz	Anual	x
	Paspalum distichum	Chépica	Perenne	x

Poaceas	*Sorghum halepense*	Maicillo	Perenne	xxx
	Cynodon dactylon	Pasto bermuda	Perenne	xx
	Pannisetum clandestinum	Kikuyo, chépica	Perenne	x
Dicotiledonea				
Latifoliadas o de hoja ancha	*Bidens pilosa*	Asta de cabra	Anual	xx
	Bylderdikia convolvulus	Porotillo, enredadera	Anual	xx
	Polygonum aviculare	Sanguinaria	Anual	xxx
	Chenopodium album	Quinguilla	Anual	xxx
	Amaranthus hibridos	Bledo	Anual	xxx
	Amaranthus deflexus	Bledo	Anual	xxx
	Portulaca oleracea	Verdolaga	Anual	xxx
	Raphanus sativus	Rábano	Anual	xxx
	Pistrum rugosum	Yuyo, mostacilla	Anual	xx
	Convolvus arvensis	Correhuela	Perenne	xx
	Solanum nigrum	Tomatillo	Anual	xx
	Datura stramonium	Chamico	Anual	xxx
	Malva nicaensis	Malva	Anual	xx
	Anoda cristata	Malvilla	Anual	xx
	Naodora hastata	Malvilla	Anual	xx
	Biden aurea	Falso té	Perenne	xx
	Sonchus spp	Ñilhue	Anual	xx
	Modiola carolineana	Pila pila	Perenne	x

Fuente: (2) Ormeño, 1983; 1987(1); Nitsche, 1986a.

El periodo crítico de competencia de las malezas es entre los 40 y 60 días posteriores a la emergencia, por lo cual, es importante mantener el cultivo libre de malezas en este periodo. Sin embargo, la presencia de malezas tardías puede causar problemas al momento de la cosecha (Ormeño, 1983; Pedreros, 1994).

Existen tres métodos de control de malezas, cultural, mecánico y químico. La elección del método o combinación de éstos dependerá de factores como: tipo de malezas, condiciones ambientales, ecológicas, económicas y sociales de la explotación y tipo de suelo (Ormeño, 1981; Nitsche, 1986a; b; Pedreros, 2000).

Control cultural: Incluye prácticas como la eliminación de rastrojos o residuos del cultivo anterior, preparación del suelo, época de siembra, confección temprana de los surcos de riego, uso de trampas para capturar semillas a la entrada de los potreros, entre otros (Ormeño y Carrasco, 1999).

Control mecánico: Se refiere a la limpieza manual o al uso de herramientas manuales de tiro animal o mecánico (cultivador) para controlar las malezas. En el uso del cultivador, es necesario ajustar las patas y la profundidad de trabajo del equipo para evitar el daño a las plantas de frejol (Ormeño y Carrasco, 1999).

Control químico: Implica el uso de herbicidas que sean capaces de inhibir la germinación y el crecimiento de las malezas, ya sea en forma total o parcial, sin causar daño a las plantas del frejol (Ormeño, 1994; Pedreros y Tay, 2003; 2004).

Los herbicidas recomendados para el control de malezas en el cultivo del frejol se pueden clasificar en cuatro grupos, de acuerdo a la forma y época de aplicación (Ormeño, 1981; 1983; Pedreros y Tay, 2003, 2004).

- Herbicidas totales, de amplio espectro, usados en el barbecho químico (Glifosato).
- Herbicidas de pre-siembra incorporados (PSI) ej. S-Metolacloro, Trifluralina.
- Herbicidas de pre-emergencia (PRE): ej. Afalón, Tribunil.
- Herbicidas de post-emergencia (POST): ej. Basagrán, Fomesafeno, Centurión Super, H-1 Super.

Los herbicidas de pre-siembra incorporados son esencialmente graminicidas en las dosis recomendadas para el frejol. Son recomendados para el control de malezas como pata de gallina, pasto de la perdiz y pega-pega.

Los herbicidas de pre-emergencia (PRE) como Afalón, y Tribunil controlan muy bien las malezas de hoja ancha tales como: bledo, quinhuilla, verdolaga, chamico, tomatillo, entre otras.

Los herbicidas de post-emergencia (POST) como Basagrán, Fomesafeno, Aretit, Iloxán se aplican una vez que el cultivo y las malezas han emergido, corresponden a productos de contacto. Basagrán y Fomesafeno controlan sólo malezas de hoja ancha, H-1 Super, Centurión Super, controlan gramíneas anuales (Pedreros y Tay, 2003).

Programa de control químico de malezas en frejol. Barbecho químico: Previo a la preparación del suelo se recomienda realizar un barbecho químico con una aplicación de Glifosato en 2,0 l ha^{-1} (Round Ultra Max, Rango Full, Panzer Gold) .

Preparación del suelo: Se describió con anterioridad, el objetivo es eliminar las malezas invernales y preparar una buena cama de semilla. Se termina con la incorporación de herbicidas de pre-siembra.

Pre-siembra incorporado: Para el control de malezas de hoja angosta y algunas malezas de hoja ancha, se recomienda realizar una aplicación de herbicidas de pre-siembra incorporados con el último rastraje utilizando los herbicidas S-Metolacloro + Trifluralina (Dual Gold + Triflurex 48 EC) en dosis de 2 + 1,5 l ha^{-1}, respectivamente.

Pre-emergencia: Para el control de hoja ancha y angosta, se aplica inmediatamente después de la siembra, el herbicida Linurón (Linurex 50SC) en dosis de 1,5 l ha^{-1}.

Post-emergencia: Para el control de malezas de hoja ancha aplicar Fomesafeno, más un coadyuvante (Flex + induce pH) en dosis de 1 l ha^{-1} + 0,5 l ha^{-1}. Esta dosis se puede parcializar en dos aplicaciones, hasta una dosis total de 1,5 l ha^{-1} de Flex en la temporada. Se recomienda aplicar el herbicida cuando el frejol ha desarrollado su segunda y tercera hoja trifoliada y con malezas de 2 a tres hojas en activo crecimiento (Pedreros y Tay, 2003).

Para aplicación de malezas de hoja angosta se pueden usar varios herbicidas como, por ejemplo, Fluazifop (Hache Uno 2000) o Centurión Super, en dosis de 1 l ha^{-1}. Se aplica sobre malezas de 2 a 4 hojas de desarrollo (Pedreros y Tay, 2003).

Control de plagas y enfermedades en frejol. Las plagas más comunes y que pueden causar daño económico, son las que pueden atacar a la semilla en sus primeros estados de desarrollo, por lo cual es importante desinfectar la semilla antes de la siembra, en forma preventiva (Gerding y Quiroz, 1987; Quiroz, 1987).

Entre las plagas foliares que atacan al frejol, la polilla del frejol podría producir daños en hojas, pero también en la vaina y granos. Las larvas perforan las vainas y consumen los granos en formación, lo que puede causar grandes daños económicos en frejol destinado al consumo como vaina verde y granados (Quiroz et al., 1986) (Foto 10).



Foto 10. Enfermedades y plagas y de frejol.

La otra plaga importante que ataca el frejol es el bruco, su infestación puede ocurrir en el campo y principalmente en la bodega, donde la hembra ovipone sobre los granos almacenados, luego nacen las larvas que se introducen en los granos para alimentarse y posteriormente emergen los adultos desde los granos, dejando perforaciones visibles en ellos. Las pérdidas pueden ser cuantiosas, por lo cual, es muy importante realizar el control, mediante una fumigación en bodega, comparativamente, el control en el campo es poco efectivo (Dell´Orto et al., 1981; Quiroz et al., 1986) (Foto 10).

Las principales enfermedades foliares que atacan a la planta del frejol son diferentes tipos de virus, los cuales no tienen control químico (Sepúlveda y Navarrete, 1996). En el caso de los virus que se transmiten por semilla, como el mosaico común, es importante comprar semilla en lugares donde se siguió un proceso controlado del proceso de producción de semillas (Sepúlveda, 1993; Sepúlveda y Meneses, 1995) (Foto 10).

Otro tipo de enfermedades que pueden causar un daño económico es la esclerotinia, que se presenta cuando existe una alta humedad relativa, con temperaturas alrededor de 21°C. Este patógeno ataca tallos y vainas produciendo pudriciones y muerte de las plantas. Una manera de evitar el daño de la enfermedad, es realizar siembras con baja población de plantas para facilitar la ventilación, nivelar los suelos para evitar acumulaciones de agua y realizar rotaciones de cultivo de, por al menos tres años. Este hongo produce esclerosios, que corresponden a órganos de resistencia que permanecen en el suelo, por un largo tiempo y que pueden ser reactivados.

Cosecha. Como norma general se recomienda empezar la cosecha cuando el 80 a 85 % de las vainas están amarillas y el resto está en color verde limón y un pequeño porcentaje posee vainas verdes (Faiguenbaum, 2003b). En este estado las vainas están entre un 20 al 25 % de humedad (Foto 11). Si la cosecha se anticipa, los granos se pueden arrugar y se producirá una pérdida de rendimiento debido al menor peso y calidad del grano, y si atrasa, se producirán pérdidas por desgrane y partidura del grano al momento de la trilla (Ziver et al., 1973; Aeschlimann et al., 1979).



Foto 11. Estados de madurez del frejol a cosecha.

Métodos de cosecha. Actualmente la cosecha del frejol se realiza en varias etapas, debido a la imposibilidad de realizar una cosecha mecanizada, debido al hábito de crecimiento semi postrado y la desuniformidad de madurez de las variedades existentes en el país (Foto 12).



Foto 12. Cosecha mecanizada de frejol.

Los métodos de cosecha incluyen tres etapas: a) Arranca de la planta en forma mecanizada o manual, la que se realiza durante la noche o en las primeras horas del día, para evitar el desgrane de las vainas que están secas; b) Hilerado de las plantas arrancadas en forma mecanizada y/o en forma manual. En esta etapa es necesario dar vuelta las plantas (mecánica o con horquetas) para facilitar un secado uniforme de la planta; c) Trilla, una vez que la planta está seca, la máquina automotriz recoge las plantas desde las hileras en el caso de trilla mecánica, o se puede llevar las plantas secas a una 'cancha' o 'era' (terreno limpio, compacto y seco) en el caso de trilla semi mecanizada, para proceder a la trilla, con una máquina estacionaria, tractor o pisoteo de animales (Ziver et al., 1973; Aeschlimann et al., 1979).

El grano cosechado de la máquina se puede trasvasijar a un coloso para proceder al ensacado, o a un equipo que permita descargar los granos en maxi sacos para su transporte a las bodegas de almacenaje o receptoras de la industria. En este proceso es muy importante considerar que la humedad del grano debe ser de 14,5 % para ser aceptado por las plantas receptoras de la industria.

Trilla en 'era'. Este tipo de trilla tradicional se utiliza cuando el agricultor tiene pequeñas superficies y escasos recursos. Para realizar la trilla con animales o tractor, se procede a formar una parva en el centro de la 'era' de la cual se va retirando las plantas cosechadas en capas delgadas (40 -60cm) hacia la periferia de la parva para permitir el paso de los animales o tractor sobre ella. En el caso del uso del tractor, es conveniente usar cordones de plantas rectos para evitar las vueltas del tractor y el daño al grano. Una vez desprendidos los granos, se procede a separar las vainas vacías de los granos con horquetas. Los granos se retiran con palas especiales para dejarlos a un costado de la 'era', y continuar con la trilla. La limpieza de los frejoles se realiza por medio de un aventado que consiste en lanzar al aire el grano con palas especiales, donde el viento separa las impurezas del grano, por diferencia de peso (Ziver et al., 1973; Aeschlimann et al., 1979).

En el caso de utilizar una **trilladora estacionaria**, las plantas secas son introducidas a la máquina con horquetas directamente desde la parva. Es necesario revisar las regulaciones del cilindro, separación del cilindro-cóncavo, flujo del aire y su dirección como también el tipo y abertura de los harneros para obtener un producto de calidad, limpio y sin partiduras (Aeschlimann et al., 1979; Paredes et al., 1987).

Referencias

Aeschlimann, J., Álvarez, M., Cafati, C., et al. 1979. El cultivo del frejol. Programa de Leguminosas de grano. Estación Experimental La Platina, Instituto de Investigaciones Agropecuarias, Santiago, Chile. 38p.

Alamos, V. 1963. ¿Cuánta semilla en las siembras de porotos? El Campesino 95(7):57.

Bascur, G., Tapia, F. 1988. Después de trigo. Poroto en segunda siembra. Inv. Prog. Agrop. La Platina, https://hdl.handle.net/20.500.14001/34464 (Consultado el 14 de julio de 2025).

del Canto, P., Paredes, M., Gerding, M., et al. 1987. Producción de frejoles en segunda siembra después de trigo en la provincia de Ñuble. Trabajo presentado a las XXXVIII Jornadas Agronómicas. Linares, Chile. Simiente 57:90.

del Canto, P., Paredes, M., Manresa, J., et al. 1988. El frejol como alternativa de segunda siembra. En Perspectivas del cultivo del frejol. Inv. Prog. Agrop. Quilamapu (Chile) 7:35-41.

Dell´Orto, H., Tapia, F., Aeschlimann, J. 1981. Bruco del frejol. Inv. Progr. Agric. La Platina (Chile) 23-25p.

Espinoza, S., Ovalle, C., Zagal. E., et al. 2012. Contribucion of legume to wheat productivity in Mediterranean environments of Central Chile. Field Crops Res. 133:150-159.

Faiguenbaum, H. 1988. Frejol (pp. 229-254). En H. Faiguenbaum (ed.). Producción de cultivos en Chile. Cereales, leguminosas e industriales. Publicitaria Torrelodones, Santiago, Chile. 332p.

Faiguenbaum, H. 2003a. Labranza (pp. 1-40). En Labranza, siembra y producción de los principales cultivos de Chile. Ed. Ograma. Santiago, Chile. 760p.

Faiguenbaum, H. 2003b. Siembra (pp. 41-71). En Labranza, siembra y producción de los principales cultivos de Chile. Ed. Ograma. Santiago, Chile. 760p.

Faiguenbaum, H. 2003c. Frejol (pp. 472-533). En Labranza, siembra y producción de los principales cultivos de Chile. Ed. Ograma. Santiago, Chile. 760p.

Ferreyra, R., Selles, G., Uribe, H., et al. 2001. Método de riego (pp. 146-258). En I. Maldonado (ed.). Riego y drenaje, guía del extensionista. Instituto de Investigaciones Agropecuarias. Centro Regional INIA Quilamapu. Chillán, Chile. 327p.

France, A. 1983. Patología de la semilla y enfermedades radiculares del poroto. Plantas sanas producen un buen rendimiento. Inv. Progr. Agrop. Quilamapu (Chile) 18:21-25.

France, A., Paredes, M. 1987. El mosaico común del poroto. La principal enfermedad del cultivo. Inv. Prog. Agrop. Quilamapu (Chile) 34:20-24.

González, S. 1986. Calidad de las aguas de riego en Chile. Agric. Téc. (Chile) 46(4):467-474.

Gallardo, I. 1988. Riego (pp. 12-15). En Día de campo de frejoles. Serie Quilamapu N° 4. INIA Quilamapu. Chillán, Chile.

Gallardo, I., Paredes, M. 1990. Efecto de la frecuencia de riego, fertilización nitrogenada y fosfórica sobre el frejol (*Phaseolus vulgaris* L.). Agric. Téc. (Chile) 50(4):374-378.

Gallardo, I., Paredes, M. 1995. Riego en porotos. Tierra Adentro (Chile) 4:20-22.

Gerding, M., Quiroz, C. 1987. Control de la mosca del frejol. Insecto que debe tenerse en cuenta al sembrar frejoles. Inv. Progr. Agrop. (Chile) 32:16-18.

Guglielmetti, H. 1962. Dosis de semilla en porotos. Agric. Téc (Chile) 22:163-166.

Guglielmetti, H., Tay, J., Paredes, M., et al. 1977. Cultivo del poroto en la zona centro sur. Estación Experimental Quilamapu, Instituto de Investigaciones Agropecuarias, INIA. 51p.

Instituto de Investigaciones Agropecuarias, INIA, 1970. Frejol (pp. 32-48). En Investigación Agropecuaria. Instituto de Investigaciones Agropecuarias, INIA. Santiago, Chile. 446p.

Instituto de Investigaciones Agropecuarias, INIA. 2018. Nueva variedad de poroto seco, Zorzal-INIA. Alto potencial de rendimiento de campo y muy buena calidad culinaria. Instituto de Investigaciones Agropecuarias, Centro regional INIA Quilamapu, Agroinformativo. 2p.

Mera, M., Rouanett, J. 2003. Contribution of the grain legume on rotation with cereals: A review (pp. 135-156). In E. Acevedo (ed.) Sustentability in annual crops. Universidad de Chile, Santiago, Chile.

Miranda, O., Belmar, C. 1977. Déficit hídrico y frecuencia de riego en frejol (*Phaseolus vulgaris* L.). Agric. Téc. (Chile) 37(3):111-117.

Nitsche, J., Cafati, C. 1983. Incidencia del daño mecánico en la calidad de la semilla de poroto. Inv. Progr. Agrop. La Platina 19:18-20.

Nitsche, J., Cafati, C. 1985. Determinación de hongos internos, presentes en la semilla de poroto. Agric. Téc. (Chile) 45(3):227-234.

Nitsche, J. 1986a. Leguminosas de grano. I Parte. Efecto de las malezas. Inv. Progr. Agrop. La Platina (Chile) 38:18-23.

Nitsche, J. 1986b. Leguminosas de grano. II Parte. Métodos de control de malezas. Inv. Progr. Agrop. La Platina (Chile) 38:24-29.

Novoa, R. 1985. Estimación preliminar de la capacidad alimentaria del sector agrícola chileno: Aspectos agronómicos. Agric. Téc. (Chile) 45(4):357-364.

Novoa, R., Villaseca, S. 1985. El llano central chileno: Su potencialidad productiva y sus problemas. Agric. Téc. 45(2):83-92.

Ormeño, J. 1981. Control de malezas en frejol. Inv. Progr. Agrop. Quilamapu (Chile) 5:15-17.

Ormeño, J. 1983. El control de las malezas como práctica agronómica en el cultivo del frejol. Inv. Prog. Agrop. Quilamapu. https://hdl.handle.net/20.500.14001/30517 (Consultado el 14 de julio de 2025).

Ormeño, J. 1994. Use herbicidas para controlar malezas en porotos. Inv. Progr. Agrop. La Platina (Chile) 84:30-35.

Ormeño, J., Carrasco, J. 1999. El laboreo del suelo y su efecto sobre las malezas. Tierra Adentro (Chile) 29:40-43.

Paredes, M. 1994. Nuevos antecedentes a considerar en el programa de mejoramiento genético de frejol en Chile. Agric. Téc. (Chile) 54(3):302-309.

Paredes, M., Tay, J., France, A., et al. 1987. Programa promoción frejoles de exportación. Estación Experimental Quilamapu, Instituto de Investigaciones Agropecuarias, INIA. 34p.

Pedreros, A. 2000. Uso de rastra de malla. Manejo de las malezas en frejol. Infor. Agrop. Bioleche-INIA. Quilamapu (Chile) 13(4):48-51.

Pedreros, A., Tay, J. 2003. Malezas de hoja ancha en porotos: Control con herbicidas post emergentes. Informativo N° 70. Instituto de Investigaciones Agropecuarias INIA, Centro regional INIA Quilamapu. Chillán, Chile. 2p.

Pedreros, A., Tay, J. 2004. Uso de herbicidas en poroto para grano seco. Inf. Agrop. Bioleche-INIA Quilamapu (Chile) 17(1):20-23.

Quiroz, C. 1987. Control químico de la mosca de la semilla, *Delia platura* (Meig.) (Dip., Anthomyiidae), en porotos. Agric. Téc. (Chile) 47:372-377.

Quiroz, C., Sepúlveda, P., Tapia, F., et al. 1986. Enfermedades y plagas en el cultivo del poroto. Inv. Progr. Agrop. La Platina (Chile) 37:38-43.

Rodríguez, N. 2004. Uso adecuado de fertilizantes en poroto. Zona Centro-Sur. Bol. INIA Quilamapu N° 116. Instituto de Investigaciones Agropecuarias, INIA., Centro Regional de Investigación Quilamapu. Chillán, Chile. 26p.

Rodríguez, N., France, A., Tay, J. 1995. Fertilización nitrogenada en frejoles. Serie Quilamapu N° 63. Instituto de Investigaciones Agropecuarias, INIA. Chillán, Chile. 12p.

Sepúlveda, P. 1993. Nuevos virus afectan al cultivo del poroto en Chile. Inv. Prog. Agrop La Platina (Chile) 74:30-33.

Sepúlveda, P., Meneses, L. 1995. Aumentan los virus de poroto en Chile. Tierra Adentro (Chile) 1: 30-33.

Tay, J., Paredes, M., Velasco, R. 1997. Sistema de alta producción de poroto con rendimientos de 25-35 qqm ha^{-1} a nivel de productor (pp. 230-236). En Alternativas para la modernización y diversificación agrícola. Anuario del Campo. Ed. Publicaciones Castillo S.A., SNA, INIA, Asociación de exportadores de Chile. Santiago, Chile. 300p.

Tay, J., Pedreros, A., France, A. 2005. Producción de poroto en la provincia de Biobío. Inf. Agrop. Bioleche-INIA. Quilamapu (Chile) 18(3)18-40.

Tay, J., Hirzel, J. 2011. Fertilización del cultivo del poroto (pp. 233-257). En J. Hirzel (ed.). Fertilización de cultivos en Chile. Instituto de Investigaciones Agropecuarias, INIA. Ministerio de Agricultura. Centro Regional INIA Quilamapu. Colección Libros INIA 28. Chillán, Chile. 432p.

Tosso, J., Ferreyra, R., Miranda, O. 1981. Riego en frejol. Inv. Progr. Agric. (Chile) (Nov/Dic):45-48.

Urzúa, H. 2005. Benefit on nitrogen biological fixation in Chile. Sci. Invest. 32(2):133-150.

Ziver, A. 1956. Distancia de siembra y cantidad de semilla en porotos. Agric. Téc. (Chile) 16(1):36-42.

Ziver, A., Ramírez, A., Sotomayor, I., et al. 1973. Manual del frejol. Estación Experimental La Platina. Instituto de Investigaciones Agropecuarias, INIA; Servicio Agrícola Ganadero, SAG. Boletín Divulgativo N°22. Santiago, Chile. 71p.

PARTE II:
CONTEXTO INTERNACIONAL

Índice






Índice

SECCIÓN VIII

Características a considerar en un programa de mejoramiento genético





Dark red kidney



Canario



Rosinha



México red



Cuarzo rojo



México black



Great northern



Pinto



Carioca

Capítulo 18. Mejoramiento de características agronómicas

Mario Paredes C., Viviana Becerra V., Paul Gepts.

Mejoramiento genético del frejol

El objetivo principal de muchos programas de mejoramiento genético de frejol, es desarrollar variedades de alto rendimiento (Kelly et al., 1998; Singh,1999), con resistencia a estreses bióticos y/o abióticos (Singh, 1995; Ishitani et al., 2004; Miklas et al., 2005; Acosta-Gallegos et al., 2007; Singh y Schwartz, 2010; Beebe, 2012; Porch et al., 2013; Araújo et al., 2015; Mousavi-Derazmahalleh et al., 2019). Sin embargo, recientemente se han incorporado otras características demandadas por los consumidores, como son la calidad nutricional, la inocuidad del grano (Vaz Patto et al., 2015) y la calidad gustativa y visual (Parker et al., 2020 a; b; 2021).

El frejol posee una amplia variabilidad de tipos de grano, sin embargo, las demandas del mercado y la industria, han impulsado a los programas de mejoramiento a trabajar con sólo algunas clases comerciales, que poseen características específicas de tamaño, color y forma de grano, lo que ha reducido la diversidad genética de las nuevas variedades (Singh, 1988; 1991a; Kelly, 2000).

Características agronómicas

Raíces. El frejol es una planta muy sensible a los estreses abióticos como la toxicidad de aluminio (Ambachew y Blair, 2021), el déficit de agua (White y Singh, 1991b; Rosales et al., 2012; Polania et al., 2017; Lanna et al., 2016; Heinemann et al., 2017), y los bajos niveles de fósforo (Araújo et al., 2005). Por otro lado, al ser una leguminosa, aloja en su sistema radicular nódulos de bacterias que realizan el proceso de fijación simbiótica de nitrógeno (Burridge et al., 2016; de Melo et al., 2016; 2018; Terán et al., 2019). Dada esta compleja situación que enfrenta la planta, el sistema radicular del frejol juega un rol importante en la producción (Lynch, 2007; Rosales et al., 2012; Lanna et al., 2016; Polania et al., 2017; Burridge et al., 2019; Lynch, 2019; Tracy et al., 2020).

Estudios realizados en frejol han detectado una amplia variación fenotípica de la raíz entre los acervos genéticos, razas cultivadas y genotipos. Esta variación fenotípica en las raíces está asociada como una respuesta a la sequía y al bajo contenido de fósforo en el acervo mesoamericano y andino, respectivamente (Jochua et al., 2020). El fenotipo de la raíz adaptado a un bajo contenido de fósforo explora principalmente la parte superficial del suelo, por el contrario, los genotipos que están adaptados a la sequía y a la absorción de nutrientes móviles, desarrollan raíces más profundas en el perfil del suelo (Lynch, 2019; 2022).

A pesar de esta situación general, el trabajo de mejoramiento de las raíces debe considerar que: a) la raíz posee flexibilidad y capacidad para adaptarse a condiciones locales o temporales del suelo durante el ciclo del cultivo (Schneider y Lynch, 2020); b) existe una relación negativa entre el número de raíces basales y adventicias, el que está asociado positivamente con el consumo

de carbono por parte de las raíces principales y negativamente por las raíces adventicias (Walk et al., 2006; Rangarajan et al., 2018); c) existe una relación positiva entre el peso de los granos y la arquitectura de las raíces, fenómeno que fue favorecido en el proceso de domesticación del frejol por la selección de frejoles de mayor tamaño de grano (Singh et al., 2019); d) las accesiones andinas poseen un mayor número de raíces basales y adventicias con un crecimiento superficial, mientras que las raíces de las accesiones Mesoamericanas poseen raíces más profundas, lo cual está asociado a las condiciones agroclimáticas donde se desarrollan (Jochua et al., 2020); y e) la arquitectura radicular puede facilitar la removilización de fotosintatos desde las estructuras vegetativas para el llenado del grano y así aumentar el rendimiento de las semillas en diversas condiciones ambientales (Levene et al., 2023).

Estudios genéticos han identificado QTLs asociados a algunas características de la raíz (Liao et al., 2004; Beebe et al., 2006; Ochoa et al., 2006; Singh et al., 2019), lo que indica que esta característica se puede mejorar utilizando marcadores asociados a las diferentes características fenotípicas de la raíz (Jochua et al., 2020).

Fijación de nitrógeno. El frejol es una planta que tiene la capacidad de fijar nitrógeno atmosférico a través del proceso simbiótico. Las bacterias (*Rhizobium etli* y *R. phaseoli*) ubicadas en los nódulos son las responsables de convertir el nitrógeno atmosférico en amonio, el que es utilizado por la planta para producir aminoácidos, proteínas y otros compuestos nitrogenados. En el proceso simbiótico, las bacterias proveen el nitrógeno a la planta y la planta provee de energía a las bacterias para realizar el proceso de fijación (Graham, 1981; Hardarson et al., 1993; Wang et al., 2018).

A pesar de esta situación, el frejol es considerado como una planta que fija poco nitrógeno, entre 25 a 71 kg N_2 ha^{-1} (Graham, 1981; Hardarson et al., 1993; Reinprecht et al., 2020; Whyte et al., 2025), por lo cual los agricultores deben realizar aplicaciones de nitrógeno inorgánico para suplir las necesidades de la planta. Sin embargo, hay que tener en cuenta que altas aplicaciones de nitrógeno inhiben la fijación de nitrógeno en algunas variedades (Reinprecht et al., 2020). Además de las aplicaciones artificiales de nitrógeno, el proceso de fijación simbiótica es afectado por la respuesta genética de las variedades y factores ambientales tales como sequía, salinidad, deficiencia de nutrientes (fósforo, potasio, azufre), y la competitividad entre los *Rhizobios*, entre otros factores (Wang et al., 2018; Fenta et al., 2020; Lindstrom y Mousavi, 2020; Liu et al., 2020).

Estudios realizados, en frejol, han detectado variabilidad genética en el proceso de fijación simbiótica, entre las razas y las clases comerciales (Bliss, 1993). Es así como, en general las accesiones Mesoamericanas de hábito de crecimiento intermedio y las trepadoras tienen una mejor nodulación y una mayor fijación de nitrógeno que las accesiones andinas determinadas (Wilker et al., 2019). Entre las clases comerciales, los frejoles pinto y arroces fijan mayor cantidad de nitrógeno que los frejoles negros y kidney (Sanyal et al., 2018). Sin embargo, la información existente señala que las plantas de frejol nodulan casi exclusivamente con aislados provenientes de la misma región, lo que sugiere una coevolución entre el huésped y el *Rhizobium* en los centros de domesticación (Aguilar et al., 2004, 2022; Liu et al., 2020).

La fijación de nitrógeno y las características de los nódulos están controladas por muchos genes y con una alta influencia ambiental. En este sentido, varios estudios han identificado QTLs y marcadores asociados a estas características que podrían en el futuro contribuir a mejorar genéticamente este proceso (Kamfwa et al., 2015a; Curtin et al., 2017; Díaz et al., 2017; Farid et al., 2017; Heilig et al., 2017; Kamfwa et al., 2019; Oladzad et al., 2020; Ayra et al., 2021).

Hábito de crecimiento. El frejol silvestre es una planta indeterminada trepadora, herbácea, con un alto número de ramas, nudos y entrenudos largos y entrelazados, lo que le permite competir, por luz en el ambiente arbustivo y arbóreo donde crece y se desarrolla (Debouck et al., 1993). Sin embargo, temprano durante el proceso de domesticación y diseminación adquirió un hábito de crecimiento determinado (con inflorescencias o racimos terminales), más compacto, que implicó una reducción en la producción de biomasa, menor número de ramas, entrenudos más cortos, mayor sincronización de la floración y una producción de grano más concentrada (Smartt, 1990; Kwak et al., 2012; Gepts, 2014), que actualmente corresponde al hábito de crecimiento tipo I (Singh,1982). Este nuevo hábito de crecimiento está mejor adaptado y presenta mayores ventajas para la producción comercial del frejol (Gepts y Debouck, 1991; Acosta-Gallegos et al., 2007; Soltani et al., 2016). A pesar de este cambio de hábito de crecimiento, se ha mantenido una importante cantidad de variedades criollas que poseen un hábito de crecimiento indeterminado, tipo II, III, y IV (White y Laing, 1989), que son cultivadas en diferentes sistemas de producción.

El hábito de crecimiento de la planta del frejol, se construye en una forma modular, donde cada módulo en los estados iniciales consiste en un entrenudo subtendido y una hoja, y, en estados más tardíos de una inflorescencia en la axila de la hoja trifoliada. En plantas de hábito de crecimiento indeterminado, la producción de nuevos módulos continúa hasta la senescencia (Tanaka y Fujita, 1979); por el contrario, en las plantas de hábito determinado, la producción de módulos es interrumpida por la aparición de una inflorescencia terminal, frecuentemente alrededor del quinto nudo trifoliado. Dada esta situación, el frejol determinado posee un periodo finito de floración que ocurre antes que en los frejoles de hábito de crecimiento indeterminado (Debouck, 1991). Por esta razón, el desarrollo de variedades de hábito de crecimiento determinado o semi determinado erecto, ha sido uno de los objetivos principales en muchos programas de mejoramiento genético de frejol, ya que son más precoces y permiten la cosecha mecánica (Kelly, 2000).

El frejol presenta una amplia variabilidad en hábito de crecimiento, lo que permite agruparlos en cuatro grandes grupos: Tipo I (determinado arbustivo), Tipo II (indeterminado arbustivo), Tipo III (indeterminado semi trepador), y Tipo IV (indeterminado trepador) (Singh, 1982).

Los datos disponibles sugieren que las accesiones de hábito de crecimiento indeterminado (tipo II, III y IV), exhiben un mayor potencial de rendimiento comparado con el hábito determinado (tipo I), sin embargo, dentro del tipo indeterminado, el tipo II es más adecuado para la cosecha mecánica comparado con el tipo III, que es semi postrado y con el tipo IV que es voluble y necesita de tutores para su producción (Kelly et al., 1987; Kornegay et al., 1992).

El hábito de crecimiento determinado está controlado por dos *loci*. El primer *locus fin,* identificado por Norton (1915), apareció espontáneamente como mutación natural y fue mapeado en el cromosoma Pv01 (Koinange et al., 1996). Este *locus*, ha sido informado como responsable del hábito determinado en muchas poblaciones de origen genético andino (Singh et al., 1991) y la ausencia de la necesidad de trepar (Kwak et al., 2008). El segundo *locus*, obtenido por mutagénesis artificial fue mapeado en el cromosoma Pv07 (Kolkman y Kelly, 2003).

El alelo *fin* reduce el periodo de crecimiento, altura del tallo principal, número de ramas, y el rendimiento, por otro lado, aumenta el largo de los entrenudos, bractéolas, número de las hojas y el largo de las vainas (Norton, 1915; Ojehomon y Morgan, 1969; Koinange et al., 1996), en genotipos más precoces (Koinange et al., 1996).

En un estudio tendiente a identificar genes homólogos identificados en A*rabidopsis* y en frejol relacionados con el hábito de crecimiento determinado, insensibilidad al fotoperíodo y un patrón autónomo de floración, se determinó la existencia de tres *loci* homólogos (*PvTFL1x*, *PvTFL1y*, y *PvTFL1z*), los que fueron mapeados en los cromosomas Pv04, Pv01, y Pv07, respectivamente. *PvTFL1y* cosegregó con el *locus* de hábito de crecimiento determinado, *PvTFL1z* se ubicó cerca del segundo *locus* antes mencionado en el grupo de ligamiento Pv07. El *locus PvZTL* fue mapeado en el grupo de ligamiento Pv09, similar al *locus* del hábito de crecimiento determinado en frejol (Kwak et al., 2008). El gen *TFL1* en *Arabidopsis* codifica una proteína de unión, PEBP (Phosphatidyl-ethanolamine binding protein) que se expresa a un bajo nivel en un subgrupo del SAM (Meristemo apical del vástago) en el estado vegetativo (Bradley et al., 1997; Ohshima et al., 1997) y aumenta su expresión en el proceso de transición de la fase vegetativa a la reproductiva (floración), actuando como una señal en el control de la identidad del meristemo de la inflorescencia. Por lo tanto, la mutación en el gen *tfl1* cambia en *Arabidopsis* la floración de indeterminada a determinada, reduciendo la fecha de floración y el número de hojas y ramas (Shannon et al., 1991). La homología entre *PvTFL1y* en el frejol y *TFL1* en *Arabidopsis* se estableció mediante transformación del genotipo *tfl1* de *Arabidopsis* (de floración terminal y temprana) con una secuencia de *PvTFL1y* del genotipo indeterminado BAT93 del frejol. La transformación de *Arabidopsis* con esta secuencia del frejol indeterminado causó la restauración del fenotipo no-mutante en *Arabidopsis* (Repinski et al., 2012).

En resumen, estos estudios determinaron que el *locus fin* (el primer gen de domesticación aislado en frejol) cosegrega con el *locus TFL1y*, y es homólogo al *locus Terminal Flower 1 (TFL1)* en *Arabidopsis* (Repinski et al., 2012). Los datos de cosegregación, expresión génica y de complementación (Kwak et al., 2008; Repinski et al., 2012) confirmaron que *TFL1* es el gen en el *locus fin* que controla el hábito de crecimiento, en al menos algunas poblaciones de frejol y que su alelo recesivo controla el hábito de crecimiento determinado (Repinski et al., 2012; Kwak et al., 2012).

La presencia de distintas mutaciones en *TFL1y,* en los dos acervos genéticos, Mesoamericano y Andino y la escasa evidencia de introgresión permitieron concluir que, el hábito de crecimiento determinado apareció independientemente en los dos acervos genéticos como consecuencia de la pérdida de la función del gen *TFL1y* (Kwak et al., 2012).

Varios estudios genéticos clásicos y de mapeo de ligamiento han señalado que, el hábito de crecimiento está controlado principalmente por un par de genes, con efectos aditivos (Wallace et al., 1993b; de Campos et al., 2011; Silva et al., 2013). Sin embargo, otros estudios han identificado QTLs con efectos epistáticos (Jung et al., 1996; Bassett, 1997; Koinange et al., 1996; McClean et al., 2002; Tar'an et al., 2002; Kolkman y Kelly, 2003; Chavarro y Blair, 2010). Paralelamente, estudios de asociación han determinado marcadores y genes asociados al hábito de crecimiento y a otras características asociadas (Kwak et al., 2008; Moghaddam et al., 2016; Resende et al., 2018; MacQueen et al., 2020) o involucradas en diferentes patrones bioquímicos, hormonales, transcripcionales que afectan el hábito de crecimiento, tendedura y altura de la canopia de la planta (Moghaddam et al., 2016; MacQueen et al., 2020; Hunt et al., 2026).

Una comparación del método GWAS y RHM para arquitectura de planta, tendedura y productividad, señaló una alta heredabilidad para arquitectura de la planta (0.81) y tendedura (0.79) y que las estimaciones de heredabilidad y efectos aditivos fueron mayores en RHM que en GWAS (Resende et al., 2018).

Altura de la planta. La altura de la planta es una característica de interés en el desarrollo de variedades de frejol al estar asociada a otras características como hábito de crecimiento, largo de entrenudos, días a floración y madurez. En general, las variedades determinadas poseen una menor altura, entrenudos cortos y mayor precocidad que las variedades indeterminadas. En este sentido, un estudio sobre la altura de la planta en accesiones pertenecientes a un panel de germoplasma diverso en Brasil, determinó que varios alelos han contribuido a reducir la altura de las accesiones, producto del mejoramiento genético (Delfini et al., 2021).

Los primeros estudios genéticos, realizados sobre la altura de planta y el largo de los entrenudos, señalaron que estas características están controladas por pocos genes (Coyne, 1967; Davis y Frazier, 1996). Posteriormente, otros estudios han identificado varios QTLs asociados a estas dos características (Tar'an et al., 2002 ; Beagley et al., 2025) con efectos aditivos y modificados por el medio ambiente (Checa et al., 2006) o presencia de genes mayores y efectos pleiotrópicos (Checa y Blair, 2008).

Floración. La floración es una característica que juega un rol importante en el crecimiento y desarrollo del frejol, pues afecta la adaptación de la planta a condiciones específicas en cada zona de cultivo. Además, afecta la arquitectura de la planta a través de la elongación del tallo, ramificación, tamaño de las hojas, arquitectura floral, llenado del grano y rendimiento (Debouck y Hidalgo, 1985; Fernández et al., 1985).

El frejol silvestre es una planta muy sensible al fotoperíodo, que florece solamente bajo condiciones de día corto (obligada). Dada esta situación, este factor pasó a ser limitante para su diseminación y adaptación en otras latitudes (Weller et al., 2019), por lo cual la planta tuvo que flexibilizar su sensibilidad al fotoperíodo (White y Laing, 1989; Gepts, 2014; Boden, 2021; González et al., 2021a; Bellucci et al., 2023), para adaptarse a diferentes condiciones agroclimáticas (Gepts y Debouck, 1991; Beebe, 2012; Gepts, 2014; Weller et al., 2019; Boden, 2021), lo que quedó reflejado en la variada respuesta al fotoperíodo que presentan las accesiones a nivel de razas (Singh et al., 1991) y de acervos genéticos (White y Laing, 1989; White et al., 1992).

El inicio de la floración (antesis) depende del genotipo y de factores ambientales, tales como; la temperatura y el fotoperíodo (Song et al., 2013; Seaton et al., 2015), donde la fase vegetativa post juvenil de la planta, es la encargada de recibir y responder a las condiciones ambientales para inducir la floración (Matsoukas, 2014).

Los estudios genéticos, han determinado que existe una amplia variabilidad para la reacción al fotoperíodo en frejol, es así como, los genotipos silvestres y Andinos son principalmente sensibles al fotoperíodo (día corto), mientras que las accesiones mesoamericanas son menos sensibles o neutrales (White y Laing, 1989). Basado en esta amplia variabilidad, se logró agrupar la respuesta del germoplasma de frejol al fotoperíodo en tres grandes categorías: sensibles (día corto), neutras e insensibles (día largo) (White y Laing, 1989). Las plantas de día corto, son aquellas que florecen más rápido a medida que se reduce el largo del día, o retrasan su floración cuando crecen en latitudes mayores, con veranos o días más largos. Por el contrario, las plantas de día largo son aquellas que florecen más temprano cuando el día se alarga (Garner y Allard, 1920).

Los estudios genéticos han determinado que: a) la fecha de floración posee una mayor variabilidad en accesiones de día largo que en las accesiones de día corto; b) existe una correlación positiva entre las accesiones de día largo y corto, lo que indica que el largo del día juega un rol fundamental en determinar la fecha de floración; y c) existe una alta heredabilidad (0,78) para días a floración lo que, implica una oportunidad para mejorar la adaptación de la especie, utilizando la fecha a

floración como un criterio de selección en el proceso de mejoramiento genético de variedades (Bhakta et al., 2017).

Los estudios genéticos clásicos y de QTLs señalan que: a) existen al menos dos *loci,* que regulan la pérdida completa o parcial de la sensibilidad al fotoperíodo en los dos acervos genéticos (Kornegay et al., 1993b); b) se presentan efectos aditivos y epistáticos (González et al., 2016), y epistáticos y ambientales (González et al., 2021b); y c) los genes involucrados pertenecen a una red compleja de genes que influyen sobre varios procesos fisiológicos y metabólicos de la planta y que están, a su vez, influenciados por factores ambientales (Song et al., 2013; Seaton et al., 2015; Bhakta et al., 2017)**.**

Las primeras investigaciones identificaron al gen (*Ppd*) como responsable de la sensibilidad al fotoperíodo (White y Laing, 1989; Wallace et al., 1991; Kornegay et al., 1993b; Koinange et al., 1996; White et al., 1996; Gu et al., 1998; Kwak et al., 2008), el que presenta una relación epistática, con un segundo *locus*, para conferir una respuesta más intensa al fotoperíodo (Kornegay et al., 1993b; White et al., 1996; Gu et al., 1998; Kamfwa et al., 2015b). Dada esta situación, y la prevalencia de genotipos insensibles se plantea que, la neutralidad al fotoperíodo sería una característica adquirida durante la domesticación del frejol o producto de la selección de genotipos con alelos mutados claves, que suprimieron la floración de día largo (Weller et al., 2019; Boden, 2021).

Posteriormente, se determinó que el gen *Ppd* codifica un fotorreceptor (*PHYA3*) del fitocromo A rojo/rojo-lejano (Weller et al., 2019), donde la pérdida de la sensibilidad al fotoperíodo resulta de diferentes mutaciones que ocurrieron en forma independiente en el gen fotorreceptor del fitocromo A *Ppd/PHYA3*, en los dos acervos genéticos (Kamfwa et al., 2015b; Weller et al., 2019). La pérdida de función de los alelos para *PHYA3* (*phyA3*) resulta en floración temprana, bajo condiciones de día largo y se manifiesta a través del aumento de la expresión de varios genes del *locus FLOWERING T* (*FT*) (Weller et al., 2019; Boden, 2021). Estos resultados demuestran la importancia de los genes *PHYA* en la mayor adaptación de la especie (Kornegay et al., 1993b; Wallace et al., 1993a; Weller et al., 2019).

El otro gen involucrado en la sensibilidad al fotoperíodo es *CONSTANS*-like *COL2* (González et al., 2021a). *COL2* reprime la expresión de *FT* y retrasa la floración bajo condiciones de día largo (Boden, 2021). En este caso, la pérdida completa de la sensibilidad se debe a la presencia de diferentes mutaciones (*col2*) en el gen *COL2*, las que están asociados a la floración temprana en ambos acervos genéticos, el Mesoamericano y Andino (González et al., 2021a). La relativa frecuencia y contribución de los haplotipos *COL2* y *PHYA3* implica que, la adaptación al fotoperíodo se llevó a cabo dos veces a través de distintas mutaciones y fases que llevaron a la pérdida de su función, en forma independiente, del fitocromo A del gen *Ppd* (Boden, 2021). Dada esta situación, se postula que la insensibilidad al fotoperíodo apareció primero en las accesiones con las mutaciones *col2*, como una manera de ayudar a la expansión del cultivo a altas latitudes, y que, posteriormente los alelos *phyA3* reforzaron la inducción de los genes *Ft-like* en los genotipos *col2* (González et al., 2021a).

Además de la pérdida parcial de la sensibilidad por mutaciones en el gen *CONSTANS*-like, *COL2*, que es específica en cada acervo genético, *COL2* y *Ppd* tienen una interacción funcional que puede actuar en forma paralela con el gen *E1* para reprimir la expresión del gen florígeno (*FT*) y retrasar la floración bajo condiciones de fotoperíodo largo (Weller et al., 2019).

Bajo condiciones de día largo *PHYA3* y *COL2* suprimen la expresión de los genes *FT-like* (FT), incluyendo *FTa3, FTb1* y *FTc*. *PHYA3* actúa aguas arriba de *COL2* y *E1*, y reprime también la

expresión de *FT*. *COL2* también influye en la expresión de *PHYA3*, pero no la de *E1*. Los genes *FT-like* se expresan bajo condiciones de día largo en genotipos con alelos mutados de *PHYA3* o *COL2* (Boden, 2021).

Además de la participación de los *locus Ppd* y *Col2,* se ha planteado la participación de otros *locus* como *fin*, debido a su cercanía al *locus Ppd* y su efecto en la floración (Koinange et al., 1996; Bhakta et al., 2017). Un estudio del *locus fin* permitió determinar que este *locus* tiene un efecto promotor de la fecha de floración por sí mismo, sin embargo, su efecto es variable dependiendo de otras condiciones. Por ejemplo, el efecto del *locus fin* (fenotipo determinado) tiene un pequeño efecto bajo condiciones de floración temprana (día corto) o en presencia de *ppd*, pero su efecto es mayor bajo condiciones de fotoperíodo largo y en un 'background' de accesiones sensibles al fotoperíodo (González et al., 2016; Bhakta et al., 2017).

Otro gen candidato involucrado en la respuesta a la floración es *Higher response* (*Hr*) (Gu et al., 1998), el cual influencia el grado a la cual la planta responde al fotoperíodo. Este gen se ubica en el cromosoma Pv01, junto con el gen mayor que determina el hábito de crecimiento determinado (*terminal flower 1, PvTFL1* or *fin*) (Repinski et al., 2012). Se plantea que este gen habría sido transferido a las variedades tipo II desde Mesoamérica, específicamente, desde la raza Durango/Jalisco (MacQueen et al., 2020).

Además del fotoperíodo, la temperatura es otro factor ambiental que afecta la fecha de floración, ya que aumenta su sensibilidad al aumentar la temperatura. Es así como, en latitudes donde existen menos fluctuaciones de temperatura, la respuesta al fotoperíodo está asociada a los cambios de la temperatura y de altitud (Wallace, 1985; White y Laing, 1989; White et al., 1996). Es así como, en latitudes mayores, donde la variación de temperatura día/noche es mayor, la temperatura tiene un menor efecto en la fecha de floración. Esta situación, se produce debido a que el control de la fecha de floración depende de varios genes y patrones genéticos que actúan bajo diferentes condiciones ambientales (González et al., 2021b).

Varios estudios genéticos han identificado regiones del genoma (QTLs) asociados a la fecha de floración, los que han sido mapeados en diferentes cromosomas (Koinange et al., 1996; Tar'an et al., 2002; Beattie et al., 2003; Blair et al., 2006; Pérez-Vega et al., 2010; Wallach et al., 2018), como también SNP y genes candidatos asociados a esta característica (Raggi et al., 2014; Bellucci et al., 2014a; Kamfwa et al., 2015b; González et al., 2016; Moghaddam et al., 2016; Bhakta et al., 2017; Moyses et al., 2018; Raggi et al., 2019; Yang y Liu., 2019; MacQueen et al., 2020; Wu et al., 2020).

Estos estudios han demostrado también la co-localización de QTLs de la floración con otras características, por ejemplo, número de nudos en el tallo principal, días a madurez, sensibilidad al fotoperíodo, peso de los 100 granos (Koinange et al., 1996); color de la flor (Blair et al., 2006); desgrane (McClean et al., 2002) y hábito de crecimiento (Tar´an et al., 2002). Otros estudios han señalado también que, los QTLs, que participan en la sensibilidad del fotoperíodo, tienen un efecto epistático o de ligamiento, con la determinancia, biomasa, índice de cosecha, días a madurez y número de ramas (Wallace et al., 1993a; Gu et al., 1994; Koinange et al., 1996).

Madurez. La fecha de madurez del frejol para su cosecha, es una característica que está relacionada con el rendimiento y varias características agronómicas de la planta. Por ejemplo, genotipos precoces poseen un menor rendimiento comparado con aquellos más tardíos. En este sentido, existen estimaciones que indican de pérdidas de rendimiento de 72 kg ha^{-1} por cada día de mayor precocidad (White y Singh, 1991a). Además, existe una correlación negativa

entre días a madurez y tamaño de grano, que también tiene una relación positiva con el rendimiento (Welsh et al., 1995).

Como criterio de cosecha en el frejol, se utiliza la madurez del fruto (vaina) y del grano. En este aspecto, las vainas poseen una amplia diversidad de formas, largos, curvaturas (rectas y curvadas), diámetros (planas, redondas, delgadas) y colores (amarillas, verdes, púrpuras) antes de la madurez de cosecha (Durán et al., 2005; Rendón-Anaya et al., 2017), cantidad de fibra (presencia/ausencia de hilo en la sutura), grado de desgrane y consumo en verde, inmadura o grano seco.

El criterio de madurez de cosecha depende del uso del frejol, por ejemplo, en frejoles para consumo como 'vaina verde', se utiliza como criterio de cosecha el número de vainas totalmente desarrolladas, pero con escaso desarrollo de sus granos. En frejoles para consumo como 'granados', el color de la vaina y del grano son importantes como factores de calidad. En este caso, el consumidor prefiere vainas jaspeadas (veteadas) y granos de color blanco con leves vetas amarillas, que han alcanzado su máximo desarrollo fisiológico y peso fresco. En el caso de frejoles para grano seco, la cosecha se produce cuando las vainas y los granos están secos con una humedad alrededor del 18 al 20 % (García-Fernández et al., 2021).

La vaina inmadura está controlada por los genes *Y* y *Arg*; donde *Y Arg* exhiben vaina verde; *y Arg* vaina amarilla cerosa; *Y Arg* vaina plateada; *y Arg* vaina blanca (Lamprecht, 1947). El alelo *y*, determina vaina amarilla (Koinange et al., 1996) y el gen *B* regula los precursores de los antocianos (Beninger et al., 2016).

Diferentes estudios han identificado QTLs asociados con varias características de la vaina tales como, largo, grosor, ancho (Yuste-Lisbona et al., 2014a; González et al., 2016; Hagerty et al., 2016; Murube et al., 2020), sutura, fibra (Hagerty et al., 2016), tamaño, número de granos por vaina (Murube et al., 2020) y tamaño y color de la vaina (García-Fernández et al., 2021). Por otro lado, algunos estudios de asociación han determinado también regiones del genoma superpuestas que determinan varias características agronómicas como días a madurez, días a floración, llenado de grano, peso de los granos, rendimiento, lo que indica la presencia de genes ligados con efectos pleiotrópicos (MacQueen et al., 2020) y posibles genes candidatos involucrados en los procesos de senescencia, remobilización de nutrientes, desarrollo del grano y días a floración (Moghaddam et al., 2016).

El análisis genético del proceso de maduración del frejol, ha determinado que los genes que participan en este proceso, son homólogos y muestran un patrón de expresión, similar a los de *Arabidopsis*. Los principales cambios observados en la expresión de estos genes son: a) una acelerada desactivación de la maquinaria fotosintética y ribosomal asociada a la degradación de la clorofila, b) reducción de la síntesis de ácidos grasos; y c) activación de antioxidantes para la protección del estrés oxidativo y de la síntesis de carotenoides y antocianos, que determinan finalmente el cambio en color de la vaina durante este proceso (Gómez-Martín et al., 2021).

Desde el punto de vista del color de la vaina a madurez, se han detectado genotipos con vainas que no cambian de color, llamados 'siempre verdes' ('stay-green '). Estos genotipos, se caracterizan por un retraso de la degradación de la clorofila (senescencia), en contraposición con lo que ocurre en los genotipos que sí lo hacen. Esta característica es importante desde el punto de vista agronómico, ya que los genotipos 'siempre verdes' permiten mantener, por un mayor tiempo las hojas fotosintéticamente activas, lo que favorece el llenado del grano, aún en

condiciones de estrés (Mayland y Dean, 1971; Stolle-Smits et al., 1999; Thomas y Ougham, 2014; Schmit et al., 2019). También es un carácter útil para los cultivos de vaina verde, por la calidad de las vainas, aunque presenta algunos efectos secundarios negativos (Cirak y Myers, 2021).

Desgrane. La reducción del desgrane fue una de las principales características que cambió durante el proceso de domesticación del frejol (Koinange et al., 1996; Ogutcen et al., 2018; Di Vittori et al., 2019; Celebioglu et al., 2026). El desgrane está asociado a la dispersión del grano, facilidad de propagación y reproducción de la planta (Ogutcen et al., 2018). Durante este proceso, el frejol pasó de tener vainas muy susceptibles al desgrane, a vainas con una menor capacidad de desgrane (Gepts y Debouck, 1991; Gepts, 1998) para adaptarse a las nuevas condiciones de cultivo y a los nuevos ambientes (Di Vittori et al., 2019).

La pérdida de la capacidad de desgrane dentro del frejol común ha sido diferente, dependiendo de su uso. Por ejemplo, las variedades para consumo en vaina verde se caracterizan por ser indehiscentes, lo que está asociado a un bajo contenido de fibra en las paredes celulares y suturas de la vaina, lo cual la hace más palatable (Wallace et al., 2018). Sin embargo, en los frejoles para consumo en grano seco, en general predominan las variedades con vainas que poseen diferentes grados de desgrane, que facilitan o dificultan la cosecha del grano (Gepts y Debouck, 1991).

La pérdida de la capacidad de la vaina a desgranarse, evolucionó independientemente en varias especies de leguminosas, lo que apoya la hipótesis de domesticación convergente (Lenser y Theißen, 2013; Di Vittori et al., 2019; Rau et al., 2019; Parker et al., 2020a;b; Zhang y Singh 2020; Di Vittori et al., 2021; Parker et al., 2021). Sin embargo, la información disponible señala que las distintas especies usaron diferentes estrategias genéticas para adaptarse a una misma presión de selección, dependiendo de sus condiciones agroecológicas (Rau et al., 2019; Parker et al., 2020a) y de selección (Di Vittori et al., 2021).

En el caso del frejol, la resistencia al desgrane evolucionó independientemente en el acervo Mesoamericano y Andino. A pesar de esta situación, muchas variedades en ambos acervos genéticos continúan presentando algún grado de susceptibilidad al desgrane. Es así como, en el acervo genético andino el mayor porcentaje de desgrane se observa en la clase comercial cranberry (41 %), y el menor porcentaje (3 %) en la clase morada moteada. Por el contrario, en el acervo Mesoamericano, el mayor porcentaje de desgrane se presenta en la raza mesoamericana, en las clases comerciales de color negro (18 %) y arroces (15 %), y los menores porcentajes se observan en la raza Durango y clases comerciales, pinto (1 %), great northern (1 %) y rosado (2 %), producto de la mayor abundancia del alelo que confiere resistencia al desgrane, *Pvpdh1* (Parker et al., 2020b).

El desgrane es una característica compleja que está regulada, por múltiples alelos que son afectados por el medio ambiente (Parker et al., 2020b), aunque otros autores señalan que el desgrane se comporta como una característica cualitativa, donde el mayor desgrane está asociado al mayor contenido de fibra en las valvas y mayor lignificación en la parte ventral y en el interior del esclerénquima de las valvas de la vaina (Murgia et al., 2017).

El desgrane se produce cuando la vaina seca se abre a lo largo de su sutura ventral, donde este proceso esta afectado por el mayor contenido de lignina y el grosor de las vainas (Gepts y Debouck, 1991; Gepts, 1998; Murgia et al., 2017; Di Vittori et al., 2020; Parker et al., 2021), aunque ciertas enzimas, hormonas y carbohidratos, presentes en las vainas juegan un rol también en

este proceso (Sofi et al., 2022). Información reciente postula que la reducción del desgrane está más relacionada con la modificación de la composición o estructura (lignina) de la fibra, que con la cantidad total de lignina y su distribución en la vaina (Parker et al., 2020a).

Un estudio de la arquitectura del desgrane de la vaina señaló que la apertura de las valvas estaba controlada por genes mayores como *PvPDH1* (*Pod dehiscence-1*) ubicado en el cromosoma Pv03 (Parker et al., 2020b) o *PvMyb26* o *PvMyb46* en PV05 (Rau et al., 2019; Di Vittori et al., 2021), genes que están involucrados en los patrones de lignificación de las valvas y posiblemente conectados con el metabolismo secundario de la pared celular (Rau et al., 2019; Parker et al., 2020a). Existen también otros *loci* que presentan efectos menores, (ubicados en los cromosomas Pv05 y Pv04 y Pv06 y Pv09), que determinan el nivel y el modo del desgrane. Además de estos genes, se ha identificado otro gen en la raza Mesoamericana, que está ubicado en el cromosoma Pv08, cerca a la familia MYB, WRK y otro diferente detectado en el germoplasma andino, ubicado cercano a CESA 7, en el cromosoma Pv09 (Parker et al., 2020a; b).

Frecuentemente, los genes de domesticación tienen alelos característicos de ciertos acervos o razas ecogeográficas. Es así como, el gen *PvPDH1,* está distribuido predominantemente en la raza Durango en la región semi-árida del norte mexicano y con una baja frecuencia en la raza Mesoamérica, adaptada a condiciones húmedas donde la presión de selección sobre este gen es menor y hay una pérdida de la función del alelo *PvPdh1* (Parker et al., 2020b). La correlación entre la distribución geográfica de los alelos de resistencia al desgrane y la aridez del clima se ha observado también en otras leguminosas de grano, como el caupí (Lo et al., 2021) y la soja (Bandillo et al., 2017). Este *locus*, además de regular el desgrane, modifica el grado de torcedura de las valvas para facilitar el desgrane (Zhang y Singh, 2020) y presenta una completa co-segregación con el desgrane en accesiones Mesoamericanas (Berny Mier y Terán et al., 2019).

Un análisis genómico comparativo reveló secuencias similares del gen *INDEHISCENT* (*IND*) en frejol con el gen que controla el desgrane de las silicuas en *Arabidopsis* y que fue mapeado en el cromosoma Pv02 (Nanni et al., 2011). Aunque *PvIND* se ubicó cerca del *locus St*, la ausencia de cosegregación absoluta entre *PvIND* y *St* y el polimorfismo en el *locus PvIND*, sugiere que *PvIND* podría no estar directamente involucrado en el desgrane de la vaina (Gioia et al., 2013). Otro estudio reveló también homologías entre la secuencia del gen *SHATTERPROOF-1* (*SHP1*) responsable del desgrane en *Arabidopsis,* con el *locus PvSHP1*, mapeados en el cromosoma Pv06. Este gen está ligado al color de la flor y del grano (*V*) y se encuentra en una región genómica donde se ubica un QTLs asociado a días a floración y resistencia a bacteriosis común (Blair et al., 2006; Miklas et al., 2006). En este caso, el fragmento de *PvSHP1* no mapeó al *locus St* (Nanni et al., 2011). Recientemente, Parker et al., (2022), estableció que la ausencia de hilo en la vaina se debe a una mutación compleja en la cercanía inmediata de *PvIND*. Esta mutación consta de una duplicación del gen *PvIND* y de una inserción de un retrotransposon de tipi *Ty1-copia* entre las dos copias. Esta mutación causa un aumento de la expresión de *PvIND*, consistente con la naturaleza dominante de la ausencia de hilos en las vainas. La duplicación puede explicar también la inestabilidad de esta mutación, ya que eventos de recombinación desigual pueden eliminar una copia de *PvIND*. En su conjunto, estas características al nivel de secuencia de ADN en la región *PvIND,* pueden explicar las observaciones anteriores de Gioia et al., (2013). Por otro lado, se indica también que es probable que el fenotipo indehiscente mapeado en el cromosoma Pv05 puede haber aparecido posterior a la domesticación, probablemente en el acervo Andino (Gepts, 1998) donde pudo haber evolucionado producto de la selección de genotipos en un germoplasma que poseía una base genética estrecha (Rau et al., 2019).

Varios estudios genéticos han identificado algunos QTLs con efectos mayores y menores presentes en varios cromosomas (Koinange et al., 1996; Gioia et al., 2013; Hagerty et al., 2016; Murgia et al., 2017; Rau et al., 2019) y marcadores o genes candidatos asociados a esta característica. Koinange et al., (1996) detectó que la ausencia de hilo ('string') en la sutura de las vainas es controlada por el *locus* mayor *St* (*Stringless*= sin hilo) y que fue mapeado en el cromosoma Pv02 (Freyre et al., 1998). Posteriormente, se detectaron otros QTLs que controlan la variabilidad genética de la relación largo del hilo/vaina, contenido de fibra y grosor de las vainas en el cromosoma Pv04 y del largo de la vaina en el cromosoma Pv09 (Hagerty et al., 2016).

La reducción del desgrane es una característica importante en los programas de mejoramiento genético para la producción de frejol como grano seco, ya que permite controlar las pérdidas de producción de grano previo y durante la cosecha (Assefa et al., 2013; Parker et al., 2020b; Sofi et al., 2022), especialmente en localidades semi-áridas donde este fenómeno se presenta con mayor intensidad. Dada esta situación se espera que el aumento de la aridez, por efecto del cambio climático, pueda agravar este fenómeno (Parker et al., 2020b; Sofi et al., 2022).

Dada la importancia de mejorar esta característica en varias clases comerciales de frejoles, se han diseñado marcadores moleculares (CAPS) tendientes a facilitar la selección de genotipos resistentes al desgrane de manera más rápida, precisa y en cualquier estado de desarrollo de la planta. Además, estos marcadores se pueden convertir a marcadores 'PCR Competitivo alelo-específico' (KASP) para uso comercial (Parker et al., 2020b).

Tamaño, forma y color del grano. La apariencia del grano incluye una diversidad de formas, tamaños y colores, cuya combinación da origen a las clases comerciales que determinan la preferencia de los consumidores y de la industria (Voysest et al., 1994; González et al., 2006; Uebersax y Siddiq, 2012; Beebe, 2020).

El tamaño, forma y peso del grano son características agronómicas que determinan el rendimiento. En este sentido, los dos acervos genéticos presentan diferencias en el tamaño de grano, donde el Mesoamericano posee granos de menor tamaño comparado con el acervo Andino (Gepts et al., 1986; Singh et al., 1991; McClean et al., 2002; Broughton et al., 2003; Díaz y Blair, 2006; Blair et al., 2009).

El tamaño y el peso de las semillas son características poligénicas, controladas por varios genes (Johannsen, 1911; Sax, 1923; Nienhuis y Singh, 1988; Vallejos y Chase, 1991; Checa y Blair et al., 2012) y con valores de heredabilidad en sentido estrecho (h^2) que van de valores medios a altos (0,56 a 0,81) para el tamaño de semilla (Motto et al., 1978; Singh, 1991b), grosor (0,47) y ancho (0,65) (Conti, 1985). Por otro lado, el peso de la semilla se ha correlacionado negativamente con el rendimiento (Adams, 1967; Nienhuis y Singh, 1986; White y González, 1990; White et al., 1992), tasa relativa de crecimiento de la planta (Laing et al., 1984; White et al., 1992), número de vainas por planta, número de granos por vaina (Coyne, 1968) y biomasa (White et al., 1992) y positivamente con el tamaño de la célula de diferentes tejidos (White y González, 1990).

En la construcción de los mapas de ligamiento y de asociación se han identificado varios QTLs, marcadores y genes candidatos asociados a diferentes características del grano (Vallejos et al., 1992; Nodari et al., 1993; Johnson et al., 1996; Koinange et al., 1996; Freyre et al., 1998; Park et al., 2000; Johnson y Gepts, 2002; Beattie et al., 2003; Murray et al., 2004; Beebe et al., 2006; Pérez-Vega et al., 2010; Wright y Kelly, 2011; Galeano et al., 2012; Checa y Blair, 2012; Mukeshimana et al., 2014; Schmutz et al., 2014; Yuste-Lisbona et al., 2014b; González et al., 2016; Geng et al.,

2017; Geravandi et al., 2020; Lei et al., 2020; Giordani et al., 2022) y algunos de ellos asociados a más de una característica del grano (Park et al., 2000; Geng et al., 2017), los que se encuentran ubicados en diferentes cromosomas y posiciones dentro de los cromosomas (Park et al., 2000; Blair et al., 2006; Pérez-Vega et al., 2010).

Color del grano. El color del grano es una característica importante que influye en la comercialización del grano, debido a que está asociado al sabor, textura, cocción, procesamiento y gusto del consumidor (Adams y Bedford, 1973).

El mecanismo de la expresión del color del grano es complejo, debido a la participación de varios genes, algunos de los cuales son multi-alélicos e interactúan con otros genes para determinar el color y los patrones de colores de la cáscara, hilum, corona y flores (Bassett, 2007).

El modelo para explicar el color del grano se basa en tres tipos de genes; aquellos que actúan proporcionando el color de fondo, los que proporcionan el color propiamente tal y aquellos genes modificadores de los colores principales. En este modelo, el gen (*P*) es el que determina el color del fondo del grano. Este gen codifica un factor de transcripción que es necesario para la síntesis de flavonoides (McClean et al., 2018) y la expresión de cualquier color, por lo cual, genotipos que poseen este gen al estado homocigoto recesivo (*pp*), poseen un color blanco en la cáscara de grano y flores, sin importar el genotipo de cualquier otro gen que esté participando en el sistema genético que controla el color de la cáscara (Prakken, 1972; 1974; Bassett, 2007; McClean et al., 2018). Los alelos en el *locus P* incluyen a p^{mic}, p^{hbw}, p^{stp}, y p^{gri} que controlan diversos patrones de color de la cáscara y/o de las flores (Bassett, 2003). El orden de dominancia de los alelos en el *locus P* es el siguiente: $P > p^{mic} > p^{hbw} > p^{stp} > p^{gri} > p$ (Bassett, 2007).

Los genes que controlan los colores principales son: *C*, *Z*, y *J*, donde el gen multilocus *C* está fuertemente ligado con los otros genes, formando un '*locus* complejo *C*' (*C*, *Cr*, *Cm*, *Cst*, *Crho, c, cu, cui, ccr*), que define los diferentes colores y patrones de expresión (jaspeado, estriado, punteado) en presencia del gen *P* (McClean et al., 2018, 2002; Bassett, 2007). Por ejemplo, *CC* expresa un patrón oscuro, *CmCm* rojo moteado, y *CstCst* estriado (Prakken et al., 1974). En este proceso y durante el desarrollo de la cáscara del grano, algunas líneas de células mantienen la producción normal del color (*C*) mientras otras pierden su función (Bassett, 2007).

El gen *Z* da origen al color café del círculo en el hilum y es responsable parcialmente del color de la cáscara (Bassett et al., 1999). El gen *J* es necesario para la producción de pro-anticianidinas en la cáscara, del color amarillento-brillante de la cáscara y del oscurecimiento del color, posterior a la cosecha. En la cáscara de frejoles amarillo-limón (Manteca), se han detectado dos compuestos flavonoides y la ausencia de pro-anticianidinas (Beninger et al., 1998), lo que implica que el reemplazo de *j,* por *J* en frejoles de cáscara amarilla-limón reduce la capacidad del gen *G* para convertir los flavonoides a pro-anticianidinas lo que, a su vez, la acumulación de algunos compuestos flavonoides (Beninger y Hosfield, 1999). El genotipo *jj* no oscurece (oxida) la cáscara durante un largo periodo de almacenaje (Bassett, 1996; Bassett, 2007; Elsadr et al., 2011). La interacción de los alelos *j* y *z* se manifiesta en la pérdida del color del halo en el grano (Bassett, 1996).

Los colores modificadores como el gen *G* da origen al color amarillo oscuro, *B* el verdoso-amarillo oscuro, *V* púrpura a negro, *Rk* rojo claro, *R* rojo oscuro, *Gy* verde-amarillento. Los genes *C*, *Bip*, y *Fib*, interactúan con los genes de colores para formar varios pigmentos en la cáscara del grano, pero no establecen colores por sí mismos (Beninger y Hosfield, 1999; Bassett, 2002; 2007; Bassett

et al., 2010). La interacción de los genes *G* y *B* producen café (*G_B_*), café verdoso (*ggB_*), café amarillento (*G_bb*), y amarillo verdoso (*ggbb*) (Prakken, 1974). El *locus V* es multi-alélico (*V*, v^{lae}, *v*, y V^{wf}) y determina un rango de colores en el grano que van desde el púrpura hasta el negro y el color de las flores (Prakken, 1974; Bassett, 2007), controlando la cantidad de antocianos (Caldas y Blair, 2009; Yuste-Lisbona et al., 2014a). Este *locus* posee efectos epistáticos con los *loci G* y *B*, lo que da origen a varios colores como negro (*G_B_V*), café (*G_B_vv*), café amarillento (*G_bb_vv*) y café claro (*gg bb vv*) (Bassett, 2007).

El *locus P* fue mapeado en el grupo de ligamiento B7 (Vallejos et al., 1992; Nodari et al., 1993), donde la comparación de una secuencia de un marcador estrechamente ligado al *locus P* presentó homología a la clase de transposones Ty3-*gypsy*, llamado *Tpv3g* (Erdmann et al., 2002). Otros *loci* y relaciones genéticas entre *locus* han sido mapeados (Beninger et al., 2000; McClean et al., 2002). Por ejemplo, los *loci* que definen los colores *G*, *V*, *C* y *Gy* fueron mapeados en los cromosomas Pv04, Pv06 y Pv08 y los que modifican los colores (patrones) *T*, *Bip*, *Ana*, *J* y *Z* en los cromosomas Pv03, Pv09 y Pv10 (McClean et al., 2002).

Otros estudios, han determinado el control genético del color del grano gris-tórtola (Bassett et al., 1994), coscorrón, manteca (Bassett, 1999), dorado (Bassett y Miklas, 2003; Bassett et al., 2010), el color bicolor de las flores (Bassett y Miklas, 2007) y el efecto ambiental en el color amarillo del grano (Adohara et al., 2022).

La principal clase comercial de frejol en Chile es el tipo 'Tórtola', cuyo color de grano es gris claro. Un estudio del color del grano gris determinó que *gri*, era un alelo del *locus P* (P^{gri}), que controla el color gris y que reduce su intensidad del color en la cáscara del grano, dando origen al gris claro (*griseoalbus*) en el grano (Bassett, 1994). El alelo p^{gri} en un 'background' [*C R*], *J*, *V*, *G*, *B*, y *Rk* produce un color blanco a gris en el grano con un color de flor violeta pálido (casi blanco), con dos puntos violetas en la parte superior del estandarte de los pétalos (Bassett, 1992; 1994).

La segunda clase comercial de frejol importante en Chile es el tipo 'Coscorrón', que posee un grano de color blanco con estrías amarillas muy claras y vainas con vetas rojas en la vaina. El color de las vainas y el grano es un criterio de selección del consumidor para la compra y consumo de frejol coscorrón como 'granado', grano en estado de madurez fisiológica. El estudio del color del grano en la variedad 'Prim' desarrollada por Leakey, (1992) determinó que el genotipo coscorrón era *P* [*C r*] *dj G b* v^{lae}, con *Asp* llevado crípticamente (Bassett, 1999).

Paralelamente, se ha planteado también un modelo diferente al anterior (*P*) para explicar la herencia del color negro, blanco y gris de la cáscara. En este caso, la herencia del color de la cáscara es controlada por genes dominantes con efectos epistáticos, donde el color negro es epistático al blanco. En este caso, el color negro está controlado por *AABB* y el color blanco por *aabb*, donde los genotipos *A*- son negros y el aaB- son grises. En este caso, el genotipo blanco no correspondería al recesivo del color negro (Zhu et al., 2017). Estos *loci* han sido mapeados en el cromosoma Pv07, cercanos al gen *Asp* y serían alélicos al gen *Asp*, de acuerdo a la posición de los QTLs mapeados (Cichy et al., 2014). Por otro lado, el gen *Asp*, fue identificado y mapeado en el cromosoma Pv07 (Pérez-Vega et al., 2010) al igual que el *locus P* y cerca del *locus* de la *Phaseolina* (*Phs*), sin embargo, los *loci* (*C-R*), *G*, y *V* se encuentran ubicados en los cromosomas Pv08, Pv04, y Pv06, respectivamente (McClean et al., 2002; Caldas y Blair, 2009).

El color del grano del frejol tiene una gran importancia en el consumo y comercio del grano, por lo cual, cualquier cambio de color reduce su valor comercial y la aceptación en el mercado (Singh et al., 2006b; Bassett, 2007; Wiesinger et al., 2021). El oscurecimiento del color original

del grano después de la cosecha o de un tiempo en el almacenaje, reduce el valor comercial del grano, ya que el color oscuro se asocia con un grano viejo y más duro difícil de cocinar y consumir (Junk-Knievel et al., 2008; Bornowski et al., 2020). El color oscuro, después de la cosecha, está controlado por la interacción de dos genes no ligados *J* y *sd* (Bassett, 2007; Junk-Knievel et al., 2008; Elsadr et al., 2011), los que dan origen a tres genotipos: (a) *JJSdSd* de rápido oscurecimiento, *RD* de fenotipo oscuro, (b) *JJsdsd* de lento oscurecimiento, y (c) *jjSdSd* y *jjsdsd* de cáscara no oscura (Elsadr et al., 2011). Otros estudios han confirmado que el gen *sd* es un alelo del gen *P*, por lo cual se denomina *psd* que da un fenotipo de oscurecimiento lento (Islam et al., 2020). Recientemente, se identificó un gen candidato para el *locus J*, ubicado en el cromosoma Pv10, un factor de transcripción de tipo MYB-R2R3, que también juega un papel importante en la biosíntesis de proantocianidinas en la cáscara de los granos de *Medicago* sp. (Erfatpour y Pauls, 2020).

Desde el punto de vista nutricional, los frejoles coloreados son más ricos en compuestos fenólicos que los de color blanco (García-Díaz et al., 2018; Mecha et al., 2019). El perfil de los flavonoides define el color y el patrón de colores de la cáscara (Yang et al., 2018), donde los Flavonols, flavan-3-ols, antocianinas, y pro-anticianidinas (Pas) son los principales componentes responsables de los colores (Aparicio-Fernández et al., 2005; Marles et al., 2008). Por ejemplo, el color amarillo de la variedad 'Manteca' está asociado a la presencia de glucósidos de flavonol (Beninger et al., 1998), los antocianos están involucrados en los frejoles de colores rojos, púrpuras y negros (Takeoka, 1997), otros flavonoides como el kaempferol y la quercetina están presentes en los frejoles blanco, pinto y amarillo, y no contienen antocianos (Xu et al., 2007; Mojica et al., 2015; Gan et al., 2016; García-Díaz et al., 2018).

Rendimiento. El rendimiento del frejol ha sido menor comparado con otros cultivos no leguminosos (Nienhuis y Singh, 1988; Kelly et al., 1998), ya que debe distribuir sus recursos eficientemente para mantener un equilibrio entre los procesos de fijación simbiótica, producción de materia seca y producción de grano y resolver las interrelaciones internas entre el hábito de crecimiento, tamaño de semilla y precocidad en los diversos acervos genéticos (Kornegay et al., 1992).

El aumento de rendimiento en grano es uno de los objetivos importantes en cualquier programa de mejoramiento de frejol (Brick y Grafton, 1999; Kelly, 2004; 2018; Beaver y Osorno, 2009). Sin embargo, debido las preferencias de los consumidores los mejoradores se deben focalizar en el desarrollo de variedades en algunas clases comerciales que son de mayor demanda en el mercado local o extranjero (Voysest y Dessert, 1991; Santalla et al., 2002; Kelly, 2004). Dada esta situación, estas clases comerciales determinan las características agronómicas, tipo de grano (color, forma y tamaño) y calidad del germoplasma a mejorar (Singh, 2001; Wright y Kelly, 2011; Beebe et al., 2013; Assefa et al., 2015).

El rendimiento en grano es una característica compleja, producto de la interacción de una serie de procesos fisiológicos, metabólicos, arquitectura de planta, manejo agronómico y factores ambientales. Desde el punto de vista genético, el rendimiento es una característica cuantitativa, influenciada por el ambiente y de baja heredabilidad (Singh, 1991b).

El frejol posee dos acervos genéticos principales, Mesoamericano y Andino, los que presentan diferencias en sus potenciales de rendimiento y que están asociadas a los diferentes hábitos de crecimiento, tamaño de grano y precocidad (Beebe, 2012). Es así como, variedades pertenecientes al acervo genético Andino poseen un menor potencial de rendimiento que las variedades del

acervo Mesoamericano (Beaver et al., 1996; Beebe, 2012), lo que concuerda con la obtención de altos niveles de heterosis para rendimiento, hábito de crecimiento, tamaño de grano, madurez y otras características, cuando se cruzan progenitores que poseen una mayor distancia genética (Nienhuis y Singh, 1986). En este sentido, es importante tener en cuenta también que padres pertenecientes al acervo Mesoamericano poseen una habilidad combinatoria negativa para algunas características agronómicas como, tamaño de semilla, lo que restringe el uso de estos progenitores para aumentar el rendimiento en variedades de tamaño de semilla grande, como son las pertenecientes al acervo Andino (White y González, 1990; Singh et al., 1992). Por otro lado, se ha determinado también altos porcentajes de varianza genética aditiva y heredabilidad en frejoles de semilla grande en genotipos provenientes de los Andes, para rendimiento, componentes de rendimiento y días a madurez (Singh et al., 2006a), aunque también se ha informado de efectos epistáticos para rendimiento (Johnson y Gepts, 2002; Yuste-Lisbona et al., 2014a).

Varios estudios han detectado algunos QTLs relacionados con rendimiento localizados en los diferentes cromosomas de la planta (Koinange et al., 1996; Johnson y Gepts, 2002; Beattie et al., 2003; Blair et al., 2006; Wright y Kelly, 2011; Yuste-Lisbona et al., 2014b; Kamfwa et al., 2015b). Sin embargo, recientemente se ha descrito un par de genes relacionados directamente con el rendimiento y características asociadas al rendimiento, *AYD1* y *AYD2* que fueron mapeados en el mismo cromosoma y que codifican factores de transcripción asociados a respuesta al estrés (Reinprecht et al., 2021). El lugar de los genes *AYD1* y *AYD2* es similar al de otros QTLs para rendimiento identificados previamente (Tar´an et al., 2002; Blair et al., 2006; Mukeshimana et al., 2014).

Hasta la fecha se han descrito varias estrategias para aumentar directamente el rendimiento (Kelly et al., 1998), o indirectamente, a través de la manipulación de los componentes de rendimiento (Donald, 1968), ideotipo (Adams, 1973; Adams, 1982; Kelly y Adams, 1987), combinación de características fisiológicas (Wallace et al., 1993b), habilidad combinatoria (Singh, 1992), uso de diferentes recursos utilizando una estrategia piramidal (Kelly et al., 1998), y el uso de germoplasma silvestres (Singh, 2001; Acosta-Gallegos et al., 2007). A estas estrategias en los últimos años se ha incorporado el uso de la genómica, transformación genética, proteómica, transcriptómica y la fenómica (Nadeem et al., 2021).

Componentes de rendimiento. El rendimiento se puede describir como un producto funcional de componentes de rendimiento (Donald, 1968). En el caso del frejol, estos componentes de rendimiento son: número de vainas por planta o superficie, número de granos por vaina y peso de los 100 granos. El uso de esta estrategia se basa en la alta correlación entre el rendimiento y algunos componentes de rendimiento, como el peso de los 100 granos, vainas por planta y número de vainas por planta (Beebe et al., 2013; Assefa et al., 2015; Rao et al., 2017). A pesar de esta situación, se debe considerar que los componentes de rendimiento poseen un proceso de compensación entre ellos, es decir, al aumentar uno de ellos, generalmente se reduce otro componente. Por otro lado, hay que considerar también que estos componentes de rendimiento, además de estar controlados genéticamente, son afectados por el medio ambiente (Adams, 1967).

Ideotipo. La arquitectura de la planta tiene una alta influencia sobre el hábito de crecimiento, rendimiento, adaptación, madurez, cosecha mecánica y otras prácticas de manejo agronómicas como son: la distancia entre hileras, densidad de plantas, control de malezas y presencia de

enfermedades (Kelly, 2000; Singh, 2001; Miklas et al., 2006; Eckert et al., 2011b; Beebe et al., 2013). En base a esta información, se planteó la necesidad de aumentar el rendimiento de la planta, a través de la formulación del concepto de planta ideal o 'ideotipo' en frejoles (Adams, 1973), concepto posteriormente ampliado y desarrollado por el mismo autor, formulando el concepto de una arquitectura ideal o 'arquetipo' (Adams, 1982; Kelly, 2000).

El tipo ideal de planta poseía los siguientes atributos: un tallo central con un mínimo de ramas erectas y varios nudos, entrenudos de largo medio; racimos axilares en cada nudo con varias flores y un pedicelo corto; hojas pequeñas en posición vertical; vainas largas con muchos granos y valvas delgadas; semillas grandes dentro de cada clase comercial; hábito de crecimiento determinado, de perfil estrecho y erecto, alta tasa de crecimiento, periodo de llenado de grano largo y alta remobilización de carbohidratos hacia la semilla (Adams, 1973). Posteriormente, este concepto de planta ideal fue revisado, dando origen al llamado 'arquetipo' que incluía entre otras características el desarrollo de plantas indeterminadas, erectas de un perfil estrecho con una guía pequeña, con 13 a 15 nudos en el tallo principal, tres a cinco ramas basales, un índice de área foliar, alrededor de cuatro y un mayor periodo de siembra a cosecha que los genotipos de hábito de crecimiento determinado (Adams, 1982; Kelly, 2000).

Uno de los desafíos importantes en la aplicación de este concepto era la modificación del hábito de crecimiento de las variedades postradas tipo III hacia plantas de hábito más erecto, primero Tipo I (Adams, 1973) y posteriormente tipo II (Adams, 1982), debido a que en general, los genotipos de hábito de crecimiento determinado tenían un menor rendimiento y estabilidad del rendimiento, que los genotipos de hábito de crecimiento indeterminado. Además, eran más susceptibles a estrés de temperatura (Shonnard y Gepts, 1994). El primer esfuerzo en el cambio de hábito de crecimiento estuvo focalizado en los genotipos Mesoamericanos, lo que dio origen a variedades de grano negro y arroz con un arquetipo mejorado (Kelly, 2000). Estos genotipos de hábito de crecimiento indeterminado, pero erecto (tipo II) poseían un mayor rendimiento, estabilidad, periodo de llenado de grano y menor tendedura que los de hábito de crecimiento determinado (Izquierdo y Hosfield, 1983; Kelly et al., 1987; Soltani et al., 2016) y facilidad para la cosecha mecánica que los genotipos del tipo III (Eckert et al., 2011a). Para lograr el cambio de hábito de crecimiento se utilizaron cruzamientos entre genotipos de distinto acervo genético, y pertenecientes a diferentes razas cultivadas, por ejemplo, el cruzamiento entre genotipos de la raza Nueva Granada y Mesoamérica (Kelly y Adams, 1987), que dio origen a variedades de grano grande, erectos, tipo II, en tipo pinto (Kelly et al., 1990; Kelly et al., 1999a), great northern (Beaver y Kelly, 1994; Kelly et al., 1999b), rojo pequeño (Hosfield et al., 2004; Menezes et al., 2013) y carioca (Amaro et al., 2007). Se plantea que en las primeras transferencias del hábito de crecimiento tipo II se seleccionaron regiones del genoma con efectos pleiotrópicos o genes ligados (MacQueen et al., 2020).

Trabajos posteriores determinaron que el mismo 'ideotipo' de planta no era el más adecuado para todas las clases comerciales, por lo cual, se deberían desarrollar 'ideotipos' diferentes para las distintas clases comerciales de frejol (Brothers y Kelly, 1993). Por ejemplo, el tipo ideal de planta de la clase comercial pinto, posee menos vainas y menos semillas por vaina que el 'ideotipo' de planta de la clase comercial de grano pequeño, como arroz o negro, ya que el genotipo de planta tipo II gasta más energía en la construcción de un tallo grueso, rígido, que es más resistente a la tendedura, pero que compite por los fotosintatos disponibles con el rendimiento (Brothers y Kelly, 1993).

Eficiencia fisiológica. Esta estrategia plantea seleccionar indirectamente por tres componentes fisiológicos como son biomasa, índice de cosecha (IC) y días a madurez para aumentar el rendimiento (Wallace et al., 1993b). Sin embargo, esta estrategia nuevamente se enfrenta con el desafío de mejorar un componente y mantener los otros sin alterar, para lograr su objetivo. Por ejemplo, el IC se correlaciona negativamente con los días a madurez y también con la biomasa. Por otro lado, la biomasa y los días a madurez se correlacionan positivamente entre ellos. Además de estas correlaciones es importante señalar que, estas características son afectadas también por el medio ambiente (Kelly et al., 1998).

Variabilidad genética y habilidad combinatoria. Uno de los problemas genéticos que enfrentan las variedades de diferentes clases comerciales de frejol es su estrecha base genética (McClean et al., 1993). Por lo cual, esta estrategia considera el cruzamiento dentro de los acervos genéticos (Singh et al., 1989a; Singh et al., 1989b; Singh y Gutiérrez, 1990; Voysest et al., 1994; Singh et al., 1993; Singh, 1995), y entre razas de diferentes acervos genéticos (Singh et al., 1992; Beaver y Kelly, 1994; Paredes y Gepts, 1995). Sin embargo, es importante considerar en este proceso, la habilidad combinatoria de los padres para planificar los cruzamientos entre razas (Singh, 1992), ya que cruzamientos entre acervos genéticos pueden tener habilidad genética negativa y problemas de letalidad (Singh y Gutiérrez, 1984), por lo cual, en algunos casos los cruzamientos entre razas del mismo acervo genético pueden tener un mayor potencial de éxito. Por ejemplo, cruzamientos entre genotipos de semilla pequeña con genotipos de semilla media Mesoamericanos producen líneas de mayor rendimiento que sus padres (Singh et al., 1989a), o cruzamientos entre genotipos de razas Mesoamérica con genotipos de la raza Jalisco o Durango (Beebe, 2012).

Piramidal. Esta estrategia considera tres tipos de materiales genéticos, en la base de la pirámide están los materiales menos adaptados (silvestres y otras especies) que se utilizarán para ampliar la base genética del programa; en un nivel intermedio, están considerados los materiales con menos limitaciones, por ejemplo, cruzas entre razas del mismo acervo genético, para obtener diferencias genéticas de material más adaptado; y en el ápice de la pirámide están los materiales élite, y agronómicamente aceptables de la misma clase comercial. El objetivo principal de esta estrategia es mover el germoplasma mejorado desde la base hacia el ápice usando diferentes estrategias de mejoramiento y maximizar la ganancia genética en cada una de las etapas del mejoramiento piramidal (Kelly et al., 1998).

Material silvestre. El uso de la variación genética existente en el germoplasma silvestre en el mejoramiento genético ha sido más bien limitado (Singh, 2001; Acosta-Gallegos et al., 2007; Berny Mier y Terán et al., 2020), debido a la dificultad de lograr variedades comerciales en el corto plazo, sin embargo, ha sido posible detectar diversas fuentes de resistencia a plagas, como el bruco (Kornegay et al., 1993a), enfermedades (Mkwaila et al., 2011) y QTLs favorables para rendimiento, adaptación a sequía (Gepts et al., 1986; Acosta-Gallegos, 2007; Berny Mier y Terán et al., 2020), lo que ha permitido la introducción de algunas características específicas del germoplasma silvestre en el germoplasma cultivado (Koinange et al., 1996; Blair et al., 2006; Blair y Izquierdo, 2012).

Evaluación y selección temprana. La evaluación y selección temprana no ha sido exitosa debido a la complejidad de seleccionar en generaciones tempranas características de baja heredabilidad (Patiño y Singh, 1989). La selección de estas características se debe realizar en

generaciones más avanzadas y estables genéticamente, donde se puede controlar el efecto ambiental (Singh y Gutiérrez, 1990). Por lo tanto, lo recomendable es realizar una selección temprana para características de alta heredabilidad y combinar esta estrategia con otros sistemas de mejoramiento (Singh y Urrea, 1995). Por ejemplo, utilizar la selección gamética cuando se deseen seleccionar varias características simultáneamente, en comparación al método de pedigrí (Singh, 1994; Singh et al., 1996), o descendencia de semilla única (Singh, 1997).

Referencias

Acosta-Gallegos, J., Kelly, J., Gepts, P. 2007. Prebreeding in common bean and use of genetic diversity from wild germplasm. Crop Sci. 47(S3):S44-S59.

Adams, W. 1967. Basis of yield component compensation in crop plants with special reference to the field bean, *Phaseolus vulgaris*. Crop Sci. 7(5):505-510.

Adams, W. 1973. Plant. architecture and physiological efficiency (pp. 226-278). In Potential of field beans and other food legumes in Latin America. CIAT, Cali, Colombia.

Adams, W. 1982. Plant. architecture and yield breeding in *Phaseolus vulgaris* L. Iowa State J. Res. 56: 225-254.

Adams, W., Bedford, C. 1973. Breeding food for improved processing and consumers acceptance properties (pp. 299-304). In N. Milner (ed.). Nutritional improvement of food legumes by breeding. Proc. U. N. Protein Adv. Group, New York.

Adohara, R., Long, Y., Izquierdo, P., et al. 2022. Seed coat color genetics and genotype × environment effects in yellow beans via machine-learning and genome-wide association. Plant. Genome 15:225-239.

Aguilar, O., Collavino, M., Mancini, U. 2022. Nodulation competitiveness and diversification of symbiosis genes in common beans from the American centers of domestication. Sci. Rep. 12:4591.

Aguilar, O., Riva, O., Peltzer, E. 2004. Analysis of *Rhizobium etli* and of its symbiosis with wild *Phaseolus vulgaris* supports coevolution in centers of host diversification. Proc. Nat. Acad. Sci.101:13548-13553

Amaro, G., Abreu, A., Ramalho, M. 2007. Phenotypic recurrent selection in the common bean (*Phaseolus vulgaris* L) with carioca-type grains for resistance to the fungi *Phaeoisariopsis griseola*. Genet. Mol. Biol. 30:584-588.

Ambachew, D., Blair M. 2021. Genome-wide association mapping of trait root distributions in the Andean gene pool of common bean (*Phaseolus vulgaris* L.) grown with and without aluminum toxicity. Front. Plant. Sci. 12:628687.

Aparicio-Fernández, X., Yousef, G., Loarca-Pina, G., et al. 2005. Characterization of polyphenolics in the seed coat of black Jamapa bean (*Phaseolus vulgaris* L.). J. Agric. Food Chem. 53:4615-4622.

Araújo, A., Antunes, I., Teixeira, M. 2005. Inheritance of trait root distributions and phosphorus uptake in common bean (*Phaseolus vulgaris* L.) under limited soil phosphorus supply. Euphytica. 145(1-2):33-40.

Araújo, S., Beebe, S., Crespi, M., et al. 2015. Abiotic stress responses in legumes: Strategies used to cope with environmental challenges. Crit. Rev. Plant. Sci. 34:237-280.

Assefa, T., Beebe, S., Rao, I., et al. 2013. Pod harvest index as a selection criterion to improve drought resistance in white pea bean. Field Crops Res. 148:24-33.

Assefa, T., Wu, J., Beebe, S., et al. 2015. Improving adaptation to drought stress in small red common bean: Phenotypic differences and predicted genotypic effects on grain yield, yield components and harvest index. Euphytica 303:477-489.

Ayra, L., Royero-Saavedra, M., Isidra-Arellano, M., et al. 2021. Control of the *Rhizobia* nitrogen-fixing symbiosis by common bean MADS-Domain/AGL transcription factors. Front. Plant. Sci. 12:679463.

Bandillo, N., Anderson, J., Kantar, M., et al. 2017. Dissecting the genetic basis of local adaptation in soybean. Sci. Rep. 7:17195.

Bassett, M. 1992. Pleiotropic effects of *gri* on seed coat and flower color in common bean. HortSci. 27:254-256.

Bassett, M. 1994. The griseoalbus (gray-white) seedcoat color is controlled by an allele (p^{gri}) at the *P locus* in common bean. HortSci. 29: 1178-1179.

Bassett, M. 1996. The margo (*mar*) seedcoat color gene is a synonym for the joker (*j*) *locus* in common bean. J. Am. Soc. Hort. Sci. 121:1028-1031.

Bassett, M. 1997. Tight linkage between the *fin locus* for plant habit and the *Z locus* for partly colored seed coat patterns in common bean. J. Am. Soc. Hort. Sci. 122:656-658.

Bassett, M. 1999. The seedcoat color genotype of 'Prim' and the Manteca and Coscorrón market classes of common bean. Hortsci. 34:336-337.

Bassett, M. 2002. Classical and molecular genetic studies of the strong greenish yellow seedcoat color in 'Wagenaar' and 'Enola' common bean. J. Am. Soc. Hort. Sci. 127:50-55.

Bassett, M. 2003. Inheritance of yellow corona and hilum ring in seedcoats of Mayocoba market class common beans with genotype *P* [*C r*] *gy J g b vlae Rk*. J. Am. Soc. Hort. Sci. 128:721-723.

Bassett, M. 2007. Genetics of seed coat color and pattern in common bean. Plant. Breed. Rev. 28:239-315.

Bassett, M., Miklas, P. 2003. New alleles, rk^{cd} and rk^{p}, at the red kidney *locus* for seedcoat color in common bean. J. Am. Soc. Hort. Sci. 128:552-558.

Bassett, M., Miklas, P. 2007. A new gene, *bic*, with pleiotropic effects (with *TPV*) for bicolor flowers and dark olive brown seed coat in common bean. J. Am. Soc. Hort. Sci. 132:352-356.

Bassett, M., Miklas, P., Caldas, G., et al. 2010. A dominant gene for garnet brown seed coats at the *Rk locus* in 'Dorado' common bean and mapping *Rk* to linkage group 1. Euphytica 176:281-290.

Bassett, M., Shearon, C., McClean, P. 1999. Allelism found between two common bean genes, hilum ring color (*D*) and partly colored seedcoat pattern (*Z*), formerly assumed to be independent. J. Am. Soc. Hort. Sci. 124:649-653.

Beagley, C., Vander Schoor, J., Butler, J., et al. 2025. Genetic control of stem elongation in common bean and the influence of age and flowering time. Theor. Appl. Genet. 138:222.

Beattie, A., Larsen, J., Michaels, T., et al. 2003. Mapping quantitative trait *loci* for a common bean (*Phaseolus vulgaris* L.) ideotype. Genome 46:411-422.

Beaver, J., Arnaud-Santana, E., Coyne, D. 1996. Yield stability of determinate and indeterminate red mottled beans. J. Agric. Univ. P. R. 80:187-189.

Beaver, J., Kelly, J. 1994. Comparison of two selection methods for the improvement of dry bean populations derived from crosses between gene pools. Crop Sci. 34: 34-37.

Beaver, J., Osorno, J. 2009. Achievements and limitations of contemporary common bean breeding using conventional and molecular approaches. Euphytica 168:145-175.

Beebe, S. 2012. Common bean breeding in the tropics. Plant. Breed. Rev. 36:357-426.

Beebe, S. 2020. Biofortification of common bean for higher iron concentration. Front. Sust. Food Syst. 4:573449.

Beebe, S., Rojas-Pierce, M., Yan, X., et al. 2006. Quantitative trait *loci* for root architecture traits correlated with phosphorus acquisition in common bean. Crop Sci. 46:413-423.

Beebe, S., Rao, I., Blair, M., et al. 2013. Phenotyping common beans for adaptation to drought. Front. Physiol. 4:35.

Bellucci, E., Benazzo, A., Xu, C., et al. 2023. Selection and adaptive introgression guided the complex evolutionary history of the European common bean. Nat. Commun. 14:1908.

Bellucci, E., Bitocchi, E., Ferrarini, A., et al. 2014a. Decreased nucleotide and expression diversity and modified coexpression patterns characterize domestication in common bean. Plant. Cell 26:1901-1912.

Beninger, C., Hosfield, G. 1999. Flavonol glycosides from Montcalm dark red kidney bean: Implications for the genetics of seed coat color in *Phaseolus vulgaris* L. J. Agric. Food Chem. 47(10):4079-4082.

Beninger, C., Hosfield, G., Bassett, M. 1999. Flavonoid composition of three genotypes of dry bean (*Phaseolus vulgaris*) differing in seedcoat color. J. Am. Soc. Hortic. Sci. 124:514-518.

Beninger, C., Hosfield, G., Bassett, M., et al. 2000. Chemical and morphological expression of the *B* and *Asp* seedcoat genes in *Phaseolus vulgaris*. J. Am. Soc. Hort. Sci. 125:52-58.

Beninger, C., Hosfield, G., Bassett, M. 2016. Chemical and morphological expression of the *B* and *asp* seed coat genes in *Phaseolus vulgaris*. J. Amer. Soc. Hort. Sci. 125(1):52-8.

Beninger, C., Hosfield, G., Nair, M. 1998. Flavonol glycosides from the seed coat of a new Manteca-type dry bean (*Phaseolus vulgaris* L.). J. Agric. Food. Chem. 46:2906-2910.

Berny Mier y Terán, J., Konzen, E., Palkovic, A., et al. 2019. Effect of drought stress on the genetic architecture of photosynthate allocation and remobilization in pods of common bean (*Phaseolus vulgaris* L.), a key species for food security. BMC Plant. Biol. 19:171.

Berny Mier y Terán, J., Konzen, E., Palkovic, A., et al. 2020. Exploration of the yield potential of Mesoamerican wild common beans from contrasting eco-geographic regions by nested recombinant inbred populations. Front. Plant. Sci. 11:346.

Bhakta, M., Gezan, S., Clavijo Michelangeli, J., et al. 2017. A predictive model for time-to-flowering in the common bean based on QTL and environmental variables. G3 Genes Genomes Genet. 7: 3901-3912.

Blair, M., Díaz, L., Buendía, H., et al. 2009. Genetic diversity, seed size associations and population structure of a core collection of common beans (*Phaseolus vulgaris* L.). Theor. Appl. Genet. 119:955-972.

Blair, M., Iriarte, G., Beebe, S. 2006. QTL analysis of yield traits in an advanced backcross population derived from a cultivated Andean x wild common bean (*Phaseolus vulgaris* L.) cross. Theor. Appl. Genet. 112:1149-1163.

Blair, M., Izquierdo, P. 2012. Use of the advanced backcross-QTL method to transfer seed mineral accumulation nutrition traits from wild to Andean cultivated common beans Theor. Appl. Genet. 125(5):1015-31.

Bliss, F. 1993. Breeding common bean for improved biological nitrogen-fixation. Plant. Soil 152:71-79.

Boden, S. 2021. Evolution: Replicated mutation of *COL2* contributed long-day flowering in common bean. Curr. Biol. 31:R374-R398.

Bornowski, N., Song, Q., Kelly, J. 2020. QTL mapping of postprocessing color retention in two black bean populations. Theor. Appl. Genet. 133:3085-3100.

Bradley, D., Ratcliffe, O., Vincent, C., et al. 1997. Inflorescence commitment and architecture in *Arabidopsis*. Science 275:80-83.

Brick, M., Grafton, K. 1999. Improvement of medium-seeded race Durango cultivars (pp. 223-253). In S. Singh (ed) Common bean improvement in the twenty-first century. Kluwer, Dordrecht, the Netherlands.

Brothers, M., Kelly, J. 1993. Interrelationship of plant architecture and yield components in the pinto bean ideotype. Crop Sci. 33:1234-1238.

Broughton, W., Hernández, G., Blair, M., et al. 2003. Beans (*Phaseolus* spp.)-model food legumes. Plant. Soil 252:55-128.

Burridge, J., Findeis, J., Jochua, C., et al. 2019. A case study on the efficacy of root phenotypic selection for edaphic stress tolerance in low-input agriculture: Common bean breeding in Mozambique. Field Crops Res. 244:107612.

Burridge, J., Jochua, C., Bucksch, A., et al. 2016. Legume shovelomics: High-throughput phenotyping of common bean (*Phaseolus vulgaris* L.) and cowpea (*Vigna unguiculata* subsp, *unguiculata*) root architecture in the field. Field Crops Res. 192:21-32.

Caldas, G., Blair, M. 2009. Inheritance of seed condensed tannins and their relationship with seed-coat color and pattern genes in common bean (*Phaseolus vulgaris* L.). Theor. Appl. Genet. 119:131-142.

Celebioglu, B., Roy, J., Farmer, A., et al. 2026. Domestication-related changes at PvMYB26 reduce pod shattering in common bean and shed light on the origins of agriculture in the Americas. Mol. Plant 19:313-327.

Chavarro, M., Blair, M. 2010. QTL Analysis and effect of the *fin locus* on tropical adaptation in an inter-genepool common bean population. Trop. Plant. Biol. 3:204-218.

Checa, O., Blair, M. 2008. Mapping QTL for climbing ability and component traits in common bean (*Phaseolus vulgaris* L.). Mol. Breed. 22:201-215.

Checa, O., Blair, M. 2012. Inheritance of yield-related traits in climbing beans (*Phaseolus vulgaris* L.). Crop Sci. 52:1998-2013.

Checa, O., Ceballos, H., Blair, M. 2006. Generation means analysis of climbing ability in common bean (*Phaseolus vulgaris* L.). J. Hered. 97:456-465.

Cichy, K., Porch, T., Beaver, J., et al. 2014. A *Phaseolus vulgaris* diversity panel for Andean bean improvement. Crop Sci. 55:2149-2160.

Cirak, M., Myers, J. 2021. The cosmetic stay-green trait in snap bean and the event cascade that reduces seed germination and emergence. J. Am. Soc. Hort. Sci. 146(5):1-11.

Conti, L. 1985. Conclusive results of a selection program for obtaining a dwarf bean (*P. vulgaris*) resistant to some viruses and characterized by agronomical qualities. Genet. Agrar. 39:51-63.

Coyne, D. 1967. Photoperiodism: inheritance and linkage studies in *Phaseolus vulgaris*. J. Hered. 58:313-314.

Coyne, D. 1968. Correlation, heritability and selection of yield components in field bean (*Phaseolus vulgaris* L.). Proc. Am. Soc. Hort. 93:388-396.

Curtin, S., Tiffin, P., Guhlin, J., et al. 2017. Validating genome-wide association candidates controlling quantitative variation in nodulation. Plant. Physiol..173:921-931.

Davis, D., Frazier, W. 1966. Inheritance of some growth habit components in certain types of bush lines of *Phaseolus vulgaris* L. J. Am. Soc. Hortic. Sci. 88:384-392.

de Campos, T., Oblessuc, P., Sforça, D., et al. 2011. Inheritance of growth habit detected by genetic linkage analysis using microsatellites in the common bean (*Phaseolus vulgaris* L.). Mol. Breed. 27: 549-560.

de Melo, R., Schmit, R., Cerutti, P., et al. 2016. Genetic variation in the trait root distribution over segregating generations of common bean. Euphytica. 207(3):665-674.

de Melo, R., Trevisani, N., Corrêa, S., et al. 2018. Inheritance of root distribution in common bean and selection strategy. Crop Breed. Appl. Biotechnol. 18(4):373-381.

Debouck, D. 1991. Systematics and morphology. (pp. 55-117). In A. van Schoonhoven, O. Voyasset (eds.). Common beans: Research for crop improvement. CAB International/ CIAT, Wallingford/Cali.

Debouck, D., Hidalgo, R. 1985. Morfología de la planta de frejol común. (pp 7-41). En M. López, F. Fernández, A. van Schoonhoven (eds.). Frijol: Investigación y Producción. CIAT, Cali, Colombia. 419.

Debouck, D., Toro, O., Paredes, O., et al. 1993. Genetic diversity and ecological distribution of *Phaseolus vulgaris* (Fabaceae) in northwestern South America. Econ. Bot. 47(4):408-423.

Delfini, J., Moda-Cirino, V., dos Santos Neto, J., et al. 2021. Genome-wide association study identifies genomic regions for important morpho-agronomic traits in Mesoamerican common bean. Front. Plant. Sci. 12:748829.

Di Vittori, V., Bitocchi, E., Rodríguez, M., et al. 2020. Pod indehiscence in common bean is associated to the fine regulation of *PvMYB26* and a non-functional abscission layer. BioRxiv: 2020.2004.2002.021972.

Di Vittori, V., Bitocchi, E., Rodríguez, M., et al. 2021. Pod indehiscence in common bean is associated with the fine regulation of *PvMYB26*. J. Exp. Bot. 72 (5):1617-1633.

Di Vittori, V., Gioia, T., Rodríguez, M., et al. 2019. Convergent evolution of the seed shattering trait. Genes 10:68.

Díaz, L., Blair, M. 2006. Race structure within the Mesoamerican gene pool of common bean (*Phaseolus vulgaris* L.) as determined by microsatellite markers. Theor. Appl. Genet. 114:143-154.

Díaz, L., Ricaurte, J., Cajiao, C., et al. 2017. Phenotypic evaluation and QTL analysis of yield and symbiotic nitrogen fixation in a common bean population grown with two levels of phosphorus supply. Mol. Breed. 37:76.

Donald, C. 1968. The breeding of crop ideotypes. Euphytica 17: 385-403.

Durán, L., Blair, M., Giraldo, M., et al. 2005. Morphological and molecular characterization of common bean landraces and cultivars from the Caribbean. Crop Sci. 45:1320-1328.

Eckert, F., Kandel, H., Johnson, B., et al. 2011a. Row spacing and nitrogen effects on upright pinto bean cultivars under direct harvest conditions. Agron. J. 103:1314-1320.

Eckert, F., Kandel, H., Johnson, B., et al. 2011b. Seed yield and loss of dry bean cultivars under conventional and direct harvest. Agron. J. 103:129-136.

Elsadr, H., Wright, L., Peter Pauls, K., et al. 2011. Characterization of seed coat postharvest darkening in common bean (*Phaseolus vulgaris* L.). Theor. Appl. Genet. 123:1467-1472.

Erdmann, P., Lee, R., Bassett, M., et al. 2002. A molecular marker tightly linked to *P*, a gene required for flower and seedcoat color in common bean (*Phaseolus vulgaris* L.), contains the Ty3-gypsy retrotransposon Tpv3g. Genome 45:728-736.

Erfatpour, M., Pauls, K. 2020. A R2R3-MYB gene-based marker for the non-darkening seed coat trait in pinto and cranberry beans (*Phaseolus vulgaris* L.) derived from 'Wit-rood boontje'. Theor. Appl. Genet. 133(6):1977-1994.

Farid, M., Earl, H., Pauls, K., et al. 2017. Response to selection for improved nitrogen fixation in common bean (*Phaseolus vulgaris* L.). Euphytica 213:99.

Fenta, B., Beebe, S., Kunert, K. 2020. Role of fixing nitrogen in common bean growth under water deficit conditions. Food Energy Sec. 9:e183.

Fernández, F., Gepts, P., López, M. 1985. Etapas de desarrollo en la planta de frejol (pp.61-78). En M. López, F. Fernández, A. van Schoonhoven (eds.) Frijol: Investigación y Producción. CIAT, Cali, Colombia. 419p.

Freyre, R., Skroch, P., Geffroy, V., et al. 1998. Towards an integrated linkage map of common bean. 4. Development of a core linkage map and alignment of RFLP maps. Theor. Appl. Genet. 97:847-856.

Galeano, C., Cortés, A., Fernández, A., et al. 2012. Gene-based Single Nucleotide Polymorphism markers for genetic and association mapping in common bean. BMC Genet. 13:48.

Gan, R., Deng, Z., Yan, A., et al. 2016. Pigmented edible bean coats as natural sources of polyphenols with antioxidant and antibacterial effects. LWT 73:168-177.

García-Díaz, Y., Aquino-Bolaños, E., Chávez-Servia, J., et al. 2018. Bioactive compounds and antioxidant activity in the common bean are influenced by cropping season and genotype. Chilean JAR 78:255-265.

García-Fernández, C., Campa, A., Soler, A., et al. 2021. GWAS of pod morphological and color characters in common bean. BMC Plant. Biol. 21:184.

Garner, W., Allard, H. 1920. Effect of the relative length of day and night and other factors of the environment on growth and reproduction in plants. J. Agric. Res. 18:553-606.

Geng, Q., Wang, L., Wu, J., et al. 2017. QTL mapping for seed size and shape in common bean. Acta Agron. Sin. 43:1149-1160.

Gepts, P. 1998. Origin and evolution of common bean: Past events and recent trends. HortSci. 33:1124-1130.

Gepts, P. 2014. The contribution of genetic and genomic approaches to plant domestication studies. Curr. Opin. Plant. Biol. 18:51-59.

Gepts, P., Debouck, D. 1991. Origin, domestication and evolution of the common bean (*Phaseolus vulgaris* L.) (pp. 7-53). In A. van Schoonhoven, O. Voysest (eds.). Common beans. Research for crop improvement. C.A.B. International.

Gepts, P., Osborn, T., Rashka, K., et al. 1986. Phaseolin-protein variability in wild forms and landraces of the common bean *(Phaseolus vulgaris*): Evidence for multiple centers of domestication. Econ. Bot. 40:451-468.

Geravandi, M., Cheghamizra, K., Farshadfar, E., et al. 2020. QTL analysis of seed size and yield-related traits in an inter-genepool population of common bean (*Phaseolus vulgaris* L.). Sci. Hort. 274:109678.

Gioia, T., Logozzo, G., Kami, J., et al. 2013. Identification and characterization of a homologue to the *Arabidopsis* I*NDEHISCENT* gene in common bean. J. Hered. 104:273-286.

Giordani, W., Castro, H., Chiorato, A., et al. 2022. Genome-wide association studies dissect the genetic architecture of seed shape and size in common bean. G3: Genes, Genomes, Genetics 12(4):jkac048.

Gómez-Martín, C., Capel, C., González, A., et al. 2021. Transcriptional dynamics and candidate genes involved in pod maturation of common bean (*Phaseolus vulgaris* L.). Plants 9:545.

González, A., Monteagudo, A., Casquero, P., et al. 2006. Genetic variation and environmental effects on agronomical and commercial quality traits in the main European market classes of dry bean. Field Crops Res. 95:336-347.

González, A., Vander Schoor, J., Fang, C., et al. 2021a. Ancient relaxation of an obligate short-day requirement in common bean through loss of *CONSTANS-like* gene function. Curr. Biol. 31:1643-1652.

González, A., Yuste-Lisbona, F., Saburido, S., et al. 2016. Major contribution of flowering time and vegetative growth to plant production in common bean as deduced from a comparative genetic mapping. Front. Plant. Sci. 7:1940.

González, A., Yuste-Lisbona, F., Weller, J., et al. 2021b. Characterization of QTL and environmental interactions controlling flowering time in Andean common bean (*Phaseolus vulgaris* L.). Front. Plant. Sci. 11:5999462.

Graham, P. 1981. Some problems of nodulation and symbiotic nitrogen fixation in *Phaseolus vulgaris* L.: A review. Field Crops Res. 4:93-112.

Gu, W., Weeden, N., Zhu, J., et al. 1994. Identification of DNA marker for *Hr*, a gene that interact with *Ppd* to confer extreme photoperiod sensitivity in common bean. Ann. Bean Improv. Coop. 37:125-126.

Gu, W., Zhu, J., Wallace, D., et al. 1998. Analysis of genes controlling photoperiod sensitivity in common bean using DNA markers. Euphytica 102:125-132.

Hagerty, C., Cuesta-Marcos, A., Cregan, P., et al. 2016. Mapping snap bean pod and color traits, in a dry bean × snap bean recombinant inbred population. J. Am. Soc. Hort. Sci. 141:131-138.

Hardarson, G., Bliss, F., Cigales-Rivero, M., et al. 1993. Genotypic variation in biological nitrogen fixation by common bean. Plant. Soil. 152:59-70.

Heilig, J., Beaver, J., Wright, E., et al. 2017. QTL analysis of symbiotic nitrogen fixation in a black bean population. Crop Sci. 57:118-129.

Heinemann, A., Ramirez-Villegas, J., Stone, L., et al. 2017. Climate change determined drought stress profiles in rainfed common bean production systems in Brazil. Agric. For. Meteorol. 246:64-77.

Hosfield, G., Varner, G., Uebersax, M., et al. 2004. Registration of 'Merlot' small red bean. Crop Sci. 44:351-352.

Hunt, L., Sousa-Baena, M., Acevedao, A., et al. 2026. *XTH* genes impact growth habit determination of twining common bean vine revealed by brassinosteroid treatment. New Phytol. 249:2938-2953.

Ishitani, M., Rao, I., Wenz, P., et al. 2004. Integration of genomics approach with traditional breeding towards improving abiotic stress adaptation: Drought and aluminum toxicity as case studies. Field Crops Res. 90:35-45.

Islam, N., Bett, K., Pauls, K., et al. 2020. Postharvest seed coat darkening in pinto bean (*Phaseolus vulgaris*) is regulated by *Psd*, an allele of the basic helix-loophelix transcription factor *P*. Plants People Planet 2(6):663-677.

Izquierdo, J., Hosfield, G. 1983. The relationship of seed filling to yield among dry beans with different architectural forms. J. Amer. Soc. Hort. Sci. 108:106-111.

Jochua, C., Strock, C., Lynch, J. 2020. Root phenotypic diversity in common bean reveals contrasting strategies for soil resource acquisition among gene pools and races. Crop Sci. 2020:1-17.

Johannsen, W. 1911. The genotype conception of heredity. Am. Nat. 45:129-259.

Johnson, W., Gepts, P. 2002. The role of epistasis in controlling seed yield and other agronomic traits in an Andean × Mesoamerican cross of common bean (*Phaseolus vulgaris* L.). Euphytica 125:69-79.

Johnson, W., Menéndez, C., Nodari, R., et al. 1996. Association of a seed weight factor with the *phaseolin* seed storage protein *locus* across genotypes, environments, and genomes in *Phaseolus-Vigna* spp. J. Agric. Genomics 2:1-19.

Jung, G., Coyne, D., Skroch, P., et al. 1996. Molecular markers associated with plant architecture and resistance to common blight, web blight, and rust in common beans. J. Am. Soc. Hort. Sci. 121:794-803.

Junk-Knievel, D., Vandenberg, A., Bett, K. 2008. Slow darkening in pinto bean (*Phaseolus vulgaris* L.) seed coats is controlled by a single major gene. Crop Sci. 48:189-193.

Kamfwa, K., Cichy, K., Kelly, J. 2015a. Genome-wide association analysis of symbiotic nitrogen fixation in common bean. Theor. Appl. Genet. 128:1999-2017.

Kamfwa, K., Cichy, K., Kelly, J. 2015b. Genome-wide association study of agronomic traits in common bean. Plant. Genome 8(2):59.

Kamfwa, K., Cichy, K., Kelly, J. 2019. Identification of quantitative trait *loci* for symbiotic nitrogen fixation in common bean. Theor. Appl. Genet. 132:1375-1387.

Kelly, J. 2000. Remaking bean plant architecture for efficient production. Adv. Agron. 71:109-143.

Kelly, J. 2004. Advances in common bean improvement: Some case histories with broader applications. Acta Hort. (ISHS) 637:99-122.

Kelly, J. 2018. Developing improved varieties of common bean (pp. 1-16). In Sivasankar S (ed) Achieving sustainable cultivation of grain legumes, Volume 2. Improving cultivation of particular grain legumes. Burleigh Dodds Science Publishing, London.

Kelly, J., Adams, W. 1987. Phenotypic recurrent selection in ideotype breeding of pinto beans. Euphytica 36:69-80.

Kelly, J., Adams, W., Saettler, A., et al. 1990. Registration of 'Sierra' pinto bean. Crop Sci. 30:745-746.

Kelly, J., Adams, W., Varner, G. 1987. Yield stability of determinate and indeterminate dry bean cultivars. Theor. Appl. Genet. 74:516-521.

Kelly, J., Hosfield, G., Varner, G., et al. 1999a. Registration of 'Kodiak' pinto bean. Crop Sci. 39: 292-293.

Kelly, J., Hosfield, G., Varner, G., et al. 1999b. Registration of 'Matterhorn' great northern bean. Crop Sci. 39:589-590.

Kelly, J., Kolkman, J., Schneider, K. 1998. Breeding for yield in dry bean (*Phaseolus vulgaris* L.). Euphytica 102:343-356.

Koinange, E., Singh, S., Gepts, P. 1996. Genetic control of the domestication syndrome in common bean. Crop Sci. 36(4):1037-1045.

Kolkman, J., Kelly, J. 2003. QTL conferring resistance and avoidance to white mold in common bean. Crop Sci. 43:539-548.

Kornegay, J., Cardona, C., Posso, C. 1993a. Inheritance of resistance to Mexican bean weevil in common bean, determined by bioassay and biochemical tests. Crop Sci. 33:589-594.

Kornegay, J., White, J., Domínguez, J., et al. 1993b Inheritance of photoperiod response in Andean and Mesoamerican common bean. Crop Sci. 33:977-984.

Kornegay, J., White, J., Ortiz de la Cruz, O. 1992. Growth habit and gene pool effects on inheritance of yield in common bean. Euphytica 62:171-180.

Kwak, M., Toro, O., Debouck, D., et al. 2012. Multiple origins of the determinate growth habit in domesticated common bean (*Phaseolus vulgaris*). Ann. Bot. 110: 1573-1580.

Kwak, M., Velasco, D., Gepts, P. 2008. Mapping homologous sequences for determinacy and photoperiod sensitivity in common bean (*Phaseolus vulgaris*). J. Hered. 99:283-291.

Laing, D., Jones, P., Davis, J. 1984. Common bean (*Phaseolus vulgaris* L.) (pp. 305-351). In P. Goldsworthy; N. Fisher (eds.). The physiology of tropical field crops. Wiley, New York.

Lamprecht, H. 1947. The inheritance of the slender-type of *Phaseolus vulgaris* and some other results. Agric. Hort. Genet. 5:72-84.

Lanna, A., Mitsuzono, S., Gledson, T., et al. 2016. Physiological characterization of common bean (*Phaseolus vulgaris* L.) genotypes, water-stress induced with contrasting response towards drought. AJCS. 10(1):1-6.

Leakey, C. 1992. Breeding on the *C* and *J* and *B loci* for modification of bean seedcoat flavonoids with the objective of improving food acceptability. Annu. Bean Improv. Coop. 35:xiii-xvi.

Lei, L., Wang, L., Wang, S., et al. 2020. Marker-trait association analysis of seed traits in accessions of common bean (*Phaseolus vulgaris* L.) in China. Front. Genet. 11:698.

Lenser, T., Theißen, G. 2013. Molecular mechanisms involved in convergent crop domestication. Trends Plant. Sci. 18:704-714.

Levene, B., Kimurto, P., Okwiri, P. 2023. Stability of common bean (Phaseolus vulgaris L.) genotypes for root system architecture and seed yield in multi-environments. Field Crops Res. 293:108863.

Liao, H., Yan, X., Rubio, G., et al. 2004. Genetic mapping of basal root gravitropism and phosphorus acquisition efficiency in common bean. Funct. Plant. Biol. 31:959-970.

Lindstrom, K., Mousavi, S. 2020. Effectiveness of nitrogen fixation in *Rhizobia*. Microbial Biotechnol. 3(5):1314-1335.

Liu, J., Yu, X., Qin, Q., et al. 2020. The impacts of domestication and breeding on nitrogen fixation symbiosis in legumes. Front. Genet. 11:00973.

Lo, S., Parker, T., Muñoz-Amatriain, M., et al. 2021. Genetic, anatomical, and environmental patterns related to pod shattering resistance in domesticated cowpea [*Vigna unguiculata* (L.) Walp]. J. Exp. Bot. 72:6219-6229.

Lynch, J. 2007. Roots of the second green revolution. Aust. J. Bot. 55:493-512.

Lynch, J. 2019. Root phenotypes for improved nutrient capture: An underexploited opportunity for global agriculture. New Phytol. 223:548-564.

Lynch, J. 2022. Harnessing root architecture to address global challenges. Plant. J. 109:415-431.

MacQueen, A., White, J., Lee, R., et al. 2020. Genetic associations in four decades of multienvironment trials reveal agronomic trait evolution in common bean. Genetics 215:267-284.

Marles, M., Vandenberg, A., Bett, K. 2008. Polyphenol oxidase activity and differential accumulation of polyphenolics in seed coats of pinto bean (*Phaseolus vulgaris* L.) characterize postharvest color changes. J. Agric. Food Chem. 56:7049-7056.

Matsoukas, I. 2014. Attainment of reproductive competence, phase transition, and quantification of juvenility in mutant genetic screens. Front. Plant. Sci. 5:32.

Mayland, H., Dean, L. 1971. Chlorophyll content of persistent-green and normal snap bean pods (*Phaseolus vulgaris* L.). J. Am. Soc. Hort. Sci. 96:362-365.

McClean, P., Bett, K., Stonehouse, R., et al. 2018. White seed color in common bean (*Phaseolus vulgaris*) results from convergent evolution in the *P* (pigment) gene. New Phytol. 219:1112-1123.

McClean, P., Lee, R., Otto, C., et al. 2002. Molecular and phenotypic mapping of genes controlling seed coat pattern and color in common bean (*Phaseolus vulgaris* L.). J. Hered. 92:148-152.

McClean, P., Myers, J., Hammond, J. 1993. Coefficient of parentage and cluster analysis of North American dry bean cultivars. Crop Sci. 33:190-197.

Mecha, E., Leitão, S., Carbas, B., et al. 2019. Characterization of soaking process' impact in common beans phenolic composition: Contribute from the unexplored Portuguese germplasm. Foods 8:296.

Menezes, J., Rezende, L., Rocha, G., et al. 2013. Two cycles of recurrent selection in red bean breeding. Crop Breed. Appl. Biotechnol. 13:41-48.

Miklas, P., Kelly, J., Beebe, S., et al. 2005. Common bean breeding for resistance against biotic and abiotic stresses: From classical to MAS breeding. Euphytica 147:105-131.

Mkwaila, W., Terpstra, K., Ender, M., et al. 2011. Identification of QTL for agronomic traits and resistance to white mold in wild and landrace germplasm of common bean. Plant. Breed. 130(6):665-672.

Moghaddam, S., Mamidi, S., Osorno, J., et al. 2016. Genome-wide association study identifies candidate *loci* underlying agronomic traits in a Middle American diversity panel of common bean. Plant. Genome 9:3.

Mojica, L., Meyer, A., Berhow, M., et al. 2015. Bean cultivars (*Phaseolus vulgaris* L.) have similar high antioxidant capacity, *in vitro* inhibition of α-amylase and α-glucosidase while diverse phenolic composition and concentration. Food Res. Int. 69:38-48.

Motto, M., Soressi, G., Salamini, F. 1978. Seed size inheritance in a cross between wild and cultivated common beans (*Phaseolus vulgaris* L.). Genetica 49:31-36.

Mousavi-Derazmahalleh, M., Bayer, P., Hane, J., et al. 2019. Adapting legume crops to climate change using genomic approaches. Plant. Cell Environ. 42:6-19.

Moyses, N., Nascimento, A., Silva, F. 2018. Quantile regression for genome-wide association study of flowering time related traits in common bean. PLoS ONE 13:0190303.

Mukeshimana, G., Butare, L., Cregan, P., et al. 2014. Quantitative trait *loci* associated with drought tolerance in common bean. Crop Sci. 54:923-938.

Murgia, M., Attene, G., Rodríguez, M., et al. 2017. A comprehensive phenotypic investigation of the 'pod-shattering syndrome' in common bean. Front. Plant. Sci. 8:251.

Murray, J., Michaels, T., Cardona, C., et al. 2004. Quantitative trait *loci* for leafhopper (*Empoasca fabae* and *Empoasca kraemeri*) resistance and seed weight in common bean. Plant. Breed. 123:474-479.

Murube, E., Campa, A., Song, Q., et al. 2020. Toward validation of QTL associated with pod and seed size in common bean using two nested recombinant inbred line populations. Mol. Breed. 40(1):7.

Nadeem, M., Yeken, M., Shahid, M. 2021. Common bean as a potential crop for future food security: An overview of past, current and future contributions in genomics, transcriptomics, transgenics and proteomics. Biotechnol. Biotechnol. Equip. 35(1):758-786.

Nanni, L., Bitocchi, E., Belluci, E., et al. 2011. Nucleotide diversity of a genomic sequence similar to *SHATTERPROOF* (*PvSHP1*) in domesticated and wild common bean (*Phaseolus vulgaris* L.). Theor. Appl. Genet. 123(8):1341-57.

Nienhuis, J., Singh, S. 1986. Combining ability analyses and relationships among yield, yield components, and architectural traits in dry bean. Crop Sci. 26(1):21-27.

Nienhuis, J., Singh, S. 1988. Genetics of seed yield and its components in common bean (*Phaseolus vulgaris* L.) of Middle American origin. II. Genetics, variance, heritability and expected response from selection. Plant. Breed. 101:155-163.

Nodari, R., Tsai, S., Gilbertson, R., et al. 1993. Towards an integrated linkage map of common bean. II. Development of an RFLP-based linkage map. Theor. Appl. Genet. 85:513-520.

Norton, J. 1915. Inheritance of habit in common bean. Am. Nat. 49:547-561.

Ochoa, I., Blair, M., Lynch, J. 2006. QTL analysis of adventitious root formation in common bean under contrasting phosphorus availability. Crop Sci. 46:1609-1621.

Ogutcen, E., Pandey, A., Khan, M., et al. 2018. Pod shattering: A homologous series of variation underlying domestication and an avenue for crop improvement. Agronomy 8:137.

Ohshima, S., Murata, M., Sakamoto, W., et al. 1997. Cloning and molecular analysis of the Arabidopsis gene *terminal flower 1*. Mol. Gen. Gen. 254:186-194.

Ojehomon, O., Morgan, D. 1969. A quantitative study of inflorescence development in *Phaseolus vulgaris*. Ann. Bot. 33:325-332.

Oladzad, A., González, A., Macchiavelli, R., et al. 2020. Genetic factors associated with nodulation and nitrogen derived from atmosphere in a Middle American common bean panel. Front. Plant. Sci. 11:576078.

Paredes, M., Gepts, P. 1995. Extensive introgression of Middle American germplasm into Chilean common bean cultivars. Genet. Resour. Crop Evol. 42:29-41.

Park, S., Coyne, D., Jung, G., et al. 2000. Mapping of QTL for seed size and shape traits in common bean. J. Am. Soc. Hort. Sci. 125:466-475.

Parker, T., Berny Mier y Terán, J., Palkovic, A., et al. 2020a. Pod indehiscence is a domestication and aridity resilience trait in common bean. New Phytol. 225:558-570.

Parker, T., Cetz, J., Lopes de Souza, L., et al. 2022. Loss of pod strings in common bean is associated with gene duplication, retrotransposon insertion and overexpression of *PvIND*. New Phytol. 235:2454-2465.

Parker, T., Sassoum, L., Gepts, P. 2021. Pod shattering in grain legumes: Emerging genetic and environment-related patterns. Plant. Cell. 33:179-199.

Parker, T., Sousa, L., Floriani, T., et al. 2020b. Towards the introgression of *PvPdh1* for increased resistance to pod shattering in common bean. Theor. Appl. Genet. 134(1):1-13.

Patiño, H., Singh, S. 1989. Visual selection for seed yield in the F_2 and F_3 generations of nine common bean crosses. Ann. Rep. Bean Improv. Coop. 32:79-80.

Pérez-Vega, E., Pañeda, A., Rodríguez-Suárez, C., et al. 2010. Mapping of QTLs for morpho-agronomic and seed quality traits in a RIL population of common bean (*Phaseolus vulgaris* L.). Theor. Appl. Genet. 120:1367-1380.

Polania, J., Poschenrieder, C., Rao, I., et al. 2017. Trait root distributions and their potential links to plant ideotypes to improve drought resistance in common bean. Theor. Exp. Plant. Physiol. 29(3):143-154.

Porch, T., Beaver, J., Debouck, D., et al. 2013. Use of wild relatives and closely related species to adapt common bean to climate change. Agronomy 3:433-461.

Prakken, R. 1972. Inheritance of colours in *Phaseolus vulgaris* L. III. On genes for red seed coat colour and a general synthesis. Mededelingen van de Landbouwhogeschool Te Wageningen 29:1-82.

Prakken, R. 1974. Inheritance of colours in *Phaseolus vulgaris* L. IV. Recombination within the 'complex *locus C*'. Mededelingen van de Landbouwhogeschool Te Wageningen 24:1-36.

Raggi, L., Caproni, L., Carboni, A., et al. 2019. Genome-wide association study reveals candidate genes for flowering time variation in common bean (*Phaseolus vulgaris* L.). Front. Plant. Sci. 10:962.

Raggi, L., Tissi, C., Mazzucato, A., et al. 2014. Molecular polymorphism related to flowering trait variation in a *Phaseolus vulgaris* L. collection. Plant. Sci. 21:180-189.

Rangarajan, H., Postma, J., Lynch, J. 2018. Co-optimization of axial root phenotypes for nitrogen and phosphorus acquisition in common bean. Ann. Bot. 122:485-499.

Rao, I., Beebe, S., Polania, J., et al. 2017. Evidence for genotypic differences among elite lines of common bean in their ability to remobilize photosynthate to increase yield under drought. J. Agric. Sci. 155:857-875.

Rau, D., Murgia, M., Rodríguez, M., et al. 2019. Genomic dissection of pod shattering in common bean: Mutations at non-orthologous *loci* at the basis of convergent phenotypic evolution under domestication of leguminous species. Plant. J. 97:693-714.

Reinprecht, Y., Qi, Y., Shahmir, F., et al. 2021. Yield and anti-yield genes in common bean (*Phaseolus vulgaris* L.). Legume Sci. 3(3):e91.

Reinprecht, Y., Schram, L., Marsolais, F., et al. 2020. Effects of nitrogen application on nitrogen fixation in common bean production. Front. Plant. Sci. 11:1172.

Rendón-Anaya, M., Montero-Vargas, J., Saburido-Álvarez, S., et al. 2017. Genomic history of the origin and domestication of common bean unveils its closest sister species. Genome Biol. 18:60.

Repinski, S., Kwak, M., Gepts, P. 2012. The common bean growth habit gene *PvTFL1y* is a functional homolog of Arabidopsis *TFL1*. Theor. Appl. Genet. 124:1539-1547.

Resende, R., de Resende, M., Azevedo, C., et al. 2018. Genome-wide association and regional heritability mapping of plant architecture, lodging and productivity in *Phaseolus vulgaris*. G3 (Bethesda) 8(8):2141-2854.

Rosales, M., Ocampo, E., Rodríguez-Valentín, R., et al. 2012. Physiological analysis of common bean (*Phaseolus vulgaris* L.) cultivars uncovers characteristics related to terminal drought resistance. Plant. Physiol. Biochem. 56:24-34.

Santalla, M., Rodiño, A., De Ron, A. 2002. Allozyme evidence supporting southwestern Europe as a secondary center of genetic diversity for common bean. Theor. Appl. Genet. 104:934-944.

Sanyal, D., Goos, R., Chatterjee, A. 2018. Determining symbiotic nitrogen fixation in dry bean cultivars using ureide method and isotope dilution techniques. Commun. Soil Sci. Plant. 49:2042-2052.

Sax, K. 1923. The association of size differences with seed-coat pattern and pigmentation in *Phaseolus vulgaris*. Genetics 8:552-560.

Schmit, R., de Melo, R., Trevisani, N., et al. 2019. Screening and agronomic benefits of the stay-green trait in common bean genotypes. Biosci. J. 35(3):869-877.

Schmutz, J., McClean, P., Mamidi, S., et al. 2014. A reference genome for common bean and genome-wide analysis of dual domestications. Nat. Genet. 46(7):707-713.

Schneider, H., Lynch, J. 2020. Should root plasticity be a crop breeding target? Front. Plant. Sci. 11:546.

Seaton, D., Smith, W., Song, Y., et al. 2015. Linked circadian outputs control elongation growth and flowering in response to photoperiod and temperature. Mol. Syst. Biol. 11:776.

Shannon, S., Meeks-Wagner, D. 1991. A mutation in the Arabidopsis *TFL1* gene affects inflorescence meristem development. Plant. Cell 3:877892.

Shonnard, G., Gepts, P. 1994. Genetics of heat tolerance during reproductive development in common bean. Crop Sci. 34:1168-1175.

Silva, V., Menezes-Júnior, J., Carneiro, P., et al. 2013. Genetic improvement of plant architecture in the common bean. Genet. Mol. Res. 12:3093-3102.

Singh, S. 1982. A key for identification of different growth habits of *Phaseolus vulgaris* L. Ann. Rep. Bean Improv. Coop. 25:92-95.

Singh, S. 1988. Gene pools in cultivated dry bean. Ann. Rep. Bean Improv. Coop. 31:180-182.

Singh, S. 1991a. Bean genetics (pp. 199-286). In A. van Schoonhoven; O. Voysest (eds.). Common beans: Research for crop improvement. CABI, Wallingford, U.K.

Singh, S. 1991b. Breeding for seed yield (pp. 383-443). In A. Van Schoonhoven; O. Voysest (eds.). Common beans. Research for crop improvement. CAB Int. CIAT, Colombia.

Singh, S. 1992. Common bean improvement in the tropics. Plant. Breed. Rev. 10:199-269.

Singh, S. 1994. Gamete selection for simultaneous improvement of multiple traits in common bean. Crop Sci. 34:352-355.

Singh, S. 1995. Selection for water-stress tolerance in interracial populations of common bean. Crop Sci. 35:118-124.

Singh, S. 1997. Single seed descent versus gamete selection for breeding beans for resistance to insects. Agron Abstracts 71.

Singh, S. 1999. Integrated genetic improvement (pp. 133-165). In S. Singh (ed.). Common bean improvement in the twenty-first century developments in plant breeding, 7. Dordrecht: Springer.

Singh, S. 2001. Broadening the genetic base of common bean cultivars: A review. Crop Sci. 41:1659-1675.

Singh, S., Cajiao, C., Gutiérrez, J., et al. 1989a. Selection for seed yield in inter-gene pool crosses of common bean. Crop Sci. 29:1126-1131.

Singh, S., Cardona, C., Morales, F., et al. 1996. Gamete selection for upright Carioca beans with resistance to leaf hopper and four diseases. Ann. Rep. Bean Improv. Coop. 39:86-87.

Singh, S., Gepts, P., Debouck, D. 1991. Races of Common Bean (*Phaseolus vulgaris*, Fabaceae. Econ. Bot. 45:379-396.

Singh, J., Gezan, S., Vallejos, C. 2019. Developmental pleiotropy shaped the roots of the domesticated common bean (*Phaseolus vulgaris*). Plant. Physiol. 180(3):1467-1479.

Singh, S., Gutiérrez, J. 1984. Geographical distribution of the DL_1 and DL_2 genes causing hybrid dwarfism in *Phaseolus vulgaris* L., their association with seed size, and their significance to breeding. Euphytica 33(2):337-345.

Singh, S., Gutiérrez, J. 1990. Effect of plant density on selection for seed yield in two population types of *Phaseolus vulgaris* L. Euphytica 51:173-178.

Singh, S., Molina, A., Urrea, C., et al. 1993. Use of interracial hybridization in breeding the race Durango common bean. Can. J. Plant. Sci. 73:785-793.

Singh, S., Schwartz, H. 2010. Breeding common bean for resistance to diseases: A review. Crop Sci. 50(6):2199-2223.

Singh, S., Terán, H., Lema, M., et al. 2006b. Registration of slow darkening pinto bean germplasm line SDIP-1. Crop Sci. 46:2726-2727.

Singh, S., Terán, H., Molina, A., et al. 1992. Combining ability for seed yield and its components in common bean of Andean origin. Crop Sci. 32:81-84.

Singh, S., Terán, H., Molina, A., et al. 2006a. Genetics of seed yield and its components in common beans (*Phaseolus vulgaris* L.) of Andean origin. Plant. Breed. 107(3):254-257.

Singh, S., Urrea, C. 1995. Inter- and intraracial hybridization and selection for seed yield in early generations of common bean. Euphytica 81:131-137.

Singh, S., Urrea, C., Gutiérrez, J., et al. 1989b. Selection for yield at two fertilizer levels in small-seeded common bean. Can. J. Plant. Sci. 69:1011-1017.

Smartt, J. 1990. Grain legumes. Evolution and genetic resources. Cambridge University Press, Cambridge. 379p.

Sofi, P., Mir, R., Bhat, K., et al. 2022. From domestication syndrome to breeding objective: Insights into unwanted breakup in common beans to improve shattering. Crop Pasture Sci. doi:10.1071/CP22130.

Soltani, A., Bello, M., Mndolwa, E., et al. 2016. Targeted analysis of dry bean growth habit: Interrelationship among architectural, phenological, and yield components. Crop Sci. 56:3005-3015.

Song, Y., Ito, S., Imaizumi, T. 2013. Flowering time regulation: Photoperiod-and temperature-sensing in leaves. Trends Plant. Sci. 18:575-583.

Stolle-Smits, T., Beekhuizen, J., Kok, M., et al. 1999. Changes in cell wall polysaccharides of green bean pods during development. Plant. Physiol. 121:363-372.

Takeoka, G., Dao, L., Full, G., et al. 1997. Characterization of black bean (*Phaseolus vulgaris* L.) anthocyanins. J. Agric. Food Chem. 45:3395-3400.

Tanaka, A., Fujita, K. 1979. Photosynthesis and yield components in relation to grain yield of the field beans. J. Fac. Agric. Hokkaido Univ. 59:145-238.

Tar'an, B., Michaels, T., Pauls, K. 2002. Genetic mapping of agronomic traits in common bean. Crop Sci. 42:544-556.

Thomas, H., Ougham, H. 2014. The stay-green trait. J. Exp. Bot. 65(14):3889-3900.

Tracy, S., Nagel, K., Postma, J., et al. 2020. Crop improvement from phenotyping roots: Highlights reveal expanding opportunities. Trends Plant. Sci. 25(1):105-118.

Travis, P., Lo, S., Gepts, P. 2021. Pod shattering in grain legumes: Emerging genetic and environment-related patterns. Plant Cell 33:179-199.

Uebersax, M., Siddiq, M. 2012. Market classes and physical and physiological characteristics of dry beans. (pp. 55-74). In M. Siddiq, M. Uebersax (eds.). Dry beans and pulses production, processing, and nutrition. Blackwell Publishing Ltd.

Vallejos, C., Chase, C. 1991. Linkage between isozyme markers and a *locus* affecting seed size in *Phaseolus vulgaris* L. Theor. Appl. Genet. 81:413-419.

Vallejos, C., Sakiyama, N., Chase, C. 1992. A molecular marker-based linkage map of *Phaseolus vulgaris* L. Theor. Appl. Genet. 82:353-357.

Vaz Patto, M., Amarowicz, R., Aryee, A., et al. 2015. Achievements and challenges in improving the nutritional quality of Food legumes. Crit. Rev. Plant. Sci. 34:105-143.

Voysest, O., Dessert, M. 1991. Bean cultivars: classes and commercial seed types (pp. 119-162). In A. van Schoonhoven, O. Voysest (eds.). Common beans: Research for crop improvement, C. A. B. Intl, Wallingford, UK, CIAT, Cali, Colombia.

Voysest, O., Valencia, M., Amezquita, M. 1994. Genetic diversity among Latin American Andean and Mesoamerican common bean cultivars. Crop Sci. 34:1100-1110.

Walk, T., Jaramillo, R., Lynch, J. 2006. Architectural tradeoffs between adventitious and basal roots for phosphorus acquisition. Plant. Soil 279:347-366.

Wallace, D. 1985. Physiological genetics of plant maturity, adaptation, and yield. Plant. Breed. Rev. 3:21-167.

Wallace, D., Baudoin, J., Beaver, J., et al. 1993b. Improving efficiency of breeding for higher crop yield. Theor. Appl. Genet. 86:27-40.

Wallace, D., Gniffke, O., Masaya, P., et al. 1991 Photoperiod, temperature, and interaction effects on days and nodes required for flowering of bean. J. Am. Soc. Hort. Sci. 116:534-543.

Wallace, D., Yourstone, K., Masaya, P., et al. 1993a. Photoperiod gene control over partitioning between reproductive and vegetative growth. Theor. Appl. Genet. 86:6-16.

Wallace, L., Arkwazee, H., Vining, K., et al. 2018. Genetic diversity within snap beans and their relation to dry beans. Genes 9(12):587.

Wallach, D., Hwang, C., Correll, M., et al. 2018. A dynamic model with QTL covariables for predicting flowering time of common bean (*Phaseolus vulgaris*) genotypes. Eur. J. Agron. 101:200-209.

Wang, Q., Liu, J., Zhu, H. 2018. Genetic and molecular mechanisms underlying symbiotic specificity in legume-rhizobium interactions. Front. Plant. Sci. 9:313.

Weller, J., Vander Schoor, J., Perez-Wright, E., et al. 2019. Parallel origins of photoperiod adaptation following dual domestications of common bean. J. Exp. Bot. 70:1209-1219.

Welsh, W., Bushuk, W., Roca, W., et al. 1995. Characterization of agronomic traits and markers of recombinant inbred lines from intraracial and interracial populations of *Phaseolus vulgaris*. Theor. Appl. Genet. 91:169-177.

White, J., González, A. 1990. Characterization of the negative association between seed yield and seed size among genotypes of common bean. Field Crops Res. 23:159-175.

White, J., Kornegay, J., Cajiao, C. 1996. Inheritance of temperature sensitivity of the photoperiod response in common bean (*Phaseolus vulgaris* L.). Euphytica 91:5-8.

White, J., Kornegay, J., Castillo, J., et al. 1992. Effect of growth habit on yield of large-seeded bush cultivars of common bean. Field Crops Res. 29:151-161.

White, J., Laing, D. 1989. Photoperiod response of flowering in diverse genotypes of common bean (*Phaseolus vulgaris*). Field Crops Res. 22:113-128.

White J., Singh, S. 1991a. Sources and inheritance of earliness in tropically adapted indeterminate common bean. Euphytica 55:15-19.

White, J., Singh, S. 1991b. Breeding for adaptation to drought (pp. 501-551). In A. van Schoonhoven, O. Voysest (eds.). Common beans: Research for crop improvement. CAB International, CIAT, Wallingford, Cali, Colombia.

White, J., Singh, S., Pino, C., et al. 1992. Effects of seed size and photoperiod response on crop growth and yield of common bean. Field Crops Res. 28:295-307.

Whyte, M., Jackson, M., Volpato, L., et al. 2025. Prediction of symbiotic nitrogen fixation in common bean (Phaseolus vulgaris L.) using unmanned aerial system remote sensing. Plant Phenome J. 8:e70031.

Wiesinger, J., Osorno, J., McClean, P., et al. 2021. Faster cooking times and improved iron bioavailability are associated with the down regulation of procyanidin synthesis in slow-darkening pinto beans (*Phaseolus vulgaris* L.). J. Funct. Foods 82:104444.

Wilker, J., Navabi, A., Rajcan, I., et al. 2019. Agronomic performance and nitrogen fixation of heirloom and conventional dry bean varieties under low-nitrogen field conditions. Front. Plant. Sci. 10:952.

Wright, E., Kelly, J. 2011. Mapping QTL for seed yield and canning quality following processing of black bean (*Phaseolus vulgaris* L.). Euphytica 179:471-484.

Wu, J., Wang, L., Fu, J., et al. 2020. Resequencing of 683 common bean genotypes identifies yield component trait associations across a north-south cline. Nat. Genet. 52:118-125.

Xu, B., Yuan, S., Chang, S. 2007. Comparative analyses of phenolic composition, antioxidant capacity, and color of cool season legumes and other selected food legumes. J. Food Sci. 72:167-177.

Yang, Q., Gan, R., Ge, Y., et al. 2018. Polyphenols in common beans (*Phaseolus vulgaris* L.): Chemistry, analysis, and factors affecting composition. Compr. Rev. Food Sci. Food Saf. 17:1518-1539.

Yang, X., Liu, C. 2019. Transcriptome analysis to identify putative genes involved in flowering time under different photoperiods in 'Hong jin gou' common bean. J. Amer. Soc. Hort. Sci. 144(4):274-279.

Yuste-Lisbona, F., González, A., Capel, C., et al. 2014a. Genetic variation underlaying pod size and color traits of common bean depends on quantitative trait *loci* with epistatic effects. Mol. Breed. 33(4):939-52.

Yuste-Lisbona, F., González, A., Capel, C., et al. 2014b. Genetic analysis of single-*locus* and epistatic QTLs for seed traits in an adapted × nuña RIL population of common bean (*Phaseolus vulgaris* L.). Theor. Appl. Genet. 127:897-912.

Zhang, J., Singh, A. 2020. Genetic control and geo-climate adaptation of pod dehiscence provide novel insights into soybean domestication. G3: Genes, Genomes, Genet. 10:545-554.

Zhu, J., Wu, J., Wang, L., et al. 2017. Novel alleles for black and gray seed color genes in common bean. Crop Sci. 57: 1603-1610.

Capítulo 19. Mejoramiento de características abióticas

Mario Paredes C., Viviana Becerra V., Paul Gepts.

Uno de los principales factores limitantes de la producción del frejol es la presencia de estrés abióticos, tales como: altas y bajas temperaturas, sequía, deficiencia de nitrógeno y fósforo, salinidad y acidez del suelo (Miklas et al., 2006; Lone et al., 2021).

Estrés térmico

Altas temperaturas. La temperatura óptima para el crecimiento y desarrollo del frejol varía entre 18 y 20 °C (Porch, 2001; Rosas et al., 2000), siendo la fase reproductiva la más sensible a temperaturas superiores a 30 °C durante en el día y 20 °C en la noche (Singh, 2001; Rainey y Griffiths, 2019). La ocurrencia de altas temperaturas previo a la antesis puede reducir la viabilidad de las flores, el tamaño y número de granos de polen, y el número de vainas por planta (Porch y Jahn 2001; Rainey y Griffiths, 2005) y en post antesis, puede favorecer el aborto del embrión y de las vainas, lo que reduce el número de semillas por vaina, tamaño de la semilla y la calidad del grano (Shonnard y Gepts, 1994; Monterroso y Wien, 2019; Soltani et al., 2019; Vargas et al., 2021). Además, las altas temperaturas afectan la tasa de fotosíntesis, transpiración, enfriamiento y senescencia de las hojas (Siebert y Ewert, 2014; Traub et al., 2018; Deva et al., 2020). Es importante destacar que las temperaturas altas durante la noche pueden ser más dañinas que las temperaturas diurnas (Gross y Kigel, 1994; Vargas et al., 2021).

La viabilidad, del polen, el índice de cosecha y las diferencias entre la temperatura del aire y la de la hoja, han sido usados como parámetros para seleccionar variedades tolerantes a altas temperaturas (Díaz et al., 2018; Deva et al., 2020; Suárez et al., 2020); sin embargo, son índices laboriosos y complejos de utilizar para evaluar una gran cantidad de germoplasma, por lo cual, es importante seleccionar nuevas tecnologías para mejorar la eficiencia de la selección por este parámetro (White y Conley, 2013; Souter et al., 2017; Parker et al., 2020; Vargas et al., 2021). Actualmente, la detección de QTLs asociados a índice de cosecha, viabilidad del polen y vainas por planta (Vargas et al., 2021) y de marcadores y genes asociados a temperatura (López-Hernández y Cortéz, 2019; Elías et al., 2021a), pueden ayudar a la identificación de genotipos tolerantes.

Bajas temperaturas. El frejol no es capaz de tolerar temperaturas bajo cero, debido a que la planta se muere por la formación de hielo (Balasubramanian et al., 2004b). Por otro lado las bajas temperaturas afectan la germinación, emergencia, vigor de las plántulas, formación de las flores y el rendimiento (Dickson y Boettger, 1984; Balasubramanian et al., 2004a; Gogoi et al., 2018). El estrés por frío afecta negativamente también a muchos procesos fisiológicos, tales como; la asimilación de CO_2, absorción y disipación de energía del fotosistema y estrés oxidativo debido a la acumulación de especies de oxígeno reactivo que causan daño celular como, por ejemplo, la peroxidación de la membrana lipídica (Karami-Moalem et al., 2018).

Varios estudios han detectado variabilidad genética para tolerancia a frío entre los acervos genéticos (Dickson, 1971; White y Montes, 1993; Zaiter et al., 1994; Otubo et al., 1996). Es así como, se ha determinado que la temperatura letal a la que el 50 % de las plantas mueren está entre 0,5 y 1 °C. Esta temperatura límite puede variar entre los acervos genéticos, donde la menor susceptibilidad a las temperaturas bajas se encuentra en el acervo terciario (Meyer y Badaruddin, 2001; Balasubramanian et al., 2004a). Por ejemplo, la especie silvestre *P. angustissimus* (acervo terciario) presenta tolerancia a temperaturas bajo cero (-5 a -7 °C), y tiene una mayor tolerancia que *P. acutifolius* (Balasubramanian et al., 2004a), por lo que es posible la introgresión de genes de resistencia de *P. angustissimus* a *P. vulgaris* para producir variedades más resistentes al frío (Belivanis y Dores, 1986; Schryer et al., 2005; Vijayan et al., 2011).

En general, la tolerancia al frío es una característica poligénica, controlada por muchos genes (Liu et al., 2019), aunque otros estudios han indicado la presencia de efectos aditivos, sin efectos maternales para la tolerancia al frío, en la etapa de germinación (Otubo et al., 1996). Por otro lado, se ha informado también del efecto de Ca^{2+}, ROS y hormonas en la respuesta del frejol a las bajas temperaturas (Liu et al., 2019) y la mayor capacidad de mantener el nivel de la expresión homeostática del gen *cytochrome P450*, bajo condiciones de frío (Woronuk et al., 2010).

Estrés hídrico

Sequía. La sequía puede afectar negativamente a un 60 % del área sembrada del frejol a nivel mundial (White y Singh, 1991), lo que se puede ver agravado por el aumento de las temperaturas y la reducción de las precipitaciones, producto del cambio climático (Farrow y Muthoni-Andriatsitohaina, 2020). Para un crecimiento normal, la planta necesita alrededor de 400-500 mm de agua, bien distribuida durante todo el periodo de crecimiento y desarrollo (Farrow y Muthoni-Andriatsitohaina, 2020).

Uno de los principales desafíos del mejoramiento genético es el desarrollo de variedades que posean una mayor eficiencia en el uso del agua, sin embargo, el trabajo de mejoramiento genético es complejo ya que es una característica poligénica que es afectada por el medio ambiente (Blum, 2011; Mir et al., 2012) y que involucra varias características de la planta como son tamaño y largo de las raíces, fijación de nitrógeno, conductividad hidráulica de la raíz, eficiencia en la absorción de agua, almacenaje, removilización de fotosintatos desde las partes vegetativas a las partes reproductivas (Beebe et al., 2011; 2013; Rao et al., 2017; Fenta et al., 2020), índice de cosecha y rendimiento (Beebe et al., 2013; Fenta et al., 2020; Hageman y Van Volkenburgh, 2021).

En el trabajo de mejoramiento genético, se han utilizado diferentes criterios de selección como, el índice de cosecha, tamaño y largo de raíz, entre otros (Beebe et al., 2011; 2013; Rao et al., 2017; Asfaw et al., 2017; Berny Mier y Terán et al., 2019b; Hageman y Van Volkenburgh, 2021), y el desarrollo de variedades precoces que le permita escapar de la sequía tardía. Sin embargo, este criterio debe tomarse con cuidado ya que una mayor precocidad reduce la producción de biomasa (Schneider et al., 1997), el potencial de rendimiento y el índice de cosecha (Hoyos-Villegas et al., 2016; Rao et al., 2017).

Varios estudios han identificado QTLs asociados a tolerancia a sequía (Asfaw y Blair, 2012; Beebe et al., 2013; Mukeshimana et al., 2014; Trapp et al., 2016; Briñez et al., 2017; Traub et al., 2017; Dramadri et al., 2019; Elias et al., 2021b), sin embargo, sólo algunos de ellos son estables en

diferentes ambientes, lo que limita su uso en los programas de mejoramiento genético. Otros estudios han identificado marcadores o genes candidatos asociados a la sequía (Kavar et al., 2008; Cortés et al., 2012a; b; Blair et al., 2016; Cortés y Blair, 2018; Konzen et al., 2019; López et al., 2020) que pueden tener un uso más práctico en la selección de variedades tolerantes a la sequía.

Paralelo a este trabajo, se han detectado también algunas fuentes de resistencia a la sequía en formas silvestres de *P. vulgaris* (Berny Mier y Terán et al., 2019a, 2020); en la raza domesticada Durango, en genotipos de África (Asfaw et al., 2012; Mukeshimana et al., 2014), en el acervo genético Andino (Dramadri et al., 2019), en el mesoamericano (Urrea et al., 2009), y en el frejol tepary (Asfaw y Blair, 2012; Beebe, 2012; Rao et al., 2013; Mukeshimana et al., 2014; Traub et al., 2017), lo que indica que es posible mejorar genéticamente esta característica (Terán y Singh, 2002).

Estrés nutricional

Fijación y deficiencia de nitrógeno. El nitrógeno es un elemento importante en el crecimiento y desarrollo de la planta ya que sus granos poseen un alto porcentaje de proteínas (Barros et al., 2018). Las leguminosas son capaces de convertir el nitrógeno atmosférico N_2 a amonia (NH_3), por bacterias especializadas ubicadas en sus pelos radiculares a través del proceso de fijación simbiótica (Muñoz-Azcarate et al., 2017; Korir et al., 2017; Akter et al., 2018; Kamfwa et al., 2019).

El proceso de fijación simbiótica es complejo, ya que necesita una adecuada interacción entre la bacteria y la raíz de la planta, ya que la planta provee al *Rhizobium* de carbohidratos y la bacteria convierte el nitrógeno atmosférico en amonio o nitratos para ser usado por la planta, proceso que requiere de bastante energía (Akter et al., 2018, Wang et al., 2018).

El proceso de fijación de nitrógeno es afectado por varios factores, como la disponibilidad de nutrientes, agua, nivel de acidez del suelo, genotipo y presencia de cepas eficientes de *Rhizobium* (Mendoza-Soto et al., 2015; Polania et al., 2016; Fenta et al., 2020; Wilker et al., 2020; Zeffa et al., 2021). En este contexto, el frejol es ampliamente reconocido como una planta que posee un bajo nivel de fijación de nitrógeno comparado con otras legumbres (Isoi y Yoshida, 1991; Reinprecht et al., 2020). En este sentido, el uso de inoculantes ha tenido un resultado errático, debido posiblemente a la competencia con los *Rhizobium* nativos que pueden tener una escasa capacidad de fijación de nitrógeno (Hardarson y Atkins, 2003; Meschini et al., 2008; Andrews y Andrews, 2017). Debido a esta razón, muchos agricultores prefieren fertilizar con nitrógeno antes que depender del aporte de nitrógeno de la fijación simbiótica para satisfacer las necesidades de la planta. Sin embargo, hay que tener en cuenta que la aplicación de un exceso de nitrógeno al suelo inhibe la fijación simbiótica, promueve un mayor crecimiento vegetativo, atrasa la madurez, y favorece la aparición de enfermedades, todo lo cual puede reducir el rendimiento (Bliss, 1993; Farid et al., 2017; Reinprecht et al., 2020).

Varios estudios han detectado variabilidad genética en la planta y en la bacteria lo que se podría utilizar para mejorar este proceso (Bliss, 1993; Polania et al., 2016b; Farid et al., 2017; Kamfwa et al., 2019; Reinprecht et al., 2020). En general, los genotipos Mesoamericanos de hábito de crecimiento indeterminado y trepadores tienen una mejor nodulación y mayor fijación simbiótica que la mayoría de los genotipos Andinos de crecimiento determinado (Wilker et al., 2019). Entre

las clases comerciales, los tipos pinto y arroz fijan más nitrógeno que los tipos negro y kidney (Sanyal et al., 2018).

Para afrontar el mejoramiento genético de este proceso, se han utilizado diferentes estrategias como seleccionar genotipos adecuados en suelos con bajo contenido de nitrógeno, ya que esta característica presenta una alta heredabilidad genética (Zeffa et al., 2021), o aumentar la eficiencia en el uso del nitrógeno (Kamfwa et al., 2017; Liu et al., 2020). Por otro lado, también se han identificado QTLs asociados a fijación de nitrógeno (Ramaekers et al., 2013; Muñoz-Azcarate et al., 2017; Díaz et al., 2017; Heilig et al., 2017; Kamfwa et al., 2019; Oladzad et al., 2020) y genes que controlan este proceso y que podrían ayudar a mejorar esta característica (Akter et al., 2013; Elias et al., 2021).

Deficiencia de fósforo. El fósforo es considerado como un factor limitante en la producción de frejoles en suelos tropicales, subtropicales (Raghothama, 1999; Ramaekers et al., 2010; Beebe, 2012) y de origen volcánico (trumaos y rojos arcillosos) como los del sur del Chile, debido a que un importante porcentaje del fósforo aplicado es retenido por las arcillas del suelo (Borie y Zunino, 1983; Besoain, 1985; Borie y Rubio, 2003).

El fósforo participa activamente en una serie de procesos fisiológicos, como: la distribución de la biomasa, la morfología de la raíz, crecimiento y desarrollo y el rendimiento de la planta (Bonser et al., 1996; Lambers et al., 2006; Beebe et al., 2006; Hernández et al., 2007; Cichy et al., 2008). Sin embargo, el rendimiento de la planta depende de los nutrientes disponibles en la solución del suelo, del aporte aplicado, absorción del nutriente por la planta y de la respuesta diferencial entre los genotipos a este elemento (Singh et al., 2003; Liao et al., 2004; Henry et al., 2010; Mndolwa et al., 2018; Silva et al., 2019).

Entre los mecanismos relacionados con la adaptación del frejol a crecer y desarrollarse en un suelo con un bajo contenido de fósforo están, la arquitectura de la raíz y la densidad de raicillas. El uso de estos criterios ha permitido el desarrollo de variedades que poseen una mayor eficiencia en el proceso de absorción del fósforo desde el suelo (Singh et al., 2003; Liao et al., 2004; Ochoa et al., 2006; Beebe et al., 2008; Beebe, 2012; Rao et al., 2016). Por otro lado, se han identificado también fuentes de resistencia genética al bajo contenido de fósforo en el acervo genético Mesoamericano, en las razas cultivadas Durango, Jalisco y Mesoamérica (Singh et al., 2003), que pueden ser usadas en el desarrollo de variedades tolerantes a bajos niveles de fósforo en el suelo. En este sentido, se han identificado también varios QTLs (Beebe et al., 2006), marcadores, genes, factores de transcripción, transportadores de fosfato y fosfatasas asociados a esta característica (Hernández et al., 2007; Jiang et al., 2007; Silva et al., 2019) que tienen un alto potencial a ser usados en el desarrollo de nuevas variedades.

Toxicidad de aluminio y manganeso. El frejol es una planta susceptible a altos contenidos de Al y Mn. Bajo condiciones de acidez el ion positivo (Al^{3+}) entra a la raíz interfiriendo en una serie de procesos físicos y celulares que inhiben su función y el desarrollo radicular (Rangel et al., 2007; Tóth et al., 2021), reduce la nodulación y el proceso simbiótico (Mendoza-Soto et al., 2015), la absorción de agua y nutrientes, la clorofila, la fotosíntesis y el rendimiento de la planta (Kochian et al., 2004). Por otro lado, estimula el estrés oxidativo y la peroxidación lipídica (Tóth et al., 2021).

El mecanismo de tolerancia utilizado por el frejol, es la detoxificación interna que consiste en la exclusión del Al mediante la secreción de ácidos orgánicos (citrato), inmediatamente después de ser absorbido por la planta para ser quelado y depositado en las hojas para evitar su unión a las raíces (Miyasaka et al., 1991; Mimmo et al., 2009; Gupta et al., 2013; Ambachew y Blair, 2021).

Estudios genéticos realizados en frejol han determinado que existe variabilidad genética en la tolerancia/resistencia a toxicidad de aluminio (Rangel et al., 2007; Blair et al., 2009; Butare et al., 2011; Ambachew y Blair, 2021; Siamasonta et al., 2021; Tóth et al., 2021). Un estudio demostró que los genotipos andinos son más resistentes al aluminio que los mesoamericanos, basados en su desarrollo radicular, por lo cual se propone que esta característica se podría usar para la selección de genotipos resistentes (Blair et al., 2009).

Se ha postulado que la tolerancia a aluminio es una característica poligénica (López-Marín et al., 2009; Njobvu et al., 2020; Ambachew y Blair, 2021). En este sentido, se han detectado QTLs asociados con la resistencia a la toxicidad de aluminio localizados en diferentes cromosomas (López-Marín et al., 2009), además de genes candidatos asociados (Njobvu et al., 2020; Ambachew y Blair, 2021; Siamasonta et al., 2021), al transporte de malato (Njobvu et al., 2020) y malato y citrato (Ambachew y Blair, 2021), donde el gene *MATE* es responsable de la exudación de citrato (Eticha et al., 2010).

Salinidad. El frejol es una planta sensible a la salinidad, incluso la presencia de pequeños niveles de sal en el suelo (1 dS m^{-1} ECe) pueden reducir significativamente el rendimiento (Maas y Hoffman, 1977; Chinnusamy et al., 2005). Se espera que este fenómeno de acumulación de sal en el suelo aumente con el cambio climático, debido a las altas temperaturas y menor cantidad de precipitaciones, como también al mal manejo del agua (Babu y Devaraj, 2008; Munns y Tester, 2008).

El principal elemento que contribuye a la salinidad es el cloruro de sodio ($NaCl_2$) (Munns y Tester, 2008). La acumulación de sal produce dos efectos fisiológicos, un estrés osmótico y otro iónico. El estrés osmótico es consecuencia de la reducción del potencial y de la disponibilidad del agua para la planta, por el contrario, el estrés iónico se debe a la acumulación de iones tóxicos en la planta, lo que produce un desbalance nutricional y metabólico que se traduce en una reducción en la absorción y transporte de agua y nutrientes y un daño oxidativo (Kaymakanova y Stoeva, 2008; Hiz et al., 2014; Torchea et al., 2018; Niron et al., 2020). Frente a esta situacion, la planta se protege a través del control homeostático del agua: balance osmótico, exclusión de la sal, protección oxidativa, regulación del intercambio de potasio y cambios metabólicos lo que afecta los procesos de germinación, crecimiento, fotosíntesis y rendimiento de la planta (Bayuelo-Jiménez et al., 2002; Munns y Tester, 2008; Bayuelo-Jiménez et al., 2012; Niron et al., 2020).

La respuesta a la salinidad está controlada genéticamente, principalmente, por efectos aditivos y esta característica posee una alta heredabilidad (Torche et al., 2018). Diversos estudios han señalado la existencia de variabilidad genética para esta característica, entre las diferentes especies (Gutiérrez et al., 2009; Al Hassan et al., 2019) y variedades de frejol (Niron et al., 2020). En este contexto, algunos estudios han identificado también diversos genes que se expresan en raíces y hojas, los cuales están involucrados en la regulación de la actividad del metabolismo, transporte y metabolitos secundarios para hacer frente al estrés salino, en diferentes estados de desarrollo de la planta (Hiz et al., 2014; Zhang et al., 2021).

Referencias

Akter, Z., Pageni, B., Lupwayi, N., et al. 2013. Biological nitrogen fixation and *nifH* gene expression in dry beans (*Phaseolus vulgaris* L.). Can. J. Plant. Sci. 94:203-212.

Akter, Z., Pageni, B., Lupwayi, N., et al. 2018. Biological nitrogen fixation by irrigated dry bean (*Phaseolus vulgaris* L.) genotypes. Can. J. Plant. Sci. 98:1159-1167.

Al Hassan, M., Morosan, M., López-Gresa, M., et al. 2016. Salinity-induced variation in biochemical markers provides insight into the mechanisms of salt tolerance in common (*Phaseolus vulgaris*) and runner (*P. coccineus*) beans. Int. J. Mol. Sci. 17:1582.

Ambachew, D., Blair, M. 2021. Genome wide association mapping of root traits in the Andean genepool of common bean (*Phaseolus vulgaris* L.) grown with and without aluminum toxicity. Front. Plant. Sci. 12:628687.

Andrews, M., Andrews, M. 2017. Specificity in legume-rhizobia symbioses. Int. J. Mol. Sci. 18: 705.

Asfaw, A., Ambachew, D., Shah, T., et al. 2017. Trait associations in diversity panels of the two common bean (*Phaseolus vulgaris* L.) gene pools grown under well-watered and water-stress conditions. Front. Plant. Sci. 8:1-15.

Asfaw, A., Blair, M. 2012. Quantitative trait *loci* for rooting pattern traits of common beans grown under drought stress versus non-stress conditions. Mol. Breed. 30:681-695.

Babu, N., Devaraj, V. 2008. High temperature and salt stress response in French bean (*Phaseolus vulgaris*). Aust. J. Crop Sci. 2(2):40-48.

Balasubramanian, P., Vandenberg, A., Hucl, P. 2004a. Seedling, emergence of common bean accessions under suboptimal temperature. J. Am. Soc. Hort. Sci. 129:503-508.

Balasubramanian, P., Vandenberg, A., Hucl, P., et al. 2004b. Resistance of *Phaseolus* species to ice crystallization at sub-zero temperatures. Physiol. Plant. 120:451-457.

Barros, R., de Oliveira, L., Magalhães, W., et al. 2018. Interaction of biological nitrogen fixation with sowing nitrogen fertilization on common bean in the two seasons of cultivation in Brazil. J. Plant. Nutr. 41:774-781.

Bayuelo-Jiménez, J., Craig, R., Lynch, J. 2002. Salinity tolerance of *Phaseolus* species during germination and early seedling growth. Crop Sci. Biol. 42(5):1584-594.

Bayuelo-Jiménez, J., Jasso-Plata, N., Ochoa, I. 2012. Growth and physiological responses of *Phaseolus* species to salinity stress. Int. J. Agron. 80:207-222.

Beebe, S. 2012. Common bean breeding in the tropics. Plant. Breed. Rev. 36:357-426.

Beebe, S., Rao, I., Blair, M., et al. 2011. Phenotyping common beans for adaptation to drought (pp. 170-189). In J. Ribaut, P. Monneveux (eds.). Drought phenotyping in crops: From theory to practice. Frontiers E-Book.

Beebe, S., Rao, I., Blair, M., et al. 2013. Phenotyping common beans for adaptation to drought. Front. Physiol. 4:1-20.

Beebe, S., Rao, I., Cajiao, C., et al. 2008. Selection for drought resistance in common bean also improves yield in phosphorus limited and favorable environments. Crop Sci. 48:582-592.

Beebe, S., Rojas-Pierce, M., Yan, X., et al. 2006. Quantitative trait *loci* for root architecture traits correlated with phosphorus acquisition in common bean. Crop Sci. 46:413-423.

Belivanis, T., Dore, C. 1986. Interspecific hybridization of *Phaseolus vulgaris* and *Phaseolus angustissimus* A. Gray using *in vitro* embryo culture. Plant. Cell Rep. 5:329-331.

Berny Mier y Terán, J., Konzen, E., Medina, V., et al. 2019a. Root and shoot variation in relation to potential intermittent drought adaptation of Mesoamerican wild common bean (*Phaseolus vulgaris* L.). Ann. Bot. 124:917-932.

Berny Mier y Terán, J., Konzen, E., Palkovic, A. 2019b. Effect of drought stress on the genetic architecture of photosynthate allocation and remobilization in pods of common bean (*Phaseolus vulgaris* L.), a key species for food security. BMC Plant. Biol. 19:171.

Berny Mier y Terán, J., Konzen, E., Palkovic, A., et al. 2020. Exploration of the yield potential of Mesoamerican wild common beans from contrasting eco-geographic regions by nested recombinant inbred populations. Front. Plant. Sci. 11:346.

Besoain, E. 1985. Los suelos volcánicos (pp. 25-106). En J. Tosso (ed.). Suelos volcánicos de Chile, Instituto de Investigaciones Agropecuarias (INIA), Santiago, Chile.

Blair, M., Cortés, A., This, D. 2016. Identification of an *Erecta* gene and its drought adaptation associations with wild and cultivated common bean. Plant. Sci. 242:250-259.

Blair, M., López-Marín, H., Rao, I. 2009. Identification of aluminum resistant Andean common bean (*Phaseolus vulgaris* L.) genotypes. Braz. J. Plant. Physiol. 21(4):291-300.

Bliss, F. 1993. Breeding common bean for improved biological nitrogen fixation. Plant. Soil 152: 71-79.

Blum, A. 2011. Drought resistance-Is it a complex trait? Funct. Plant. Biol. 38:753-757.

Bonser, A., Lynch, J., Snapp, S. 1996. Effect of phosphorus deficiency on growth angle of basal roots in *Phaseolus vulgaris*. New Phytol. 132:281-288.

Borie, F., Rubio, R. 2003. Total and organic phosphorus in Chilean volcanic soils. Gayana Bot. 60(1):69-78.

Borie, F., Zunino, H. 1983. Organic matter-phosphorus associations as a sink in P-fixation processes on allophanic soils of Chile. Soil Biol. Biochem. 15:599-603.

Briñez, B., Perseguini, J., Rosa, J., et al. 2017. Mapping QTLs for drought tolerance in a SEA 5 x AND 277 common bean cross with SSRs and SNP markers. Genet. Mol. Biol. 40:813-823.

Butare, L., Rao, I., Lepoivre, P., et al. 2011. New genetic sources of resistance in the genus *Phaseolus* to individual and combined aluminum toxicity and progressive soil drying stresses. Euphytica 181(3):385-404.

Chinnusamy, V., Jagendorf, A., Zhu, J. 2005. Understanding and improving salt tolerance in plants. Crop Sci. 45(2):437-448.

Cichy, K., Snapp, S., Blair, M. 2008. Plant. growth habit, root architecture traits and tolerance to low soil phosphorus in an Andean bean population. Euphytica 165:257-268.

Cortés, A., Blair, M. 2018. Genotyping by sequencing and genome-environment associations in wild common bean predict widespread divergent adaptation to drought. Front. Plant. Sci. 9:128.

Cortés, A., Chavarro, M., Madriñán, S., et al. 2012a. Molecular ecology and selection in the drought-related *Asr* gene polymorphisms in wild and cultivated common bean (*Phaseolus vulgaris* L.). BMC Genet. 13:58.

Cortés, A., This, D., Chavarro, C., et al. 2012b. Nucleotide diversity patterns at the drought-related *Dreb2* encoding genes in wild and cultivated common bean (*Phaseolus vulgaris* L.). Theor. Appl. Genet. 125:1069-1085.

Deva, C., Urban, M., Challinor, A., et al. 2020. Enhanced leaf cooling is a pathway to heat tolerance in common bean. Front. Plant. Sci. 11:19.

Diaz, L., Ricaurte, J., Cajiao, C., et al. 2017. Phenotypic evaluation and QTL analysis of yield and symbiotic nitrogen fixation in a common bean population grown with two levels of phosphorus supply. Mol. Breed. 37:76.

Díaz, L., Ricaurte, J., Tovar, E., et al. 2018. QTL analyses for tolerance to abiotic stresses in a common bean (*Phaseolus vulgaris* L.) population. PLoS ONE 13:1-26.

Dickson, M. 1971. Breeding beans, *Phaseolus vulgaris* L. for improved germination under unfavorable low temperature conditions. Crop Sci. 11:848-850.

Dickson, M., Boettger, M. 1984. Emergence, growth, and blossoming of bean (*Phaseolus vulgaris*) at suboptimal temperatures. J. Am. Soc. Hort. Sci. 109:257-260.

Dramadri, I., Nkalubo, S., Kelly, J. 2019. Identification of QTL associated with drought tolerance in Andean common bean. Crop Sci. 59:1007-1020.

Elias, J., Gonçalves-Vidigal. M., Arianai, A., et al. 2021a. Genome-environment association analysis for bio-climatic variables in common bean (*Phaseolus vulgaris* L.) from Brazil. Plants 10(8):1572.

Elias, J., Gonçalves-Vidigal, M., Vaz Bisneta, M., et al. 2021b. Genetic mapping for agronomic traits in IAPAR 81/LP97-28 population of common bean (*Phaseolus vulgaris* L.) under drought conditions. Plants 10(8):1568.

Eticha, D., Zahn, M., Bremer, M., et al. 2010. Transcriptomic analysis reveals differential gene expression in response to aluminum in common bean (*Phaseolus vulgaris*) genotypes. Ann. Bot. 105(7):1119-1128.

Farid, M., Earl, H., Pauls, K., et al. 2017. Response to selection for improved nitrogen fixation in common bean (*Phaseolus vulgaris* L.). Euphytica 213(4):99.

Farrow, A., Muthoni-Andriatsitohaina, R. (eds.) 2020. Atlas of common bean production in África (2nd ed.). PABRA/CIAT.

Fenta, B., Beebe, S., Kunert, K. 2020. Role of fixing nitrogen in common bean growth under water deficit conditions. Food Energy Sec. 9: e183.

Gogoi, N., Farooq, M., Barthakur, S., et al. 2018. Thermal stress impacts on reproductive development and grain yield in grain legumes. J. Plant. Biol. 61:265-291.

Gross, Y., Kigel, J. 1994. Differential sensitivity to high temperature of stages in the reproductive development of common bean (*Phaseolus vulgaris* L.). Field Crop Res. 36:201-212.

Gupta, N., Gaurav, S., Kumar, A. 2013. Molecular basis of aluminum toxicity in plants? A Review. Am. J. Plant. Sci. 4:21-37.

Gutiérrez, M., Escalante-Estrada, J., Rodríguez-González, M. 2009. Differences in salt tolerance between *Phaseolus vulgaris* and *P. coccineus* cultivars. Int. J. Agric. Res. 4:270-278.

Hageman, A., van Volkenburgh, E. 2021. Sink strength maintenance underlies drought tolerance in common bean. Plants 10:489.

Hardarson, G., Atkins, C. 2003. Optimizing biological N_2 fixation by legumes in farming systems. Plant. Soil 252:41-54.

Heilig, J., Beaver, J., Wright, E., et al. 2017. QTL analysis of symbiotic nitrogen fixation in a black bean population. Crop Sci. 57:118-129.

Henry, A., Rosas, J., Beaver, J., et al. 2010. Multiple stress response and below ground competition in multilines of common bean (*Phaseolus vulgaris* L.). Field Crops Res. 117:209-218.

Hernández, G., Ramírez, M., Valdés-López, O., et al. 2007. Phosphorus stress in common bean: Root transcript and metabolic responses. Plant. Physiol. 144(2):752-767.

Hiz, M., Canher, B., Niron, H., et al. 2014. Transcriptome analysis of salt tolerant common bean (*Phaseolus vulgaris* L.) under saline conditions. PloS ONE (3):e92598.

Hoyos-Villegas, V., Song, Q., Wright, E., et al. 2016. Joint linkage QTL mapping for yield and agronomic traits in a composite map of three common bean RIL populations. Crop Sci. 56:2546-2563.

Isoi, T., Yoshida, S. 1991. Low nitrogen fixation of common bean (*Phaseolus vulgaris* L.). Soil Sci. Plant. Nutr. 37:559-563.

Jiang Tian, J., Venkatachalam, P., Hong Liao, H. 2007. Molecular cloning and characterization of phosphorus starvation responsive genes in common bean (*Phaseolus vulgaris* L.). Planta 227(1):151-165.

Kamfwa, K., Cichy, K., Kelly, J. 2019. Identification of quantitative trait *loci* for symbiotic nitrogen fixation in common bean. Theor. Appl. Genet. 132:1375-1387.

Kamfwa, K., Zhao, D., Kelly, J., et al. 2017. Transcriptome analysis of two recombinant inbred lines of common bean contrasting for symbiotic nitrogen fixation. PLoS ONE 12(2):e0172141.

Karami-Moalem, S., Maali-Amiri, R., Kazemi-Shahandashti, S. 2018. Effect of cold stress on oxidative damage and mitochondrial respiratory properties in chickpea. Plant. Physiol. Biochem. 122:31-39.

Kavar, T., Maras, M., Kidrič, M., et al. 2008. Identification of genes involved in the response of leaves of *Phaseolus vulgaris* to drought stress. Mol. Breed. 21:159-172.

Kaymakanova, M.; Stoeva, N. 2008. Physiological reaction of bean plants (*Phaseolus vulgaris* L.) to salt stress. Gen. Appl. Plant. Physiol. 34:177-188.

Kochian, L., Hoekenga, O., Piñeros, M. 2004. How do crop plants tolerate acid soils? Mechanism of aluminum tolerance and phosphorus efficiency. Annu. Rev. Plant. Biol. 55:459-493.

Konzen, E., Recchia, G., Cassieri, F., et al. 2019. *DREB* genes from common bean (*Phaseolus vulgaris* L.) show broad to specific abiotic stress responses and distinct levels of nucleotide diversity. Int. J. Genomics 3:1-28.

Korir, H., Mungai, N., Thuita, M., et al. 2017. Co-inoculation effect of rhizobia and plant growth promoting rhizobacteria on common bean growth in a low phosphorus soil. Front. Plant. Sci. 8:141.

Lambers, H., Shane, M., Cramer, M., et al. 2006. Root structure and functioning for efficient acquisition of phosphorus: Matching morphological and physiological traits. Ann. Bot. 98:693-713.

Liao, H., Yan, X., Rubio, G., et al. 2004. Genetic mapping of basal root gravitropism and phosphorus acquisition efficiency in common bean. Funct. Plant. Biol. 31:959-970.

Liu, C., Yang, X., Yan, Z., et al. 2019. Analysis of differential gene expression in cold-tolerant vs. cold-sensitive varieties of snap bean (*Phaseolus vulgaris* L.) in response to low temperature stress. Genes Genomics 41(12):1445-1455.

Liu, J., Yu, X., Qin, Q., et al. 2020. The impacts of domestication and breeding on nitrogen fixation symbiosis in legumes. Front. Genet. 11:00973.

Lone, A., Khan, M., Gul, A., et al. 2021. Common beans and abiotic stress challenges. Curr. J. Appl. Sci. Technol. 40(14):41-53.

López, C., Pineda, M., Alamillo, J. 2020. Differential regulation of drought responses in two *Phaseolus vulgaris* genotypes. Plants 9(12):1815.

López-Hernández, F., Cortés, A. 2019. Last-generation genome-environment associations reveal the genetic basis of heat tolerance in common bean (*Phaseolus vulgaris* L.). Front. Genet. 10:954.

López-Marín, H., Rao, I., Blair, M. 2009. Quantitative trait *loci* for aluminum resistance in common bean (*Phaseolus vulgaris* L.) Theor. Appl. Genet. 119:449-458.

Maas, E., Hoffman, G. 1977. Crop salt tolerance-current assessment. J. Irrig. Drain. Eng. 103:115-134.

Mendoza-Soto, A., Naya, L., Leija, A., et al. 2015. Responses of symbiotic nitrogen-fixing common bean to aluminum toxicity and delineation of nodule responsive microRNAs. Front. Plant. Sci. 6:587.

Meschini, E., Blanco, F., Zanetti, M., et al. 2008. Host genes involved in nodulation preference in common bean (*Phaseolus vulgaris*) - *Rhizobium etli* symbiosis revealed by suppressive subtractive hybridization. Mol. Plant.-Microbe Interact. 21:459-468.

Meyer, D., Badaruddin, M. 2001. Frost tolerance of ten seedling legume species at four growth stages. Crop Sci. 41:1838-1842.

Miklas, P., Kelly, J., Beebe, S., et al. 2006. Common bean breeding for resistance against biotic and abiotic stresses: From classical to MAS breeding. Euphytica 147:105-131.

Mimmo, T., Sciortino, M., Ghizzi, M., et al. 2009. The influence of aluminum availability on phosphate uptake in *Phaseolus vulgaris* L. and *Phaseolus lunatus* L. Plant. Physiol. Biochem. 47(1):68-72.

Mir, R., Zaman-Allah, M., Sreenivasulu, N., et al. 2012, Integrated genomics, physiology, and breeding approaches for improving drought tolerance in crops. Theor. Appl. Genet. 125:625-645.

Miyasaka, S., Bute, J., Howell, R., et al. 1991. Mechanisms of aluminum tolerance in snap beans (root exudation of citric acid). Plant. Physiol. 96:737-743.

Mndolwa, E., Collins, H., Miklas, P. 2018. Plant. growth response of eight Andean dry bean (*Phaseolus vulgaris* L.) genotypes to phosphorus fertilizer in the greenhouse. Agric. Sci. 9(10):1269-1285.

Monterroso, V., Wien, H. 2019. Flower and pod abscission due to heat stress in beans. J. Am. Soc. Hort. Sci. 115:631-634.

Mukeshimana, G., Butare, L., Cregan, P., et al. 2014. Quantitative trait *loci* associated with drought tolerance in common bean. Crop Sci. 54:923-938.

Munns, R., Tester, M. 2008. Mechanisms of salinity tolerance. Annu. Rev. Plant. Biol. 59:651-681.

Muñoz-Azcarate, O., González, A., Santalla, M. 2017. Natural rhizobial diversity helps to reveal genes and QTLs associated with biological nitrogen fixation in common bean. AIMS Microbiol. 3:435-466.

Niron, H., Barlas, N., Salih, B., et al. 2020. Comparative transcriptome, metabolome, and ionome analysis of two contrasting common bean genotypes in saline conditions. Front. Plant. Sci. 11:599501.

Njobvu, J., Hamabwe, S., Munyinda, K., et al. 2020. Quantitative trait *loci* mapping of resistance to aluminum toxicity in common bean. Crop Sci. 60(3):1294-1302.

Ochoa, I., Blair, M., Lynch, J. 2006. QTL analysis of adventitious root formation in common bean (*Phaseolus vulgaris* L.) under contrasting phosphorus availability. Crop Sci. 46:1609-1621.

Oladzad, A., González, A., Macchiavelli, R., et al. 2020. Genetic factors associated with nodulation and nitrogen derived from atmosphere in a Middle American common bean panel. Front. Plant. Sci. 11:576078.

Otubo, S., Patto Ramalho, M., Barbosa Abreu, Â., et al. 1996. Genetic control of low temperature tolerance in germination of the common bean (*Phaseolus vulgaris*). Euphytica 89:313-317.

Parker, T., Palkovic, A., Gepts, P. 2020. Determining the genetic control of common bean early-growth rate using unmanned aerial vehicles. Remote Sens. 12:1748.

Polania, J., Poschenrieder, C., Rao, I., et al. 2016. Estimation of phenotypic variability in symbiotic nitrogen fixation ability of common bean under drought stress using ^{15}N natural abundance in grain. Eur. J. Agron. 79:66-73.

Porch, T., Jahn, M. 2001. Effects of high-temperature stress on microsporogenesis in heat-sensitive and heat-tolerant genotypes of *Phaseolus vulgaris*. Plant. Cell Environ. 24:723-731.

Raghothama, K. 1999. Phosphate acquisition. Ann. Rev. Plant. Physiol. Plant. Mol. Biol. 50:665-693.

Rainey, K., Griffiths, P. 2005. Differential response of common bean genotypes to high temperature. J. Am. Soc. Hort. Sci. 130:18-23.

Rainey, K., Griffiths, P. 2019. Inheritance of heat tolerance during reproductive development in snap bean (*Phaseolus vulgaris* L.). J. Am. Soc. Hortic. Sci. 130:700-706.

Ramaekers, L., Galeano, C., Garzón, N., et al. 2013. Identifying quantitative trait *loci* for symbiotic nitrogen fixation capacity and related traits in common bean. Mol. Breed. 31:163-180.

Ramaekers, L., Remans, R., Rao, I., et al. 2010. Strategies for improving phosphorus uptake efficiency of crop plants. Field Crops Res. 117:169-176.

Rangel, A., Rao, I., Horst, W. 2007. Spatial aluminum sensitivity of root apices of two common bean (*Phaseolus vulgaris* L.) genotypes with contrasting aluminum resistance. J. Exp. Bot. 58: 3895-3904.

Rao, I., Beebe, S., Polania, J., et al. 2013. Can tepary bean be a model for improvement of drought resistance in common bean? Afr. Crop Sci. Soc. 21:265-281.

Rao, I., Beebe, S., Polania, J., et al. 2017. Evidence for genotypic differences among elite lines of common bean in the ability to remobilize photosynthate to increase yield under drought. J. Agric. Sci. 155:857-875.

Rao, I., Miles, J., Beebe, S., et al. 2016. Root adaptations to soils with low fertility and aluminum toxicity. Ann. Bot. 118:593-605.

Reinprecht, Y., Schram, L., Marsolais, F., et al. 2020. Effects of nitrogen application on nitrogen fixation in common bean production. Front. Plant. Sci. 11:1172.

Rosas, J., Castro, A., Beaver, J., et al. 2000. Tolerancia a altas temperaturas y resistencia a mosaico dorado en frijol común. Agron. Mesoam. 11:1-10.

Sanyal, D., Goos, R., Chatterjee, A. 2018. Determining symbiotic nitrogen fixation in dry bean cultivars using ureide method and isotope dilution techniques. Commun. Soil Sci. Plant. Anal. 49:2042-2052.

Schneider, K., Rosales-Serna, R., Ibarra-Pérez, F., et al. 1997. Improving common bean performance under drought stress. Crop Sci. 37:43-50.

Schryer, P., Lu, Q., Bett, K., et al. 2005. Rapid regeneration *of Phaseolus angustissimus* and *P. vulgaris* from very young zygotic embryos. Plant. Tissue Organ Cult. 83:67-74.

Shonnard, G., Gepts P., 1994. Genetics of heat tolerance during reproductive development in common bean. Crop Sci. 34:1168-1175.

Siamasonta, F., Njobvu, J., Hamabwe, S., et al. 2021. Genome-wide association analysis of resistance to aluminum toxicity in the roots of common bean seedlings. Crop Sci. 61(4):2271-2279.

Siebert, S., Ewert, F. 2014. Future crop production threatened by extreme heat. Environ. Res. Lett. 9:041001.

Silva, D., Tsai S., Chiorato, A., et al. 2019. Analysis of the common bean (*Phaseolus vulgaris* L.) transcriptome regarding efficiency of phosphorus use. PLoS ONE 14(1):e0210428.

Singh, S. 2001. Broadening the genetic base of common bean cultivars: A review. Crop Sci. 41:1659-1675.

Singh, S., Terán, H., Muñoz, C., et al. 2003. Low soil fertility tolerance in landraces and improved common bean genotypes. Crop Sci. 43:110-119.

Soltani, A., Weraduwage, S., Sharkey, T., et al. 2019. Elevated temperatures cause loss of seed set in common bean (*Phaseolus vulgaris* L.) potentially through the disruption of source-sink relationships. BMC Genomics 20:312.

Souter, J., Gurusamy, V., Porch, T., et al. 2017. Successful introgression of abiotic stress tolerance from wild tepary bean to common bean. Crop Sci. 57:1160-1171.

Suárez J., Polania, J., Contreras, A., et al. 2020. Adaptation of common bean lines to high temperature conditions: Genotypic differences in phenological and agronomic performance. Euphytica 216:1-20.

Terán, H., Singh, S. 2002. Selection for drought resistance in early generations of common bean populations. Can. J. Plant. Sci. 82:491-497.

Torche, Y., Blair, M., Saidaa, C. 2018. Biochemical, physiological and phenological genetic analysis in common bean (*Phaseolus vulgaris* L.) under salt stress. Ann. Agric. Sci. 63:153-161.

Tóth, B., Moloi, M., Szőke, L., et al. 2021. Cultivar differences in the biochemical and physiological responses of common beans to aluminum stress. Plants 10(10):2097.

Trapp, J., Urrea, C., Zhou, J., et al. 2016. Selective phenotyping traits related to multiple stress and drought response in dry bean. Crop Sci. 56:1460-1472.

Traub, J., Kelly, J., Loescher, W. 2017. Early metabolic and photosynthetic responses to drought stress in common and tepary bean. Crop Sci. 57:1670-1686.

Traub, J., Porch, T., Naeem, M., et al. 2018. Screening for heat tolerance in *Phaseolus* spp. using multiple methods. Crop Sci. 58:2459-2469.

Urrea, C., Yonts, C., Lyon, D., et al. 2009. Selection for drought tolerance in dry bean derived from the Mesoamerican gene pool in western Nebraska. Crop Sci. 49:2005-2010.

Vargas, Y., Mayor-Durán, V., Buendía, H., et al. 2021. Physiological and genetic characterization of heat stress effects in a common bean RIL population. PLoS ONE 16(4):e0249859.

Vijayan, P., Parkin, I., Karcz, S., et al. 2011. Capturing cold-stress-related sequence diversity from a wild relative of common bean (*Phaseolus angustissimus*). Genome 54(8):620-628.

Wang, Q., Liu, J., Zhu, H. 2018. Genetic and molecular mechanisms underlying symbiotic specificity in legume-rhizobium interactions. Front. Plant. Sci. 9:313.

White, J., Conley, M. 2013. A flexible, low-cost cart for proximal sensing. Crop Sci. 53: 1646-1649.

White, J., Montes, C. 1993.The influence of temperature on seed germination in cultivars of commom bean. J. Exp. Bot. 44:1795-1800.

White, J., Singh, S. 1991. Sources and inheritance of earliness in tropically adapted indeterminate common bean. Euphytica 55:15-19.

Wilker, J., Navabi, A., Rajcan, I., et al. 2019. Agronomic performance and nitrogen fixation of heirloom and conventional dry bean varieties under low-nitrogen field conditions. Front. Plant. Sci. 10:952.

Wilker, J., Humphries, S., Rosas-Sotomayor, J., et al. 2020. Genetic diversity, nitrogen fixation, and water use efficiency in a panel of Honduran common bean (*Phaseolus vulgaris* L.) landraces and modern genotypes. Plants 9:1238.

Woronuk, G., Vijayan, P., Leberge, S., et al. 2010. Transcriptomic analysis of chilling stress in *Phaseolus* spp. Exp. Environ. Bot. 69(2):95-104.

Zaiter, H., Baydoun, E., Sayyed-Hallak, M., et al. 1994. Genotypic variation in the germination of common bean in response to cold temperature stress. Plant. Soil 63:95-101.

Zeffa, D., Moda-Cirino, Y., Nogueira, A., et al. 2021. Genetic variability and nitrogen response indices in common bean (*Phaseolus vulgaris*) cultivars under contrasting nitrogen environments. Plant. Breed. 140(5):907-918.

Zhang, Q., Li, M., Yang, C., et al. 2021. Transcriptome-based analysis of salt-related genes during the sprout stage of common bean (*Phaseolus vulgaris*) under salt stress conditions. Biotechnol. Biotechnol. Equip. 35:1086-1098.

Capítulo 20. Mejoramiento de características bióticas

Mario Paredes C., Viviana Becerra V., Paul Gepts.

El frejol es sensible a una serie de factores bióticos, como: hongos, bacterias, virus, nemátodos e insectos. En este capítulo se entregará información genética relacionada a algunos de los patógenos más importantes que están presentes en la producción de frejol en Chile.

Hongos

Pudriciones radiculares

Las pudriciones radiculares están constituidas por un complejo de hongos del suelo, tales como; *Pythium* spp, *Rhizoctonia solani*, *Fusarium solani* f. sp. *phaseoli* y *Sclerotium rolfsii*. (Paparu et al., 2018), los que junto a las adecuadas condiciones ambientales se pueden establecer y causar algún daño en la planta (Navarrete-Maya et al., 2000).

Pythium

La resistencia a la pudrición radicular producida por *Pythium,* está controlada por un gen simple de herencia dominante (Otysula, 2003). A la fecha, se han identificado algunas fuentes de resistencia en material silvestre de frejol (Haus et al., 2021) y cultivado (Haus et al., 2020; Zitnick-Anderson et al., 2020). Por otro lado, se han identificado algunos QTLs asociados a las pudriciones radiculares (Román-Avilés y Kelly, 2005; Kamfwa et al., 2013; Nakedde et al., 2016; Weijia et al., 2018; Dramadri et al., 2020). Recientemente, se ha utilizado también selección genómica para evaluar la resistencia a las pudriciones radiculares (Díaz et al., 2021; Huster et al., 2021).

Específicamente, algunos marcadores asociados a la resistencia de *Pythium* han permitido desarrollar SCAR para su uso en selección genética temprana (Mahuku et al., 2007; Ongom et al., 2012).

Rhizoctonia

Rhizoctonia solani es un complejo de aislados estrechamente relacionados con capacidad de anastomosis entre ellas y que puede causar importantes pérdidas en el cultivo (Carling et al., 2002; Stodart et al., 2007). Durante su infección las hifas del hongo penetran a la planta produciendo y secretando varias enzimas hidrolíticas que degradan la pared celular de las células y facilitan la entrada del hongo (González et al., 2006), y donde la planta atacada expresa varios mecanismos de defensa, entre los cuales está la respuesta mediada por el ácido salicílico, jasmónico y etileno, y una respuesta de hipersensibilidad, con muerte rápida de las células infectadas en el caso de resistencia a una raza específica (Glazebrook, 2005).

La resistencia a *Rhizoctonia* está controlada por genes mayores y menores con influencia ambiental (Oladzad et al., 2019). Entre los genes, se pueden distinguir genes involucrados en procesos de defensa, señales de traducción e inducción de genes de transcripción que se expresan en forma diferencial en el tiempo, en la raíz de la planta (Guerrero-González et al., 2011).

Recientemente, se ha descrito el uso de microorganismos como un medio de control biológico de este patógeno (Araujo et al., 2018).

Fusarium

Fusarium solani f. sp. *phaseoli* es un patógeno perteneciente al complejo de pudriciones radiculares (O'Donnell et al., 2008), que está ampliamente distribuido en las diferentes zonas de producción de frejol (Macedo et al., 2017).

La resistencia a *Fusarium solani* f.sp. *phaseoli* está controlada por muchos genes (Mukankusi et al., 2011; Díaz et al., 2021) e influenciada por factores climáticos y algunas prácticas agronómicas. En este contexto, se han detectado varios QTLs (Schneider et al., 2001; Román-Avilés y Kelly, 2005; Hagerty et al., 2015; Nakedde et al., 2016; Wang et al., 2018), genes candidatos asociados a la resistencia de *Fusarium* (Zitnick-Anderson et al., 2020) y también algunos factores de transcripción asociados a *Fusarium solani* (Chen et al., 2020).

Generalmente, el germoplasma proveniente de los Andes es mas susceptible a las pudriciones radiculares que el proveniente de Mesoamérica, lo que aparentemente está relacionado con la arquitectura de las raíces. Los genotipos mesoamericanos tienden a tener raíces más largas y vigorosas comparadas con las raíces de los genotipos andinos (Haus et al., 2020), por lo cual es importante la transferencia de esta resistencia del acervo genético Mesoamericano al Andino (Nzungize et al., 2011b).

Enfermedades presentes en la parte aérea de la planta

Sclerotinia

Sclerotinia sclerotiorum es un patógeno que puede causar un importante daño en el cultivo, dependiendo de la variedad, condiciones de manejo agronómico y condiciones climáticas (Schwartz y Singh, 2013). Este patógeno puede infectar a la semilla, a la planta, sobrevivir en el suelo por varios años, y dispersar sus esporas por medio del agua y el viento, lo cual hace difícil su control (Bolton et al., 2006).

Bajo condiciones favorables la *Sclerotinia* puede dañar la parte aérea de la planta, durante el estado vegetativo y reproductivo. Durante la colonización de la planta, el hongo secreta ácido oxálico que, en un comienzo suprime la defensa de la planta, alterando el sistema 'redox' y, posteriormente el pH del tejido, induciendo la muerte de las células (Williams et al., 2011). Por otro lado, existe también una reducción de la fotosíntesis y conductancia estomática, o un cambio metabólico en la producción de ácido oxálico en respuesta para reducir la infección y crecimiento del patógeno (Yajima y Kav, 2006; Amselem et al., 2011; Kabbage et al., 2013; Oliveira et al., 2015; Robinson et al., 2018).

El control del patógeno está compuesto de prácticas agronómicas como un adecuado manejo del agua, densidad de plantas y la elección de variedades de hábito de crecimiento erecto y precoz que permitan una mayor aireación y reducción de humedad de la canopia (Saindon et al., 1995; Kolkman y Kelly, 2002; Ando et al., 2007; Miklas et al., 2013).

En relación a la resistencia genética, se ha informado que la resistencia a *Sclerotinia* está controlada por un gen dominante (Schwartz et al., 2006). Los trabajos de mejoramiento genético han

utilizado resistencia proveniente de diferentes acervos genéticos (Singh et al., 2009; Singh et al., 2014a) y desde otras especies (Singh et al., 2014b).

Algunos estudios han identificado también varios QTLs asociados a la resistencia de este patógeno, con efectos pequeños a moderados (Milkas et al., 2001; Park et al., 2001; Milkas et al., 2003; Ender y Kelly, 2005; Miklas et al., 2006a; Miklas, 2007; Pérez-Vega et al., 2012; Vasconcellos et al., 2017).

Antracnosis

Antracnosis es producida por el hongo *Colletotrichum lindemuthianum*. Es una de las enfermedades importantes que afectan el cultivo del frejol, especialmente, en climas frescos y húmedos.

La principal estrategia de control ha sido la producción de variedades resistentes, sin embargo, dada la virulencia del hongo y la aparición de nuevas razas hace que, la resistencia permanezca solo por un corto tiempo (Kelly et al., 1994; Balardin et al., 1997; Mahuku y Riascos, 2004; Padder et al., 2017).

La resistencia a antracnosis está determinada por varios genes mayores independientes, identificados como *Co* (*Co-1* a *Co-16*), *Co-Pa*, *Co-x*, *Co-w, Co-AC* y nuevos alelos $Co\text{-}1^{HY}$, $Co\text{-}5^{2}$, $Co\text{-}4^{3}$ donde, algunos de ellos están ubicados en los extremos de los cromosomas y en grupos ligados a otros genes que controlan otras enfermedades como la mancha angular, roya, entre otros (Kelly et al., 2003; Kelly; Vallejos, 2004; Alzate-Marín et al., 2007; Gonçalves-Vidigal et al., 2013; Zuiderveen et al., 2016; Chen et al., 2017; Lima et al., 2017; Wu et al., 2017; Gilio et al., 2020).

Este patógeno muestra una coevolución con el huésped, o sea que, las cepas provenientes de la zona mesoamericana son mayormente patogénicas sólo en genotipos mesoamericanos (silvestres y domesticados), mientras los genotipos andinos son en su mayoría, resistentes a las cepas mesoamericanas. Por el contrario, las cepas andinas son patogénicas principalmente en huéspedes andinos (Geffroy et al., 1999; de Meaux et al., 2003). Esta coevolución ayuda a los mejoradores a encontrar genotipos resistentes al patógeno dentro de cada acervo genético.

Bacterias

Bacteriosis común

La bacteriosis común es causada por *Xanthomonas axonopodis* pv. *phaseoli* (ex *Xanthomonas campestris* pv. *phaseoli*). Este patógeno posee una amplia variabilidad genética y transmisión por semilla, lo que favorece su distribución mundial (Singh y Muñoz, 1996; Chen et al., 2021).

La resistencia a bacteriosis común está controlada por varios genes con diferentes grados y tipos de interacción (Pastor-Corrales, 1991; Kelly y Miklas, 1998; Zapata et al., 2010), con influencia ambiental y la existencia de diferentes sistemas de resistencia en hojas y vainas (Miklas et al., 2000; Duncan et al., 2011; Viteri y Singh, 2014). Recientemente, la resistencia fue asociada con la regulación del ácido salicílico y la fotosíntesis (Foucher et al., 2020).

Las principales fuentes de resistencia provienen de *P. acutifolius* (Singh et al., 2001; Singh y Schwartz, 2010; Alladassi et al., 2017), *P. lunatus* y *P. coccineus* (Chen et al., 2021), de diferentes patrones de resistencia derivados del acervo genético Andino y Mesoamericano, debido a la amplia divergencia en el contenido de los genes *R* dentro de cada acervo genético (Meziadi et

al., 2016; Chen et al., 2018), y del germoplasma desarrollado por los programas de mejoramiento genético (Singh et al., 2001; Singh y Schwartz, 2010; Alladassi et al., 2017).

En este caso, se han identificado varios marcadores asociados a QTLs relacionados con la resistencia a esta enfermedad (Jung et al., 1996; Bai et al., 1997; Miklas et al., 2000; Yu et al., 2000; Singh y Schwartz, 2010; Duncan et al., 2011; Viteri et al., 2014).

Virus

Mosaico común del frejol

El mosaico común del frejol (MCF) y el mosaico necrótico del frejol (MNF), pertenecen al género *Potyvirus* de la familia Potyviridae. El genoma del virus del mosaico común posee una sola hebra de ARN, en sentido positivo; un tamaño de alrededor 10-kb, excluyendo poly(A) y codifica una proteína VPg (Adams et al., 2005; Ivanov y Makineu, 2012; Worral et al., 2015).

Estos patógenos están distribuidos globalmente y son considerados como los principales factores limitantes de la reducción del rendimiento en frejol (Drifjhout y Bos, 1977; Drifjhout, 1978; Drijfhout et al., 1978; Morales y Castaño, 1987; Morales y Bos, 1988; Flores-Estévez et al., 2003; Singh y Schwartz, 2010).

El MCF y el MNF son transmitidos en forma mecánica, por la semilla, el polen, y por áfidos de manera no persistente y pueden causar pérdidas de rendimiento que pueden llegar hasta un 80 % (Morales, 2003) o un 100 % en siembras de variedades susceptibles (Singh y Schwartz, 2010). Las pérdidas causadas por el MCF y el MNF se pueden reducir al sembrar variedades resistentes, usar semilla certificada, controlar los áfidos con aplicaciones de aceite, sembrar en la época recomendada, usar una densidad de plantas adecuada y realizar siembras intercaladas con maíz (Kelly et al., 1995; Morales, 2003).

Los mejoradores han conseguido desarrollar variedades resistentes a estos patógenos combinando la introducción de los genes de resistencia dominante *(I*) (Morales y Bos, 1988; Flores-Estévez et al., 2003; Morales, 2003), y los genes recesivos para prevenir los síntomas de la necrosis y la muerte de la planta causada por el MNF y la necrosis inducida por el MCF. Sin embargo, esta estrategia general de la introgresión del gen de resistencia *bc-3* (eIF4e), para controlar el MNF y el MCF, se ha visto desafiada con la identificación de un nuevo aislado (1755a, PG-VIII), que causa mosaico y deformación de las hojas en variedades que poseen el gen *bc-3* (Feng et al., 2015). Dada esta nueva situación, se recomienda introducir los alelos *bc-u*^{d} y *bc-1* a las nuevas variedades para mejorar la resistencia al MNF o combinar *bc-u*^{d} con *bc-3* para proveer resistencia a las nuevas razas del MCF (Soler-Garzón et al., 2021b).

Los virus de mosaico común y de la necrosis están relacionados estrechamente, inducen síntomas similares y existen como un complejo de cepas con muchos aislados que difieren en su virulencia al atacar a diferentes genotipos (Drijfhout, 1978; Feng et al., 2015). En este aspecto, se han aislado e identificado varias cepas de MCF y de MNF como NL-1 (US-1), NL-2, NL-4 (US-6), NL-6 (US-4), NL-7, US-2 y US-5 clasificados como cepas del MCF, y NL-3, NL-5 y NL-8 como cepas de MNF (Drijfhout et al., 1978). Las cepas del MCF y del MNF se clasifican en ocho grupos de patogenicidad (PG), debido a su interacción con genes de resistencia en genotipos diferenciales (Drijfhout et al., 1978; Feng et al., 2015). La mayoría de las cepas del MCF están ubicadas en los PGs I, II, IV, V y VII, mientras que las cepas del MNF se ubican en los PGs III y VI. Todas las cepas

pertenecientes al MNF tienen serotipo A, a diferencia de las cepas del MCF que poseen serotipo B (Drijfhout et al., 1978; Mink et al., 1992; Vetten et al., 1992; Strausbaugh et al., 2003).

No todos los aislados del patotipo VI tienen serotipo A e inducen TIN (temperature insensitive necrosis); el nuevo aislado (RU1) se aisló como patotipo VI y serotipo B, induce TSN, (temperature sensitive necrosis) (Mink et al., 1992; Berger et al.,1997; Larsen et al., 2005) y que es capaz de inducir necrosis total bajo 30 °C en presencia del gen. Es así como, se han identificado algunas cepas recombinantes del MCF, US1 (KT175569) y RU1 (KF919300) y otras secuencias menores en otras cepas del MCF (Larsen et al., 2005; Naderpour et al., 2009; Feng et al., 2014a; b; 2015; Li et al., 2016).

Actualmente, existen nuevos antecedentes que modifican al modelo de interacción patógeno-huésped. Es así como, se postula que la resistencia al virus del mosaico común y el mosaico necrótico está gobernada por seis genes, uno dominante (*I*; cromosoma Pv02) y cinco genes recesivos (*bc-u*^{d}, Pv05; *bc-1*, Pv03; *bc-2*, Pv11; *bc-3*, Pv06; y *bc-4*, Pv05) (Drijfhout, 1978; Drijfhout y Morales, 2005; Soler-Garzón et al., 2021a; b).

El gen dominante *I* está ligado con un grupo de siete genes NBS-LRR (Vallejos et al., 2006) e induce una respuesta de resistencia (hipersensibilidad) a todas las cepas del MCF cuando la temperatura está bajo 30 °C, y varios tipos variables de necrosis local y sistémica cuando la temperatura está sobre 30 °C (Collmer et al., 2000). La respuesta de hipersensibilidad por el gen *I*, sin protección por genes recesivos (*bc-1*, *bc-2*^{2}, *bc-3*, y *bc-4*), resulta frecuentemente en la muerte de la planta. En ausencia del gen *I*, la presencia del gen *bc-u*^{d}, junto al *locus bc-1* aumentan la resistencia al grupo de cepas NL3. Por sí mismo, *bc-u*^{d} atrasa la aparición de los síntomas, pero no confiere resistencia por sí mismo (Collmer et al., 2000).

El alelo *bc-u* estuvo ausente de los diferenciales HGs 2, 4, 5 y 7, lo que indica la necesidad de establecer un nuevo alelo *bc-u*^{d}, que refleje este cambio; *bc-u*^{d} sólo retrasa los síntomas susceptibles, pero cuando se combina con *bc-1* estimula la resistencia a NL-3. El alelo *bc-u*^{d} está ubicado en el cromosoma Pv05, independiente de *bc-1*, contrario al ligamiento observado entre ellos anteriormente y a su ubicación en Pv03 (Soler-Garzón et al., 2021a; b). Por otro lado, el alelo *bc-u*^{d} controla la expresión de resistencia de los alelos *bc-1* y *bc-2* para proteger contra los patogrupos mosaico común y del mosaico necrótico, y *bc-2* y *bc-4* interactúan para conferir resistencia a el MCF (Soler-Garzón et al., 2021b).

Los alelos recesivos, *bc-1* y *bc-2* controlan el movimiento sistémico del MCF y del MNF, pero confieren resistencia parcial o incompleta si cada uno de ellos está presente por sí solo (Feng et al., 2017; 2018). El alelo *bc-1*^{2} está ubicado en el cromosoma Pv03 (Miklas et al., 2000) y *bc-u* estaba ligado moderadamente a *bc-1*^{2} en Pv03 (Strausbaugh et al., 1999). El *locus bc-2* consta de un solo alelo de resistencia, *bc-2* que muestra reacciones distintas dependiendo de la presencia de los genes *bc-4* o *bc-u*^{d}, que están ligados estrechamente en repulsión (Collmer et al., 2000).

Actualmente, se plantea que hay un sólo alelo resistente *bc-1* por el *locus Bc-1*, y la expresión diferente del alelo *bc-1* se basa en la presencia o ausencia de *bc-u*; *bc-1* exhibe dominancia y dominancia incompleta *y* sólo confiere resistencia a NL-8. Los datos sugieren que los genes de resistencia recesiva *bc-1* y *bc-2* no afectan a la replicación y el movimiento célula-a-célula del mosaico común, pero afectan la diseminación sistémica del virus del mosaico común en la planta de frejol. La eficiencia en la restricción de la diseminación sistémica es altamente estimulada cuando los alelos de los genes *bc-1* y *bc-2* están juntos. De ahí que la combinación

de la presencia del gen dominante *I* con los genes recesivos *bc-u*^{d} y *bc-1*, *bc-u*^{d} y *bc-2*, o *bc-3* confieren una resistencia más estable y a un mayor espectro de cepas de virus (Soler-Garzón et al., 2021a; b).

El alelo *bc3,* ubicado en el cromosoma Pv06 fue identificado como el alelo *eIF4E* que lleva un factor de iniciación de traducción eucariota (Hart y Griffiths, 2013; Naderpour et al., 2010). Hart y Griffiths (2013) demostraron que, el *locus Bc-3* puede tener tres genes *eIF4E* asociadas, lo que indica un alto nivel de variabilidad en el *locus*, quizás derivado por coevolución con la infección del frejol con los potyviruses. El alelo mutado *eIF4E* confiere resistencia a el MCF y a otros potyviruses como mosaico necrótico y el virus del amarillamiento de las venas del trébol, ClYVV (Hart y Griffiths, 2013; Naderpour et al., 2010). Hasta hace poco, se postulaba que el gen *bc-3* era capaz de proveer resistencia a todas las cepas conocidas del MCF y el MNF, sin embargo recientemente, se identificó un nuevo aislado (1755a), recombinante de NL1, US1 (PG1), clasificado en un nuevo patogrupo (PG VIII), que es capaz de quebrar la resistencia múltiple de los genes *bc-2* y *bc-3* y presentar una nueva interacción con los genes de resistencia (Feng et al., 2015). Los otros alelos *bc-1*, *bc-2*, y *bc-2*^{2}, confieren resistencia específica al MCF (Drijfhout, 1978; Kelly et al., 1995).

Algunos trabajos han identificado varios marcadores asociados a genes de resistencia del MCF/MNF incluyendo el gen dominante *I* y los genes recesivos *bc-3*, *bc-2* y *bc-1* (Haley et al., 1994; Kelly et al., 1995; Melotto et al., 1996; Morales y Kornegay, 1996; Myers et al., 1996; Johnson et al., 1997; Miklas et al., 2000; Kelly et al., 2003; Vandemark y Miklas, 2005; Miklas et al., 2006b; Naderpour et al., 2010; Tryphone et al., 2013). Por ejemplo, marcadores SNP para *bc-1* y *bc-u*^{d} y nuevos marcadores para los genes *I* y *bc-3* para 'genotipar' los genes de resistencia del MNF en el panel de diversidad Raza Durango, conjuntos diferenciales, y familias segregantes (Soler-Garzón et al., 2021b). También, se ha usado un polimorfismo SNP en el gen *eIF4E* para el diagnóstico del gen *bc-3*, y un marcador KASP para selección asistida de *bc-3* en frejoles (Hart y Griffiths, 2013), un SNP para selección del gen *I* (Bello et al., 2014), y para piramidar los genes recesivos, tales como; *bc-u*^{d}, *bc-1*, *bc-2*, *y bc-3*, con el gen dominante *I* para tener una resistencia lo más amplia posible (Kelly et al., 1995; Mukeshimana et al., 2005; Pasev et al., 2014).

Por otro lado, se han identificado genes candidatos en la raza Durango expuestos a aislados NL-8 (Pathogroup (PG)-III) y NL-3 (PG-VI), ubicados en los cromosomas Pv03 y Pv05, que corresponde a los genes de resistencia *bc-1* y *bc-u*^{d}, respectivamente. Un receptor-like protein kinases (RLKs), y candidatos para el gen *bc-1*, ortólogo con la resistencia a virus en soya, en Pv03. Un factor de transcripción, (basic Leucine Zipper, bZIP) que es el gen candidato para el gen *bc-u* en Pv05, cuya proteína incluye una mutación que resulta en una finalización prematura resultando una proteína no funcional (Soler-Garzón et al., 2021a).

Mosaico amarillo

El virus del mosaico amarillo pertenece a la familia Potyviridae y al género *Potyvirus* (Kehoe et al., 2014) y consiste en una sola hebra de ARN en el sentido positivo. Su genoma es de alrededor 10 kb con dos marcos de lectura abiertos ('open reading frames', ORFs) y una gran poliproteína que es procesada en 10 proteínas (Wylie y Jones, 2009).

El virus causa deformación de las hojas, seguida de enanismo (Sharma et al., 2015); sin embargo, algunas cepas producen necrosis apical que genera la muerte de la planta (Bos, 1970). El desarrollo de la necrosis apical y la muerte de las plantas son afectadas por la temperatura y la

concentracion de la inoculacion original (Tu, 1989). Temperaturas entre 16 ° y 24 °C aumentan la necrosis, entre24 º y 28 ºC la reducen y las superiores a 28 °C inhiben la sintomatología. Este virus se transmite en forma persistente por varias especies de vectores (Bos, 1970; Berlandier et al., 1997).

El mosaico amarillo puede atacar un amplio rango de especies (McKirdy et al., 2000), donde la recombinación puede jugar un rol importante en la especialización del huésped (Wylie y Jones, 2009), en las mono y dicotiledóneas (Kehoe et al., 2014).

La resistencia al mosaico amarillo está condicionada por varios genes que son cepa específicos, donde se reconocen tres cepas específicas basado en la sintomatología, el rango de huéspedes y las diferencias serológicas: la de la arveja (BYMV-P), el tipo (BYMV), y el severo (BYMV-S) (Granett y Provvidenti, 1975; Jones y Diachun, 1977). La resistencia al mosaico amarillo (BYMV-S) en las variedades 'Imuna' y 'Amanda' es controlada por un gen recesivo (*cyv*), que es similar al detectado previamente (*by-3*) en la variedad 'Great Northern 1140' (Park y Tu, 1991; Provvidenti y Shoeder, 1973), el gen dominante *By* en la variedad 'Red Kidney' (Schroeder y Provvidenti, 1968), y el gen *By-2* identificado en el cruzamiento de la variedad 'Blue Lake' x *P. coccineus* (Dickson y Natti, 1968). En general, la resistencia al virus BYMS-PV es controlada por un gen dominante (*By*), la resistencia al BYMV-S por un gen recesivo *by-3* y la resistencia a la raza necrótica (BYMV-N) por un gen recesivo (Tu, 1983).

Una categorización de los genotipos, basada en el nivel de resistencia de siete aislados colectados en una amplia región geográfica señaló que: a) los aislados inducían diferentes reacciones después de la inoculación de la planta, lo que indica la presencia de diferentes genes de patogenicidad; b) los genotipos se podían agrupar en cuatro grupos, un grupo altamente resistente, un segundo grupo resistente derivado de 'Great Northern', pero susceptible al aislado BOS 25 y dos grupos con diferentes grados de susceptibilidad, siendo la variedad más susceptible 'Black Mexican' (Walkey et al., 1983).

Mosaico del pepino

El virus del mosaico del pepino (Cucumber mosaic virus, CMV) pertenece al género *Cucumovirus* (*Bromoviridae*) (Murphy et al., 1995) y es considerado como un virus importante que afecta a un amplio rango de especies, incluido el frejol (Shah et al., 2006; Taylor y Shail, 2006). El CMV se transmite principalmente en forma no persistente por varias especies de áfidos (Tomlinson, 1987; Gildow et al., 2008) y en menor medida por la semilla (Bos y Matt, 1974; Bos et al., 1974; Davis y Hampton, 1986). En frejol, la reducción del rendimiento depende de los genotipos y condiciones ambientales, siendo mayor cuando el clima es caluroso y seco (Taylor y Shail, 2006).

El genoma del CMV está constituido de una doble hebra de ARN (ARN 1, ARN 2, y ARN 3), en sentido positivo de la polaridad (Palukaitis et al., 1992). El ARN 1 y ARN 2 codifican los componentes de replicación, especificidad del huésped, inducción de síntomas y virulencia, mientras que el ARN 3 codifica el movimiento del virus de célula a célula, la proteína de la cubierta o de la cápside ('coat protein') y participa en la mediación de la transmisión por los áfidos (Ding et al., 1995; Canto et al., 1997).

De acuerdo a las características biológicas, serológicas y propiedades del ácido nucleico, los aislados del CMV se pueden clasificar en dos subgrupos: I (S-I) y II (S-II) (Bald-Blume et al., 2017), los que no presentan diferencias en el rango de huéspedes que infectan (Palukaitis et al., 1992).

Sin embargo, un estudio de una muestra de aislados colectados en frejol en USA indicó que existe una baja frecuencia de recombinación y re-organización entre los aislados de los subgrupos y que las regiones del genoma del CMV están sometidas a diferentes presiones de selección (Nouri et al., 2014). La secuenciación del CMV cepa K, indicó que RNA 1, RNA 2 y RNA 3 poseían 3.382, 3.050 y 2.218 nucleótidos, respectivamente. RNA 1 y RNA 2 pertenece al subgrupo IB y el RNA 3 a los aislados del subgrupo IA, lo que indica la posible presencia de recombinación (Moyle et al., 2018).

La infección del frejol por varios virus al mismo tiempo, tal como el mosaico amarillo del frejol (BYMV) y el virus del mosaico del pepino (CMV) (Shah et al., 2006; Taylor y Shail, 2006), puede resultar en sinergismo o antagonismo en comparación a la infección única. El sinergismo puede afectar la altura de la planta, peso del grano, rendimiento y el grado de severidad de los síntomas (Murphy y Bowen, 2006; Tahmasebi et al., 2013), contenido de clorofila, carotenoide, nutrientes, dependiendo de los huéspedes y el estado de desarrollo de la planta (Tahmasebi et al., 2013). En este sentido, el CMV interfiere con la resistencia a algunos potyviruses (Murphy y Kyle, 1995; Sáenz et al., 2002).

Hasta ahora no se ha encontrado resistencia genética al CMV en frejol común, sin embargo, se ha informado de resistencia moderada y tolerancia en otras especies de frejol (Azizi y Shams-bakhsh, 2014), y en otros géneros como lupino con el gen *Ncm-1* (Jones y Latham, 1996) y *Arabidopsis* con el gen *RCY1* (Takahashi et al., 2002), pimiento o tomate con el gen *RT4-4* (Seo et al., 2006).

Virus del mosaico de la alfalfa

El virus del mosaico de la alfalfa (AMV) pertenece al género *Alfamovirus*, family Bromoviridae y posee una distribución mundial (Jaspars y Bos, 1980; Parrella et al., 2011), con diferentes aislados relacionados con diferentes zonas geográficas (Parrella et al., 2000). El virus es transmitido por varias especies de áfidos, en forma no persistente (Nault et al., 2004).

Su genoma consiste en tres hebras de ARN en el sentido positivo de polaridad. RNA 1 y RNA 2 están involucrados con la replicación, mientras que el RNA 3 está encargado del movimiento y sirve como templado para la síntesis del RNA 4 (sgRNA4), que codifica la CP (Bol, 2005). El genoma de un aislado, obtenido de arveja del virus del mosaico de la alfalfa, indicó que los fragmentos ARN 1 y ARN 2 eran similares a un aislado ('Manfredi') colectado en Argentina y un aislado (AMV-Gyn) obtenido en China (Maina et al., 2019).

La incidencia y reducción de rendimiento en frejol depende del genotipo y de las condiciones ambientales, donde el clima caluroso y seco favorece la presencia del virus. Además, las plantas pueden ser infectadas por más de un virus al mismo tiempo (Shah et al., 2006).

Insectos

Bruco

Existen dos especies de brucos, *Zabrotes subfasciatus* adaptado a zonas de temperaturas cálidas (menor a 1.000 m) y *Acanthoscelides obtectus* (Coleoptera: Bruchidae) adaptado a temperaturas templadas que posee una amplia distribución geográfica (Oliveira et al., 2013).

A. obtectus ataca al grano en proceso de maduración y maduro en el campo y continúa oviponiendo en la bodega de almacenaje. Actualmente, el método de control más utilizado es

el uso de productos químicos como 'phosphine', aunque se han planteado otros métodos como el uso de bodegas a bajas temperaturas (4 º a 5 °C) durante el almacenaje (Agrafoti et al., 2019), y el control biológico en el campo (Schmale et al., 2006). Sin embargo, un control genético, biológico y cultural de este insecto es el más económico y sustentable en el largo plazo.

La resistencia genética a bruco ha sido abordada mediante la identificación y transferencia de componentes de proteínas de semillas (arcelina), de frejoles silvestres (Osborn et al., 1988; Kornegay et al., 1991; Zaugg et al., 2013), de frejoles cultivados (Apostolova et al., 2013; Baldin et al., 2017; Azizoglu et al., 2018) y *P. acutifolius* (Mbogo et al., 2009; Jiménez et al., 2017). La arcelina está asociada con las lectinas o el *locus* arcelina-fitohemaglutinina-alfa amilasa (Lioi et al., 2007; Velten et al., 2007; Mbogo et al., 2009) y que fue secuenciada (Kami et al., 2006). Varios tipos de marcadores o ensayos biológicos han sido desarrollados para estudiar la herencia de la resistencia basada en el *locus* APA (Kornegay et al., 1993; Blair et al., 2010).

Hasta ahora existen varios estudios que han detectado QTLs asociados a factores de resistencia de *A. obtectus* (Blair et al., 2010; Duarte et al., 2018; Kamfwa et al., 2018; Li et al., 2022).

Referencias

Adams, M., Antoniw, J., Beaudoin, F. 2005. Overview and analysis of the poly-protein cleavage sites in the family Potyviridae. Mol. Plant. Pathol. 6:471-478.

Agrafoti, P., Athanassiou, G., Nayak, M. 2019. Detection of phosphine resistance in major stored-product insects in Greece and evaluation of a field resistance test kit. J. Stored Prod. Res. 82:40-47.

Alladassi, B., Nkalubo, S., Mukankusi, C., et al. 2017. Inheritance of resistance to common bacterial blight in four selected common bean (*Phaseolus vulgaris* L.) genotypes. J. Plant. Breed. Crop Sci. 96(6):71-78.

Alzate-Marin, A., Souza, K., Silva, M., et al. 2007. Genetic characterization of anthracnose resistance genes *Co-4*^{3} and *Co-9* in common bean cultivar Tlalnepantla 64 (PI207262). Euphytica 154:1-8.

Amselem, J., Cuomo, C., van Kan, J., et al. 2011. Genomic analysis of the necrotrophic fungal pathogens *Sclerotinia sclerotiorum* and *Botrytis cinerea*. PLoS Genet. 7:e1002230.

Ando, K., Grumet, R., Terpstra, K., et al. 2007. Manipulation of plant architecture to enhance crop disease control. CAB Rev.: Perspect. Agric. Vet. Sci. Nutr. Nat. Resour. 2(8):1-8.

Apostolova, E., Palagacheva, N., Svetleva, D. 2013. Investigations on the resistance of some Bulgarian common bean genotypes towards bean weevil (*Acanthoscelides obtectus* Say). J. Cent. Eur. Agric. 14:1530-1540.

Araujo, S., Schurt, A., Sander, S., et al. 2018. Common bean (*Phaseolus vulgaris* L.) growth promotion and biocontrol by rhizobacteria under *Rhizoctonia solani* suppressive and conducive soils. Appl. Soil Ecol. 127:129-135.

Azizi, A., Shams-bakhsh, M. 2014. Impact of Cucumber mosaic virus infection on the varietal traits of common bean cultivars in Iran. Virus disease 24(4):447-454.

Azizoglu, U. 2018. Biochemical properties of Turkish common beans and their resistance against bean weevil *Acanthoscelides obtectus* (Coleoptera: Bruchidae). Arthropod-Plant Interact. 12:283-290.

Bai, Y., Michaels, T., Pauls, K.1997. Identification of RAPD markers linked to Common bacterial blight resistance genes in *Phaseolus vulgaris* L. Genome 40:544-551.

Balardin, R., Jarosz, A., Kelly, J. 1997. Virulence and molecular diversity in *Colletotrichum lindemuthianum* from South, Central, and North America. Phytopathol. 87(12):1184-1191.

Bald-Blume, N., Bergervoet, J., Maiss, E. 2017. Development of a molecular assay for the detection of Cucumber mosaic virus and the discrimination of its subgroups I and II. J. Virol. Methods 243:35-43.

Baldin, E., Lara, F., Camargo, R. 2017. Characterization of resistance to the bean weevil *Acanthoscelides obtectus* Say, 1831 (Coleoptera: Bruchidae) in common bean genotypes. Arthropod-Plant Interact. 11:861-870.

Bello, M., Moghaddam, S., Massoudi, M., et al. 2014. Application of *in silico* bulked segregant analysis for rapid development of markers linked to Bean common mosaic virus resistance in common bean. BMC Genomics 15(1):903.

Berger, P., Wyatt, S., Shiel, P., et al. 1997. Phylogenetic analysis of the Potyviridae with emphasis on legume-infecting potyviruses. Arch. Virol. 142:1979-1999.

Berlandier, F., Thackray, D., Jones, R., et al. 1997. Determining the relative roles of different aphid species as vectors of Cucumber mosaic and Bean yellow mosaic viruses in lupins. Ann. Appl. Biol. 131: 297-314.

Blair, M., Muñoz, C., Buendía, H. 2010. Genetic mapping of microsatellite markers around the arcelin bruchid resistance *locus* in common bean. Theor. Appl. Genet. 121:393–402.

Bol, J. 2005. Replication of alfamo-and ilarviruses: Role of the coat protein. Annu. Rev. Phytopathol. 43:39-62.

Bolton, M., Thomma, B., Nelson, B. 2006. *Sclerotinia sclerotiorum* (Lib.) de Bary: Biology and molecular traits of a cosmopolitan pathogen. Mol. Plant. Pathol. 7(1):1-16.

Bos, L. 1970. Bean yellow mosaic virus. Association of Applied Biologists. Descriptions of plant viruses Nº 40.

Bos, L., Matt, D. 1974. A strain of Cucumber mosaic virus, seed-transmitted in beans. Neth. J. Plant. Pathol. 80:113-123.

Bos, L., Kowalska, C., Maat, D. 1974. The identification of Bean mosaic, Pea yellow mosaic and Pea necrosis strains of Bean yellow mosaic virus. Neth. J. Plant. Pathol. 80:173-191.

Canto, T., Prior, D., Hellwald, K., et al. 1997. Characterization of Cucumber mosaic virus. IV. Movement protein and coat protein are both essential for cell-to-cell movement of Cucumber mosaic virus. Virology 237:237-248.

Carling, D., Baird, E., Gitaitis, R., et al. 2002. Characterization of AG-13 a newly reported anastomosis group of *Rhizoctonia solani*. Phytopahtol. 92:893-899.

Chen, L., Wu, Q., He, T., et al. 2020. Transcriptomic and metabolomic changes triggered by *Fusarium solani* in common bean (*Phaseolus vulgaris* L.). Genes 11(2):177.

Chen, M., Wu, J., Wang, L., et al. 2017. Mapping and genetic structure analysis of the anthracnose resistance *locus Co-1^{HY}* in the common bean (*Phaseolus vulgaris* L.). PloS ONE 12(1):e0169954.

Chen, N., Ruh, M., Darrasse, A., et al. 2021. Common bacterial blight of bean: A model of seed transmission and pathological convergence. Mol. Plant. Pathol. 22(12):1464-1480.

Chen, N., Serres-Giardi, L., Ruh, M., et al. 2018. Horizontal gene transfer plays a major role in the pathological convergence of *Xanthomonas* lineages on common bean. BMC Genomics 19:606.

Collmer, C., Marston, M., Taylor, J., et al. 2000. The *I* gene of bean: A dosage-dependent allele conferring extreme resistance, hypersensitive resistance, or spreading vascular necrosis in response to the potyvirus Bean common mosaic virus. Mol. Plant.-Microbe Interact. 13:1266-1270.

Davis, R., Hampton, R. 1986. Cucumber mosaic virus isolates seed-borne in *Phaseolus vulgaris*: Serology, host pathogen relationships and seed transmission. Phytopathol. 76:999-1004.

de Meaux, J., Cattan-Toupance, I., Lavigne, C., et al. 2003. Polymorphism of a complex resistance gene candidate family in wild populations of common bean (*Phaseolus vulgaris*) in Argentina: Comparison with phenotypic resistance polymorphism. Mol. Ecol. 12:263-273.

Díaz, L., Arredondo, V., Ariza-Suarez, D., et al. 2021. Genetic analyses and genomic predictions of root rot resistance in common bean across trials and populations. Front. Plant. Sci. 12: 629221.

Dickson, M., Natti, J. 1968. Inheritance of resistance of *Phaseolus vulgaris* to Bean yellow mosaic virus. Phytopathol. 58:1450.

Ding, S., Li, W., Symons, R. 1995. A novel naturally occurring hybrid gene encoded by a plant RNA virus facilitates long distance virus movement. EMBO J. 14:5762-577.

Dramadri, I., Amongi, D., Kelly, J., et al. 2020. Genome-wide association analysis of resistance to *Pythium ultimum* in common bean (*Phaseolus vulgaris*). Plant. Breed. 139(6):1168-1180.

Drifjhout, E. 1978. Genetic interaction between *Phaseolus vulgaris* and Bean common mosaic virus with implications for strain identification and breeding for resistance. Centre for Agricultural Publication and Documents, Wageningen, The Netherlands.

Drifjhout, E., Bos, L. 1977. The identification of two new strains of Bean common mosaic virus. Neth. J. Plant. Pathol. 83:13-26.

Drifjhout, E., Silbernagel, M., Burke, D. 1978. Differentiation of strains of Bean common mosaic virus. Neth. J. Plant. Pathol. 84:13-26.

Duarte, M., Cabral, G., Ibrahim, A. 2018. An overview of the *APA locus* and arcelin proteins and their biotechnological potential in the control of bruchids. Agri Gene 8:57-62.

Duncan, R., Singh, S., Gilbertson, R. 2011. Interaction of common bacterial blight bacteria with disease resistance quantitative trait *loci* in common bean. Phytopathol. 101:425-435.

Ender, M., Kelly, J. 2005. Identification of QTL associated with white mold resistance in common bean. Crop Sci. 45:2482-2490.

Feng, X., Myers, J., Karasev, A. 2015. Bean common mosaic virus isolate exhibits a novel pathogenicity profile in common bean, overcoming the *bc-3* resistance allele coding for the mutated *eIF4E* translation initiation factor. Phytopathol. 105:1487-1495.

Feng, X., Poplawsky, A., Karasev, A. 2014a. A recombinant of Bean common mosaic virus induces temperature-insensitive necrosis in an *I* gene bearing line of common bean. Phytopathol. 104:1251-1257.

Feng, X., Poplawsky, A., Nikolaeva, O., et al. 2014b. Recombinants of Bean common mosaic virus (MCF) and genetic determinants of BCMV involved in overcoming resistance in common beans. Phytopathol. 104:786-793.

Flores-Estévez, N., Acosta-Gallegos, J., Silva-Rosales, L. 2003. Bean common mosaic virus and Bean common mosaic necrosis virus in Mexico. Plant. Dis. 87:21-25.

Foucher, J., Ruh, M., Préveaux, A., et al. 2020. Common bean resistance to *Xanthomonas* is associated with upregulation of the salicylic acid pathway and downregulation of photosynthesis. BMC Genomics 21:566.

Geffroy, V., Sicard, D., de Oliveira, J., et al. 1999. Identification of an ancestral resistance gene cluster involved in the coevolution process between *Phaseolus vulgaris* and its fungal pathogen *Colletotrichum lindemuthianum*. Molec. Plant.-Micr. Inter. 12:774-784.

Gildow, F., Shah, D., Sackett, W., et al. 2008. Transmission efficiency of Cucumber mosaic virus by aphids associated with virus epidemics in snap bean. Phytopathol. 98:1233-1241.

Gilio, T., Hurtado-Gonzales, O., Gonçalves-Vidigal, M., et al. 2020. Fine mapping of an anthracnose-resistance *locus* in Andean common bean cultivar Amendoim Cavalo. PLoS ONE 15(10):e0239763.

Glazebrook, J. 2005. Contrasting mechanisms of defense against biotrophic and necrotrophic pathogens. Annu. Rev. Phytopathol. 43:205-227.

Gonçalves-Vidigal, M., Cruz, A., Lacanallo, G., et al. 2013. Co-segregation analysis and mapping of the anthracnose *Co-10* and angular leaf spot *Phg-ON* disease-resistance genes in the common bean cultivar Ouro Negro. Theor. Appl. Genet. 126:2245-2255.

González, G., Portal, O., Rubio, S. 2006. Review. Biology and systematics of the form genus *Rhizoctonia*. J. Agric. Res. 4:55-79.

Granett, A., Provvidenti, R. 1975. Partial purification and serological relationship, of three strains of bean yellow mosaic virus. Ann. Appl. Biol. 81:413-415.

Guerrero-González, M., Rodríguez-Kessler, M., Rodríguez-Guerra, R., et al. 2011. Differential expression of *Phaseolus vulgaris* genes induced during the interaction with *Rhizoctonia solani*. Plant. Cell Rep. 30:1465-1473.

Hagerty, C., Cuesta-Marcos, A., Cregan, P., et al. 2015. Mapping *Fusarium solani* and *Aphanomyces euteiches* root rot resistance and root architecture quantitative trait *loci* in common bean. Crop Sci. 55:1969-1977.

Haley, S., Afanador, L., Kelly, J. 1994. Identification and application of a random amplified polymorphic DNA marker for the *I* gene (potyvirus resistance) in common bean. Phytopathol. 84: 157-160.

Hart, J., Griffiths, P. 2013. A series of *eIF4E* alleles at the *Bc-3* are associated with recessive resistance of clover yellow vein virus in common bean. Theor. Appl. Genet. 126:2849-2863.

Haus, M., Pierz, L., Jacobs, J., et al. 2021. Preliminary evaluation of wild bean (*Phaseolus* spp.) germplasm for resistance to *Fusarium cuneirostrum* and *Fusarium oxysporum*. Crop Sci. 61(5):3264-3274.

Haus, M., Wang, W., Jacobs, J., et al. 2020. Root crown response to fungal root rot in *Phaseolus vulgaris* Middle American × Andean lines. Plant. Dis. 104(12):3135-3142.

Huster, A., Wallace, L., Myers, J. 2021. Associated SNPs, heritability, trait correlations, and genomic breeding values for resistance in snap beans (*Phaseolus vulgaris* L.) to root rot caused by *Fusarium solani* (Mart.) f. sp. *phaseoli* (Burkholder). Front. Plant. Sci. 12:697615.

Ivanov, K., Makineu, K. 2012. Coat proteins, host factors and plant viral replication. Curr. Opin. Vir. 2:712-718.

Jaspars, E., Bos, L. 1980. Alfalfa mosaic virus. CMV/AAB Description of plant viruses, Nº 229. (https://www.dpvweb.net/dpv/showdpv/?dpvno=229)

Jiménez, J., de la Fuente, M., Ordás, B., et al. 2017. Resistance categories to *Acanthoscelides obtectus* (Coleoptera: Bruchidae) in tepary bean (*Phaseolus acutifolius*), new sources of resistance for dry bean (*Phaseolus vulgaris*) breeding. Crop Prot. 98:255-266.

Johnson, W., Guzmán, P., Mandala, D., et al. 1997. Molecular tagging of the *bc-3* gene for introgression into Andean common bean. Crop Sci. 37:248-254.

Jones, R., Diachun, S. 1977. Serologically and biologically distinct Bean yellow mosaic virus strains. Phytopathol. 67:831-838.

Jones, R., Latham, L. 1996. Natural resistance to Cucumber mosaic virus in lupin species. Ann. Appl. Biol.129:523-542.

Jung, G., Coyne, D., Scroch, P., et al. 1996. Molecular markers associated with plant architecture and resistance to common blight, web blight, and rust in common beans. J. Am. Soc. Hort. Sci. 121:794-803.

Kabbage, M., Williams, B., Dickman, M. 2013. Cell death control: The interplay of apoptosis and autophagy in the pathogenicity of *Sclerotinia sclerotiorum*. PLoS Pathogens 9:e1003287.

Kamfwa, K., Beaver, J., Cichy, K., et al. 2018. QTL mapping of resistance to bean weevil in common bean. Crop Sci. 58:1-9.

Kamfwa, K., Mwala, M., Okori, P., et al. 2013. Identification of QTL for *Fusarium* root rot resistance in common bean. J. Crop Improv. 27(4):2013.

Kami, J., Poncet, V., Geffroy, V., et al. 2006. Development of four phylogenetically-arrayed BAC libraries and sequence of the *APA locus* in *Phaseolus vulgaris*. Theor. Appl. Genet. 112: 987-998.

Kehoe, M., Coutts, B., Buirchell, B., et al. 2014. Split personality of a Potyvirus: To specialize or not to specialize? PLoS ONE 9(8):e105770.

Kelly, J., Afanador, L., Cameron, L. 1994. New races of *Colletotrichum lindemuthianum* in Michigan and implications in dry bean resistance breeding. Plant. Dis. 78:892-894.

Kelly, J., Afanador, L., Haley, S. 1995. Pyramiding genes for resistance to Bean common mosaic virus. Euphytica 82:207-212.

Kelly, J., Gepts, P., Miklas, P., et al. 2003. Tagging and mapping of genes and QTL and molecular marker-assisted selection for traits of economic importance in bean and cowpea. Field Crops Res. 82:135-154.

Kelly, J., Miklas, P. 1998.The role of RAPD markers in breeding for disease resistance in common bean. Mol. Breed. 4:1-11.

Kelly, J., Vallejo, V. 2004. A comprehensive review of the major genes conditioning resistance to anthracnose in common bean. HortSci. 39:1196-1207.

Kolkman, J., Kelly, J. 2002. Agronomic traits affecting resistance to white mold in common bean. Crop Sci. 42:693-699.

Kornegay, J., Cardona, C. 1991. Inheritance of resistance to *Acanthoscelides obtectus* in a wild common bean accession crossed to commercial bean cultivars. Euphytica 52:103-111.

Kornegay, J., Cardona, C., Posso, C. 1993. Inheritance of resistance to Mexican bean weevil in common bean, determined by bioassay and biochemical tests. Crop Sci. 33:589-594.

Larsen, R., Miklas, P., Druffel, K., et al. 2005. NL-3 K strain is a stable and naturally occurring interspecific recombinant derived from Bean common mosaic necrosis virus and Bean common mosaic virus. Phytopathol. 95:1037-1042.

Li, X., Tang, Y., Wang, L., et al. 2022. QTL mapping and identification of genes associated with the resistance to *Acanthoscelides obtectus* in cultivated common bean using a high-density genetic linkage map. BMC Plant. Biol. 22:260.

Li, Y., Cao, Y., Fan, Z., et al. 2016. Identification of a naturally occurring Bean common mosaic virus recombinant isolates infecting Azuki bean. J. Plant. Pathol. 98(1):123-133.

Lima, S., Gonçalves-Vidigal, M., Gilio, T., et al. 2017. Genetics and mapping of a new anthracnose resistance *locus* in Andean common bean Paloma. BMC Genomics 18:306.

Lioi, L., Galasso, I., Lanave, C. 2007. Evolutionary analysis of the *APA* genes in the *Phaseolus* genus: Wild and cultivated bean species as sources of lectin-related resistance factors? Theor. Appl. Genet. 115:959-970.

Macedo, R., Sales, L., Yoshida, F., et al. 2017. Potential worldwide distribution of *Fusarium* dry root rot in common beans based on the optimal environment for disease occurrence. PloS ONE 12:e0187770.

Mahuku, G., Riascos, J. 2004. Virulence and molecular diversity within *Colletotrichum lindemuthianum* isolate from Andean and Mesoamerican bean varieties and regions. Eur. J. Plant. Pathol. 110(3):253-263.

Mahuku, G., Buruchara, R., Navia, M., et al. 2007. Development of PCR markers tightly linked to *Pyult1*, a gene that confers *Pythium* root rot resistance in the common bean genotype AND1062. Phytopathol. 97:69-79.

Maina, S., Zheng, L., Kinoti, W., et al. 2019. Metagenomic analysis reveals a nearly complete genome sequence of *Alfalfa Mosaic Virus* from a field pea in Australia. Microbiol. Resour. Announc. 8(31):e00766-19.

Mbogo, K., Davis, J., Myers, J. 2009. Transfer of the arcelin-phytohaemagglutinin-α amylase inhibitor seed protein *locus* from tepary bean (*Phaseolus acutifolius* A. Gray) to common bean (*P. vulgaris* L.). Biotechnol. 8(3):285-295.

McKirdy, S., Jones, R., Latham, L., et al. 2000. Bean yellow mosaic potyvirus infection of alternative annual pasture, forage, and cool season crop legumes: Susceptibility, sensitivity, and seed transmission. Aust. J. Agric. Res. 51:325-345.

Melotto, M., Afanador, L., Kelly, J. 1996. Development of a SCAR marker linked to the 'I' gene in common bean. Genome 39:1216-1219.

Mendes, L., de Chaves, M., Fonseca, M., et al. 2019. Resistance breeding of common bean shapes the physiology of the rhizosphere microbiome. Front. Microbiol. 10:2252

Mendes, L., Raaijmakers, J., de Hollander, M., et al. 2018. Influence of resistance breeding in common bean on rhizosphere microbiome composition and function. ISME J. 12:212-224.

Meziadi, C., Richard, M., Derquennes, A., et al. 2016. Development of molecular markers linked to disease resistance genes in common bean based on whole genome sequence. Plant. Sci. 242:351-357.

Miklas, P. 2007. Marker-assisted backcrossing QTL for partial resistance to *Sclerotinia* white mold in dry bean. Crop Sci. 47:935-942.

Miklas, P., Delorme, R., Johnson, W., et al. 2001. QTL conditioning physiological resistance and avoidance to white mold dry bean. Crop Sci. 41:309-315.

Miklas, P., Delorme, R., Riley, R. 2003. Identification of QTL conditioning resistance to white mold in snap bean. J. Am. Soc. Hort. Sci. 128: 564-570.

Miklas, P., Grafton, K., Hauf, D., et al. 2006a. Registration of partial white mold resistant pinto bean germplasm line USPT-WM-1. Crop Sci. 46:2339-2339.

Miklas, P., Kelly, J., Beebe, S., et al. 2006b. Common bean breeding for resistance against biotic and abiotic stresses: From classical to MAS breeding. Euphytica 147:105-131.

Miklas, P., Larsen, R., Riley, R., et al. 2000. Potential marker-assisted selection for *bc-1²* resistance to Bean common mosaic potyvirus in common bean. Euphytica 116(3):211–219.

Miklas, P., Porter, L., Kelly, J., et al. 2013. Characterization of white mold disease avoidance in common bean. Eur. J. Plant. Pathol. 135(3):525-543.

Mink, G., Silbernagel, M. 1992. Serological and biological relationships among viruses in the Bean common mosaic virus subgroup. Arch. Virol. (Suppl). 5:397-406.

Morales, F. 2003. Common bean (pp. 425-445). In Virus and virus-like diseases of major crops in developing countries. Springer Netherlands.

Morales, F., Bos, L. 1988. Bean common mosaic virus. Descriptions of plant viruses. 37:1-6.

Morales, F., Castaño, M. 1987. Seed transmission characteristics of selected Bean common mosaic virus strains in differential bean cultivars. Plant. Dis. 71:51-53.

Morales, F., Kornegay, J. 1996. The use of plant viruses as markers to detect genes for resistance to Bean common mosaic and Bean common mosaic necrotic viruses. Annu. Rep. Bean Improv. Coop. 39:272-273.

Moyle, R., Pretorius, L., Shuey, L., et al. 2018. Analysis of the complete genome sequence of *Cucumber mosaic virus* Strain K. Genome Announc. 6(7):e00053-18.

Mukankusi, C., Derera, J., Melis, R., et al. 2011. Genetic analysis of resistance to *Fusarium* root rot in common bean. Euphytica 182:11-23.

Mukeshimana, G., Paneda, A., Rodríguez-Suarez, C., et al. 2005. Markers linked to the *bc-3* gene conditioning resistance to Bean common mosaic potyvirus in common bean. Euphytica 144:291-299.

Murphy, F., Fauquet, C., Bishop, D., et al. 1995. Virus taxonomy: Classification and nomenclature of viruses. Sixth report of the international committee on taxonomy of viruses. Arch. Virol. (Suppl. 10):I-VIII.

Murphy, J., Kyle, M. 1995. Alleviation of restricted systemic spread of pepper mottle potyvirus in *Capsicum annuum* cv. Avelar by co-infection with a *Cucumovirus*. Phytopathol. 85:561-566.

Murphy, J., Bowen, K. 2006. Synergistic disease in pepper caused by the mixed infection of Cucumber mosaic virus and Pepper mottle virus. Phytopathol. 96:240-247.

Myers, J., Strausbaugh, C., Forster, R., et al. 1996. Resistance and tolerance to Bean common mosaic virus (BCMV) and Bean common mosaic necrosis virus (BCMNV) in bean. Annu. Rep. Bean Improv. Coop. 39:94-95.

Naderpour, M., Lund, O., Johansen, I. 2009. Sequence analysis of expressed cDNA of Bean common mosaic virus RU1 isolate. Iran J. Virol. 3:41-43.

Naderpour, M., Lund, O., Larsen, R., et al. 2010. Potyviral resistance derived from cultivars of *Phaseolus vulgaris* carrying *bc-3* is associated with the homozygotic presence of a mutated eIF4E allele. Mol. Plant. Pathol. 11:255-263.

Nakedde, T., Ibarra-Perez, F., Mukankusi, C., et al. 2016. Mapping of QTL associated with *Fusarium* root rot resistance and root architecture traits in black beans. Euphytica 212:51-63.

Nault, B., Shah, D., Dillard, H., et al. 2004. Seasonal and spatial dynamics of alate aphid dispersal in snap bean fields in proximity to alfalfa and implications for virus management. Environ. Entomol. 33:1593-1601.

Navarrete-Maya, R., Trejo-Albarrán, E., Navarrete-Maya, J., et al. 2009. Reaction of common bean genotypes to *Fusarium* spp. y *Rhizoctonia solani* under field and greenhouse conditions. Agric. Téc. (México) 35(4):455-466.

Nouri, S., Arevalo, R., Falk, B., et al. 2014. Genetic structure and molecular variability of Cucumber mosaic virus isolates in the United States. PLoS ONE 9(5):e96582.

Nzungize, J., Gepts, P., Buruchara, R., et al. 2011a. Pathogenic and molecular characterization of *Pythium* species inducing root rot symptoms of common bean in Rwanda. Afr. J. Microb. Res. 5:1169-1181.

Nzungize, J., Gepts, P., Buruchara, R., et al. 2011b. Introgression of *Pythium* root rot resistance gene into Rwandan susceptible common bean cultivars. Afr. J. Plant. Sci. 5:193-200.

O'Donnell, K., Sutton, D., Fothergill, A., et al. 2008. Molecular phylogenetic diversity, multilocus haplotype nomenclature, and *in vitro* antifungal resistance within the *Fusarium solani* species complex. J. Clin. Microbiol. 46:2477-2490.

Oladzad, A., Zitnick-Anderson, K., Jain, S., et al. 2019. Genotypes and genomic regions associated with *Rhizoctonia solani* resistance in common bean. Front. Plant. Sci. 10:956.

Oliveira, M., Corrêa, A., de Souza G., et al. 2013. Mesoamerican origin and pre-and post-columbian expansions of the ranges of *Acanthoscelides obtectus* Say, a cosmopolitan insect pest of the common bean. PLoS ONE 8:e70039.

Oliveira, M., de Andrade, R., Grossi-de-Sá, M., et al. 2015. Analysis of genes that are differentially expressed during the *Sclerotinia sclerotiorum-Phaseolus vulgaris* interaction. Front. Microbiol. 6:1162.

Ongom, P., Nkalubo, S., Gibson, P., et al. 2012. Evaluating genetic association between *Fusarium* and *Pythium* root rots resistances in the bean genotype RWR 719. African Crop Sci. J. 20:31-39.

Osborn, T., Alexander, D., Sun, S., et al. 1988. Insecticidal activity and lectin homology of arcelin seed protein. Science 240:207-210

Otsyula, R., Rubaihayo, P., Buruchara, R. 2003. Inheritance of resistance to *Pythium* root rot in bean (*Phaseolus vulgaris* L.) genotypes. African Crop Sci. Conf. Proc. 6**:**295-298.

Padder. B., Sharma, P., Awale, H. 2017. *Colletotrhichum lindemuthianum*, the causal agent of bean anthracnose. J. Plant. Pathol. 99:317-330.

Palukaitis, P., Roossinck, M., Dietzgen, R., et al. 1992. Cucumber mosaic virus. Adv. Virus Res. 41:281-342.

Paparu, P., Acur, A., Kato, F., et al. 2018. Prevalence and incidence of four common bean root rots in Uganda. Exp. Agric. 54:888-900.

Park, S., Coyne, D., Steadman, J., et al. 2001. Mapping of QTL for resistance to white mold disease in common bean. Crop Sci. 41:1253-1262.

Park, S., Tu, J. 1991. Inheritance and allelism of resistance to a severe train of Bean yellow mosaic virus in common bean. Can. J. Plant. Pathol .13:7-10.

Parrella, G., Acanfora, N., Orílio, A., et al. 2011. Complete nucleotide sequence of a Spanish isolate of Alfalfa mosaic virus: Evidence for additional genetic variability. Arch. Virol.156:1049-1052.

Parrella, G., Lanave, C., Marchoux, G., et al. 2000. Evidence for two distinct subgroups of *Alfalfa mosaic virus* (AMV) from France and Italy and their relationships with other AMV strains. Arch. Virol. 145:2659-2667.

Pasev, G., Kostova, D., Safkova, K. 2014. Identification of genes for resistance to Bean common mosaic virus and Bean common virus in snap bean (*Phaseolus vulgaris* L.) breeding lines using conventional and molecular methods. J. Phytopathol. 162:19-25.

Pastor-Corrales, M. 1991. Estandarización de variedades diferenciales y designación de razas de *Colletotrichum lindemuthianum*. Phytopathol.81:694.

Pérez-Vega, E., Pascual, A., Campa, A., et al. 2012. Mapping quantitative trait *loci* conferring partial physiological resistance to white mold in the common bean RIL population Xana x Cornell 49242. Mol. Breed. 29(1):31-41.

Provvidenti, R., Schoeder, W. 1973. Resistance in *Phaseolus vulgaris* to the severe strain of Bean yellow mosaic virus. Phytopathol. 63:196-197.

Robinson, F., Turner, M., Jahn, C., et al. 2018. Common bean varieties demonstrate differential physiological and metabolic responses to the pathogenic fungus *Sclerotinia sclerotiorum*. Plant. Cell Env. 41(9):2141-2154.

Román-Avilés, B., Kelly, J. 2005. Identification of quantitative trait *loci* conditioning resistance to *Fusarium* root rot in common bean. Crop Sci. 45(5):1181-1190.

Sáenz, P., Salvador, B., Simón-Mateo, C., et al. 2002. Host-specific involvement of the HC protein in the long-distance movement of potyviruses. J. Virol. 76:1922-1931.

Saindon, G., Huang, H., Kozub, G. 1995. White-mold avoidance and agronomic attributes of upright common beans grown at multiple planting densities in narrow rows. J. Am. Soc. Hort. Sci. 120:843-847.

Schmale, I., Wackers, F., Cardona, C. 2006. Biological control of the bean weevil, *Acanthoscelides obtectus* (say) (Col.: Bruchidae), by the native parasitoid *Dinarmus basalis* (Rondani) (Hym.: Pteromalidae) on small-scale farms in Colombia. J. Stored Prod. Res. 42:31-41.

Schneider, K., Grafton, K., Kelly, J. 2001. QTL analysis of resistance to *Fusarium* root rot in bean. Crop Sci. 41:535-542.

Schroeder, W., Provvidenti, R. 1968. Resistance of bean (*Phaseolus vulgaris*) to the PV2 strains of bean yellow mosaic virus conditioned by a single dominant gene *By*. Phytopathol. 58:1710.

Schwartz, H., Otto, K., Terán, H., et al. 2006. Inheritance of white mold resistance in *Phaseolus vulgaris* x *P. coccineus* crosses. Plant. Dis. 90:1167-1170.

Schwartz, H., Singh, S. 2013. Breeding common bean for resistance to white mold: A review. Crop Sci. 53:1832-1844.

Seo, Y., Rojas, M., Lee, J., et al. 2006. A viral resistance gene from common bean functions across plant families and is up-regulated in anon-virus-specific manner. Proc. Natl. Acad. Sci. USA. 103:11856-11861.

Shah, D., Dillard, H., Mazumdar-Leighton, S., et al. 2006. Incidence, spatial patterns, and associations among viruses in snap bean and alfalfa in New York. Plant. Dis. 90:203-210.

Sharma, P., Sharma, V., Sharma, A., et al. 2015. Identification and molecular characterization of Bean yellow mosaic virus infecting French bean in Himachal Pradesh. Virus Dis. 26(4):315-318.

Singh, S., Muñoz, C. 1996. Resistance to common bacterial blight among *Phaseolus* species and common bean improvement. Crop Sci. 39:80-89.

Singh, S., Muñoz, C., Terán, H. 2001. Registration of common bacterial blight resistant dry bean germplasm VAX 1, VAX 3, and VAX 4. Crop Sci. 41:275-276.

Singh, S., Terán, H., Schwartz, H., et al. 2009. Introgressing white mold resistance from *Phaseolus* species of the secondary gene pool into common bean. Crop Sci. 49(5):1629-1637.

Singh, S., Schwartz, H. 2010. Breeding common bean for resistance to diseases: A review. Crop Sci. 50:2199-2223.

Singh, S., Schwartz, H., Terán, H., et al. 2014a. Pyramiding white mold resistance between and within common bean gene pools. Can. J. Plant. Sci..94(5):947-953.

Singh, S., Schwartz, H., Viteri, D., et al. 2014b. Introgressing white mold resistance from *Phaseolus coccineus* PI 439534 to common pinto bean. Crop Sci. 54(3):1026-1032.

Soler-Garzón, A., McClean, P., Miklas, P. 2021a. Coding mutations in vacuolar protein-sorting 4 AAA+ ATPase endosomal sorting complexes required for transport protein homologs underlie *bc-2* and new *bc-4* gene conferring resistance to Bean common mosaic virus in common bean. Front. Plant. Sci. 12:769247.

Soler-Garzón, A., McClean, P., Miklas, P. 2021b. Genome-wide association mapping of *bc-1* and *bc-u* reveals candidate genes and new adjustments to the host pathogen interaction for resistance to Bean common mosaic necrosis virus in common bean. Front. Plant. Sci. 12:699569.

Stodart, B., Harvey, P., Neate, S., et al. 2007. Genetic variation and pathogenicity of anastomosis group 2 isolates of *Rhizoctonia solani* in Australia. Mycol. Res. 111:891-900.

Strausbaugh, C., Miklas, P., Singh, S., et al. 2003. Genetic characterization of differential reactions among host group 3 common bean cultivars to NL-3 K strain of Bean common mosaic necrosis virus. Phytopathol. 93:683-690.

Strausbaugh, C., Myers, J., Forster, R. 1999. *Bc-1* and *Bc-u*-two *loci* controlling Bean common mosaic virus resistance in common bean are linked. J. Amer. Soc. Hort. Sci. 124(6):644-648.

Tahmasebi, A., Dizadji, A., Habibi, M. 2013. Interaction of *Cucumber mosaic virus* and Bean yellow mosaic virus in co-infected plants of bean and broad bean. Arch. Phytopathol. Plant Prot. 46(9):1081-1092.

Takahashi, H., Miller, J., Nozaki, Y., et al. 2002. *RCY1*, an *Arabidopsis thaliana* RPP8/HRT family resistance gene, conferring resistance to Cucumber mosaic virus requires salicylic acid, ethylene and a novel signal transduction mechanism. Plant. J. 32:655-667.

Taylor, A., Shail, J. 2006. The impact of CMV in reducing yield of selected snap bean cultivars. Ann. Rep. Bean Improv. Coop. 49:199-200.

Tomlinson, J. 1987. Epidemiology and control of virus diseases of vegetables. Ann. Appl. Biol. 110:661-681.

Tryphone, G., Chilagane, L., Protas, D., et al. 2013. Marker assisted selection for common bean diseases improvements in Tanzania: Prospects and future needs (pp. 121-147). In S. Andersen (ed.) Plant. breeding from laboratories to fields. Intech, Rijeka, Croatia.

Tu, J. 1983. Inheritance in *Phaseolus vulgaris* cv. Kentwood of resistance to necrotic strain of bean yellow mosaic virus and to a severe bean strain of *Tobacco ringspot virus*. Can. J. Plant. Pathol. 5:34-35.

Vallejos, C., Astua-Monge, G., Jones, V., et al. 2006. Genetic and molecular characterization of the *I locus* of *Phaseolus vulgaris*. Genetics 172:1229-1242.

Vandemark, G., Miklas, P. 2005. Genotyping common bean for the potyvirus resistance alleles *I* and *bc-1*^{2} with a multiplex real-time polymerase chain reaction assay. Phytopathol. 95: 499-505.

Vasconcellos, R., Oraguzie, O., Soler, A., et al. 2017. Meta-QTL for resistance to white mold in common bean. PLoS ONE 12(2):e0171685.

Velten, G., Rott, A., Cardona, C. 2007. The inhibitory effect of the natural seed storage protein arcelin on the development of *Acanthoscelides obtectus*. J. Stored Prod. Res. 43:550-557.

Vetten, H., Lesemann, D., Maiss, E. 1992. Serotype A and B strains of Bean common mosaic virus are two distinct potyviruses. Arch. Virol. Suppl. 5:415-431.

Viteri, D., Singh, S. 2014. Response of 21 common beans of diverse origins to two strains of the common bacterial blight pathogen, *Xanthomonas campestris* pv. *phaseoli*. Euphytica 200:379-388.

Viteri, D., Cregan, P., Trapp, J., et al. 2014. A new Common bacterial blight resistance QTL in VAX 1 common bean and interaction of the new QTL, SAP6, and SU91 with bacterial strains. Crop Sci. 54:1598-1608.

Walkey, D., Innes, N., Miller, A. 1983. Resistance to bean yellow mosaic virus in *Phaseolus vulgaris*. J. Agric. Sci., Camb. 100:643-650.

Wang, W., Jacobs, J., Chilvers, M., et al. 2018. QTL analysis of *Fusarium* root rot resistance in an Andean x Middle American common bean RIL population. Crop Sci. 58:1166-1180.

Weijia, W., Jacobs, J., Chilvers, M., et al. 2018. QTL analysis of *Fusarium* root rot resistance in an Andean x Middle American common bean RIL population. Crop Sci. 58(3):1166-1180.

Williams, B., Kabbage, M., Kim, H., et al. 2011. Tipping the balance: *Sclerotinia sclerotiorum* secreted oxalic acid suppresses host defenses by manipulating the host redox environment. PLoS Pathog. 7:e1002107.

Worral, E., Wammanje, F., Mukeshimana, G., et al. 2015. Bean common mosaic virus and Bean common mosaic necrosis virus: relationships, biology, and prospects for control. Adv. Virus Res. 93:1-46.

Wu, J., Zhu, J., Wang, L., et al. 2017. Genome-wide association study identifies *NBS-LRR*-Encoding genes related with Anthracnose and Common bacterial blight in the common bean. Front. Plant. Sci. 8:1398.

Wylie, S., Jones, R. 2009. Role of recombination in the evolution of host specialization within Bean yellow mosaic virus. Phytopathol. 99: 512-518.

Yajima, W., Kav, N. 2006. The proteome of the phytopathogenic fungus *Sclerotinia sclerotiorum*. Proteomics 6:5995-6007.

Yu, K., Park, S., Poysa, V. 2000. Marker-assisted selection of common beans for resistance to common bacterial blight: Efficacy and economics. Plant. Breed. 119:411-415.

Zapata, M., Beaver, J., Porch, T. 2010. Dominant gene for common bean resistance to Common bacterial blight caused by *Xanthomonas axonopodis* pv. *phaseoli*. Euphytica 179:373-382.

Zaugg, I., Magni C., Panzeri, D., et al. 2013. QUES, a new *Phaseolus vulgaris* genotype resistant to common bean weevils, contains the *Arcelin-8* allele coding for new lectin-related variants. Theor. Appl. Genet. 126:647-661.

Zitnick-Anderson, K., Oladzadabbasabadi, A., Jain, S., et al. 2020. Sources of resistance to *Fusarium solani* and associated genomic regions in common bean diversity panels. Front. Genet. 11:475.

Zuiderveen, G., Padder, B., Kamfwa, K., et al. 2016. Genome-wide association study of Anthracnose resistance in Andean beans (*Phaseolus vulgaris*). PloS ONE 11(6):e0156391.

Capítulo 21. Mejoramiento por calidad del grano

Mario Paredes C., Viviana Becerra V., Paul Gepts, Matthew Blair.

Las recomendaciones por razones de salud y medioambientales sugieren incrementar la dieta con alimentos de origen vegetal. En este sentido, los frejoles son considerados como una alternativa, ya que aportan una buena fuente de proteínas y aminoácidos que complementan a los entregados por los cereales (Hayat et al., 2014). Además de estos componentes, el frejol aporta carbohidratos complejos que poseen propiedades prebióticas (Berg et al., 2012), fibra dietética de digestión lenta (Gomes et al., 2018), polifenoles que poseen propiedades antioxidantes (Chen et al., 2015) vitaminas, minerales, bajo aporte de grasa, sodio, ausencia de colesterol y gluten (Foyer et al., 2016; Giusti et al., 2017; Kan et al., 2017; 2018; Alcázar-Valle et al., 2020; Uebersax et al., 2022). De ahí que, el consumo de frejoles ha estado asociado con efectos beneficiosos para la salud como reducción del riesgo de una amplia gama de enfermedades crónicas y degenerativas tales como cáncer, obesidad, diabetes y enfermedades cardiovasculares (Márquez y Lajolo, 1981; Kolonel et al., 2000; Carbonaro, 2006; Celleno et al., 2007). Sin embargo, el frejol posee un contenido limitado de algunos minerales como zinc (Zn), fierro, (Fe), magnesio (Mg), calcio (Ca), una digestibilidad reducida de las proteínas, y la presencia de elementos tóxicos y antinutrientes como taninos, ácido fítico, lectinas, inhibidores de tripsina, entre otros (Márquez y Lajolo, 1981; Carbonaro, 2006).

Los frejoles han sido usados también como materia prima para el desarrollo y producción de varios productos libres de gluten (Shevkani y Singh, 2014; 2015; Guiberti et al., 2015; Ai et al., 2017; Ramírez-Jiménez et al., 2018); con bajo contenido de antinutrientes (Sparvoli et al., 2016); extrusionados (Siddiq et al., 2013); con alto contenido de minerales y proteínas (Bhol y Don Bosco, 2014); alto contenido de fenoles (Gallegos-Infante et al., 2010); y bajo índice glicémico (Lestari et al., 2017). Además, como preservativos (Carbas et al., 2018); gelificantes (Yang et al., 2018b); y productos biodegradables (Shevkani y Singh, 2015).

Estructura del grano

Estructuralmente, el grano de frejol está compuesto de tres partes principales: la cáscara (origen materno), el embrión y los cotiledones (origen materno y paterno) (Fig. 1).

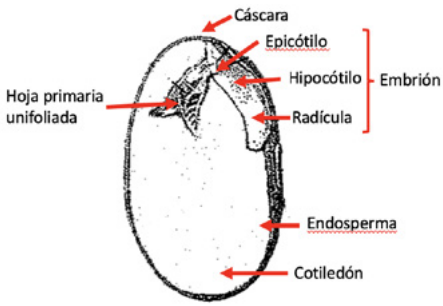


Figura 1. Estructuras principales del grano de frejol.

Componentes nutricionales del grano

Análisis proximal. El análisis proximal de varias clases comerciales de frejol se presenta en el Cuadro 1.

Proteínas. En varios países, el frejol aporta una importante proporción de las proteínas consumidas por la población debido al menor costo comparada con la proteína de origen animal. Para el frejol se han informado diferentes contenidos de proteínas que varían entre 18 a 30 % de proteínas cruda (Delaney y Bliss, 1991; Sathe, 2002; Rodiño et al., 2003; Siddiq et al., 2010)

Cuadro 1. Contenido de proteínas, lípidos, cenizas, carbohidratos fibra dietética (g/100 g P.S.) de varias clases de frejol.

Clase comercial	Proteína	Lípidos	Cenizas	Carbohidratos por diferencia*	Humedad	Fibra dietética
Negro pequeño	24,3	1,6	4,1	70,1	11,0	17,4
Cranberry	26,3	1,4	3,8	68,5	12,4	28,2
Kidney	26,7	0,9	4,3	68,0	11,8	28,2
Navy	25,4	1,7	3,8	69,1	12,1	17,4
Pink	23,3	1,3	4,1	71,4	10,1	14,1
Pinto	24,2	1,4	3,9	70,6	11,3	17,5
Blanco pequeños	23,9	1,3	4,3	70,5	11,7	28,2
Carioca (crema)	25,0	1,8	4,7	68,6	13,1	21,9
Promedio	**23,27**	**1,65**	**4,57**	**70,51**	**10,8**	**21,6**

*Carbohidrato PS = 100% - (proteína cruda % + grasa cruda % + cenizas %); incluye la fibra dietética total. P.S.=peso seco; P.F.= peso verde.

Fuente: OECD, 2019.

El contenido de proteínas depende del genotipo y es afectado por el medio ambiente (Florez et al., 2009). Es así como, algunos estudios han detectado un mayor contenido de proteína en algunas accesiones silvestres (Guzmán-Maldonado et al., 2000) y en variedades locales ('landraces'), comparadas con accesiones de frejol domesticado (Celmeli et al., 2018).

Las principales fracciones de la proteína del almacenaje en el frejol son: globulina G-1, globulina G-2, la fracción alcalina (glutelina y albumina) y la fracción de prolamina (Ma y Bliss, 1978; Sathe, 2002).

La globulina G1 está constituida por la faseolina y la legumina (Ma y Bliss, 1978; Mühling et al., 1997; Osborn et al., 2003; Emani y Hall, 2008). La faseolina es la principal fracción (40 a 60%) de la proteína de almacenaje (Bliss y Brown, 1983; Chagas y Santoro, 1997; Gepts y Bliss, 1986; Vitale y Bollini, 1995), sin embargo, la faseolina tiene una baja digestibilidad en su estado natural debido a la resistencia parcial a la degradación en el intestino y al bajo contenido de metionina (<1 %), y ausencia de cisteína (Chagas y Santoro, 1997).

Para aumentar los niveles de metionina se han realizado algunos trabajos de mejoramiento genético, pero no han sido suficientes para suplir las necesidades nutricionales (Gepts y Bliss, 1984; Taylor et al., 2008; Viscarra-Torrico et al., 2021). A pesar de esta situación, la cocción del frejol puede mejorar la digestibilidad de la proteína, ya que el calor puede inactivar los inhibidores de proteasas (taninos e inhibidores de tripsina), favorecer los cambios estructurales de las proteínas que facilitan la proteólisis (Pujola et al., 2007; Montoya et al., 2010; Drulyte y Orlien, 2019) y la remoción de la fitohemaglutinina (Voelker et al., 1986).

La faseolina está controlada por una familia de genes organizada en un solo *locus* de 190 Kbp que está ubicado en el cromosoma Pv07 (Talbot et al., 1984; Slightom et al., 1985; Nodari et al., 1993; Llaca y Gepts, 1996; Freyre et al., 1998). De esta manera, los genes que controlan los polipéptidos de cada tipo de faseolina están fuertemente ligados y se heredan como un solo grupo (De La Fuente et al., 2012).

La faseolina ha sido utilizada para estudiar la variabilidad genética del frejol (Gepts et al., 1986; Gepts y Bliss, 1986), donde en un comienzo se distinguieron los tres primeros tipos de faseolina: Tendergreen (T), Sanilac (S), y Contender (C) (Brown et al., 1981). Sin embargo, este número de tipos de faseolina ha aumentado significativamente, tanto en el material silvestre como en el cultivado (De La Fuente et al., 2012).

La globulina G2 está compuesta principalmente por lectinas (fitohemaglutininas) que tienen la habilidad de aglutinar células (Bliss y Brown, 1983; Osborn et al., 1983; Osborn y Bliss, 1985; Martínez-Aragón et al., 1995; Vitale y Bollini, 1995; Sathe, 2002). Las lectinas representan un 10 % del total de las proteínas de la semilla (Vitale y Bollini, 1995; Nasi et al., 2009) y tienen un 0,5 % de los aminoácidos azufrados (Osborn y Brown, 1988; Vitale y Bollini, 1995).

La albúmina constituye entre un 12 a 30 % del total de la proteína de almacenaje y es rica en aminoácidos azufrados, tales como la metionina y cisteína (Bliss y Brown, 1983).

La prolamina constituye una pequeña fracción (2 a 4 %) de las proteínas de almacenaje (Bliss y Brown, 1983; Oliveira et al., 2017).

Lípidos. Los frejoles tienen una baja cantidad de lípidos, que puede variar entre 1 a 3 %, dependiendo de la especie, variedad y condiciones ambientales (Cuadro 1). En el grano maduro de frejol, una parte importante de los lípidos, están almacenados en unas vesículas especializadas (esferosomas) en los cotiledones (Shridhar et al., 1984).

Los principales tipos de lípidos son clasificados como neutrales (triglicéridos, ácidos grasos, ácidos grasos libres) y fosfolípidos, los que varían entre 32 a 50% y de 24 a 35% de los lípidos totales, respectivamente. La concentración de los ácidos grasos en el grano de frejol varía ampliamente dependiendo del genotipo (Celmeli et al., 2018), por ejemplo los frejoles pinto, kidney y navy

poseen principalmente ácidos grasos poliinsaturados como ácido linolénico (Omega 3) y linoléico (Omega 6) (Shridhar et al., 1984), aunque se pueden detectar también ácido palmítico y oleico (Yoshida et al., 2005). La alta proporción de ácidos grasos poliinsaturados dan una baja relación Omega 6/Omega 3, lo cual es bueno para la salud (Cuadro 2).

Cuadro 2. Composición de lípidos (g/100 g, base peso seco) en granos de diferentes variedades de frejol.

Clase comercial	Total saturado	Total insaturado	Total polinsaturado
Negro	0,326	0,109	0,543
Negro (B. Turtle)	0,206	0,069	0,344
Cranberry	0,277	0,093	0,462
Great Northern	0,318	0,047	0,426
Kidney	0,106	0,056	0,403
Navy	0,149	0,113	0,767
Pink	0,263	0,088	0,438
Pinto	0,208	0,203	0,361
Red Kidney	0,136	0,072	0,517
Blanco pequeños	0,268	0,09	0,448
Blanco	0,194	0,066	0,323
Manteca (Yellow)	0,597	0,201	0,994

Fuente: OECD, 2019.

Carbohidratos. Los carbohidratos son el principal componente nutricional del frejol (50-60 %) y se puede dividir en carbohidratos simples como azúcares (glucosa) y complejos como el almidón que está formado por amilosa y amilopectina. El contenido de almidón en el grano de frejol varía entre 35 y 65 % de su peso seco. Además, hay contenidos menores de rafinosa, estaquiosa y verbascosa, dependiendo de la variedad (Sathe et al., 1984).

Un estudio de 202 variedades locales determinó una amplia variación en algunos carbohidratos presentes en el cotiledón, por ejemplo, el contenido de almidón varió entre un 340 y 447 g kg^{-1}, la amilosa aparente (241-333 g kg^{-1}), la amilosa (208-291 g kg^{-1}) y la amilopectina (334-482 g kg^{-1}). Paralelamente, se indicó que los genotipos andinos presentaron un mayor porcentaje de almidón, amilosa, y amilosa aparente comparado con los genotipos mesoamericanos (Rivera et al., 2018).

La tasa de digestión del almidón del frejol es afectada por varios factores como: a) la presencia de la pared celular, que impide el acceso de las enzimas digestivas; b) el grado de hidratación de los gránulos de almidón, ya que los granos deben hincharse para ser digeridos; y c) la cocción, ya que el calor quiebra los enlaces de hidrógeno que permiten a los gránulos de almidón hincharse y perder su cristalinidad lo que favorece la gelatinización y la tasa de digestión. El almidón al estado cristalino es indigestible en el intestino delgado (Uebersax et al., 2022). La cocción reduce el almidón resistente, dependiendo de método de cocción, por ejemplo, la cocción en olla a presión contribuye a una más uniforme y completa gelatinización (Yadav et al., 2010); y e) la presencia de inhibidores de la amilasa y fitatos (Hayat et al., 2014).

Análisis nutricional.

Este análisis incluye el contendido de aminoácidos, vitaminas y minerales.

Aminoácidos. El contenido de aminoácidos varía entre las especies de frejol (Baldi y Salamini, 1973), y los genotipos dentro de cada especie (Margier et al., 2018). Análisis realizados en diferentes tipos y variedades de frejol señalan que los aminoácidos esenciales que se encuentran en mayor cantidad son lisina, leucina y valina (Carbas et al., 2020) y en menor cantidad, los aminoácidos azufrados como metionina y cisteína (Margier et al., 2018). Los aminoácidos no esenciales más predominantes son Asp + Asn y Glu + Gln (Carbas et al., 2020) (Cuadro 3).

La composición y digestibilidad determina la calidad nutricional de las proteínas (Carbonaro et al., 2015). La digestibilidad de la proteína del grano crudo varía entre un 25 % y un 60 %, el que se puede aumentar hasta un 90 %, dependiendo de la variedad, proceso y método de cocción (Batista et al., 2010; Jacinto-Hernández et al., 2002), por ejemplo, la cocción realizada en casa mantiene un mayor contenido de aminoácidos comparado con el grano sometido al proceso industrial de enlatado (Margier et al., 2018).

En este punto, toma importancia la complementación en el consumo de los alimentos como cereales y legumbres, ya que los cereales poseen bajos contenidos de lisina, pero altos en triptófano a diferencia de las legumbres que tienen bajos niveles en triptófano y altos niveles en lisina.

Cuadro 3. Composición de aminoácidos (gr/100 g, peso base seco) en diferentes variedades de frejol.

Aminoacidos/ humedad	Clases comerciales (USDA-ARS)						
	Negro	Cranberry	Kidney	Navy	Pink	Pinto	Blanco pequeño
Humedad (%)	11,02	12,39	11,75	12,1	10,06	11,33	11,71
Alanina	1,02	1,1	1,12	1,03	0,98	0,98	1
Arginina	1,5	1,63	1,65	1,16	1,44	1,24	1,48

Acido aspártico	2,94	3,18	3,23	2,96	2,82	2,56	2,89
Cisteína	0,26	0,29	0,29	0,21	0,25	0,21	0,26
Acido glutámico	3,7	4,01	4,07	3,52	3,55	3,41	3,64
Glicina	0,95	1,03	1,04	0,91	0,91	0,9	0,93
Histidina	0,68	0,73	0,74	0,58	0,65	0,63	0,67
Isoleucina	1,07	1,16	1,18	1,08	1,03	0,98	1,06
Leucina	1,94	2,1	2,13	1,96	1,86	1,76	1,91
Lisina	1,67	1,8	1,83	1,46	1,6	1,53	1,64
Metionina	0,37	0,39	0,4	0,31	0,35	0,29	0,36
Fenilalanina	1,31	1,42	1,44	1,32	1,26	1,23	1,29
Prolina	1,03	1,11	1,13	1,27	0,99	1,21	1,01
Serina	1,32	1,43	1,45	1,34	1,27	1,32	1,3
Treonina	1,02	1,11	1,12	0,81	0,98	0,91	1,01
Triptofano	0,29	0,31	0,32	0,28	0,28	0,27	0,28
Tirosina	0,68	0,74	0,75	0,55	0,66	0,48	0,67
Valina	1,27	1,38	1,4	1,41	1,22	1,13	1,25

Fuente: OECD, 2019.

Vitaminas. Las principales vitaminas que se encuentran presentes en frejol son la niacina, tiamina, riboflavina y ácido pantoténlco, folato y vitamina B6. Estas vitaminas son solubles en

agua y sensibles al calor y se pueden perder en el remojo y la cocción (Augustin et al., 1981; Prodanov et al., 2004; Lešková et al., 2006; Rychlik et al., 2007). Los frejoles contienen pequeñas cantidades de vitamina C y vitaminas solubles en aceite debido a su bajo contenido de lípidos (Cuadro 4).

Cuadro 4. Composición de vitaminas (mg kg^{-1}, base peso seco). en diferentes variedades de frejol.

Clase comercial (diferentes muestras)	Folato	Tiamina	Riboflavina	Niacina	Ac. Pantoténico	Vitamina B_6
Negro[1]	5,0	10,1	2,2	22,0	10,1	3,2
Negro (B. Turtle)[2]	3,2	11,1	2,4	20,9		3,4
Cranberry[2]	2,1	9,7	2,7	15,7		3,6
Great Northern[1]	5,4	7,3	2,7	21,9	12,3	5,0
Great Northern[2]	1,0-1,7	9,4-9,8	2,6-2,9	14,9-19,2		4,0-5,7
Kidney[1]	1,8-2,6	11,4	1,5-2,2	21,5		4,5-4,6
Kidney[2]	4,5	6,0-6,3	1,8-2,5	12,5-23,3	5,0-8,8	2,4-4,5
Arroz (Navy)[1]	1,8-2,6	9,4-9,8	1,4-2,3	24,3-26,8		4,8-5,0
Arroz (Navy)[2]	1,2-4,1	6,6-8,8	1,9	14,9-24,9	3,5-8,5	2,4-4,9
Pink[1]	4,8-5,8	9,2	1,5	11,6-14,4		5,0-5,7
Pinto[1]	4,6	8,6-9,9	1,4-2,3	17,8		4,8
Rojos pequeños[1]	1,8	9,6	1,6	12,5		5,3
Blancos pequeños[1]	3,0	8,9	1,6	19,9		4,9
Blanco[1]	4,4	4,9	1,6	5,4	8,3	3,6
Rango general	**0,2-5,8**	**3,9-11,4**	**1,0-2,9**	**3,3-26,8**	**2,7-10,1**	**0,4-5,0**

Fuente: OECD, 2019.

Minerales o nutrientes

Las legumbres son ricas en algunos macros y micro elementos necesarios para la salud humana, tales como; boro (B), calcio (Ca), cobre (Cu), manganeso (Mn), magnesio (Mg), molibdeno (Mo) y azufre (S) (White y Broadley, 2009). Sin embargo, son deficientes en hierro (Fe), zinc (Zn) (Blair et al., 2013; Beebe, 2020) y sodio (Na) (Shridhar et al., 1984), sin embargo, aportan potasio (K) que es beneficioso para el control de la hipertensión y para aquellas personas que eliminan potasio del cuerpo (Shridhar et al., 1984).

Los minerales son estables al calor, por lo cual no son destruidos por la cocción, sin embargo, se pueden lixiviar durante un periodo prolongado de cocción (Ferreira et al., 2014; Wang et al., 2010). Los minerales pueden disminuir también su bio-accesibilidad y disponibilidad, debido a un prolongado almacenaje y quelación con algunos componentes biactivos como el ácido fítico, fenol y pectinas (Rousseau et al., 2020 a; b).

Macronutrientes. El frejol utiliza y contiene macronutrientes considerados imprescindibles para que la planta complete su ciclo de vida, los que varían dependiendo de la clase comercial o variedad (Cuadro 5).

Cuadro 5. Composición de macronutrientes (g kg^{-1}, base de peso seco) de diferentes colecciones de germoplasma de frejoles.

Clase comercial	Fósforo	Potasio	Calcio	Magnesio
Negro	3,96-5,66	14,09-17,07	1,30-1,38	1,80-2,07
Great Northern	4,63-7,03	17,77-19.61	1,67-1,76	1,96-231
Kidney	4,61-59,4	15,93-20,15	1,09-1,62	1,59-199
Arroz, Navy	4,63-7,03	17,77-19,61	1,67-1,76	1,96-2,31
Blanco	2,30-3,39	14,56-2024	2,71-4,25	2,14-3,26
Rojo oscuro	5,66	17,09	0,82	1,53
Rojo pequeño	5,73	17,31	1,34	1,68

Fuente: OECD, 2019.

Fósforo. El fósforo juega un papel importante en la regulación del ciclo de nutrientes en los ecosistemas naturales y manejados. En la naturaleza, el fósforo existe como fosfato, en forma orgánica e inorgánica (George et al., 2018).

El fósforo es un elemento necesario para el crecimiento y desarrollo de la planta y generalmente es un factor limitante de la producción. El frejol posee un adecuado contenido de fósforo en el grano y se ha detectado variación genética por este nutriente (Beebe et al., 2000), y el que puede variar entre 3.6 a 8.8 g kg^{-1} (Barampama y Simard, 1993; House et al., 2002). En general, los genotipos mesoamericanos presentan un mayor contenido de fósforo en comparación con el germoplasma andino (Islam et al., 2002).

El fósforo en el grano está concentrado principalmente en el cotiledón. La cáscara posee un contenido de fósforo que puede variar entre 1,9 a 6,1 % (Lolas et al., 1975; Moraghan et al., 2002; Blair et al., 2009a; Ribeiro et al., 2012). El fitato es la forma en que la planta almacena el fósforo orgánico (40-72 %), el que es usado en diferentes estados de crecimiento y desarrollo (Raboy et al., 2001; Coelho et al., 2002), sin embargo, el fitato puede disminuir la disponibilidad de algunos elementos como hierro y zinc (Schlemmer et al., 2009).

Se han identificado QTLs para fósforo (Blair et al., 2016), fósforo y fitatos en el grano (Blair et al., 2012), genes que se expresan en forma diferencial en condiciones de deficiencia de fósforo (Hernández et al., 2007; Hernández et al., 2017) y factores de transcripción tales como pirofosfatasa, fosfatasa y transportadores de fosfato, entre otros (Da Silva et al., 2019).

Potasio. La semilla del frejol contiene un alto contenido de potasio que varía, entre un 76 a 90 % y está ubicado en el embrión (Moraghan y Grafton, 2002; Ribeiro et al., 2012), aunque el contenido de potasio está influenciado por el genotipo y el ambiente (Barampama y Simard, 1993; Beebe et al., 2000; Moraghan y Grafton, 2001).

Calcio y Magnesio. El calcio es un elemento importante para la salud humana, participa en varios procesos como en la composición de los huesos y en varios procesos metabólicos (Moraghan et al., 2006).

Los contenidos de calcio y magnesio en el frejol son variables y dependen del genotipo y del ambiente (Moraghan y Grafton, 2001). Los valores de calcio varían entre 0.3 a 2.8 g kg^{-1} y entre un 67 a 81 % del calcio se encuentra localizado en la cáscara del grano (Moragham et al., 2006; Ribeiro et al., 2012). Un estudio realizado con variedades de USA determinó que un 85 % del calcio está ubicado en la cáscara en las variedades de grano negro, junto a un 24 % de hierro, 8 % de potasio y un 7 % de zinc (Moraghan y Grafton, 2002). Dada esta situación, se puede concluir que un alto porcentaje de calcio se encuentra en la cáscara y que el hierro, potasio y zinc se encuentran principalmente en el embrión (Ribeiro et al., 2012).

Estudios indican la presencia de variabilidad en el contenido de calcio y magnesio en el grano de frejol. Los genotipos del acervo Mesoamericano tienen en general, un mayor contenido de calcio y otros minerales en los granos, comparados con los Andinos. Por ejemplo, los frejoles arroces (navy) poseen un 90 % más de calcio que las variedades 'Red Kidney' y 'Cranberry' (Moraghan y Grafton, 1977), presentándose una correlación negativa entre el contenido de calcio y la masa del grano y una positiva con el contenido de fósforo (Moraghan y Grafton, 2001), una relación negativa entre el calcio y el contenido de ácido fítico que puede limitar su disponibilidad (Golam et al., 2011).

El magnesio está involucrado en una serie de procesos bioquímicos y fisiológicos como crecimiento, desarrollo, fotofosforilización, formación de la clorofila, síntesis de proteínas y resistencia a estreses abióticos y bióticos (Baloch et al., 2022), y aumento del rendimiento (Wang et al., 2020).

El contenido de magnesio, se concentra también preferentemente en la cáscara del grano con niveles que varían entre 16 y 28 % (Moraghan et al., 2006), dependiendo del genotipo y del ambiente (Baloch et al., 2022).

Algunos estudios han identificado QTLs asociados al contenido de magnesio (Casañas et al., 2013; Blair et al., 2016; Delfini et al., 2021; Gunjaca et al., 2021) y calcio (Blair et al., 2016), que podrían contribuir a mejorar su contenido en el grano.

Azufre. El frejol tiene una baja concentración de aminoácidos azufrados, sin embargo, aplicaciones de azufre pueden aumentar la calidad de las proteínas a través de la cantidad de aminoácidos azufrados (metionina y cisteína), en variedades con bajo contenido de faseolina y lectina (Pandurangan et al., 2015).

La faseolina y la lectina tienen un bajo contenido de metionina y cisteína, sin embargo, el frejol acumula aminoácidos no azufrados derivados γ–glutamyl-S-methylcysteine y en menor cantidad S-methylcysteine y S-methylhomoglutathione (Liao et al., 2013). Algunos estudios previos señalan que, la deficiencia de proteínas de almacenaje, faseolina y lectina fitohemaglutinina, es producto del aumento de varias proteínas ricas en azufre (Taylor et al., 2008; Yin et al., 2011).

Se han detectado QTLs asociados al contenido de azufre (Blair et al., 2016), y posibles genes candidatos para la síntesis de diferentes aminoácidos azufrados (Liao et al., 2013).

Micronutrientes. Los principales micronutrientes presentes en el grano del frejol son: hierro, zinc, magnesio, boro, cobre, sodio, selenio.

Zinc y Hierro. El hierro es un elemento esencial para la salud humana, está involucrado en procesos metabólicos y celulares como la síntesis de ADN y ARN necesarios para la síntesis de proteínas, el transporte de oxígeno, hemoglobina y mioglobina y otras (Lieu et al., 2001).

El zinc es un elemento también importante para la salud humana, ya que está involucrado en varios procesos metabólicos (Mammadova-Bach y Braun, 2019). Es un elemento estructural de factores de transcripción y actúa como cofactor en muchas enzimas (Olza et al., 2017). La deficiencia de zinc puede afectar el sistema inmune, gástrico, esquelético y reproductivo (Chasapis et al., 2020).

El hierro y zinc son elementos que están presentes en el frejol, aunque su disponibilidad se ve disminuida por la presencia de algunos elementos que se unen a ellos, dejándolos en forma no disponible (Petry et al., 2010). La distribución de hierro puede variar entre los principales componentes de la semilla, como: los cotiledones, embrión y cáscara. La mayor concentración de zinc se encuentra en el eje embrionario y en los haces provasculares de los cotiledones (Cvitanich et al., 2011). Sin embargo, la cáscara de la semilla acumula taninos y el embrión fitatos que suelen reducir la disponibilidad de estos elementos (Ariza-Nieto et al., 2007; Blair et al., 2013).

El contenido de hierro está influenciado por el genotipo y el ambiente. Los estudios realizados indican la presencia de variabilidad genética en los contenidos de hierro y zinc entre las variedades de frejol (Beebe et al., 2000; Blair et al., 2009a; Blair et al., 2010). La evaluación de una colección núcleo de CIAT detectó una variación genética para zinc y hierro, donde el promedio de la concentración de hierro fue 55 mg kg^{-1} (34 a 89 mg kg^{-1}), y la de zinc fue 35 mg kg^{-1} (21 y 54 mg kg^{-1}) (Beebe et al., 2000).

Las accesiones provenientes del acervo andino poseen un mayor contenido de hierro que las del acervo mesoamericano (Islam et al., 2002; Blair et al., 2010). Por otro lado, se han detectado también correlaciones positivas entre varios elementos como hierro, zinc, azufre, manganeso y fósforo, lo que podría servir como un criterio de selección para aumentar el contenido de estos elementos (Beebe et al., 2000).

Granos cosechados de suelos ácidos tiene un mayor contenido (25 %) de hierro que aquellos cultivados en suelos calcáreos. Sin embargo, la aplicación de cal subió el pH, pero no afectó el contenido de hierro en el grano (Moraghan et al., 2002).

Aparentemente, el contenido de zinc y hierro están controlados en forma poligénica y al respecto se han detectado varios QTLs asociados a estos elementos (Guzmán-Maldonado et al., 2003; Blair et al., 2009b; Cichy et al., 2009; Blair et al., 2010; Blair et al., 2011; Blair et al., 2013; Izquierdo et al., 2018). Sin embargo, otros estudios indican un control de pocos genes (Cichy et al., 2005) y que ambos minerales pueden estar ligados genéticamente o tener un control pleiotrópico (Blair et al., 2009b; Blair et al., 2010; Blair et al., 2011). En este sentido, se ha señalado también que los cruzamientos entre genotipos de diferentes acervos genéticos presentan herencia transgresiva por contenido de minerales en comparación a los cruzamientos entre genotipos de los mismos acervos genéticos y clases comerciales (Gelin et al., 2007).

Biofortificación en zinc y hierro. La deficiencia de minerales, especialmente el hierro y el zinc, es un problema que está afectando a una parte importante de la población en el mundo (Pfeiffer y McClafferty, 2007; Dwivedi et al., 2012).

Con el fin de solucionar esta situación, a principios del año 2000, HarvestPlus inició un programa internacional (Biofortification Challenge Program) de mejoramiento genético tendiente a aumentar la cantidad de hierro, zinc y vitamina A en frejoles (Beebe, 2020; Glahn y Noh, 2021), reducir el nivel de inhibidores como polifenoles, fitatos y taninos, aumentar los aminoácidos azufrados (metionina y cisteína), vitamina A, vitamina C y algunos lípidos. Este programa llamado biofortificación fue considerado como una estrategia sustentable y económica para reducir la desnutrición en países subdesarrollados (Welch y Graham, 2002; Pfeiffer y McClafferty, 2007; Dwivedi et al., 2012; Blair, 2013; Blair et al., 2013).

Experimentos con frejoles biofortificados por hierro en Rwanda han detectado los siguientes efectos: 1) Aumento del estatus de hierro en mujeres (Haas et al., 2016; Wenger et al., 2019); 2) Mejoramiento en el desarrollo cognitivo en mujeres (Murray-Kolb et al., 2017); y 3) Aceptación de frejoles biofortificados por consumidores y agricultores (Vaiknoras et al., 2019; Mutwiri et al., 2020).

Uno de los principales desafíos en el desarrollo de variedades biofortificadas, es la necesidad de combinar un aumento en los elementos a biofortificar con las características agronómicas y organolépticas de los frejoles consumidos por las comunidades, para lograr su aceptación y consumo.

Manganeso, Boro, Cobre, Sodio y Selenio. En los estudios realizados, estos elementos presentan una amplia variabilidad, lo que indica la influencia genética y del ambiente donde crece la planta (Beebe et al., 2000; Pinheiro et al., 2010; Ray et al., 2014; Delfini et al., 2020; Jan et al., 2021).

El manganeso es un oligoelemento esencial para la salud humana, vital para el metabolismo de nutrientes (carbohidratos, proteínas, colesterol), la formación ósea, la coagulación sanguínea y la defensa antioxidante (Martins et al., 2025).

El boro es un elemento esencial para la salud ósea, función cerebral y regulación hormonal, y contribuye en la metabolizacion del calcio, magnesio y vitamina D (Nielsen, 2014).

El cobre es un elemento esencial para la formación de glóbulos rojos, el mantenimiento de vasos sanguíneos, nervios, sistema inmunitario y huesos (Araya et al., 2007).

El sodio es un elemento esencial para el funcionamiento cardiovascular y nervioso, pero su consumo superior al recomendado, puede causar problemas en la salud, como una alta presión arterial (Aburto et al., 2013).

El selenio también presenta una amplia variabilidad y heredabilidad (Celmeli et al., 2018). Este nutriente participa en varias funciones en el organismo, por ejemplo, en funciones enzimáticas tales como la producción y regulación de los niveles de la hormona de la tiroides o reducción de los nucleótidos para la síntesis de ADN (Rayman, 2000), regulación de sistema inmune (Rayman, 2000; Gill y Walker, 2008), y disminuye el riesgo de enfermedades cardiacas y cáncer (Rayman, 2000).

Estudios de contenidos de minerales en accesiones de distinto origen geográfico

El estudio de la colección núcleo del CIAT, compuesta por 119 accesiones silvestres y 1.031 accesiones domesticadas, indicó una amplia variación en el contenido de minerales para las accesiones silvestres: Boro (18-58 ppm), calcio (3.207-6.450 ppm), cobre (6-12 ppm), hierro (60-96 ppm), manganeso (23-74 ppm), sodio (16-38 ppm), fósforo (6.044-7.782 ppm), azufre (2.354-3.073 ppm), zinc (29-43 ppm), y para las accesiones cultivadas: Boro (10-18 ppm), calcio (1.466-3.152 ppm), cobre (9-14 ppm), hierro (55-89 ppm), manganeso (15-29 ppm), sodio (12-50 ppm), fósforo (3.684-7.095 ppm), azufre (2.120-3.078 ppm), zinc (35-54 ppm) (Beebe et al., 2000) (Cuadro 6).

Un segundo estudio de la colección núcleo de CIAT, compuesta de 1.172 accesiones, señaló una amplia variabilidad para calcio (0,05-0,31 %), fósforo (0,22-0,71 %), azufre (1.15-0,31 %), hierro (34,60-91,90 mg kg^{-1}) y zinc (20,70-59,40 mg kg^{-1}). Además, señaló que los genotipos mesoamericanos tuvieron un mayor contenido de calcio, fósforo, azufre, y zinc, que los andinos, pero un menor contenido en hierro. Este estudio indica que, las accesiones del sector norte, del acervo andino es más parecida, en el contenido de zinc y azufre, al grupo de accesiones del acervo mesoamericano (Islam et al., 2002).

En Portugal, un análisis de 155 accesiones de frejol de Portugal determinó una amplia variación entre los genotipos evaluados para zinc (11,5-45,3 ppm), cobre (4,7-32,2 ppm), hierro (8,0-20,1 ppm), manganeso (0,068-0,293 ppm), calcio (0,128-0,253 %), magnesio (1,24-2,12 %), potasio (0,497-0,797 %) y proteínas (21,1-30,0 %). Además, se observó una correlación positiva altamente significativa entre el contenido de proteínas y fósforo, hierro, zinc, cobre y también entre calcio y manganeso, mientras que hubo una correlación negativa entre calcio y proteínas; calcio y potasio; y magnesio y proteínas (Pinheiro et al., 2010).

Cuadro 6. Composición de micronutrientes (mg/kg^{-1}, base peso seco) de diferentes colecciones de germoplasma de frejoles.

Clase comercial	Hierro	Zinc	Manganeso	Cobre
Negro	51,8-56,4	0-56,6	0-19,4	0-12,3
Great Northern	31,4-61,3	38,1-40,9	15,9-19,0	9,3-12,3
Kidney	92,9-99,7	31,6-41,9	11,6-15,9	10,9-11,3
Arroz, Navy	62,5-86,5	0-32,2	0-19,0	0-8,4
Blanco	117,7-120,7	0-41,4	0-20,3	0-11,1
Rojo oscuro	66,6	28,3	10,8	-
Rojo pequeño	34,1	18,9	13,2	-

Fuente: OECD, 2019.

Un estudio realizado en 10 variedades canadienses determinó que, el contenido de potasio varió entre (18,9-22,2 µg g^{-1}), magnesio (1,8-2,5 µg g^{-1}) y selenio (381-500 ηg g^{-1}), sin presentar diferencias entre las variedades estudiadas, a diferencia de los contenidos de hierro (57,7-80,7 µg g^{-1}), zinc (24,8-33,3 µg g^{-1}), manganeso (11,3-15,5 µg g^{-1}), cobre (9,1-11,6 µg g^{-1}), selenio (381-500 ηg g^{-1}) y níquel (5,5-6,7 µg g^{-1}) (Ray et al., 2014).

Otro estudio realizado en India con 60 genotipos de frejoles, determinó una amplia variación en magnesio (1.220,5-2.737,5 ppm), fósforo (1.980-4.050 ppm), potasio (8.344-14.794 ppm), hierro (80,5-180,6 ppm), zinc (14,6-104,1 ppm), cobre (0,9-13,4 ppm) (Jan et al., 2021).

En España, un estudio de 202 variedades locales de la colección de germoplasma del banco nacional de recursos genéticos de plantas, determinó una amplia variación en diferentes nutrientes evaluados en los cotiledones y en la cáscara del grano. El análisis de los cotiledones mostró rangos de variación en: proteína (192,4-304,2 g kg^{-1}), almidón (339,6-446,5 g kg^{-1}), amilosa (208,0-291,0 g kg^{-1}), amilopectina (333,7-482,0 g kg^{-1}), amilosa aparente (241,3-332,8 g kg^{-1}). Mientras que, para la cáscara del grano se determinó: cenizas (34,3-94,3 g kg^{-1}), calcio (5,2-30,7 g kg^{-1}), fibra digestiva (554,5-911,2 g kg^{-1}), magnesio (1,97-4,47 g kg^{-1}) y ácido urónico (95,4-154,8 g kg^{-1}). Se detectó también una correlación positiva entre los granos coloreados y el contenido de almidón; y entre las cenizas, calcio, fibra dietética, magnesio y el ácido urónico detectados en la cáscara con los granos de color blanco. Por otro lado, los genotipos mesoamericanos presentaron un mayor contenido de proteínas que los andinos y los genotipos andinos presentaron un mayor porcentaje de almidón, amilosa, amilosa aparente (detectados en el cotiledón), cenizas y calcio detectado en la cáscara que los genotipos mesoamericanos (Rivera et al., 2018).

En Brasil, un estudio de alrededor de 1.500 accesiones del banco de germoplasma del Instituto de Desarrollo Rural de Paraná, que involucró variedades locales, comerciales y mejoradas indicó una gran variabilidad en los nutrientes evaluados: P (4,66-8,38 g kg^{-1}), K (12,25-21,75 g kg^{-1}), Ca (0,86-2,40 g kg^{-1}), Mg (1,71-2,66 g kg^{-1}), S (1,71-3,09 g kg^{-1}), Cu (7,83-17,63 mg kg^{-1}), Zn (26,45-46,90 mg kg^{-1}), Mn (11,50-23,32 mg kg^{-1}), Fe (51,84-115,27 mg kg^{-1}), S y proteínas (169,31-202,14 g kg^{-1}). En promedio, los contenidos de los grupos carioca y negro (Mesoamericanos) fueron alrededor de un 7 % mayor en Ca, Cu, Mn y Fe y entre 2 y un 4 % mayor para P, K, Mg y Zn que los otros grupos de variedades mesoamericanas y andinas (Delfini et al., 2020).

Compuestos bioactivos

Las legumbres poseen substancias bioactivas que tienen efectos positivos en la salud de las personas. Los compuestos bioactivos son constituyentes no nutritivos de los alimentos que se presentan en pequeñas cantidades y producen efectos metabólicos en el cuerpo humano después del consumo (Rochfort y Panozzo, 2007).

Los componentes bioactivos incluyen la fibra dietética, almidones resistentes y fotoquímicos (polifenoles y fitoesteroles, fitatos, lectinas, enzimas inhibidoras), considerados como factores anti-nutricionales. Estos compuestos están principalmente concentrados en la cáscara del grano y algunos de ellos están involucrados en la prevención de enfermedades (Kabagambe et al., 2005).

Fibra dietética. El frejol es una buena fuente de fibra dietética, la cual contribuye a reducir la liberación de la glucosa al torrente sanguíneo, resultando en un bajo índice glicémico (Singh et al., 2017).

La fibra se encuentra principalmente en la cáscara del grano, la que puede variar entre un 8 y 28 %, y está compuesta en un 60-85 % de fibra insoluble y sólo un 40 a 15 % de fibra soluble. En la cáscara están presentes polisacáridos insolubles al agua mientras que el cotiledón se encuentran fibras con varios grados de solubilidad (Wang y Toews, 2011).

La baja digestibilidad de la fibra se debe a que el almidón está en parte encapsulado en las paredes celulares, lo que provee una barrera a la acción de las enzimas (amilasa) para su degradación (Dhital et al., 2016; 2017; Ma et al., 2017). De ahí que la fibra dietética no se puede digerir, ni usar como fuente de energía y fermenta en el intestino grueso, a diferencia del almidón que, si puede ser digerido para producir azúcar, el que es usado como fuente de energía.

Existen varias definiciones de fibra dietética, algunas incluyen el almidón (Rebello et al., 2014) y otras que no lo incluyen (Tharanathan y Mahadevamma, 2003). Por lo cual, la fibra dietética constituye un grupo heterogéneo de substancias como celulosa, hemicelulosa, goma, pectinas, mucilágenos, ß-glucanos, lignina, almidón resistente, oligosacáridos no-digestibles y otras sustancias asociadas. La fibra dietética se clasifica en insoluble y soluble basada en su solubilidad en agua en un sistema buffer. La mayor proporción de la fibra dietética es insoluble como celulosa, algunas hemicelulosas, ligninas y arabinoxilano en comparación con la fibra soluble que está constituida por pectinas, gomas, fructanos, inulinas y algunas hemicelulosas (Rebolledo et al., 2014).

Carbohidratos bioactivos. Los carbohidratos son el principal componente del grano del frejol y varían entre el 55 y el 65 % de la materia seca del grano. De esta fracción, el almidón y los polisacáridos, no relacionados con el almidón, son los principales componentes del grano con pequeñas, pero significativas, cantidades de mono y oligosacáridos (Bravo et al., 1998) y no todo el almidón es digestible y metabolizado por el organismo (Henningson et al., 2001; Yadav et al., 2010; Ma et al., 2017). En este sentido, el almidón se puede clasificar en aquellos de digestión rápida, lenta y resistentes (Englyst et al., 1992). El almidón de rápida digestión es completamente hidrolizado en el intestino delgado y su alto consumo está asociado al riesgo de obtener diabetes tipo 2 y obesidad. El almidón de lenta digestión es completamente digerido, pero controla el nivel de glucosa de la sangre. El almidón resistente no es digerido en el intestino delgado por las enzimas y pasa al intestino grueso donde aumenta el volumen fecal, reduce el pH del colon, baja el colesterol, el nivel de triglicéridos (Fuentes-Zaragoza et al., 2010), reduce la respuesta glicémica y los factores de riesgo de cáncer al colon (Serrano y Goni, 2004).

Polifenoles. Los principales compuestos polifenólicos en frejoles son: ácidos fenólicos, flavonoides, taninos, proantocianidinas, y cumarinas (Beninger et al., 2003; Aparicio-Fernández et al., 2005; Yang et al., 2018a). Los compuestos fenólicos se encuentran principalmente en la cáscara del grano (Dueñas et al., 2006) y su cantidad depende del color del grano y condiciones ambientales, donde los mayores contenidos de polifenoles se encuentran en los granos crudos de colores oscuros (negros, rojos, pintos) comparados con los colores más claros (Ranilla et al., 2007; Caldas y Blair, 2009; Rocha-Guzmán et al., 2007; Yang et al., 2018a). Sin embargo, en los frejoles de grano oscuro cocidos, el contenido de fenoles se reduce en forma importante por su solubilidad en el agua (López et al., 2013).

Los polifenoles no sólo contribuyen al color y a las características sensoriales, sino también a propiedades antioxidantes, antinflamatorias, anti-hipertensión y antimicrobianas (Balasundram et al. 2006; Wang et al., 2016; Yang et al., 2018a).

Taninos. Los taninos son polifenoles antioxidantes que están ubicados preferentemente en la cáscara del grano. Las variedades poseen diferentes cantidades de taninos, lo que afecta la calidad y se convierten en pigmentos durante la deshidratación y oxidación (Junk-Knievel et al., 2008). Los taninos exhiben también propiedades antinutricionales que impiden la absorción y digestión de varios nutrientes, entre ellos proteínas (Popova y Mihaylova, 2019). La cocción no destruye a los taninos, pero se pueden perder parcialmente durante este proceso.

Fitoesteroles. Los fitoesteroles se encuentran en la semilla y tienen una estructura similar al colesterol. Son componentes de la membrana lipídica y tienen una amplia variedad de beneficios para la salud como la reducción del colesterol de la sangre y la absorción del colesterol de los alimentos. Los fitoesteroles no son sintetizados por el organismo, por lo cual se deben obtener a través de la alimentación, vía absorción intestinal (Uddin et al., 2015).

Factores antinutricionales

Entre los factores antinutricionales están los inhibidores de la tripsina, lectinas o fitohemaglutininas y el ácido fítico. Los factores antinutricionales son metabolitos secundarios de la planta que interfieren con la absorción de los nutrientes mediante la reducción de la digestibilidad de las proteínas, absorción de los aminoácidos y elementos minerales, utilizados por el organismo (Popova y Mihaylova, 2019). Son sensibles al calor, por lo tanto, son inactivados en el proceso de cocción (Huber et al., 2016).

Inhibidores de tripsina. Los inhibidores de tripsina y quimotripsina son las principales enzimas inhibidoras presentes en las legumbres. Ellas reducen la digestión de las proteínas, lo que resulta en la excreción de proteínas y una reducción de la disponibilidad de los aminoácidos azufrados. El contenido de los inhibidores de tripsina depende del genotipo y condiciones ambientales (De Mejía et al., 2003). Se pueden inactivar por tratamientos de calor, como la cocción (Champ, 2002; Batista et al., 2010).

Lectinas. Las lectinas son glicoproteinas que conforman un grupo heterogéneo de proteínas, que tienen la capacidad de unir, sin modificar carbohidratos o glicoconjugados como glicoproteínas, glicolípidos, y polisacáridos; representan entre un 5 % a 20 %. Son sensibles al calor, por lo cual la cocción puede reducir la cantidad presente en el grano (Sharon y Lis, 1990).

Los frejoles poseen tres tipos principales de lectinas: alfa-amilasa (α-Als), hemaglutininas (PHA) y arcelinas (ARL) que actúan como agentes protectores de insectos, sequía, y salinidad (Mojica y de Mejía, 2015).

Fitatos, ácido fítico. En frejoles, los fitatos constituyen una parte importante del fósforo y se encuentran, principalmente, en los cotiledones, embriones y ejes embrionario, y constituyen hasta un 3 % del peso seco (Schlemmer et al., 2009; Blair et al., 2012). El contenido de fitatos varía con el genotipo y el ambiente (Blair et al., 2009b).

El ácido fítico y oxalato tienen la capacidad de unirse a algunos minerales como Fe, Ca y Zn, reduciendo su disponibilidad (Rousseau et al., 2020a). Los fitatos pueden interactuar también con proteínas inhibiendo las enzimas digestivas tales como pepsina, pancreatina y amylasa (Agostini e Ida, 2006) aunque recientemente, se ha detectado que poseen algunos efectos beneficiosos para la salud (Silva y Bracarense, 2016). Su contenido se reduce mediante la cocción y en el proceso de germinación del grano (Agostini e Ida, 2006).

Recientemente, el análisis de líneas experimentales de frejol introgresadas con líneas mutantes con bajo contenido de ácido fítico, libres de hemaglutininas, inhibidores de amilasa, faseolina, y bajo contenido de taninos indicó que tienen un alto contenido de hierro y zinc (Guiberti et al., 2019).

Cocción

La cocción es una actividad fundamental en el consumo del frejol que contribuye a mejorar la palatibilidad del grano, digestibilidad de los nutrientes (Katuuramu et al., 2018), reducir los antinutrientes (Popova y Mihaylova, 2019) y mejorar los atributos sensoriales, tales como;

el aroma, gusto y textura lo que finalmente determina la aceptabilidad y consumo del frejol (Basset et al., 2021b).

El sabor del frejol fresco, no cocido, se debe a un grupo de compuestos químicos liberados en la destrucción del tejido y en la degradación oxidativa de los ácidos grasos no saturados (Chigwedere et al., 2019; Khrisanapant et al., 2019). Por otro lado, el sabor del frejol cocido es producto de aldehídos, alcoholes, ketonas, compuestos azufrados y otros, producto de las reacciones químicas que ocurren durante el proceso de cocción (Ma et al., 2016; Khrisanapant et al., 2019).

Existe una amplia variabilidad genética en el tiempo de cocción (Jacinto-Hernández et al., 2003; Cichy et al., 2015a; b; Arns et al., 2018; Cichy et al., 2019; Días et al., 2021), el cual está influenciado por una serie de características físicas y químicas de cada variedad como: a) el grosor de la cáscara puede influir en la absorción del agua del grano (Basset et al., 2021); b) color del grano, donde las variedades de granos claros poseen una cáscara más delgada que los granos oscuros (Smýkal et al., 2015); c) factores genéticos, donde el tiempo de cocción es altamente heredable y estaría controlado principalmente por pocos genes e influenciado por el medio ambiente (Cichy et al., 2019), donde las altas temperaturas y la humedad que afectan negativamente el tiempo de cocción (Cichy et al., 2019; Rousseau et al., 2020; Kyomugasho et al., 2020); d) condiciones de almacenaje, donde el tiempo prolongado de almacenaje, aumenta el tiempo de cocción; y e) el remojo del grano previo a la cocción, que reduce el tiempo de cocción (Wiesinger et al., 2018; Cichy et al., 2019).

Frejol procesado

Mantener la calidad del grano durante el procesamiento del grano es muy importante, tanto para la industria como para el consumidor, especialmente en los granos de colores, por ejemplo, el frejol negro es susceptible a perder el color durante este proceso. Debido a esta razón, es importante evaluar las variedades por su capacidad de procesamiento, considerando varias características como el peso del grano, frecuencia de granos duros, tiempo de cocción, coeficiente de hidratación, apariencia visual (aglutinación, granos partidos, viscosidad, cáscara suelta), composición proximal, entre otros.

Algunos ejemplos de frejoles procesados

Enlatados (en salmuera o en salsas especiales). Los frejoles enlatados constituyen un mercado importante en los países de economías desarrolladas. En este caso, se utilizan varias clases comerciales de frejoles en los procesos de enlatados. Durante este proceso, los frejoles se remojan para hidratar los granos, se les agrega agua caliente y finalmente salmuera o salsa.

Frejoles secos en bolsas de clases comerciales específicas. Frejoles que necesitan de remojo (en la noche) previo a la cocción.

Frejoles precocidos y deshidratados en hojuelas o harinas y migas. Frejoles totalmente cocidos.

Frejoles de cocción rápida. Frejoles a los cuales se les incorpora sal al vacío para favorecer la hidratación, y la blandura del grano, reducir el tiempo de cocción y la preparación.

Frejoles congelados. Frejoles parcial o totalmente cocidos se comercializan en forma individual (IQF, individually-quick-frozen), o como bloques congelados. Los productos tienen una adecuada hidratación y reblandecimiento en condiciones de bajas temperaturas de cocción previo al congelado.

Beneficios para la salud

El frejol es una buena fuente de proteínas, carbohidratos, nutrientes, compuestos bioactivos tales como polifenoles, fitofenoles, carbohidratos resistentes, oligosacáridos y fibra dietética que son beneficiosos para la salud, el manejo y la prevención de enfermedades crónicas (Singh et al., 2017; Nchanji y Ageyo, 2021).

Muchos estudios plantean que las legumbres ofrecen importantes efectos protectores para reducir el riesgo de la presencia de algunas enfermedades: a) cardiovasculares (Anderson y Major, 2002; Padhi et al., 2017), donde el consumo continuado de legumbres reduce el riesgo de problemas cardíacos debido a los efectos favorables sobre la presión sanguínea y la glicemia (Bazzano et al., 2001; Anderson y Major, 2002; Udani et al., 2009); b) diabetes, ya que es un alimento de bajo índice glicémico por la lenta digestión de sus carbohidratos y alto contenido de fibra dietética (Dilawari et al., 1987; Venn y Mann, 2004; Mojica et al., 2017); c) cáncer, debido a la presencia de algunos componentes bioactivos como flavonoides (Adebamowo et al., 2005; Moreno-Jiménez et al., 2018); d) obesidad, ya que algunos compuestos producidos por la fermentación de la fibra están asociados con la regulación del apetito y saciedad (Tucker, 2020), y mejoramiento del perfil lipídico, por la influencia del ácido acético y propiónico (Rebello et al., 2014; Ramírez-Jiménez et al., 2015; Reverri et al., 2017; Kim et al., 2016; Tucker, 2020); y e) tumores e inflamaciones, SCFA, en particular butirato que exhibe propiedades antitumorales e antinflamatorias (Lanza et al., 2006; Chen et al., 2017).

Referencias

Aburto, N., Ziolkovska A., Hooper L., et al. 2013. Effect of lower sodium intake on health: Systematic review and meta-analyses. BMJ 346:1-20.

Adebamowo, C., Cho, E., Sampson, L., et al. 2005. Dietary flavonols and flavonol rich foods intake and the risk of breast cancer. Int. J. Cancer 114:628-633.

Agostini, J., Ida, E. 2006. Caracterização parcial e utilização da fitase extraída de sementes germinadas de girassol. Pesq. Agrop. Bras. 41(6):1041-1047.

Ai, Y., Jin, Y., Kelly, J., et al. 2017. Composition, functional properties, starch digestibility, and cookie-baking performance of dry bean powders from 25 Michigan-grown varieties. Cereal Chem. 94(3):400-408.

Alcázar-Valle, M., Lugo-Cervantes, E., Mojica, L., et al. 2020. Bioactive compounds, antioxidant activity, and antinutritional content of legumes: A comparison between four *Phaseolus* species. Molecules 25(15):3528.

Anderson, J., Major, A. 2002. Pulses and lipaemia, short-and long-term effect: Potential in the prevention of cardiovascular disease. Brit. J. Nutr. 88:S263-S271.

Aparicio-Fernández, X., Yousef, G., Loarca-Piña, G., et al. 2005. Characterization of polyphenolics in the seed coat of black Jamapa bean (*Phaseolus vulgaris* L.). J. Agric. Food Chem. 53:4615-4622.

Araya, M., Olivares, M., Pizarro, F. 2007. Cooper in human health. Int. J. Environ. Health 1(4):608-620.

Ariza-Nieto, M., Blair, M., Welch, R., et al. 2007. Screening of iron bioavailability patterns in eight bean (*Phaseolus vulgaris* L.) genotypes using the Caco-2 cell *in vitro* model. J. Agric. Food Chem. 55:7950-7956.

Arns, F., Ribeiro, N., Mezzomo, H., et al. 2018. Combined selection in carioca beans for grain size, slow darkening and fast-cooking after storage times. Euphytica 214:66.

Augustin, J., Beck, C., Kalbfleish, G., et al. 1981. Variation in the vitamin and mineral content of raw and cooked commercial *Phaseolus vulgaris* classes. J. Food Sci. 46(6):1701-1706**.**

Balasundram, N., Sundram, K., Samman, S. 2006. Phenolic compounds in plants and agri-industrial by-products: antioxidant activity, occurrence, and potential uses. Food Chem. 99:191-203.

Baldi, G., Salamini, F. 1973. Variability of essential amino acid content in seeds of 22 *Phaseolus* species. Theor. Appl. Genet. 43:75-78.

Baloch, F., Nadeem, M., Sönmez, F., et al. 2022. Magnesium-a forgotten element: Phenotypic variation and genome wide association study in Turkish common bean germplasm. Front. Genet. 13:848663.

Barampama, Z., Simard, R. 1993. Nutrient composition, protein quality and antinutritional factors of some varieties of dry beans (*Phaseolus vulgaris*) grown in Burundi. Food Chem. 47:159-167.

Bassett, A., Hooper, S., Cichy, K. 2021a. Genetic variability of cooking time in dry beans (*Phaseolus vulgaris* L.) related to seed coat thickness and the cotyledon cell wall. Food Res. Int. 141:109886.

Bassett, A., Katuuramu, D., Song, Q., et al. 2021b. QTL mapping of seed quality traits including cooking time, flavor, and texture in a yellow dry bean (*Phaseolus vulgaris* L.) population. Front. Plant. Breed. 12:670284.

Batista, K., Prudencio, S., Fernandes, K. 2010. Changes in the functional properties and antinutritional factors of extruded hard-to-cook common beans (*Phaseolus vulgaris* L.). J. Food Sci. 75:C286-C290.

Bazzano, L., Ogden, L., Loria, C., et al. 2001. Legume consumption and risk of coronary heart disease in US men and women: NHANES I epidemiologic follow-up study. Arch. Intern. Med. 161:2573-2578.

Beebe, S. 2020. Biofortification of common bean for higher iron concentration. Front. Sustain. Food Syst. 4:573449.

Beebe, S., González, A., Rengifo, J. 2000. Research on trace minerals in the common bean. Food Nutr. Bull. 21:387-391.

Beninger, C., Hosfield, G. 2003. Antioxidant activity of extracts, condensed tannin fractions, and pure flavonoids from *Phaseolus vulgaris* L. seed coat color genotypes. J. Agric. Food Chem. 51: 7879-7883.

Berg, T., Singh, J., Hardacre, A., et al. 2012. The role of cotyledon cell structure during *in vitro* digestion of starch in navy beans. Carbohydr. Polym. 87(2):1678-1688.

Bhol, S., Don Bosco, S. 2014. Influence of malted finger millet and red kidney bean flour on quality characteristics of developed bread. LWT-Food Sci. Technol. 55:294-300.

Blair, M. 2013. Mineral biofortification strategies for food staples: The example of common bean. J. Agric. Food Chem. 61:8287-8294.

Blair, M., Astudillo, C., Grusak, M., 2009a. Inheritance of seed iron and zinc concentrations in common bean (*Phaseolus vulgaris* L.). Mol. Breed. 23:197-207.

Blair, M., Astudillo, C., Rengifo, J., et al. 2011. QTL for seed iron and zinc concentrations in a recombinant inbred line population of Andean common beans (*Phaseolus vulgaris* L.). Theor. Appl. Genet. 122:511-523.

Blair, M., Herrera, A., Sandoval, T., et al. 2012. Inheritance of seed phytate and phosphorus levels in common bean (*Phaseolus vulgaris* L.) and association with newly-mapped candidate genes. Mol. Breed. 30:1265-1277.

Blair, M., Izquierdo, P. 2012. Use of the advanced backcross-QTL method to transfer seed mineral accumulation nutrition traits from wild to Andean cultivated common beans. Theor. Appl. Genet. 125: 1015-1031.

Blair, M., Izquierdo, P., Astudillo, C., et al. 2013. A legume biofortification quandary: Variability and genetic control of seed coat micronutrient accumulation in common beans. Front. Plant. Sci. 4:275.

Blair, M., Medina, J., Astudillo, C., et al. 2010. QTL for seed iron and zinc concentration and content in a Mesoamerican common bean (*Phaseolus vulgaris* L.) population. Theor. Appl. Genet. 121:1059-1070.

Blair, M., Sandoval, T., Caldas, G., et al. 2009b. Quantitative trait *locus* analysis of seed phosphorus and seed phytate content in a recombinant inbred line population of common bean. Crop Sci. 49:237-246.

Blair, M., Wu, X., Bhandari, D., et al. 2016. Genetic dissection of ICP-detected nutrient accumulation in the whole seed of common bean (*Phaseolus vulgaris* L.). Front. Plant. Sci. 7:219.

Bliss, F., Brown, J. 1983. Breeding common bean for improved quantity and quality of seed proteins (pp. 59-102). In J. Janick (ed.) Plant. Breed. Rev. vol 1. AVI, Westport Corm, USA.

Bravo, L., Siddhurahu, P., Saura-Calixto, F. 1998. Effect of various processing methods on the *in vitro* starch digestibility and resistant starch content of Indian pulses. J. Agric. Food Chem. 46: 4667-4674.

Brown, J., Ma, Y., Bliss, F., et al. 1981. Genetic variation in the subunits of globulin-1 storage protein of French bean. Theor. Appl. Genet. 59:83-88.

Caldas, G., Blair, M. 2009. Inheritance of condensed tannin content and relationship with seed color and pattern genes in common bean (*Phaseolus vulgaris* L.). Theor. Appl. Genet. 119:131-142.

Carbas, B., Machado, N., Oppolzer, D., et al. 2020. Nutrients, antinutrients, phenolic composition, and antioxidant activity of common bean cultivars and their potential for food applications. Antioxidants 9:186.

Carbas, B., Pathania, S., Castanho, A., et al. 2018. Elucidating potential utilization of Portuguese common bean varieties in rice based processed foods. J. Food Sci. Technol. 55:1056-1064.

Carbonaro, M. 2006. 7S globulins from *Phaseolus vulgaris* L.: Impact of structural aspects on the nutritional quality. Biosci. Biotechnol. Biochem. 70:2620-2626.

Carbonaro, M., Maselli, P., Nucara, A. 2015. Structural aspects of legume proteins and nutraceutical properties. Food Res. Int. 2015, 76:19-30.

Casañas, F., Pérez-Vega, E., Almirall, A., et al. 2013. Mapping of QTL associated with seed chemical content in a RIL population of common bean (*Phaseolus vulgaris* L.). Euphytica 192:279-288.

Celleno, L., Tolaini, M., D'Amore, A., et al. 2007. A dietary supplement containing standardized *Phaseolus vulgaris* extract influences body composition of overweight men and women. Int. J. Med. Sci. 4:45-52.

Celmeli, T., Sari, H., Canci, H., et al. 2018. The nutritional content of common bean (*Phaseolus vulgaris* L.) landraces in comparison to modern varieties. Agronomy 8:166.

Chagas, E., Santoro, L. 1997. Globulin and albumin proteins in dehulled seeds of three *Phaseolus vulgaris* cultivars. Plant. Foods Hum. Nutr. 51:17-26.

Champ, M. 2002. Non-nutrient bioactive substances of pulses. Brit. J. Nutr. 88:307-319.

Chasapis, C., Ntoupa, P., Spiliopoulou, C., et al. 2020. Recent aspects of the effects of zinc on human health. Arch. Toxicol. 94:1443-1460.

Chen, P., Tang, X., Marcone, M., et al. 2015. Characterization of free conjugated and bound phenolic and lipophilic antioxidant in regular-and-non darkening cranberry bean (*Phaseolus vulgaris* L.). Food. Chem. 185:298-308.

Chen, P., Zhang, H., Marcone, M., et al. 2017. Anti-inflammatory effects of phenolic-rich cranberry bean (*Phaseolus vulgaris* L.) extracts and enhanced cellular antioxidant enzyme activities in Caco-2 cells. J. Funct. Foods 38:675-685.

Chigwedere, C., Nkonkola, C., Rai, S., et al. 2019. Cotyledon pectin molecular interconversions explain pectin solubilization during cooking of common beans (*Phaseolus vulgaris*). Food Res. Int. 116:462-470.

Cichy, K., Caldas, G., Snapp, S., et al. 2009. QTL analysis of seed iron, zinc, and phosphorus levels in an Andean bean population. Crop Sci. 49:1742-1750.

Cichy, K., Forster, S., Grafton, K., et al. 2005. Inheritance of seed zinc accumulation in navy bean. Crop Sci. 45:864-870.

Cichy, K., Porch, T., Beaver, J., et al. 2015a. A diversity panel for Andean bean improvement. Crop Sci. 55(5):2149-2160.

Cichy, K., Wiesinger, J., Berry, M., et al. 2019. The role of genotype and production environment indetermining the cooking time of dry beans (*Phaseolus vulgaris* L.). Legume Sci. 1:e13.

Cichy, K., Wiesinger, J., Mendoza, F. 2015b. Genetic diversity and genome-wide association analysis of cooking time in dry bean (*Phaseolus vulgaris* L.). Theor. Appl. Genet. 128(8):1555-1567.

Coelho, C., Pirez Santos, J., Tsai, S., et al. 2002. Seed phytate content and phosphorus up take and distribution in dry bean genotype. Brazilian J. Plant. Physiol. 14(1):51-58.

Cvitanich, C., Przybyłowicz, W., Przybyłowicz, J., et al. 2011. Micro-PIXE investigation of bean seeds to assist micronutrient biofortification. Nucl. Instrum. Methods Phys. Res. B. 269:2297-2302.

Da Silva, D., Tsai, S., Chiorato, A., et al. 2019. Analysis of the common bean (*Phaseolus vulgaris* L.) transcriptome regarding efficiency of phosphorus use. PLoS ONE 14(1):e0210428.

De La Fuente, M., López-Pedrouso, M., Alonso, J., et al. 2012. In-depth characterization of the Phaseolin protein diversity of common bean (*Phaseolus vulgaris* L.) based on two-dimensional electrophoresis and mass spectrometry. Food Technol. Biotechnol. 50:315-325.

Delaney, D., Bliss, F. 1991. Selection for increased percentage phaseolin in common bean: 1. Comparison of selection for seed protein alleles and S1 family recurrent selection. Theor. Appl. Genet. 81(3):301-305.

Delfini, J., Moda-Cirino, V., dos Santos Neto, J., et al. 2020. Diversity of nutritional content in seeds of Brazilian common bean germplasm. PLoS ONE 15(9):e0239263.

Delfini, J., Moda-Cirino, V., dos Santos Neto, J., et al. 2021. Genome-wide association study for grain mineral content in a Brazilian common bean diversity panel. Theor. Appl. Genet. 134:2795-2811.

De Mejía, E., Guzmán-Maldonado, S., Acosta-Gallegos, J., et al. 2003. Effect of cultivar and growing location on the trypsin inhibitors, tannins, and lectins of common beans (*Phaseolus vulgaris* L.) grown in the semiarid highlands of Mexico. J. Agric. Food Chem. 51:5962-5966.

Dhital, S., Bhattarai, R., Gorham, J., et al. 2016. Intactness of cell wall structure controls the *in vitro* digestion of starch in legumes. Food Funct. 7(3):1367-1379.

Dhital, S., Warren, F., Butterworth, P., et al. 2017. Mechanisms of starch digestion by α-amylase-structural basis for kinetic properties. Crit. Rev. Food Sci. Nutr. 57(5):875-892.

Díaz, S., Ariza-Suárez, D., Ramdeen, R., et al. 2021. Genetic architecture and genomic prediction of cooking time in common bean (*Phaseolus vulgaris* L.). Front. Plant. Sci. 11:622213.

Dilawari, J., Kumar, V., Bhatnagar, R., et al. 1987. Effect of legumes on blood sugar in diabetes mellitus. Indian J. Med. Res. 85:184-187.

Drulyte, D., Orlien, V. 2019. The effect of processing on digestion of legume proteins. Foods 8:1-9.

Dueñas, M., Sarmento, T., Aguilera, Y., et al. 2016. Impact of cooking and germination on phenolic composition and dietary fiber fractions in dark beans (*Phaseolus vulgaris* L.) and lentils (*Lens culinaris* L.). LWT-Food Sci. Technol. 66:72-78.

Dwivedi, S., Sahrawat, K., Rai, K., et al. 2012. Nutritionally enhanced staple food crops. Plant. Breed. Rev. 34:169-262.

Emani, C., Hall, T. 2008. Phaseolin: Structure and evolution. Open Evol. J. 2:66-74.

Englyst, H., Kingman, S., Cummings, J. 1992. Classification and measurement of nutritionally important starch fractions. Eur. J. Clin. Nutr. 46:S33-S50.

Ferreira, A., Naozuka, J., Kelmer, G., et al. 2014. Effects of the domestic cooking on elemental chemical composition of beans species (*Phaseolus vulgaris* L.). J. Food Process. 2014:1-6.

Florez, A., Pujola, M., Valero, J., et al. 2009. Genetic and environmental effects on chemical composition related to sensory traits in common beans (*Phaseolus vulgaris* L.). Food Chem. 113(4):950-956.

Foyer, C., Lam, H., Nguyen, H., et al. 2016. Neglecting legumes has compromised human health and sustainable food production. Nat. Plants 2(8):16112.

Freyre, R., Skroch, P., Geffroy, V., et al. 1998. Towards an integrated linkage map of common bean. 4. Development of a core map and alignment of RFLP maps. Theor. Appl. Genet. 97:847-856.

Fuentes-Zaragoza, E., Riquelme-Navarrete, M., Sánchez-Zapata, E., et al. 2010. Resistant starch as functional ingredient: A review. Food Res. Int. 43:931-942.

Gallegos-Infante, J., Rocha-Guzmán, N., González-Laredo, R., et al. 2010. Quality of spaghetti pasta containing Mexican common bean flour (*Phaseolus vulgaris* L.). Food Chem. 119:1544-1549.

Gelin, J., Forster, S., Grafton, K., et al. 2007. Analysis of seed-zinc and other nutrients in a recombinant inbred population of navy bean (*Phaseolus vulgaris* L.). Crop Sci. 47:1361-1366.

George, T., Giles, C., Menezes-Blackburn, D., et al. 2018. Organic phosphorus in the terrestrial environment: a perspective on the state of the art and future priorities. Plant. Soil 427(1-2):191-208.

Gepts, P., Bliss, F. 1984. Enhanced available methionine concentration associated with higher phaseolin levels in common bean seeds. Theor. Appl. Genet. 69(1):47-53.

Gepts, P., Bliss, F. 1986. Phaseolin variability among wild and cultivated common beans (*Phaseolus vulgaris*) from Colombia. Econ. Bot. 40:469-478.

Gepts, P., Osborn, T., Rashka, K., et al. 1986. Phaseolin-protein variability in wild forms and landraces of the common bean (*Phaseolus vulgaris*): Evidence for multiple centers of domestication. Econ. Bot. 40:451-468

Gill, H., Walker, G. 2008. Selenium, immune function and resistance to viral infections. Nutr. Diet. 65:41-47.

Giuberti, G., Gallo, A., Cerioli, C., et al. 2015. Cooking quality and starch digestibility of gluten free pasta using new bean flour. Food Chem. 175:43-49.

Giuberti, G., Tava, A., Mennella, G., et al. 2019. Nutrients' and antinutrients' seed content in common bean (*Phaseolus vulgaris* L.) lines carrying mutations affecting seed composition. Agronomy 9:317.

Giusti, F., Caprioli, G., Ricciutelli, M., et al. 2017. Determination of fourteen polyphenols in pulses by high performance liquid chromatography-diode array detection (HPLC-DAD) and correlation study with antioxidant activity and colour. Food Chem. 221:689-697.

Glahn, R., Noh, H. 2021. Redefining bean iron biofortification: A review of the evidence for moving to a high Fe bioavailability approach. Front. Sustain. Food Syst. 56:82130.

Golam, A., Crawford, H., Berthold, J., et al. 2011. Minerals (Zn, Fe, Ca and Mg) and antinutrient (Phytic acid) constituents in common bean. Am. J. Food Technol. 6:235-243.

Gomes, F., Ferreira, A., Wojeicchowski, J., et al. 2018. Beans (*Phaseolus vulgaris* L.): Whole seeds with complex chemical composition. Curr. Opin. Food Sci. 19:63-71.

Gunjača, J., Carović-Stanko, K., Lazarević, B., et al. 2021. Genome-wide association studies of mineral content in common bean. Front. Plant. Sci. 12:305.

Guzmán-Maldonado, S., Acosta-Gallegos, J., Paredes-López, O. 2000. Protein and mineral content of a novel collection of wild and weedy common bean (*Phaseolus vulgaris* L). J. Sci. Food Agric. 80:1874-1881..

Guzmán-Maldonado, S., Martínez, O., Acosta-Gallegos, J., 2003. Putative quantitative trait *loci* for physical and chemical components of common bean. Crop Sci. 43:1029-1035.

Haas, J., Luna, S., Lung'aho, M., et al. 2016. Consuming iron biofortified beans increases iron status in Rwandan women after 128 days in a randomized controlled feeding trial. J. Nutr. 146:1586-1592.

Hayat, I., Ahmad, A., Masud, T., et al. 2014. Nutritional and health perspectives of beans (*Phaseolus vulgaris* L.): An overview. Crit. Rev. Food Sci. Nutr. 54(5):580-592.

Henningson, A., Nyman, E., Bjorck, I. 2001. Content of short-chain fatty acids in the hindgut of rats fed processed bean (*Phaseolus vulgaris*) flours varying in distribution and content of indigestible carbohydrates. Br. J. Nutr. 86:379-89.

Hernández, G., Ramírez, M., Valdés-López, O., et al. 2007. Phosphorus stress in common bean: Root transcript and metabolic responses. Plant. Physiol. 144(2):752–767.

House, W., Welch, R., Beebe, S., et al. 2002. Potential for increasing the amounts of bioavailable zinc in dry beans (*Phaseolus vulgaris* L.) through plant breeding. J. Sci. Food Agric. 82:1452-1457.

Huber, K., Brigide, P., Bretas, E., et al. 2016. Phenolic acid, flavonoids and antioxidant activity of common brown beans (*Phaseolus vulgaris* L.) before and after cooking. J. Nutr. Food Sci. 6:551.

Islam, F., Basford, K., Jara, C., et al. 2002. Seed compositional and disease resistance differences among gene pools in cultivated common bean. Genet. Resour. Crop Evol. 49:285-293.

Izquierdo, P., Astudillo, C., Blair, M., et al. 2018. Meta-QTL analysis of seed iron and zinc concentration and content in common bean (*Phaseolus vulgaris* L.). Theor. Appl. Genet. 131:1645-1658.

Jacinto-Hernández, C., Azpiroz-Rivero, S., Acosta-Gallegos, J. 2003. Genetic analysis and random amplified polymorphic DNA markers associated with cooking time in common bean. Crop Sci. 43(1):329-332.

Jacinto-Hernández, C., Hernández-Sánchez, H., Aspíroz-Rivero, H., et al. 2002. Caracterización de una población de líneas endogámicas de frijol común por su calidad de cocción y algunos componentes nutrimentales. Agrociencia 36:451-459.

Jan, S., Rather, I., Sofi, P., et al. 2021. Characterization of common bean (*Phaseolus vulgaris* L.) germplasm for morphological and seed nutrient traits from Western Himalayas. Legume Sci. 2021:e86.

Junk-Knievel, D., Vandenberg, A., Bett, K. 2008. Slow darkening in pinto bean (*Phaseolus vulgaris* L.) seed coats is controlled by a single major gene. Crop Sci. 48(1):189-193.

Kabagambe, E., Baylin, A., Ruiz-Narvarez, E., et al. 2005. Decreased consumption of dried mature beans is positively associated with urbanization and nonfatal acute myocardial infarction. J. Nutr. 135:1770-1775.

Kan, L., Nie, S., Hu, J., et al. 2017. Nutrients, phytochemicals and antioxidant activities of 26 Kidney bean cultivars. Food Chem. Toxicol. 108:467-477.

Kan, L., Nie, S., Hu, J., et al. 2018. Comparative study on the chemical composition, anthocyanins, tocopherols and carotenoids of selected legumes. Food Chem. 260:317-326.

Katuuramu, D., Hart, J., Porch, T., et al. 2018. Genome-wide association analysis of nutritional composition-related traits and iron bioavailability in cooked dry beans (*Phaseolus vulgaris* L.). Mol. Breed. 38(4):44.

Khrisanapant, P., Kebede, B., Leong, S. 2019. A comprehensive characterization of volatile and fatty acid profiles of legume seeds. Foods 8:651.

Kim, S., de Souza, R., Choo, V., et al. 2016. Effects of dietary pulse consumption on body weight: a systematic review and meta-analysis of randomized controlled trials. Am. J. Clin. Nutr.103(5):1213-1223.

Kolonel, L., Hankin, J., Whittemore, A., et al. 2000, Vegetables, fruits, legumes and prostate cancer: A multiethnic case-control study. Cancer Epidem. Biomark. Prev. 9:795-804.

Kyomugasho, C., Kamau, P., Aravindakshan, S., et al. 2020. Evaluation of storage stability of low moisture whole common beans and their fractions through the use of state diagrams. Food Res. Int. 140:109794.

Lanza, E., Hartman, T., Albert, P., et al. 2006. High dry bean intake and reduced risk of advanced colorectal adenoma recurrence among participants in the polyp prevention trial. J. Nutr. 136:1896-1903.

Lešková, E., Kubíková, J., Kováčiková, E., et al. 2006. Vitamin losses: Retention during heat treatment and continual changes expressed by mathematical models. J. Food Comp. Anal. 19(4):252-276.

Lestari, L., Huriyati, E., Marsono, Y. 2017. The development of low glycemic index cookie from foxtail (*Setaria italica*), arrowroot (*Maranta arundinacea*) flour, and kidney bean (*Phaseolus vulgaris*). J. Food Sci. Technol. 54:1406-1413.

Liao, D., Cram, D., Sharpe, A., et al. 2013. Transcriptome profiling identifies candidate genes associated with the accumulation of distinct sulfur γ-glutamyl dipeptides in *Phaseolus vulgaris* and *Vigna mungo* seeds. Front. Plant. Sci. 4:60.

Lieu, P., Heiskala, M., Peterson, P., 2001. The roles of iron in health and disease. Mol. Asp. Med. 22:1-87

Llaca, V., Gepts, P. 1996. Pulsed field gel electrophoresis analysis of the phaseolin *locus* region in *Phaseolus vulgaris*. Genome 39:722-729.

Lolas, G., Markakis, P. 1975. Phytic acid and others phosphorus compounds of beans (*Phaseolus vulgaris* L.). J. Agric. Food Chem. 23:1094-1097.

López, A., El Naggar, T., Dueñas, M., et al. 2013. Effect of cooking and germination on phenolic composition and biological properties of dark beans (*Phaseolus vulgaris* L.). Food Chem. 138:547-555.

Ma, M., Wang, Y., Wang, M., et al. 2017. Physicochemical properties and *in vitro* digestibility of legume starches. Food Hydrocoll. 63:249-255.

Ma, Y., Bliss, F. 1978. Seed proteins of common bean. Crop Sci. 18:431-437.

Ma, Z., Boye, J., Azarnia, S., et al. 2016. Volatile favor profile of Saskatchewan grown pulses as affected by different thermal processing treatments. Int. J. Food Prop. 19(10):2251-2271.

Mammadova-Bach, E., Braun, A. 2019. Zinc homeostasis in platelet-related diseases. Int. J. Mol. Sci. 20:5258.

Margier, M., Georgé, S., Hafnaoui, N., et al. 2018. Nutritional composition and bioactive content of legumes: Characterization of pulses frequently consumed in France and effect of the cooking method. Nutrients 10:1668.

Marquez, U., Lajolo, F. 1981. Composition and digestibility of albumin, globulins, and glutelins from *Phaseolus vulgaris*. J. Agric. Food Chem. 29:068-1074.

Martins, A., Oliveira-Paula, G., Tinkov, A., et al. 2025. Role of manganese in brain health and disease: Focus on oxidative stress. Free Radic. Biol. Med. 232:306-318.

Martinez-Aragón, A., Cavalle, C., Fruhbeck, G., et al. 1995. Identification and biological activity of lectins of different subunit composition isolated from *Phaseolus vulgaris* L. var. Athropurpurea. J. Sci. Food Agric. 68:375-381.

Mojica, L., de Mejía, E. 2015. Characterization and comparison of protein and peptide profiles and their biological activities of improved common bean cultivars (*Phaseolus vulgaris* L.) from México and Brazil. Plant. Foods Hum. Nutr. 70(2):105-112.

Mojica, L., González de Mejía, E., Granados-Silvestre, M.Á., et al. 2017. Evaluation of the hypoglycemic potential of a black bean hydrolyzed protein isolate and its pure peptides using *in silico*, *in vitro* and *in vivo* approaches. J. Funct. Foods 31:274-286.

Montoya, C., Lalles, J-P., Beebe, S., et al. 2010. Phaseolin diversity as a possible strategy to improve the nutritional value of common bean (*Phaseolus vulgaris*). Food J. Int. 43(2):443-449.

Moraghan, J., Etchevers, J., Padilla, J. 2006. Contrasting accumulations of calcium and magnesium in seed coats and embryos of common bean and soybean. Food Chem. 95(4):554-561.

Moraghan, T., Grafton, K. 1977. Accumulation of calcium in bean cultivars differing in seed size. J. Sci. Food Agric. 74:251-256.

Moraghan, T., Grafton, K. 2001. Genetic diversity and mineral composition of common bean seed. J. Sci. Food Agric. 81:404-408.

Moraghan, J., Grafton, K. 2002. Distribution of selected elements between the seed coat and embryo of two black bean cultivars. J. Plant. Nutr. 25:169-176.

Moraghan, J., Padilla, J., Etchevers, J., et al. 2002. Iron accumulation in seed of common bean. Plant. Soil 246:75-183.

Moreno-Jiménez, M., López-Barraza, R., Cervantes-Cardoza, V., et al. 2018. Mechanisms associated to apoptosis of cancer cells by phenolic extracts from two canned common beans varieties (*Phaseolus vulgaris* L.). J. Food Biochem. 43(6):e12680.

Mühling, M., Gilroy, J., Croy, R. 1997. Legumin proteins from seeds of *Phaseolus vulgaris* L. J. Plant. Physiol. 150(4):489-492.

Murray-Kolb, L., Wenger, M., Scott, S., et al. 2017. Consumption of iron-biofortified beans positively affects cognitive performance in 18- to 27-year-old Rwandan female college students in an 18-week randomized controlled efficacy trial. J. Nutr. 147:2109-2117

Murube, E., Beleggia, R., Pacetti, D., et al. 2021. Characterization of nutritional quality traits of a common bean germplasm collection. Foods. 6:10(7):1572.

Mutwiri. L., Kyallo, F., Kiage, B., et al. 2020. Can improved legume varieties optimize iron status in low- and middle-income countries? A systematic review. Adv. in Nutr. 11:1315-1324.

Nasi, A., Picariello, G., Ferranti, P. 2009. Proteomic approaches to study structure, functions and toxicity of legume seeds lectins. Perspectives for the assessment of food quality and safety. J. Proteomics 72:527-538.

Nchanji, E., Ageyo, O. 2021. Do common beans (*Phaseolus vulgaris* L.) promote good health in humans? A systematic review and meta-analysis of clinical and randomized controlled trials. Nutrients 13:3701.

Nielsen, F. 2014. Update on human health effects of boron. J. Trace Elem. Med. Biol. 28(4)383-387.

Nodari, R., Tsai, S., Gilbertson, R., et al. 1993. Towards an integrated linkage map of common bean. II. Development of an RFLP-based linkage map. Theor. Appl. Genet. 85:513-520.

OECD. 2019. Safety assessment of foods and feeds derived from transgenic crops, volume 3: Common bean, rice, cowpea and apple compositional considerations. Novel food and feed safety, OECD Publishing, Paris.

Oliveira, A., Andrade, G., Mateó, B., et al. 2017. Protein and metalloprotein distribution in different varieties of beans (*Phaseolus vulgaris* L.): Effects of cooking. Int. J. Food Sci. 2017:5957178.

Olza, J., Aranceta-Bartrina, J., González-Gross, M., et al. 2017. Reported dietary intake and food sources of zinc, selenium, and vitamins a, e and c in the Spanish population: Findings from the ANIBES study. Nutrients 9:697.

Osborn, T., Ausloos, K., Brown, J., et al. 1983. Bean lectins. III. Evidence for greater complexity in the structural model of *Phaseolus vulgaris* lectin. Plant. Sci. Lett. 31:193-203.

Osborn, T., Bliss, F. 1985. Effects of genetically removing lectin seed protein on horticultural and seed characteristics of common bean. J. Am. Soc. Hort. Sci. 110(4):484-488.

Osborn, T., Brown, J. 1988. Genetic control of bean seed protein. Crit. Rev. Plant. Sci. 7: 93-116.

Osborn, T., Hartweck, L., Harmsen, R., et al. 2003. Registration of *Phaseolus vulgaris* genetic stocks with altered seed protein compositions. Crop Sci. 43(4):1570-1571.

Padhi, E., Ramdath, D. 2017. A review of the relationship between pulse consumption and reduction of cardiovascular disease risk factors. J. Funct. Foods 38:635-43.

Pandurangan, S., Sandercock, M., Beyaert, R., et al. 2015. Differential response to sulfur nutrition of two common bean genotypes differing in storage protein composition. Front. Plant Sci. 20:6:92.

Petry, N., Egli, I., Zeder, C., et al. 2010. Polyphenols and phytic acid contribute to the low iron bioavailability from common beans in young women. J. Nutr. 140:1977-1982.

Pfeiffer, W., McClafferty, B. 2007. HarvestPlus: Breeding crops for better nutrition. Crop Sci. 47:S88-S105.

Pinheiro, C., Baeta, J., Pereira, A., et al. 2010. Diversity of seed mineral composition of *Phaseolus vulgaris* L. germplasm. J. Food Compos. Anal. 23:319-325.

Popova, A., Mihaylova, D. 2019. Antinutrients in plant-based foods: A review. Open Biotechnol. 13:68-76.

Prodanov, M., Sierra, I., Vidal-Valverde, C. 2004. Influence of soaking and cooking on the thiamin, riboflavin and niacin contents of legumes. Food Chem. 84(2):271-277.

Pujola, M., Farreras, A., Casanas, F. 2007. Protein and starch content of raw, soaked and cooked beans (*Phaseolus vulgaris* L.). Food Chem. 102:1034-1041.

Raboy, V., Young, K., Dorsch, J., et al. 2001. Genetics and breeding of seed phosphorus and phytic acid. J. Plant. Physiol. 158:489-497.

Ramírez-Jiménez, A., Gaytán-Martínez, M., Morales-Sánchez, E., et al. 2018. Functional properties and sensory value of snack bars added with common bean flour as a source of bioactive compounds. Food Chem. 89:674-680.

Ramírez-Jiménez, A., Reynoso-Camacho, R., Tejero, M., et al. 2015. Posible papel de los compuestos bioactivos de *Phaseolus vulgaris* L. en los mecanismos hipolipemiantes. Food Res. Int. 76:92-104.

Ranilla, L., Genovese, M., Lajolo, F. 2007. Polyphenols and antioxidant capacity of seed coat and cotyledon from Brazilian and Peruvian bean cultivars (*Phaseolus vulgaris* L.). J. Agric. Food Chem. 55(1):90-98.

Ray, H., Bett, K., Tar'an, B., et al. 2014. Mineral micronutrient content of cultivars of field pea, chickpea, common bean, and lentil grown in Saskatchewan, Canada**.** Crop Sci. 54:1698-1708.

Rayman, M. 2000. The importance of selenium to human health. Lancet 356:233-241.

Rebello, C., Greenway, F., Finley, J. 2014. A review of the nutritional value of legumes and their effects on obesity and its related co-morbidities. Obes. Rev. 15(5):392-407.

Reverri, E., Randolph, J., Kappagoda, C., et al. 2017. Assessing beans as a source of intrinsic fiber on satiety in men and women with metabolic syndrome. Appetite 118:75-81.

Ribeiro, N., Maziero, S., Prigol, M., et al. 2012. Mineral concentrations in the embryo and seed coat of common bean cultivars. J. Food Compos. Anal. 26(1-2):89-95.

Rivera, A., Plans, M., Sabaté, J., et al. 2018. The Spanish core collection of common beans (*Phaseolus vulgaris* L.): An important source of variability for breeding chemical composition. Front. Plant. Sci. 9:1642.

Rocha-Guzmán, N., Herzog, A., González-Laredo, R., et al. 2007. Antioxidant and antimutagenic activity of phenolic compounds in three different colour groups of common bean cultivars (*Phaseolus vulgaris*). Food Chem. 103(2):521-527.

Rochfort, S., Panozzo, J. 2007. Phytochemicals for health, the role of pulses. J. Agric. Food Chem. 55:7981-7994.

Rodiño, A., Santalla, M., De Ron, A., et al. 2003. A core collection of common beans from the Iberian Peninsula. Euphytica 131:165-175.

Rousseau, S., Celus, M., Duijsens, D., et al. 2020a. Impact of postharvest storage and cooking time on mineral bioaccessibility in common beans. Foods Funct. 11(9):7584–7595.

Rousseau, S., Pallares, A., Vancoillie, F., et al. 2020b. Pectin and phytic acid reduce mineral bioaccessibility in cooked common bean cotyledons regardless of cell wall integrity. Food Res. Int. 137:109685.

Rychlik, M., Englert, K., Kapfer, S., et al. 2007. Folate contents of legumes determined by optimized enzyme treatment and stable isotope dilution assays. J. Food Comp. Anal. 20(5):411-419.

Sathe, S. 2002. Dry Bean Protein Functionality. Crit. Rev. Biotechnol. 22(2):175-223.

Sathe, S., Deshpande, S., Salunke, D. 1984. Dry beans of *Phaseolus*. A review. Part 2. Chemical composition: Carbohydrates, fiber, minerals, vitamins, and lipids. CRC Crit. Rev. Food Sci. Nutr. 21: 41-93.

Schlemmer, U., Florich, W., Prieto, R., et al. 2009. Phytate in foods and significance for humans: Food sources, intake, processing, bioavailability, protective role and analysis. Mol. Nutr. Food Res. 53(2):330-375.

Serrano, J., Goni, I. 2004. Role of black bean *Phaseolus vulgaris* on the nutritional status of Guatemalan population. Arch. Latinoam. Nutr. 54:36-44.

Sharon, N., Lis, H. 1990. Legume lectins: A large family of homologous proteins. FASEB J. 4(14):3198-3208.

Shevkani, K., Singh, N. 2014. Influence of kidney bean, field pea and amaranth protein isolates on the characteristics of starch-based gluten-free muffins. Int. J. Food Sci. Technol. 49:2237-2244.

Shevkani, K., Singh, N. 2015. Relationship between protein characteristics and film-forming properties of kidney bean, field pea and amaranth protein isolates. Int. J. Food Sci. Technol. 50:1033-1043.

Shridhar, K., Sathe, S., Deshpande, D., et al. 1984. Dry beans of *Phaseolus*: A review. Part 2. Chemical composition: carbohydrates, fiber, minerals, vitamins, and lipids, CRC Crit. Rev. Food Sci. Nutr. 21(1):41-93.

Siddiq, M., Kelkar, S., Harte, J., et al. 2013. Functional properties of flour from low-temperature extruded navy and pinto beans (*Phaseolus vulgaris* L.). LWT-Food Sci. Technol. 50:215-219.

Siddiq, M., Ravi, R., Harte, J., et al. 2010. Physical and functional characteristics of selected dry bean (*Phaseolus vulgaris* L.) flours. J. Food Sci. Technol. 43:232-237.

Silva, E., Bracarense, A. 2016. Phytic acid: From antinutritional to multiple protection factor of organic systems. J. Food Sci. 81:R1357-R1362.

Singh, B., Singh, J., Shevkani, K., et al. 2017. Bioactive constituents in pulses and their health benefits. J. Food Sci. Technol. 7:858-870.

Slightom, J., Drong, R., Klassy, R., et al. 1985. Nucleotide sequences from phaseolin cDNA clones: The major storage proteins from *Phaseolus vulgaris* are encoded by two unique gene families. Nucleic Ac. Res. 13:6483-6498.

Smýkal, P., Coyne, C., Ambrose, M., et al. 2015. Legume crops phylogeny and genetic diversity for science and breeding. Crit. Rev. Plant. Sci. 34:43-104.

Sparvoli, F., Laureati, M., Pilu, R., et al. 2016. Exploitation of common bean flours with low antinutrient content for making nutritionally enhanced biscuits. Front. Plant. Sci. 7:1-14.

Talbot, D., Adang, M., Slightom, J., et al. 1984. Size and organization of a multigene family encoding phaseolin, the major seed storage protein of *Phaseolus vulgaris* L. Mol. Gen. Genet. 198(1):42-49.

Taylor, M., Chapman, R., Beyaert, R., et al. 2008. Seed storage protein deficiency improves sulfur amino acid content in common bean (*Phaseolus vulgaris* L.): Redirection of sulfur from γ-glutamyl-S-methyl-cysteine. J. Agric. Food Chem. 56:5647-5654.

Tharanathan, R., Mahadevamma, S. 2003. Grain legumes-a boon to human nutrition. Trends Food Sci. Technol. 14:507-518.

Tucker, L. 2020. Bean consumption accounts for differences in body fat and waist circumference: A cross-sectional study of 246 women. J. Nutr. Metab. 2020:9140907.

Udani, J., Singh, B., Barrett, M., et al. 2009. Lowering the glycemic index of white bread using a white bean extract. Nutr. J. 8:52.

Uddin, M., Sarker, M., Islam, Z., et al. 2015. Phytosterols and their extraction from various plant matrices using supercritical carbon dioxide: A review. J. Sci. Food Agric. 95:1385-1394.

Uebersax, M., Cichy, K., Gómez, F., et al. 2022. Dry beans (*Phaseolus vulgaris* L.) as a vital component of sustainable agriculture and food security-A review. Legume Sci. e155.

Vaiknoras. K., Larochelle, C., Birol, E., et al. 2019. Promoting rapid and sustained adoption of biofortified crops: What we learned from iron-biofortified bean delivery approaches in Rwanda. Food Policy 83:271-284.

Venn, B., Mann, J. 2004. Cereal grains, legumes and diabetes. Eur. J. Clin. Nutr. 58:1443-1461.

Viscarra-Torrico, R., Pajak, A., Garzón, A., et al. 2021. Common bean (*Phaseolus vulgaris* L.) with increased cysteine and methionine concentration. Legume Sci. e103.

Vitale, A., Bollini, R. 1995. Legume storage proteins (pp. 73-102). In J. Kigel, G. Gad, (eds.). Seed development and germination. Boca Raton: Routledge.

Voelker, T., Staswick, P., Chrispeels, M. 1986. Molecular analysis of two phytohemagglutinin genes and their expression in *Phaseolus vulgaris* cv. Pinto, a lectin-deficient cultivar of the bean. Embo J. 5(12):3075-3082.

Wang, N., Hatcher, D., Tyler, R., et al. 2010. Effect of cooking on the composition of beans (*Phaseolus vulgaris* L.) and chickpeas (*Cicer arietinum* L.). Food Res. Int. 43(2):589-594.

Wang, N., Toews, R. 2011. Certain physicochemical and functional properties of fiber fractions from pulses. Food Res. Int. 44:2515-2523.

Wang, Y., Zhang, X., Chen, G., et al. 2016. Antioxidant property and their free, soluble conjugate and insoluble-bound phenolic contents in selected beans. J. Funct. Foods 24:359-372.

Wang, Z., Hassan, M., Nadeem, F., et al. 2020. Magnesium fertilization improves crop yield in most production systems: a meta-analysis. Front. Plant. Sci. 10:1727.

Welch, R., Graham, R. 2002. Breeding crops for enhanced micronutrient content. Plant. Soil 245:205-212.

Wenger, M., Rhoten, S., Murray-Kolb, L., et al. 2019. Changes in iron status are related to changes in brain activity and behavior in Rwandan female university students: Results from a randomized controlled efficacy trial involving iron-biofortified beans. J. Nutr. 149:687-697.

White, P., Broadley, M. 2009. Biofortification of crops with seven mineral elements often lacking in human diets-iron, zinc, copper, calcium, magnesium, selenium and iodine. New Phytol. 182:49-84.

Wiesinger, J., Cichy, K., Tako, E., et al. 2018. The fast cooking and enhanced iron bioavailability properties of the Manteca yellow bean (*Phaseolus vulgaris* L.). Nutrients 10:1609.

Yadav, B., Sharma, A., Yadav, R. 2010. Resistant starch content of conventionally boiled and pressure-cooked cereals, legumes and tubers. J. Food Sci. Technol. 47:84-88.

Yang, Q., Gan, R., Ge, Y., et al. 2018a. Polyphenols in common beans (*Phaseolus vulgaris* L.): Chemistry, analysis, and factors affecting composition. Compr. Rev. Food Sci. Food Saf. 17(6):1518-1539.

Yang, Y., He, Q., Sun, H., et al. 2018b. PEGylation may reduce allergenicity and improve gelling properties of protein isolate from black kidney bean (*Phaseolus vulgaris* L.). Food Biosci. 25:83-90.

Yin, F., Pajak, A., Chapman, R., et al. 2011. Analysis of common bean expressed sequence tags identifies sulfur metabolic pathways active in seed and sulfur-rich proteins highly expressed in the absence of phaseolin and major lectins. BMC Genomics 12:268.

Yoshida, H., Tomiyama, Y., Kita, S., et al. 2005. Lipid classes, fatty acid composition and triacylglycerol molecular species of kidney beans (*Phaseolus vulgaris* L.). Eur. J. Lipid Sci. Technol. 107:307-315.

Capítulo 22. Características específicas para mejoramiento en frejol para vaina verde

Mario Paredes C., Viviana Becerra V., Paul Gepts.

El frejol verde es conocido también como 'french bean', 'garden bean', 'green bean', 'edible podded bean', 'string bean', 'fresh bean' o 'vegetable bean' (Baggett y Myers 1999), 'chaucha', 'vainita', 'ejote', 'habichuela' (Voysest, 1983).

Superficie sembrada a nivel mundial

En el año 2023, la superficie sembrada de frejol verde a nivel mundial fue de 133.344 has, con una producción de 1,3 millones de t y un rendimiento promedio de 10.207 kg ha^{-1}. El continente americano, presentó una superficie de 89.589 has, una producción de 834.598 t y un rendimiento promedio de 9.315 kg ha^{-1}. Por otro lado, Asia exhibió una superficie de 32.768 has, una producción de 304.864 t y un rendimiento promedio de 9.303 kg ha^{-1} (FAO, 2025).

Origen, evolución y domesticación

El origen del frejol verde no está claro. Sin embargo, la información histórica indica que se podría haber originado en Norte América y Europa y desde allí se habría diseminado al resto del mundo. En este contexto, se plantea que el tipo 'Romano' (vaina plana), del sur de Europa podría ser uno de los predecesores de los frejoles verdes contemporáneos (Silbernagel et al., 1991).

El frejol verde es similar al frejol común con la diferencia que se consume como vaina verde inmadura (Seballos y Williams II, 2024). Se postula también que el frejol verde se habría originado por la selección de plantas de frejoles usados para consumo en seco, las cuales presentaron mutaciones en características de la vaina como un bajo contenido de fibra, mayor grosor de las paredes de la vainas y ausencia de hilo (Silbernagel et al., 1991; Myers y Baggett, 1999; Wallace et al., 2018) ya que, el frejol para consumo seco presenta una amplia variabilidad morfológica en sus vainas (García-Fernández et al., 2022).

La primera variedad de frejol verde sin hilo comercializada en USA, fue producto de una selección de la variedad 'Refugee Wax' y 'German Black Wax' en 1887, las que posteriormente fueron utilizadas como progenitores en los programas de mejoramiento genético (Atkin, 1972). Durante el siglo XX y XXI, una zona importante en la producción de frejol verde estuvo radicada en el valle 'Willamette' de Oregon, donde se cultivaron diferentes tipos de frejol verde como 'Blue Lake', entre otros (Wallace et al., 2018).

Los primeros trabajos clasificaron al frejol verde como proveniente del acervo genético Andino, específicamente, de las razas Nueva Granada y Chile (Singh, 1989; Singh et al., 1991); las que se caracterizaron por presentar faseolina tipo 'T' o 'C' (andina) y tipo 'S' (mesoamericana) (Gepts y Bliss, 1988; Gepts et al., 1988). Posteriormente, varios estudios moleculares determinaron que los frejoles verdes se han originado tanto en el acervo genético andino (Skroch y Nienhuis

1995), como en el mesoamericano y que este germoplasma ha sufrido un extenso proceso de intercruzamientos (Gepts, 1998; Cunha et al., 2004; Metais, 2002; Song et al., 2015; Wallace et al., 2018; Bellucci et al., 2023).

Durante su proceso de evolución, el frejol ha sufrido cambios significativos que afectaron la dehiscencia de la vaina, dormancia de la semilla, hábito de crecimiento, arquitectura del tallo, tamaño de la semilla y la respuesta al fotoperíodo. La reducción de la fibra en las paredes de las vainas y en la sutura de las valvas (hilo), significó la pérdida de la dehiscencia de las vainas y la habilidad de la planta de dispersar los granos a la madurez (Singh y Singh, 2015; Rau et al., 2019; Di Vittori et al., 2021; Parker et al., 2020; 2021; 2022).

Tipos de frejol verde

El frejol verde posee una amplia diversidad morfológica (Blair et al., 2010; Dos Santos et al., 2013; Da Costa et al., 2017). En este sentido, las primeras variedades de frejol verde fueron guiadoras (tipo IV) y poseían una alta capacidad de trepar, por lo cual necesitaban de tutores para sostener y guiar a la planta en su crecimiento (Singh y Singh, 2015).

Actualmente, de acuerdo a su hábito de crecimiento el frejol verde se puede clasificar en variedades arbustivas y guiadoras. Las variedades arbustivas (tipo I), más comúnmente sembradas se caracterizan por presentar un crecimiento erecto y una producción concentrada, lo que facilita la cosecha mecánica a diferencia de las variedades guiadoras que presentan un periodo de producción más amplio y se deben cosechar las vainas manualmente (Bellucci et al., 2014; Singh et al., 2014; Singh y Singh, 2015). En este sentido, se plantea que los genotipos de hábito de crecimiento determinado están más asociados al acervo genético Andino, mientras que los genotipos indeterminados están más relacionados con el acervo mesoamericano (de Andrade et al., 2016).

Desde el punto de vista de las características de las vainas, el frejol verde se puede clasificar en variedades: a) que poseen hilo en la sutura de la vaina, la que debe ser removida previo a su consumo; b) que poseen vainas amarillas cerosas o verdes; c) tipo 'Romano', conocidas como 'frejol verde italiano', que poseen vainas largas y planas; d) tipo 'Blue Lake', con vainas de color verde oscuro sin hilo y fibra; e) tipo 'filet' o frejol verde francés, con vainas largas, rectas, redondeadas y muy delgadas; y f) tipo 'garrafal', con vainas muy largas, de color verde con forma de gancho (Wallace et al., 2018; Silbernagel et al., 1991; Blair et al., 2010).

De acuerdo a su consumo, el frejol verde se puede cosechar para el consumo fresco o procesado. El frejol verde para procesado (enlatado, congelado o deshidratado), posee una planta de hábito de crecimiento erecto, producción de vainas concentradas, apta para la cosecha mecanizada, vainas redondas, semillas blancas y vainas de apariencia palatable después de la industrialización. Por otro lado, el frejol verde para el mercado fresco, puede ser arbustivo o trepador, con vainas de color verde ovales o planas, rectas, suaves y pubescentes, para prevenir el daño durante el manejo y transporte y con algún porcentaje de fibra (Silbernagel et al., 1991; Richardson et al., 2025).

Mejoramiento genético

Objetivos del mejoramiento genético

Los principales objetivos de los programas de mejoramiento genético para frejol verde están relacionados con aspectos agronómicos y de calidad de la vaina. En relación a los aspectos agronómicos, los objetivos del mejoramiento genético están focalizados a obtener variedades que posean un alto rendimiento, hábito de crecimiento arbustivo y erecto, insensibilidad al fotoperíodo y resistencia a factores bióticos y abióticos. Por otro lado, los factores de calidad están enfocados a mejorar las características de la vaina, como: peso y porcentaje de la vaina, bajo porcentaje de semilla y contenido de fibra e hilo, suavidad, color y sabor (Janssen, 1987; Montes de Oca, 1987; Webster, 1987; Silbernagel et al., 1991; Myers y Baggett, 1999; Singh y Singh, 2015; Singh et al., 2016). En este sentido, algunos trabajos recientes indican que muchos de estos factores productivos no están intrínsicamente ligados, por lo cual, se podrían mejorar varias características a la vez, sin la reducción de alguna de ellas (Hagerty et al., 2016; García-Fernández et al., 2021; 2024).

Características de la vaina

Las características de las vainas son elementos importantes en la aceptación, consumo y comercialización de las variedades de frejol para consumo como vaina verde (Singh y Singh 2015, García-Fernández et al., 2024). Las vainas se cosechan cuando han alcanzado el largo total y el llenado del grano está en un estado inicial o intermedio, o sea, a comienzos del estado R8 (Van Schoonhoven y Pastor Corrales, 1987).

El frejol presenta una amplia variabilidad en el color, largo, forma de la sección transversal, rectitud, suavidad, contenido de fibra, cavitación interlocular, tasa de desarrollo de la semilla y punto de desprendimiento de la vaina (Singh y Singh, 2015). El color de la vaina es una característica que está asociada a la intensidad, brillo y uniformidad (Plestenjak et al., 2025). En este aspecto, se pueden seleccionar variedades con vainas de color verde, amarillo (cerosa) y rojas/moradas. El brillo y la intensidad del color verde puede variar de leve a oscuro. La vaina de color amarillo o verde oscuro es preferida para la industrialización, sin embargo, las vainas de colores más claros son más aceptadas en el mercado fresco (García-Fernández et al., 2021; 2022; Celebioglu et al., 2024). El color de la vaina es producto de la acumulación de compuestos específicos como flavonoides, antocianos y proantocianos (Freixas et al., 2017). Las vainas moradas no tienen un valor comercial.

Las vainas pueden ser planas o redondas, largas y libres de capas de fibra en la pared de la vaina y sin hilo en el lado ventral de la vaina. Las variedades antiguas, tenían hilo en las vainas, el que debía ser removido en forma manual antes de ser consumidas (Singh et al., 2014). El desarrollo de los granos en la vaina debe ser incipiente, ya que la presencia de granos más desarrollados reduce la calidad y la vaina se torna amarga, dura, menos brillante y menos palatable (Myers y Baggett, 1999; Singh y Singh; 2015, Hagerty et al., 2016; Murgia et al., 2017).

Aspectos genéticos relacionados con características de la vaina. Los estudios genéticos sobre el color de la vaina señalan que el color amarillo es controlado por un gen recesivo que está ubicado en una región de 1-4,24 Mb en el cromosoma Pv02 (Yang et al., 2021), o en una región de 80 kb en el cromosoma Pv10 (Liu et al., 2025). Se postula que en la deficiencia de la producción de clorofila en la vaina, podrían estar involucrados tres genes (POR, protoclorofilida

oxidoreductase) (Liu et al., 2020), y que el color púrpura de la vaina estaría controlado por el gen *PV-PUR*, ubicado en la región 243,9 kb del cromosoma Pv06 y que codifica la enzima Flavonoid 3'5'-hydroxylasa. Esta enzima está involucrada en la síntesis de antocianos y causa un aumento de los niveles de definidina/malvidina (Liu et al., 2022b, 2023). Otro gen involucrado en el color de la vaina es *pc* que estaría asociado a un color persistente, oscuro y uniforme. Este gen, posiblemente, pertenecería a la familia de genes 'staygreen' (SGR), descrito en otros cultivos como arroz y arveja (Myers et al., 2018).

La base genética de la forma de la vaina es compleja, ya que involucra la interacción de múltiples genes (García-Fernández et al., 2021; Li et al., 2023; Seballos y Williams II, 2024). En este sentido se ha informado que los genes *Ea* y *Eb* estarían controlando la sección transversal elíptica de la vaina *versus ea* y *eb* que condicionarían la sección transversal redonda (García-Fernández et al., 2021).

Se postula además que la presencia de la fibra de la vaina está controlada por el gen *Fa* y la menor presencia por el gene *fa*, donde los genes *Fb* y *Fc* actúan como modificadores de la presencia de fibra, *Fa*. En este sentido, el genotipo *fa fb fc* posee muy poca fibra. Otras investigaciones, señalan que la presencia de la fibra en la vaina está asociada a los alelos *Ia* y *Ib* y a la sección elíptica a diferencia de los alelos *ia* e *ib* que producirían vainas redondas con menor contenido de fibra (Lamprecht, 1947).

La presencia de hilo en la sutura de las vainas está controlada por el gen recesivo *st*, y su ausencia por el gen dominante *St* (Prakken, 1940). En este caso, se ha descrito también un segundo gen, dependiente de la temperatura (*Ts*), que controlaría la presencia o ausencia del hilo en la vaina. Es así como, el genotipo *St_tsts*, está asociado a la ausencia de hilo; el genotipo *St_Ts_* expresaría la presencia incompleta de hilo y el genotipo *ststTs_* y *ststtsts*, presentan hilo en la vaina (Drijfhout, 1970; 1978).

El color del grano es una característica compleja, controlada por varios genes con múltiples alelos que influyen en la coloración primaria y secundaria de la cáscara. Estos genes pueden actúar en forma independiente o con efectos epistáticos (Basset, 2007; McClean et al., 2018; García-Fernández et al., 2021). Por ejemplo, el gen *P* y sus múltiples alelos son responsables del color total o parcial de la cáscara del grano (Sax, 1923; McClean et al., 2018). Otros genes, como *B*, *V*, *C* interactúan formando patrones de colores en el grano (McClean et al., 2002).

Otra característica importante en las variedades de frejol modernas es la dehiscencia de las vainas (Di Vittori et al., 2019). La reducción de la dehiscencia se debe a una mutación en el gen *PvMyB26* (Rau et al., 2019; Di Vittori et al., 2021). Actualmente, se plantea que las plantas indehiscentes fueron seleccionadas rápido, durante el proceso de domesticación de la especie, específicamente en la zona centro-occidental de México (Jalisco, norte de Michoacán y occidente de Guanajuato), donde posiblemente se originó la agricultura de Centro América (Celebioglu et al., 2026).

Identificación de QTLs

Dada la complejidad genética de las características de la vaina, la identificación de QTLs en diferentes accesiones y ambientes puede ayudar a la selección de genotipos y al desarrollo de nuevas variedades (Seballos y Williams II, 2024). Es así como, diversos estudios han permitido ubicar un QTL asociado a la presencia del hilo en la sutura de la vaina en el cromosoma Pv02 (Koinange et al., 1996; Gioia et al., 2013; Hagerty et al., 2016; Njau et al., 2024), en la cercanía

del gen candidato *PvIND* (Arkwazee et al., 2022; Parker et al., 2022), aunque otros autores han identificado otros QTLs en los cromosomas Pv04 y Pv06 (Njau et al., 2024).

Adicionalmente se han identificado otros QTLs asociados a la presencia de fibra en la vaina en los cromosomas Pv01 y Pv04 (Koinange et al., 1996; Hagerty et al., 2016) y también se han detectado correlaciones entre la presencia de fibra, forma y diámetro de la vaina (Hagerty et al., 2016) y entre bajos niveles de fibra en la vaina e hilo con resistencia a la dehiscencia (Parker et al., 2022). Otros estudios han detectado QTLs para el largo, ancho, altura y la relación ancho-alto de la vaina (Liu et al., 2022a; Murube et al., 2020; Li et al., 2023; Njau et al., 2024; Seballos y Williams II, 2024), vainas por planta en los cromosomas Pv01 y Pv08 (Koinange et al., 1996) y contenido de azúcar en la vaina, característica importante en la percepción del gusto y sabor (Vanden Langenberg et al., 2012).

Por otro lado, estudios de asociación del genoma amplio (GWAS) han identificado SNPs asociados con características de la vaina (Li et al., 2023), genes candidatos (García-Fernández et al., 2021; Li et al., 2023; Seballos y Williams II, 2024) y factores de transcripción que se expresan en flores y vainas (García-Fernández et al., 2021; Li et al., 2023) y se han desarrollado también marcadores (KASP) para ser usados en el desarrollo de nuevas variedades con vainas de mayor tamaño (Li et al., 2023) y peso (García-Fernández et al., 2021).

Aspectos nutricionales

Los frejoles consumidos como vaina verde son una fuente significativa de micronutrientes y otros componentes nutricionales (Myers et al., 2019). Las vainas del frejol están constituidas por un 90 % de agua, un bajo porcentaje de carbohidratos y proteínas. Sin embargo, nutricionalmente aportan fibra dietética, ácido fólico y vitaminas A, B, C, E y K y minerales esenciales tales como potasio, calcio, hierro, magnesio, manganeso y zinc. Además, contiene fenoles y flavonoides, compuestos conocidos por su acción antioxidante (Prodanov et al., 2004; da Silva et al., 2009; Vanden Langenberg et al., 2012; Ganesan y Xu, 2017; Celmeli et al., 2018; Myers et al., 2019; Asciogul et al., 2020; Menga et al., 2023).

Estrategias futuras del mejoramiento genético

Entre las estrategias futuras está el desarrollo de variedades erectas con vainas naciendo en la parte alta de la planta, tipo II, insensibles al fotoperíodo, de cosecha temprana, amplia adaptación y alto rendimiento. Vainas brillantes, uniformes, sin hilo, suaves, largas, derechas y redondas, con escaso desarrollo de grano, tolerancia a estrés bióticos y abióticos (Singh y Singh, 2015).

Referencias

Arkwazee, H., Parker, T., Gepts, P., et al. 2022. Pod strings map to region flanking *PvIND* on Pv02 in common bean. Annu. Rep. Bean. Improv. Coop. 65:91-92.

Asciogul, T., Sen, F., Nemli, S., et al. 2020. Biochemical components of snap bean (*Phaseolus vulgaris*) genotypes. Acta Hort. 1297:293-299.

Atkin, J. 1972. Nature of the stringy pod rogue of snap beans, *Phaseolus vulgaris*. Search Agric. (Geneva, NY)2(9):1-3.

Baggett, J., Myers, J. 1999. Improvement of snap bean (pp. 289-329). In S. Singh (ed.). Common bean improvement in the twenty-first century. Development in plant breeding. Springer Dordrecht. 405p.

Bassett, M. 2007. Genetics of seed coat color and pattern in common bean. Plant. Breed. Rev. 28:239-315.

Bellucci, E., Benazzo, A., Xu, C., et al. 2023. Selection and adaptive introgression guided the complex evolutionary history of the European common bean**.** Nat. Commun. 14:1908.

Bellucci, E., Bitocchi, E., Rau, D., et al. 2014. Genomics of origin, domestication and evolution of *Phaseolus vulgaris* (pp. 483-507). In R. Tuberosa, A. Graner, E. Frison, E. (eds.). Genomics of plant genetic resources. Springer, Netherlands.

Blair, M., Chaves, A., Tofiño, A., et al. 2010. Extensive diversity and inter-gene pool introgression in a world-wide collection of indeterminate snap beans accessions. Theor. Appl. Genet. 120(7):1381-1391.

Celebioglu, B., Myers, J., Hart, J., et al. 2024. Phenotypic variability for leaf and pod color within the snap bean association panel. J. Amer. Soc. Hort. Sci. 149(1):15-26.

Celebioglu, B., Roy, J., Farmer, A., et al. 2026. Domestication-related changes at *PvMYB26* reduce pod shattering in common bean and shed light on the origins of agriculture in the Americas. Mol. Plant. 19(2):313-317.

Celmeli, T., Sari, H., Canci, H., et al. 2018. The nutritional content of common bean (*Phaseolus vulgaris* L.) landraces in comparison to modern varieties. Agronomy 8(9):166.

Cunha, C., Hintz, T., Griffiths, P. 2004. Genetic diversity of snap bean cultivars determined using randomly amplified polymorphic DNA (RAPD) markers. HortSci. 39:481-484.

Da Costa, D., de Morais, O., Peixoto, N. 2017. Agro-morphological characterization and genetic divergence assessment in bush snap bean genotypes. Pesq. Agropec. Trop., Goiânia 47(2):134-14.

da Silva, A., Rocha, L., Brazaca, S. 2009. Caracterização físico-química, digestibilidade proteica e atividade antioxidante de feijão comum (*Phaseolus vulgaris* L.). Alim. Nutr. 20(4):591-598.

de Andrade, F., Azeredo, L., Miglioranza, E., et al. 2016. AFLP analysis of genetic diversity in determinate and indeterminate snap bean accessions. Acta Sci. Agron. 38(1):29-34.

Di Vittori, V., Bitocchi, E., Rodríguez, M., et al. 2021. Pod indehiscence in common bean is associated with the fine regulation of *PvMYB26*. J. Exp. Bot. 72:1617-1633.

Di Vittori, V., Gioia, T., Rodríguez, M., et al. 2019. Convergent evolution of the seed shattering trait. Genes (Basel) 10(1):68.

dos Santos, J., Moda-Cirino, V., Delfini, J., et al. 2023. Morpho-agronomic and molecular characterization of snap bean diversity panel. Genet. Resour. Crop Evol. 70:399-411.

Drijfhout, E. 1970. Influence of temperature on string formation of beans (*Phaseolus vulgaris L.*). Euphytica 19:145-151.

Drijfhout, E. 1978. Inheritance of temperature-dependent string formation in common bean. Annu. Rep. Bean Improv. Coop. 21:33-34.

FAO. 2025. String beans. Crops and livestock products. https://www.fao.org/faostat/en/#data/QCL

Freixas Coutin, J., Munholland, S., Silva, A., et al. 2017. Proanthocyanidin accumulation and transcriptional responses in the seed coat of cranberry beans (*Phaseolus vulgaris* L.) with different susceptibility to postharvest darkening. BMC Plant. Biol. 17:89.

Ganesan, K., Xu, B. 2017. Polyphenol-rich dry common beans (*Phaseolus vulgaris* L.) and their health benefits. Int. J. Mol. Sci. 18:2331.

García-Fernández, C., Campa, A., Ferreira, J. 2021. Dissecting the genetic control of seed coat color in a RIL population of common bean (*Phaseolus vulgaris* L.). Theor. Appl. Genet. 134:3687-3698.

García-Fernández, C., Campa, A., Garzón, A., et al. 2021. GWAS of pod morphological and color characters in common bean. BMC Plant. Biol. 21(1):184.

García-Fernández, C., Jurado, M., Campa, A., et al. 2022. A core set of snap bean genotypes established by phenotyping a large panel collected in Europe. Plants 11(5):577.

García-Fernández, C., Jurado, M., Campa, A., et al. 2024. Genetic control of pod morphological traits and pod edibility in a common bean RIL population. Theor. Appl. Genet. 137:6.

Gepts, P. 1998. Origin and evolution of common bean: Past events and recent trends. HortSci. 33(7)1124-1130.

Gepts, P., Bliss, F. 1988. Dissemination pathways of common bean (*Phaseolus vulgaris*, Fabaceae) deduced from phaseolin electrophoretic variability. II. Europe and África. Econ. Bot. 42:86-104.

Gepts, P., Kmiecik, K., Pereira, P., et al. 1988. Dissemination pathways of common bean (*Phaseolus vulgaris*, Fabaceae) deduced from phaseolin electrophoretic variability. I. The Americas. Econ. Bot. 42:73-85.

Gioia, T., Logozzo, G., Kami, J., et al. 2013. Identification and characterization of a homologue to the *Arabidopsis* INDEHISCENT gene in common bean. J. Hered. 104(2):273-286.

Hagerty, C., Cuesta-Marcos, A., Cregan, P., et al. 2016. Mapping snap bean pod and color traits, in a dry bean snap bean recombinant inbred population. J. Amer. Hort. Sci. 141(2):131-138.

Janssen, W. 1987. El cultivo de la habichuela en varios países de América Latina (pp. 23-32). En J. Davis, W. Hanssen (Comps.). El mejoramiento genético de la habichuela en América Latina: Memorias de un Taller. Doc. de trabajo Nº 30. Centro Internacional de Agricultura Internacional, CIAT. Cali, Colombia. 234p.

Koinange, E., Singh, S., Gepts, P. 1996. Genetic control of the domestication syndrome in common bean. Crop Sci. 36:1037-1045.

Lamprecht, H. 1947. The inheritance of the slender-type of *Phaseolus vulgaris* and some other results. Agr. Hort. Genet. 5:72-84.

Li, M., Wu, X., Wang, B., et al. 2023. Genome-wide association analysis reveals the optimal genomic regions for pod size in bean. Front. Plant. Sci. 14:1-13.

Liu, Z., Gao, S., Zhang, H., et al. 2022a. Genome-wide association study reveals that *PvGUX1_1* is associated with pod stringlessness in snap bean (*Phaseolus vulgaris* L.). Biology 11(4):611-626.

Liu, C., Li, Y., Liu, D., et al. 2020. Blocked chlorophyll synthesis leads to the production of golden snap bean pods. Mol. Genet. Genomics 295(6):1325-1337.

Liu, C., Liu, D., Feng, G., et al. 2025. Fine mapping and screening of candidate gene for yellow-to-green mutation in snap bean (*Phaseolus vulgaris* L.) leaf color. Int. J. Mol. Sci. 26(11):5293.

Liu, C., Yang, X., He Y., et al. 2023. Fine mapping and characterization of a *PV-PUR* mediating anthocyanin synthesis in snap bean (*Phaseolus vulgaris* L.). Mol. Breed. 43(3):15.

Liu, C., Yang, X., Yan, Z., et al. 2022b. Identification and characterization of a mutant *Pv-PUR* gene responsible for the purple phenotype of snap bean (*Phaseolus vulgaris* L.). Int. J. Mol. Sci. 23(3):1265.

McClean, P., Bett, K., Stonehouse, R., et al. 2018. White seed color in common bean (*Phaseolus vulgaris*) results from convergent evolution in the *P* (pigment) gene. New Phytol. 219:1112-1123.

McClean, P., Lee, R., Howe, K., et al. 2022. The common bean *V* gene encodes flavonoid 3'5' hydroxylase: A major mutational target for flavonoid diversity in angiosperms. Front. Plant. Sci. 13: 869582.

McClean, P., Lee, R., Otto, C., et al. 2002. Molecular and phenotypic mapping of genes controlling seed coat pattern and color in common bean (*Phaseolus vulgaris* L.). J. Hered. 92:148-152.

Menga, V., Fares, C., Campa, A., et al. 2023. Variability of nutritional, antioxidant, and textural traits of a collection of snap beans of different colors. Horticulturae 9(3):311.

Métais, I., Hamon, B., Jalouzot, R., et al. 2002. Structure and level of genetic diversity in various bean types evidenced with microsatellite markers isolated from a genomic enriched library. Theor. Appl. Genet. 104:1346-1352.

Montes de Oca, G. 1987. Mejoramiento de la habichuela en el CIAT y resultados de viveros internacionales (pp. 60-72). En J. Davis, W. Hanssen (Comp.). El mejoramiento genético de la habichuela en América Latina: Memorias de un Taller. Doc. de trabajo Nº 30. Centro Internacional de Agricultura Internacional, CIAT. Cali, Colombia. 234p.

Murgia, M., Attene, G., Rodríguez, M., et al. 2017. Comprehensive phenotypic investigation of the 'pod-shattering syndrome' in common bean. Front. Plant. Sci. 8:251.

Murube, E., Campa, A., Song, Q., et al. 2020. Toward validation of QTLs associated with pod and seed size in common bean using two nested recombinant inbred line populations. Mol. Breed. 40:7.

Myers, J., Aljadi, M., Brewer, L. 2018. The importance of cosmetic stay-green in specialty crops. Plant. Breed. Rev. 42:219-256.

Myers, J., Baggett, J. 1999. Improvement of snap bean (pp. 289-329). In S. Singh (ed.). Common bean improvement in the twenty-first century. Kluwer Academic Press, Dordrecht, The Netherlands.

Myers, J., Wallace, L., Moghaddam, S., et al. 2019. Improving the health benefits of snap bean: Genome-wide association studies of total phenolic content. Nutrients 18:2509.

Njau, S., Parker, T., Duitama, J., et al. 2024. QTL mapping for pod quality and yield traits in snap bean *(Phaseolus vulgaris* L.). Front. Plant. Sci. 15:142295.

Parker, T., Berny Mier y Terán, J., Palkovic, A., et al. 2020. Pod indehiscence is a domestication and aridity resilience trait in common bean. New Phytol. 225:558-570.

Parker, T., Cetz, J., De Sousa, L., et al. 2022. Loss of pod strings in common bean is associated with gene duplication, retrotransposon insertion, and overexpression of *PvIND*. New Phytol. 235:2454-2465.

Parker, T., Lo, S., Gepts, P. 2021. Pod shattering in grain legumes: Emerging genetic and environmental-related patterns. Plant. Cell. 33(2):179-199.

Plestenjak, E., Neji, M., Sinkovic, L., et al. 2025. Genomic insights into genetic diversity and seed coat color change in common bean composite populations. Front. Plant. Sci. 15:1523745.

Prakken, R. 1934. Inheritance of colors and pod characters in *Phaseolus vulgaris* L. Genetica 16:177-294.

Prodanov, M., Sierra, I., Vidal-Valverde, C. 2004. Influence of soaking and cooking on the thiamin, riboflavin and niacin contents of legumes. Food Chem. 84:271-277.

Rau, D., Murgia, M., Rodríguez, M., et al. 2019. Genomic dissection of pod shattering in common bean: Mutations at non-orthologous *loci* at the basis of convergent phenotypic evolution under domestication of leguminous species. Plant. J. 97:693-714.

Richardson, H., King, R., Davis, J., et al. 2025. Horticultural performance and QTL mapping of snap bean (*Phaseolus vulgaris* L.) populations with organic and conventional breeding histories. Front. Plant. Sci. 16:1533039.

Sax, K. 1923. The association of size differences with seed-coat pattern and pigmentation in *Phaseolus vulgaris*. Genetics 8:552-560.

Seballos, A., Williams II, M. 2024. Genome-wide association study identifies candidate *loci* with major contributions to the genetic control of pod morphological traits in snap bean. J. Am. Soc. Hort. Sci. 149(1):1-14.

Silbernagel, M., Janssen, W., Davis, J., et al. 1991. Snap bean production in the tropics: Implications for genetic improvement (pp. 835-862). In A. van Schoonhoven, O. Voysest (eds.) Common Beans: Research for Crop Improvement. CAB Int., Wallingford, UK; CIAT, Cali, Colombia. 980p.

Singh, S. 1989. Patterns of variation in cultivated common bean (*Phaseolus vulgaris*, Fabaceae). Econ. Bot. 43:39/57.

Singh, B., Deka, B., Ramakrishna, Y. 2014. Genetic variability, heritability and interrelationships in pole-type French bean (*Phaseolus vulgaris* L.). Proc. Nat. Acad. Sci., India Section B: Biol. Sci. 84 (3):587-592.

Singh, S., Gepts, P., Debouck, D.1991. Races of common bean (*Phaseolus vulgaris*, Fabaceae). Econ. Bot. 45:379/396.

Singh, B., Lal, H., Ranjan, J., et al. 2016. Snap Bean (*Phaseolus vulgaris* L.): Advances in genetic improvement (pp. 125-136). Nat. Symp. Veg. Legume Soil Hum Health. India.

Singh, B., Singh, B. 2015. Breeding perspectives of snap bean (*Phaseolus vulgaris* L.). Veg. Sci. 42 (1):1-17.

Skroch, P., Nienhuis, J. 1995. Qualitative and quantitative characterization of RAPD variation among snap bean (*Phaseolus vulgaris*) genotypes. Theor. Appl. Genet. 91(6-7):1078-1085.

Song, Q., Jia, G., Hyten, D., et al. 2015. SNP assay development for linkage map construction, anchoring whole-genome sequence, and other genetic and genomic applications in common bean. G3 Genes Genomes Genet. 5:2285-2290.

Van Schoonhoven, A., Pastor Corrales, M. (eds.). 1987. Standard system for the evaluation of bean germplasm. Centro Internacional de Agricultura Tropical, CIAT. Cali, Colombia. 56p.

Vanden Langenberg, K., Bethke, P., Nienhuis, J. 2012. Patterns of fructose, glucose, and sucrose accumulation in snap and dry bean (*Phaseolus vulgaris* L.) pods. HortSci. 47:874-878.

Voysest, O. 1983. Variedades de frijol en América Latina y su origen. Centro Internacional de Agricultura Tropical, CIAT. Cali, Colombia. 87p.

Wallace, L., Arkwazee, H., Vining, K., et al. 2018. Genetic diversity within snap beans and their relation to dry beans. Genes 9(12):587.

Webster, 1987. Production of quality seed of snap beans (pp. 44-46). En J. Davis, W. Hanssen (Comp.). El mejoramiento genético de la habichuela en América Latina: Memorias de un Taller. Doc. de trabajo Nº 30. Centro Internacional de Agricultura Internacional (CIAT), Cali Colombia. 234p.

Yang, X., Liu, C., Li, Y., et al. 2021. Identification and fine genetic mapping of the golden pod gene (*pv-ye*) from the snap bean (*Phaseolus vulgaris* L.). Theor. Appl. Genet. 134(11):3773-3784.

Capítulo 23. Métodos de mejoramiento genético en frejol

Mario Paredes C., Viviana Becerra V., Paul Gepts.

Los primeros esfuerzos del mejoramiento genético del frejol estuvieron enfocados principalmente al aumento de resistencia a enfermedades, al que se sumó posteriormente el mejoramiento de la arquitectura de la planta, tolerancia a estrés abiótico, rendimiento y calidad (Kelly y Miklas, 1998; Duc et al., 2015; de Ron et al., 2015; Sen et al., 2020; Parker et al., 2023). Como producto de este trabajo, se han logrado importantes aumentos de rendimiento y el mejoramiento de algunas características agronómicas (Singh, 1991; Kelly y Miklas, 1998; Kelly et al., 1998; Kelly et al., 1999b; Beaver y Osorno, 2009; Sahruzaini et al., 2020; Sen et al., 2020).

Debido al cambio climático, se predice que la superficie sembrada de frejol común y su producción pueden disminuir marcadamente, por ejemplo, en África (Hummel et al., 2018). Una de las soluciones a este problema crítico es considerar y utilizar la información y la diversidad genética del género *Phaseolus* en su totalidad, en vez de considerar a las especies individuales como el frejol común, tepari o lima (Barrera et al., 2022).

I. Métodos clásicos de mejoramiento genético

El mejoramiento genético consiste principalmente en: a) evaluar la variabilidad genética existente en el germoplasma disponible; b) generar nueva variabilidad genética, mediante cruzas u otros métodos; c) evaluar y seleccionar genotipos superiores en poblaciones e individuos genéticamente variables; d) obtener una nueva variedad; e) producir semilla certificada de la variedad seleccionada; f) lanzar al mercado la nueva variedad. Estas etapas del mejoramiento genético se llevan a cabo a través de diferentes métodos que se pueden agrupar en: clásicos o tradicionales y avanzados que incluyen a las nuevas tecnologías que se han desarrollado en las últimas décadas.

Los métodos clásicos de mejoramiento genético incluyen: I) introducción de germoplasma, II), métodos de selección en poblaciones segregantes mediante: pedigrí, semilla por descendencia única (SSD), selección recurrente, selección de gametos y retrocruza, selección de líneas avanzadas en parcelas de observación, ensayos preliminares de rendimiento, ensayos avanzados de rendimiento y ensayos en redes regionales que terminan con la obtención de una nueva variedad, superior a las ya existentes.

A. Introducción de germoplasma

La introducción es uno de los primeros métodos utilizados en los programas de mejoramiento genético del frejol, para obtener: a) la posibilidad de seleccionar una nueva variedad que cumpla con los requerimientos agronómicos y comerciales, y b) variabilidad genética por las características a seleccionar, las cuales son predeterminadas en los objetivos del programa.

Los programas de mejoramiento pueden obtener o introducir germoplasma desde bancos de germoplasma, programas de mejoramientos, colecciones privadas, y universidades (Silbernagel y Hannan, 1992).

Es importante señalar que, en las últimas décadas el intercambio de germoplasma entre los programas de mejoramiento se ha reducido bastante, y actualmente este intercambio está regulado por el Tratado Internacional sobre los Recursos Fitogenéticos para la Alimentación y la Agricultura. Este tratado es un acuerdo internacional y multilateral entre los países miembros para conservar, utilizar y gestionar los recursos fitogenéticos de 64 cultivos para la alimentación y la agricultura en todo el mundo, para beneficio de la población (https://www.fao.org/plant-treaty/). Las especies domesticadas de *Phaseolus, con excepción de Phaseolus dumosus,* están incluidas en este tratado, lo cual permite el intercambio multilateral de accesiones entre países.

B. Métodos de selección en poblaciones segregantes

Pedigrí. Es el método de mejoramiento genético más utilizado en mejoramiento genético de frejoles, ya que después de realizada la cruza entre dos padres superiores, permite la selección de características cualitativas y de alta heredabilidad en las generaciones tempranas F_2-$F_{4,}$ (días a floración, madurez, hábito de crecimiento, tendedura), y de continuar con la selección en las generaciones más avanzadas, F_5-$F_{7,}$ con las características más complejas, de carácter cuantitativo, como son rendimiento y calidad (Carneiro et al., 2002; Kelly y Cichy, 2013; Miklas et al., 2022).

Semilla por descendencia única. El método de semilla (o vaina) por descendencia única es un método más rápido que el de pedigrí, debido a que se puede realizar en invernadero, para obtener más de una generación al año (Urrea y Singh, 1994). En este método, no se realiza selección en las primeras generaciones (F_2-F_5), trabajo que si se realiza en las generaciones más avanzadas donde las líneas experimentales son mas estables. Este método, puede ser utilizado para desarrollar líneas recombinantes consanguíneas (Recombinant inbred lines, RILs), las cuales se pueden usar en estudios genéticos para determinar el tipo de herencia de algunas características (Kelly y Vallejo, 2004; Gepts et al., 2008; Pérez-Vega et al., 2010), y para mantener la pureza de las variedades (Cortinovis et al., 2021).

Selección recurrente. Es un método basado en ciclos que involucra la seleccion y cruza de varios progenitores superiores. Este método ha sido utilizado en frejol en cruzamientos entre genotipos pertenecientes a diferentes razas y acervos genéticos con el objetivo de aumentar el rendimiento, mejorar la arquitectura de la planta (Kelly y Adams, 1987; Singh et al., 1992; Beaver y Kelly, 1994; Ramalho et al., 2005; Silva et al., 2010), y aumentar la resistencia a enfermedades (Arantes et al., 2010; Menezes et al., 2013), ya que permite acumular alelos favorables producto de la recombinación en cada ciclo de selección (Kelly y Adams, 1987; Ranalli, 1996; Singh et al., 1999).

Este método permite estimar la ganancia genética en forma periódica lo que puede ser usado para monitorear el avance del mejoramiento y tomar las decisiones para continuar con el ciclo siguiente. Para evaluar el avance genético, se pueden utilizar varias alternativas como el uso de testigos (controles) en los diferentes ciclos (Amaro et al., 2007); el uso de familias S_2 y S_3 de acuerdo al mayor rendimiento (Ranalli, 1996; Singh et al., 1999); comparación de familias $S_{1:2}$

extractadas en poblaciones de varios ciclos (Silva et al., 2010); y uso de las mejores familias en diferentes ciclos (Ramalho et al., 2005).

Específicamente, la aplicación de este método ha permitido obtener importantes aumentos de rendimiento y un mejoramiento en los hábitos de crecimiento de variedades pertenecientes a diferentes clases comerciales como pinto (Kelly et al., 1990), great northern (Kelly et al., 1999a), rojo pequeño (Hosfield et al., 2004; Menezes et al., 2013), y carioca (Amaro et al., 2007). Sin embargo, este método presenta algunas dificultades en su uso en frejol como, la realización de un gran número de cruzamientos manuales en cada ciclo de selección (Kelly y Cichy, 2013) ya que no se dispone de mecanismos prácticos de machoesterilidad en esta especie.

Selección de gametos. Este método es de gran utilidad en el caso de utilizar cruzamientos de varios padres (Singh, 1994; Singh, 1999a; Singh, 1999b). El método ha sido exitoso en el desarrollo de líneas experimentales resistentes a enfermedades (Terán et al., 2009) y en la identificación de los alelos *bc-3*, para la resistencia a la raza necrótica del mosaico común y el gen *bgm* para la resistencia del virus dorado del mosaico amarillo (BGYMV) (Vélez et al., 1998).

Retrocruza. Este método es a menudo utilizado para incorporar características que poseen herencia simple y alta heredabilidad. Este método consiste en cruzar un padre recurrente con un donante, que posee la característica a seleccionar. Luego, se retrocruza el F_1 con el padre recurrente procedimiento que se repite cuatro a cinco veces periodo en el cual se estima que la característica deseada fue transferida al padre recurrente (Miklas, 2007; Kelly y Cichy, 2013). Las principales desventajas de este método son: a) el mayor tiempo que toma la transferencia de una característica controlada por un gen recesivo; b) el mejoramiento es de una sola característica al mismo tiempo; y c) su baja eficiencia para mejorar características cuantitativas de baja heredabilidad. Es un método que se adapta bien al uso de selección asistida por marcadores moleculares, como por ejemplo resistencia enfermedades (Miklas, 2007; Parker et al., 2021a; b) y en la transferencia de variabilidad genética desde el germoplasma silvestre y variedades locales a diferentes acervos genéticos (Román-Avilés y Kelly, 2005; Blair et al., 2006).

Los programas de mejoramiento a menudo combinan características que tienen distintos grados de heredabilidad, por lo cual, la estrategia debe combinar varios métodos de selección dependiendo de la heredabilidad relativa de las características y de la generación de selección. Por ejemplo, Parker et al., (2021a; b; c; d; e), obtuvo variedades mejoradas de frejol con resistencia al mosaico común, mediante la introducción del gen *I* por retrocruza con selección asistida por marcadores moleculares. Las líneas generadas tuvieron un mayor rendimiento cuando se combinó la retrocruza y la selección por pedigrí (Parker et al., 2021c; d; e), comparado con líneas obtenidas sólo mediante retrocruzas (Parker et al., 2021a; b).

Retrocruza por congruencia. Este método consiste en retrocruzar los híbridos con cada padre (donante y recurrente) en generaciones alternadas. De esta forma, se introducirán caracteres deseables de un donante hacia un recurrente, disminuyendo la introducción de material genético no deseado del donante. Este método permite obtener híbridos menos específicos, fértiles, y con características de ambos padres (Haghighi y Ascher, 1988; Mejía-Jiménez et al., 1994; Urrea y Singh, 1995; Anderson et al., 1996), y producir progenies con niveles de heterocigosidad más altos, lo que facilita la obtención de recombinantes y disminuye la infertilidad en cruzas interespecíficas.

Líneas casi isogénicas (Near Isogenic Lines, NILs). Este es un método utilizado para introgresar un gen desde un padre donante a uno recurrente con fines de mapeo, es decir, para detectar ligamientos entre el *locus* de una característica cuantitativa (QTL) y una característica fenotípica, por ejemplo, resistencia a enfermedades (Ferreira et al., 2017). Las NILs se pueden desarrollar a través de autofecundaciones y retrocruzas (Kaeppler et al., 1993). En algunos casos, mutaciones espontáneas resultan en líneas isogénicas cuando se consigue mantener la línea original (no mutada). Pares de líneas isogénicas pueden ser muy útiles para estudios genéticos que buscan aislar genes responsables por fenotipos agronómicamente importantes, tal como el gen *st* que elimina la presencia de fibras ('strings') en las suturas de las vainas del frejol verde (Parker et al., 2022).

Líneas endogámicas recombinantes (Recombinant Inbred Lines, RILs). Las líneas endogámicas recombinantes son útiles para el mapeo de diversas características, que difieran entre los parentales utilizados para generar una población (Miklas et al., 2000; Casañas et al., 2013; Sandhu et al., 2018). Las RILs se pueden generar mediante la cruza de dos padres endogámicos, seguida por autopolinizaciones repetidas de las líneas o de cruzas entre líneas hermanas (Broman, 2005). En frejol, se ha desarrollado un gran número de poblaciones recombinantes para estudiar la herencia de varias características en los respectivos programas de mejoramiento genético (Gepts et al., 2008).

La mayor ventaja de las RILs es que la misma población de mapeo se puede mantener y usar reiteradas veces para mapear todo tipo de características diferentes y de esta forma detectar múltiples *loci* que contribuyen a controlar rasgos de interés. La caracterización fenotípica de múltiples individuos, permite reducir la variabilidad individual y ambiental al aumentar los puntos de recombinación lo que, a su vez aumenta la resolución de mapeo (Rockman y Kruglyak, 2008).

Cruzamiento de líneas avanzadas (Advanced intercross lines). Otra alternativa para el mapeo genético, es el uso de líneas generadas por el cruzamiento al azar entre líneas de una población F_2, proveniente del cruzamiento de dos líneas puras. Este sistema, utiliza cruzamientos sucesivos al azar para aumentar los puntos de recombinación y mejorar la precisión del mapeo (Darvasi y Soller, 1995).

C. Mutagénesis

Es un método utilizado para obtener nuevas variaciones genéticas. El material generado se puede ocupar como progenitores, líneas experimentales o variedades mejoradas (Ahloowalia et al., 2004; Oladosu et al., 2016).

Como una manera de coordinar los esfuerzos de diferentes países, en el uso de esta tecnología nuclear, en el año 1964, se creó la División Conjunta FAO/OIEA de Técnicas Nucleares en Alimentación y Agricultura. Desde esa fecha, la División Conjunta FAO/OIEA ha sido un líder mundial en la aplicación de irradiación para el mejoramiento de cultivos (FAO/OIEA, 2021).

El uso de este método de mejoramiento incluye tres pasos: a) La creación de variación genética mediante la exposición de las semillas u otros órganos de la planta a mutágenos físicos (rayos gamma o rayos X) o químicos; b) la identificación de las plantas que tienen la mutación deseada; y c) la confirmación de la presencia (estabilidad) de la mutación (Oladosu et al., 2016; FAO/OIEA. 2021). Actualmente, una de las técnicas moleculares usadas para detectar mutaciones es el Tilling (Targeting Induced Local Lesions in Genomes) (Comai y Henikoff, 2006; Porch et al., 2009).

El uso del método de mutaciones ha contribuido a crear más de 3.000 nuevas variedades en más de 210 especies, de las cuales 59 corresponden a nuevas variedades de frejol. Estas nuevas variedades han sido mejoradas por características agronómicas, de calidad, y resistencia o tolerancia a diferentes estreses bióticos y abióticos (FAO/IAEA Mutant Varieties Database).

II. Tecnologías moleculares

A pesar de los logros alcanzados por los programas de mejoramiento genético convencional, el frejol presenta algunas limitaciones como: a) bajo potencial de recombinación asociado a su sistema reproductivo, que es de autopolinización; b) baja heredabilidad de algunas características importantes a mejorar como, rendimiento, calidad y estreses bióticos y abióticos; c) problemas de incompatibilidad de genotipos en cruzas pertenecientes a diferentes acervos genéticos; d) transferencia de características deseadas desde el germoplasma silvestre al cultivado entre otros. Frente a esta situación, existen nuevas tecnologías como el uso de marcadores, selección asistida, identificación de QTLs, mutagénesis *in vitro*, transformación genética y el mejoramiento de precisión (edición de genes). A este grupo de tecnologías, se deben sumar las 'ómicas' como la transcriptómica, proteómica, metabolómica y fenómica que, en conjunto con las anteriores, pueden contribuir a mejorar la eficiencia de los programas de mejoramiento genético para obtener nuevas y superiores variedades a las ya existentes (Singh et al., 2021).

A. Marcadores moleculares

Desde su generación en la década de 1980, los marcadores moleculares han incorporado una nueva visión en los programas de mejoramiento genético (Botstein et al., 1980). Los marcadores moleculares son 'marcas' que se pueden identificar en el genoma de la planta. La detección de estos marcadores, se basan en la presencia del polimorfismo natural de las secuencias de ADN como ausencia, sustitución, o adición de nucleótidos. Los marcadores moleculares presentan varias ventajas en comparación a los marcadores morfológicos y bioquímicos, debido a que se presentan en mayor abundancia, son independientes de la influencia ambiental, y se pueden detectar en cualquier estado de desarrollo y tejido de la planta.

Durante este periodo se han desarrollado un gran número de ellos, entre los cuales se pueden destacar: RFLP (Restriction Fragment Length Polymorphism), RAPD (Random Amplified Polymorphic DNA), ISSR (Inter-Simple Sequence Repeat), SCAR (Sequence Characterized Amplified Region), STS (Sequence-Tagged Site), AFLP (Amplified Polymorphic Lenthg Polymophism), SSR (Simple Sequence Repeat), SNPs (Single Nucleotide Polymorphisms), DArT (Diversity Arrays Technology), InDel (Insertions-Deletions) y marcadores basados en microarreglos, NGS (Next Generation Sequencing), GBS (Genotyping By Sequencing), y RAD-seq (Restriction site-Associated DNA Sequencing), que han sido utilizados en diferentes estudios relacionados con el mejoramiento genético como: estructura genética de poblaciones, diversidad genética, relaciones entre germoplasmas, construcción de mapas genéticos y de asociación, selección asistida, selección recurrente asistida por marcadores, selección genómica, e identificación de variedades, entre otros (Adam-Blondon et al., 1994; Pallottini et al., 2004; Miklas et al., 2006; Kwak y Gepts, 2009; Galeano et al., 2011; Cortés et al., 2011; García et al., 2011; Brinz et al., 2012; Blair et al., 2013; Moghaddam et al., 2014; Ferreira et al., 2017; García et al., 2020; 2021; Kuzay et al., 2020; Varshney et al., 2021).

La amplia disponibilidad de marcadores ha permitido el desarrollo de diferentes plataformas de análisis genético (genotipado) como: GoldenGate (González-Neira, 2013), VeraCode (Lin

et al., 2009), KASP PCR; Kompetitive Allele Specific Polimerase Chain Reaction (He et al., 2014) y varios SNP chips preparados por instituciones públicas y privadas.

Selección asistida por marcadores moleculares. La selección asistida por marcadores moleculares es más eficiente que la selección fenotípica convencional para identificar genotipos superiores que posean las características deseadas, debido a que muchas características poseen una baja penetrancia, herencia compleja, alta influencia ambiental y complejidad en la transferencia de genes recesivos, como también en la piramidación de varios genes (Kelly et al., 2003; Miklas et al., 2006).

Algunos de los métodos usados en mejoramiento, para la transferencia de genes asociados a marcadores moleculares son:

Retrocruza asistida por marcadores (Marker-assisted backcrossing, MABC). El uso del método de retrocruza permite transferir un gen deseado desde un progenitor donante a uno recurrente, a través de varios ciclos de retrocruzas del F_1 con el padre recurrente. Debido a esta situación, el uso de marcadores asociados al gen deseado permite: a) seleccionar la transferencia del gen en forma rápida y precisa; b) seleccionar en forma temprana el gen deseado; c) eliminar el 'linkage drag', es decir, eliminar segmentos de ADN ligados no deseados; d) transferir varios genes que afectan a una misma característica; y e) transferir y seleccionar un gen desde un genotipo silvestre a uno cultivado con mayor precisión y eficiencia (Blair et al., 2006; Miklas, 2007; Blair e Izquierdo, 2012; Uwera et al., 2021).

Marker-based cluster analysis (MBCA). Es un método de selección propuesto para ayudar a la selección fenotípica mediante una sub-muestra de la población que contenga una alta proporción de las líneas superiores y la aplicación de un alto índice basado en QTLs (Tar'an et al., 2003).

B. Identificación de características cuantitativas (QTLs, Quantitative Traits *Loci*)

Un mapa genético molecular es un arreglo lineal de marcadores moleculares (*loci*) en un grupo de ligamiento (cromosoma), producto de las estimaciones de las fracciones de recombinación entre los marcadores.

Los mapas genéticos se pueden usar para realizar diferentes tipos de estudios, tales como: a) organización y estructura del genoma dentro y entre especies; b) evolución de las especies; c) sintenia entre especies relacionadas, d) identificación de genes/QTL, e) clonaje posicional de genes; y f) selección asistida por marcadores (Miklas et al., 2006).

La identificación de los QTLs se realiza a través de experimentos de mapeo, donde las bases genéticas de las características cuantitativas son analizadas en componentes simples. Un QTL es una región específica del ADN (o locus) está asociada a la expresión de la característica estudiada. Generalmente, las características agronómicas de importancia agrícola son cuantitativas, vale decir, están controladas por muchos genes, cada uno de ellos con efectos menores, son de baja heredabilidad y tienen una alta influencia ambiental, como ejemplo, el rendimiento (Miklas et al., 2006).

C. Mapas genéticos

Actualmente, se han desarrollado diferentes estrategias en el mapeo genético tales como: mapas de ligamiento (linkage map), asociativo (association mapping), asociación amplia del genoma (genome wide association mapping) y regional de relaciones genéticas (Regional genomic relationship mapping, RHM).

Estos tipos de mapas genéticos representan las posiciones de los polimorfismos, diferencias en las secuencias de ADN entre individuos y que se miden en centimorgans (cM) (Schmutz et al., 2014).

Mapas de ligamiento. Un mapa de ligamiento indica la posición relativa, el orden y la distancia genética entre marcadores genéticos a lo largo del grupo de ligamiento (cromosoma), a la distancia es calculada en base a la tasa de recombinación durante la meiosis. Por lo cual, los marcadores ubicados en el mismo grupo de ligamiento están ligados y se transmiten en conjunto desde padres a progenies más frecuentemente que aquellos que están en otros grupos de ligamiento o más separados sobre el cromosoma (Collard et al., 2005). Dos *loci* ligados pueden estar en fase de acoplamiento AB/ab (los dos alelos dominantes sobre el mismo cromosoma, y los dos recesivos sobre el cromosoma homólogo), o en fase de repulsión Ab/aB (un alelo dominante y otro recesivo sobre cada cromosoma).

En un mapa de ligamiento, se utiliza una población derivada de un cruzamiento biparental, para identificar las regiones genómicas que segregan con la característica en estudio (Nodari, et al., 1993). Sin embargo, este tipo de mapeo es de baja resolución, ya que se analizan dos alelos por *locus* y los niveles de recombinación son limitados, lo que significa que un QTL que puede abarcar unos pocos cM, al ser trasferido a una distancia física, podría corresponder a un mayor fragmento de ADN que contenga cientos de genes candidatos (Moghaddam et al., 2016).

A pesar de estas limitaciones, se ha desarrollado un número importante de mapas de ligamiento en frejol, producto de cruzamientos entre progenitores de los dos acervos genéticos, Mesoamericano y Andino, con el objetivo de maximizar las variaciones genéticas por diferentes características agronómicas, resistencia a estreses bióticos y abióticos y calidad (Broughton et al., 2003; Kelly y Vallejos, 2004; Gepts et al., 2008; Galeano et al., 2011; de Ron et al., 2015).

Producto de este trabajo de mapeo se han identificado muchos QTLs (Nodari et al., 1992; Vallejos et al., 1992; Nodari et al., 1993; Freire et al., 1998; Yu et al., 2000; Miklas et al., 2001; Park et al., 2001; Johnson y Gepts, 2002; McClean et al., 2002; Tar´an et al., 2002; Beattie et al., 2003; Blair et al., 2003; Kelly et al., 2003; Kolkman y Kelly, 2003; López et al., 2003; Miklas et al., 2003; Pedrosa-Harand et al., 2003; Murray et al., 2004; Blair et al., 2006; Miklas et al., 2006; Grisi et al., 2007; Kwak et al., 2008; Hanai et al., 2009; Pérez-Vega et al., 2010; Blair et al., 2011a; b; Wright y Kelly, 2011; Checa y Blair, 2012; Song et al., 2015).

Recientemente, el uso de nuevas tecnologías como la Next Generation Sequencing (NGS) basadas en secuenciación y re-secuenciación del genoma han permitido construir mapas de alta densidad, estudiar la organización genética del genoma y descubrir millones de nuevas variaciones genéticas (SNP) (Lobaton et al., 2018).

Mapa físico. El mapa físico es una representación gráfica de la ubicación física de características de referencia o marcadores (como los genes, variantes y otras secuencias de ADN de interés)

en un cromosoma o genoma**,** que se puede construir utilizando diferentes estrategias. Una de ellas es la utilización de librerías de BAC (Bacterial Artificial Chromosome), que han sido de utilidad para clonaje posicional de genes, análisis funcional, caracterización de la estructura del genoma y estudios de transformación genética (Schlueter et al., 2008; Córdoba et al., 2010a).

Los mapas genéticos y físicos no son comparables, ya que usan diferentes medidas de distancias. En el caso del mapa físico la distancia se calcula en kilobases (kb) o mega bases (Mb), en cambio en el mapa genético se utiliza centimorgan (cM), distancia que está relacionada con la recombinación genética. Por lo tanto, la relación kb/cM no es constante en el cromosoma de una especie y tampoco entre las especies (Córdoba et al., 2010a).

La importancia de integrar el mapa físico y genético radica en la habilidad de ubicar físicamente un *loci* que es polimórfico entre progenitores mapeados con una alta precisión a un grupo de clones (contigued large-insert) o secuencias y facilitar el clonaje de genes (Córdoba et al., 2010b).

En el caso del frejol, se plantea que la correlación entre los grupos de ligamiento de los mapas y el número de cromosomas es el siguiente. Para los grupos de ligamientos del mapa de Freyre et al., (1998), B1 al B11, el número de cromosoma es correlativo del 1 al 11; en el caso del mapa de Vallejos et al., (1992), los grupos de ligamientos de A a K originales, tienen el siguiente número de cromosoma: (H=1; D=2; C=3; B=4; E=5; G=6; A=7; F=8; K=9; I=10; J=11). Sin embargo, cuando se comparan grupos de ligamientos entre diferentes especies se postuló agregar un prefijo, como Pv (Pv01 a Pv11) para *Phaseolus vulgaris* y para *P. lunatus* o Pl (Pl01 a Pl11) (Pedrosa-Harand et al., 2008; García et al., 2021).

Mapa citogenético. El mapa citogenético es la representación visual y gráfica de los cromosomas de la planta, donde se observa su tamaño, forma y un patrón de bandas específico. La construcción de un mapa citogenético permite posicionar los genes, y los marcadores ligados a éstos, en relación a los marcadores de tipo estructural propios de regiones cromosómicas específicas por ejemplo, centrómeros, telómeros, constricciones secundarias (Pedrosa-Harand et al., 2006; Chen et al., 2018; Do Vale Martins et al., 2021). Por lo cual, el mapa citogenético constituye una etapa intermedia entre los mapas físicos y los mapas genéticos. Actualmente, la mayoría de las técnicas de citogenética molecular se basan en la hibridación *in situ* fluorescente o FISH (Fluorescent *In Situ* Hybridization) (de Oliveira Bustamante et al., 2021).

Los mapas citogenéticos en frejol han permitido entregar información de las frecuencias de recombinación, organización de los cromosomas y proveer puntos de anclaje para futuros mapeos de 'contigs' (secuencia de ADN continua). Es así como, se estableció que el genoma del frejol es pequeño (< 600 Mbp), posee una moderada proporción de secuencias repetidas (~50%), interpuestas con secuencias de copias simples en las regiones de la eucromatina, y que posee una baja recombinación alrededor de la región pericentromérica del genoma (Pedrosa-Harand et al., 2009; Schmutz et al., 2014). Otro estudio, indicó que el genoma del frejol está constituido por un 52% de eucromatina, enriquecido con secuencias de copia simple e intercalada con secuencias repetidas, y el resto del genoma está formado por heterocromatina, constituida por secuencias repetidas y con bajo número de secuencias de copia simple (Fonseca et al., 2010). Posteriormente, se integraron los mapas de ligamiento y mapa de cromosomas mitótico de frejol, lo que permitió una asignación de todos los grupos de ligamiento a los cromosomas de dos variedades 'Saxa' y 'Calima' (Pedrosa et al., 2003).

Mapeo asociativo. La identificación de QTLs a través de los mapas de ligamiento poseen algunas desventajas como: a) bajo nivel de polimorfismo; b) escasos eventos de recombinación; y c) uso de cruzamientos controlados que son lentos y costosos. Debido a esta situación, el uso del mapeo de asociación de genoma amplio GWAS (Genome-Wide Association Studies), se presenta como una alternativa al mapeo de QTLs y como una manera para resolver algunos de los problemas mencionados anteriormente.

A diferencia del mapeo de ligamiento, el mapeo asociativo no requiere del desarrollo de poblaciones de mapeo derivados de cruzamientos biparentales. En este caso, este método utiliza poblaciones naturales o colecciones de germoplasma para identificar el QTL asociado a la característica en estudio. De esta manera, este método posee mayores ventajas que el mapeo de ligamiento ya que presenta una mayor resolución, cobertura de alelos y menor costo.

En los estudios de asociación se pueden distinguir dos estrategias; el mapeo de asociación amplia del genoma (Genome-Wide Association Studies, GWAS) y el Mapeo Regional de Heredabilidad (Regional Heritability Mapping, RHM) para detectar y asociar la variación genética a características de interés. El GWAS analiza polimorfismo de SNP individuales, mientras que el RHM analiza los efectos combinados de múltiples SNPs dentro de una región definida, y a través de métodos estadísticos identifica las regiones genómicas que contribuyen en gran medida a la variación de la característica. De este modo, detecta variaciones génicas frecuentes y escasas, que tienen con poco efecto individual y que son de difícil detección mediante GWAS.

Mapeo de asociación amplia del genoma (Genome Wide Association Studies, GWAS). La estrategia GWAS permite identificar directamente la asociación entre el marcador y la característica en poblaciones naturales o desarrolladas, utilizando el ligamiento de desequilibrio (linkage disequilibrium, LD), lo que permite una mayor cobertura y densidad de marcadores moleculares a través del genoma de la planta, ya que utiliza la historia evolutiva y la recombinación histórica disponible en el germoplasma utilizado. Sin embargo, uno de los problemas de esta estrategia es que la presencia de la estructura de la población puede dar falsos positivos, causar valores altos de LD entre marcadores no ligados (Hyten et al., 2010; Korte y Farlow, 2013; Schmutz et al., 2014; Song et al., 2015; Klasen et al., 2016; Oladzad et al., 2019).

Recientemente, se han realizado una gran cantidad de estudios de GWAS que han permitido abordar el descubrimiento de polimorfismos y/o genes candidatos que afectan la expresión de diferentes características agronómicas, bióticas, abióticas y de calidad (Cichy et al., 2015; Kamfwa et al., 2015a; Kamfwa et al., 2015b; Villordo-Pineda et al., 2015; Moghaddam et al., 2016; Perseguini et al., 2016; Hoyos-Villegas et al., 2017; Ariani et al., 2018; Berny Mier y Terán et al., 2019; Delfini et al., 2021; Leitão et al., 2021; Wu et al., 2021) y la diferenciación entre poblaciones (Papa et al., 2005).

Aunque el poder estadístico de los estudios de asociación (GWAS, single *locus*), es superior al de los mapas de ligamientos, muchos de los pequeños efectos asociados con características complejas no son considerados, por lo cual se han desarrollado nuevas metodologías como multi-*locus* GWAS que permiten identificar un mayor número de marcadores asociados a la característica de interés (Wen et al., 2018; Zhang et al., 2019; Tibbs-Cortés et al., 2021). Estas nuevas metodologías recién se están empezando a utilizar en frejoles para el estudio de características poligénicas, controladas por muchos genes con efectos pequeños y muy influenciados por el medio ambiente.

Mapeo regional de heredabilidad (Regional heritability mapping, RHM). Esta estrategia de mapeo fue diseñada para capturar la variabilidad genética no detectada por los estudios de asociación de GWAS, como la variabilidad presente en pequeños segmentos del genoma (Nagamine et al., 2012; Uemoto et al., 2013). Este método ha demostrado poseer un alto poder para detectar QTLs, con bajas tasas de falsos positivos y que explican un alto porcentaje de la varianza fenotípica de la característica estudiada (Caballero et al., 2015). Hasta la fecha existen pocos estudios realizados en plantas y en frejoles (Resende et al., 2018).

Mapeo asociativo por genes candidatos (Candidate Genes association mapping). Este mapeo analiza la relación entre genes candidatos y características observables, por ejemplo, determinar la base molecular, evolución, y relaciones genéticas y físicas del gen. Por ejemplo, el estudio de los genes *fin* (Kwak et al., 2012; Repinski et al., 2012) y *P* (McClean et al., 2018); la identificación de la base molecular de algunas enfermedades como la resistencia a *Colletotrichum lindemuthianum* (Geffroy et al., 1999; 2000; Richard et al., 2021); del mosaico dorado amarillo del frejol (Soler-Garzón et al., 2021a) y del virus del Mosaico común raza necrótica (Soler-Garzón et al., 2021b). A diferencia de GWAS, este mapeo se focaliza en genes que controlan características de relevancia y no de todo el genoma.

D. Cruzamiento multiparental de generaciones avanzadas (Multi-parent Advanced Generation inter-Cross, MAGIC)

Otra estrategia para mejorar el nivel de precisión y resolución de los estudios de asociación, es el uso del cruzamiento multiparental de generaciones avanzadas (MAGIC). Para ello, se usa material genético elite para desarrollar RILs, donde el genoma de los parentales múltiples es recombinado a través de varios ciclos de cruzamientos, lo que es usado finalmente para generar líneas homocigotas avanzadas estables.

La población MAGIC permite una mayor resolución y poder de detección de QTLs, debido al incremento del nivel de recombinación y a la presencia de una mayor variabilidad fenotípica y genética comparada con las poblaciones biparentales (Díaz et al., 2020a). Por lo tanto, la combinación del estudio de GWAS y de QTLs presentan un menor porcentaje de falsos positivos debido al alto LD, facilitando un mapeo más preciso de una región del cromosoma (QTL) que presenta un amplio intervalo (Díaz et al., 2020a; b; Escobar et al., 2022). De esta forma, se facilita el mapeo de alta resolución de las características cuantitativas (QTL) y la selección asistida por marcadores moleculares de los rasgos deseados en los programas de mejoramiento genético.

III. Selección genómica

Esta metodología permite predecir cuáles individuos, en una población en evaluación, son los mejores progenitores a ser usados en la próxima generación. Los 'valores estimados de mejora genómica' (Genome Estimated Breeding Values, GEBVs) corresponden al resultado de un modelo que relaciona el genotipo (marcadores) con el fenotipo de los individuos que están siendo seleccionados, por lo tanto, esta metodología necesita una buena cobertura de marcadores en todo el genoma (genome-wide) de las características de interés (Meuwissen et al., 2001; Desta y Ortiz, 2014; Crossa et al., 2017; Wang et al., 2018a; b; Xu et al., 2020).

El modelo de predicción de la selección genómica se obtiene de una población de entrenamiento, similar a la población bajo selección o evaluación, donde la población de entrenamiento se evalúa fenotípica y genotípicamente y la población en evaluación sólo genotípicamente. Con posterioridad, los datos de la población bajo selección o evaluación entran en el modelo para calcular los GEBVs de todos los individuos de la población, pudiéndose incluir, incluso individuos que no hayan sido 'fenotipados' previamente (Meuwissen et al., 2001).

En los últimos años, esta metodología se ha usado para evaluar el grado de predicción de los valores estimados de mejora genética (GEBV) para diferentes tipos de germoplasma (Keller et al., 2020), hábitos de crecimiento (Keller et al., 2022), resistencia a patógenos (Díaz et al., 2021a; Shi et al., 2021) y calidad culinaria (Díaz et al., 2021b). Estos estudios revelaron que los GEBV son útiles para seleccionar líneas superiores antes de ser evaluados en el campo, sin embargo, es importante tener en cuenta la heredabilidad de la característica a estudiar, la diversidad del germoplasma y la estructura de la población de entrenamiento (Lehermeier et al., 2015).

IV. Edición de genes (mejoramiento de precisión)

El mejoramiento genético se basa en la manipulación de la variación genética disponible, de ahí nace la necesidad de tener y/o crear variabilidad genética. Actualmente, los nuevos conocimientos científicos permiten usar nuevas tecnologías que son capaces de crear nuevas mutaciones a nivel de nucleótidos y con una alta precisión (Jung y Till, 2021; Abdelrahman et al., 2021).

Recientemente, la edición de genes ha usado varios sistemas tales como: la Nucleasa de Dedos Zinc (Zinc Fingers Nuclease, ZFN), las nucleasas Transcription-Activator Like Effector Nucleases (TALEN), y Cluster Regularly Interspaced Short Palindromic Repeats (CRISPR/Cas) (El-Mounadi et al., 2020; Tsanova et al., 2020). Sin embargo, la edición de genes basada en CRISPR/Cas9 provee el método más simple, versátil y preciso de manipulación genética en plantas. Esta tecnología se basa en dos moléculas, una endonucleasa Cas9 y un ARN guía (gRNA) para cortar y modificar el ADN en lugares específicos del genoma (Jinek et al., 2012).

La edición de genes ha sido usada exitosamente en algunas especies de leguminosas como soya, caupí, garbanzos y en las especies modelos *Medicago truncatula* y *Lotus japonicus*. Sin embargo, otras leguminosas han presentado problemas en la transformación genética y regeneración de plantas (Ochatt et al., 2018). Por lo cual, el éxito de la edición de genes en estas especies dependerá, por un lado, de la disponibilidad de protocolos eficientes de transformación y regeneración de plantas y por otro lado, de la normativa regulatoria y la aceptación de los consumidores de los productos generados con esta tecnología, ya que hasta ahora estas plantas son reguladas como organismos modificados genéticamente, OGM (Bhowmik et al., 2021).

Sin embargo, recientemente el parlamento de la Unión Europea dio la aprobación final de la regulación del uso de nuevas técnicas genómicas (NGTs, en ingles) en el desarrollo de nuevas variedades, dejando solo bajo regulación al desarrollo de plantas OMG.

Transformación genética. La transformación genética puede constituir una herramienta poderosa y complementaria en el traspaso de genes que presentan problemas a través del proceso de hibridación sexual. En este contexto, el frejol ha presentado algunos problemas, en

al menos uno de los sistemas de transformación genética, específicamente el que es mediado por A*grobacterium tumefaciens*. Hasta ahora, la mayoría de la transformación genética realizada en frejoles se ha logrado utilizando electroporación y bombardeo de partículas (Dillen et al., 1995; Kim y Minamikawa, 1996; Aragão et al., 2002; Liu et al., 2005; Tollefson, 2011; Kwapata et al., 2012).

En frejoles la transformación genética se ha utilizado para aumentar los niveles de metionina (Aragão et al., 1999) y la resistencia a virus del mosaico dorado geminivirus (BGMV) (Faria et al., 2006; Bonfim et al., 2007; Aragão et al., 2013; Souza et al., 2018).

El uso de *Agrobacterium* en el proceso de transformación genética ha sido poco exitoso (Franklin et al., 1993; Zhang et al., 1997), debido a los problemas de escasa regeneración de los tejidos utilizados (Colpaert et al., 2008; Arellano et al., 2009; Mukeshimana et al., 2013), aunque recientemente se ha informado de una transformación genética más estable (Solís-Ramose et al., 2019; Song et al., 2020). A pesar de esta situación, el uso de *A. rhizogenes* ha permitido obtener un mayor porcentaje de regeneración (Estrada-Navarrete et al., 2006; Estrada-Navarrete et al., 2007), aunque se ha observado una influencia del órgano utilizado (Veltcheva y Svetleva, 2005; Dang y Wei, 2009; Quintero-Jiménez et al., 2010) y una respuesta genotípica (Sabzikar et al., 2010).

Hasta ahora, para estudiar la función de genes en *Phaseolus* sp., se ha utilizado *Arabidopsis*, la que presenta un alta la taza de transformación por *A. tumefaciens*. De esta forma, se confirmó que el gen *fin*, que controla el hábito de crecimiento determinado en *Phaseolus* sp., es un homólogo del gen *TFL1* de *Arabidopsis* (Repinski et al., 2012).

V. Secuenciación del genoma del frejol (genomas de referencia)

El primer genoma de referencia del frejol fue obtenido desde la línea 'G19833' representante del acervo genético Andino (raza cultivada Perú), utilizando la estrategia de 'whole-genome shotgun sequencing' (WGS). Esta metodología se utilizó para determinar la secuencia completa de ADN de un organismo a través de la fragmentación del genoma en fragmentos aleatorios, su secuenciación y su posterior ensamblaje computacional. Las secuencias obtenidas en frejol se organizaron en 11 pseudomoleculas cromosomales, que incluyó a 473 Mb de los ~587-Mb del genoma, y un 50 % de nucleótidos ensamblados en secuencias de ADN ('contigs') mayores a 39.5 kb (N50). La organización anotada de los cromosomas incluyó a 27.197 *loci* codificadores de proteínas y 4.491 empalmes alternativos (diferentes combinaciones de exones que pueden generar isoformas proteicas) (Schmutz et al., 2014).

El segundo trabajo de secuenciación lo realizó el consorcio ´PhasIbeAm´, que utilizó la línea mejorada ´BAT93´, representante del acervo genético mesoamericano (raza Mesoamérica) mediante un análisis filogenómico, que implicó un estudio de la evolución pasada y reciente del genoma del frejol y que trazó el patrón de diversificación de la expresión de genes siguiendo la duplicación. Los resultados indicaron un tamaño de genoma de ´BAT93´ de 549 Mb, con 30.491 genes codificantes de proteínas. Alrededor de un 70 % de los genes exhibió una expresión asociada al desarrollo de la planta y algunos genes que se expresaron en forma más intensa en algunos órganos y estados específicos de desarrollo. El tamaño/número de N50 fue 433.759/324. La organización anotada determinó 66.634 transcriptos relacionados a

genes codificantes de proteína; 2.529 de ARN pequeños y un 47,6 % de contenido de G+C en los exones de genes codificantes (Vlasova et al., 2016).

Posteriormente, se secuenció el ADN nuclear y el de cloroplasto de 29 accesiones pertenecientes a 12 especies de *Phaseolus*, lo que permitió identificar una nueva especie *P. debouckii*, hermana a *P. vulgaris (*Rendón-Anaya et al., 2017a) y eventos de introgresión asimétrica entre poblaciones de *P. vulgaris* (Rendón-Anaya et al., 2017b).

Desde entonces, se han añadido varias secuencias de referencia según un esquema filogénetico (Parker et al., 2023). Como también se han logrado establecer secuencias de varios acervos, razas ecogeográficas (Singh et al., 1991; Beebe et al., 2000), y especies dentro del género. En *P. vulgaris*, se han establecido secuencias de referencia en la variedad 'Pinto UI111' (raza Durango; https://phytozome-next.jgi.doe.gov/info/PvulgarisUI111_v1_1) and 'Labor Ovalle' (raza Guatemala; https://phytozome-next.jgi.doe.gov/info/PvulgarisLaborOvalle_v1_1). Además, se ha conseguido la secuencia del genoma entero para *P. lunatus* (García et al., 2021) y *P. acutifolius*, tanto silvestre como domesticado (Moghaddam et al., 2021).

Re-secuenciación del genoma total (Whole-genome re-sequencing, WGS). El análisis de la re-secuenciación de 35 genotipos *P. vulgaris* (variedades mejoradas, variedades criollas, líneas experimentales pertenecientes a ambos acervos genéticos) y dos genotipos de *P. acutifolius* y *P. coccineus* determinó: a) un importante nivel de variación genética, que puede llegar a un par de decenas de millones de SNPs, lo que puede ayudar a diseñar partidores y a mejorar la correlación entre la variación fenotípica con haplotipos que representen alelos favorables para características de interés agronómico; b) la presencia de un alto nivel de introgresión entre genotipos mesoamericanos y andinos, incluida la línea 'G19833', usada como representativa del acervo andino, fenómeno que ya había sido detectado anteriormente en otros estudios, utilizando diferentes tipos de marcadores moleculares; c) leves diferencias en el contenido de ADN entre las tres especies de *Phaseolus* estudiadas, y entre los acervos genéticos, con genomas alrededor de 550 Mb; d) una leve tendencia a un mayor contenido de ADN en el germoplasma mesoamericano comparado con el Andino; e) que más de 100 CNVs (Copy Number Variation) distinguieron a ambos acervos genéticos, que incluyó a amplias zonas de regiones codificantes; f) la potencial dificultad de incorporar nueva variabilidad genética en aquellos programas de mejoramiento que poseen fuertes exigencias del mercado relacionadas con algunas clases comerciales; y g) que las restricciones actuales del intercambio de germoplasma está afectando negativamente la incorporación de mayor variabilidad genética en el desarrollo de las nuevas variedades (Lobaton et al., 2018). Por otro lado, la re-sencuenciacion de 683 variedades tradicionales de frejol proveyó la construcción de un pangenoma de 305 Mb de 'contigs' no referencial y de 10.452 genes nuevos (Wang et al., 2025).

Comparación del genoma del frejol con el de soya (Glycine max) y otras especias de *Phaseolus* (sintenia). Otro tipo de estudio relacionado con el genoma del frejol es su comparación con otras especies cercanas genéticamente, como es el caso de la soya (*Glycine max*), para determinar su nivel de homología (sintenia) y avanzar en diferentes estudios básicos y aplicaciones futuras. En este sentido, es importante señalar que, el frejol y la soya se separaron alrededor de 19 millones de años atrás (Lavin et al., 2005; Stefanovic et al., 2009) y que, la soya es un paleopoliploide que tuvo un gran evento de duplicación de su genoma alrededor de 11 millones de años atrás (Schlueter et al., 2004; Yuan y Song, 2023). Por otro lado, el frejol es una especie diploide, que ha tenido eventos de duplicación sólo en algunas partes de su genoma (Freyre et al., 1998).

Los resultados de estos trabajos señalan que: a) una parte importante de los genes del frejol y la soya poseen homología, es así como, que casi todos los genes del frejol están duplicados en el genoma de la soya, ya que casi todas las secuencias del frejol que se mapean en la soya, en esa posición tienen dos copias; b) en soya ocurrió, un evento de tetraploidización hace unos 18 millones de años (Lavín et al., 2005), una extensiva ruptura de cromosomas y un posterior re-arreglo, por lo cual, muchos de los cromosomas consisten en fragmentos de varios cromosomas de frejol; y c) un grupo de ligamiento en frejol es homólogo a varios grupos de ligamiento de soya (Galeano et al., 2009a; b; McClean et al., 2010; Galeano et al., 2011; Cannon y Shoemaker, 2012; Schmutz et al., 2014).

Por otro lado, la existencia de secuencias completas de varias especies domesticadas de *Phaseolus*, en la soya nos permiten concluir que, hay un alto nivel de sintenia entre estas especies (García et al., 2021; Moghaddam et al., 2021). La alta sintenia permite predecir la ubicación de los genes encontrados en frejol común, en los genomas de los frejoles tepari y lima. Por ejemplo, el gen *fin* para el hábito determinado en *Phaseolus* que se encuentra en el cromosoma Pv01 del frejol común (*PvTFL1y*) se encuentra en el cromosoma Pl01 del frejol lima (García et al., 2021). Observaciones similares se han hecho entre los genomas del frejol común y del frejol tepari (Moghaddam et al., 2021).

VI. Tecnologías 'ómicas'

El fenotipo es el producto del genotipo (G) por el ambiente (A) más la interacción del genotipo con el medio ambiente (G*A), por lo tanto, es la expresión de la interrelación del ADN, ARN, proteínas y metabolitos, más la influencia ambiental, por lo cual, el estudio de las ómicas nos pueden ayudar a establecer en forma más precisa las posibles relaciones entre el genotipo (genómica) y el fenotipo (fenómica) (Arbona et al., 2013; Libault y Dickstein, 2014; Cornejo et al., 2022; Massas et al., 2022; Wong et al., 2023).

Las ciencias 'ómicas' incluyen a la genómica, transcriptómica, proteómica, metabolómica, epigenómica y fenómica. La genómica es el estudio de los genes y sus funciones, incluyendo la genética que se refiere al estudio de la secuencias de ADN y su función; la transcriptómica se refiere al estudio de la variación en las secuencias de ARN, su función, y los cambios transcripcionales de los genes expuestos a diferentes condiciones; la metabolómica es el estudio de la variación de los metabolitos y su función; la epigenómica estudia las modificaciones de la expresión de los genes, sin alteración de su código genético, y la fenómica es la caracterización del fenotipo.

Transcriptómica. En los comienzos de los estudios de transcriptómica, los ESTs fueron las únicas secuencias utilizadas como marcadores moleculares en la construcción de mapas genéticos ya que representan secuencias parciales de genes transcritos que indican la expresión de los genes en los diferentes tejidos (Hatey et al., 1998). De esta manera, los ESTs contribuyeron a la fundación de los estudios de transcriptos amplios del genoma (genome-wide transcript), anotación genética, genómica comparativa, e identificación de las bases genéticas de importantes características agronómicas (Melotto et al., 2005; Ramírez et al., 2005; Blair et al., 2009; Blair et al., 2011b; Kalavacharla et al., 2011).

Los estudios realizados con estas secuencias han jugado un rol importante como fuente de generación de nueva variación genética SNP (McConnell et al., 2010), y en el entendimiento

de la adaptación a varios estreses (Bellucci et al., 2014), infección de patógenos (Thibivilliers et al., 2009), deficiencia de fósforo (Tian et al., 2007), duplicaciones del genoma (McClean et al., 2010), sequía y toxicidad de aluminio (Blair et al., 2011a) y a la transferencia de marcadores entre especies (García et al., 2011).

La nueva etapa de los estudios de transcripción se basa en los factores de transcripción (FT), los cuales, por ejemplo, al estreses abiótico y biótico (Wu et al., 2017). Debido a la importancia de los factores de transcripción en la regulación de los genes relacionados con el estrés, se han realizado varios estudios tendientes a determinar el nivel de expresión de estos genes bajo condiciones de estrés; como el salino (Büyük et al., 2016; Kavas et al., 2016; Niron et al., 2020); sequía (Wu et al., 2016); fósforo (Hernández et al., 2007; Silva et al., 2019); frío (Hiz et al., 2014) y en algunos procesos de la planta como la fijación de nitrógeno y nodulación (Vlasova et al., 2016; Kamfwa et al., 2017). Entre los 10 genes de domesticación que se han aislado hasta la fecha, cinco son factores de transcripción (Parker y Gepts, 2021). Estos incluyen los genes *fin* o *PvTFL1y* (Kwak y Gepts, 2009; Kwak et al., 2012), *P* de pigmentación (McClean et al., 2018), *PvCo* de fotoperíodo (González et al., 2021), y *PvMYB26* y *PvIND* de dehiscencia de vainas (Gioia et al., 2013; Di Vittori et al., 2021; Parker et al., 2022).

Proteómica. La proteómica es el estudio de la estructura, función y expresión del conjunto de proteínas presentes en un organismo, incluidas sus modificaciones postraduccionales, es decir, el proteoma. El análisis de una proteína es una de las formas más directas para definir la función del gen asociado, por lo cual, los análisis proteómicos y genómicos son muy importantes para determinar la función del gen. Sin embargo, no existe una relación uno a uno entre el genoma y el proteoma debido a la presencia de algunas modificaciones en los procesos de transcripción, traducción, y postraducción. De esta forma, un gen puede producir varios transcriptos y diferentes variantes de proteínas las que pueden actuar en diferentes compartimentos de la célula y producir cambios en la actividad, estabilidad, complejidad y dinámica de las proteínas, lo que puede tener una enorme implicancia en los procesos biológicos y productivos de las plantas (Kwon et al., 2006; Hossain et al., 2012; Jorrín-Novo et al., 2015).

Durante la última década, la proteómica en frejoles se ha enfocado en estudios de proteínas de almacenaje, fisiología de la semilla, estreses abiótico y biótico y diversidad genética (Jorrín-Novo et al., 2015). Los primeros trabajos de proteómica en frejol estuvieron enfocados a estudiar la faseolina, la principal proteína de almacenaje, utilizando diversos métodos convencionales (Bliss y Brown, 1983; de La Fuente et al., 2011). Posteriormente, la aplicación de la proteómica ha permitido identificar y estudiar la función y expresión de un conjunto de proteínas que actúan en varios procesos en la planta como es germinación y el desarrollo de la semilla (López-Pedrouso et al., 2014; Parreira et al., 2016), y la fijación de nitrógeno (Salavati et al., 2012).

Los estreses abiótico y biótico llevan consigo un importante cambio en la expresión de las proteínas en las plantas, y la proteómica puede proveer una excelente plataforma para la identificación y entendimiento del rol de varias proteínas bajo condiciones de estrés y sin estrés (Hossain et al., 2012). Es así como, la proteómica se ha utilizado en estudios de sequía (Zadražnik et al., 2013), frío (Badowiec et al., 2014), infección de patógenos (Lee et al., 2009; Cooper et al., 2020), y en determinar diferencias entre variedades (Pandurangan et al., 2015; Barbosa et al., 2017).

Metabolómica. La metabolómica es el estudio de la identificación y cuantificación de los metabolitos del metaboloma, en una célula, tejido u órgano en un estado fisiológico del

desarrollo de la planta y frente a un estímulo, como un estrés biótico o abiótico. El metaboloma está formado por metabolitos de bajo peso molecular (< 1500 Da), incluyendo a sus precursores e intermediarios de los patrones de biosíntesis que influencian diversos procesos biológicos, tales como; acumulación de biomasa, arquitectura, defensa, adaptación de las plantas a estreses abióticos y bióticos y nutrición (Obata y Fernie, 2012; Tohge et al., 2017; Christ et al., 2018; Mecha et al., 2022), información que puede ser utilizada en el desarrollo de nuevas variedades (Fernie et al., 2009; Kumar et al., 2017; Mecha et al., 2022).

La metabolómica en frejol ha sido usada para estudiar: a) las variaciones en el perfil metabólico en diferentes variedades y especies pertenecientes a diferentes acervos genéticos y su diseminación geográfica (Rendón-Anaya et al., 2017b); b) la acumulación de metabolitos específicos en diferentes tejidos y variedades (Pérez de Souza et al., 2018; Hernández-Guerrero et al., 2021); c) la adaptación de variedades a diferentes ambientes (Mecha et al., 2022); d) reacción de variedades a estreses (Niron et al., 2020); y e) la reducción de la diversidad metabólica durante el proceso de domesticación (Pérez de Souza et al., 2023).

Recientemente, se han empezado a integrar los diferentes estudios 'ómicos' (Brunetti et al., 2018) con la transcriptómica y metabolómica (Cavill et al., 2016; Chen et al., 2019; Chen et al., 2020) y genómica y proteómica (Wang et al., 2018b), lo que ha permitido obtener una interpretación más integral de los mecanismos genéticos asociados a las variaciones de los metabolitos.

Fenómica. Los fenotipos de las plantas surgen de interacciones complejas entre factores genéticos y ambientales (Elías et al., 2021; Cornejo et al., 2022; Heinemann et al., 2022; Wong et al., 2023; Resende et al., 2024). Sin embargo, la fenotipificación tradicional consume mucho tiempo y mano de obra, es muchas veces menos precisa y destructiva. Dada esta situación es necesario incorporar tecnologías que permitan obtener una gran cantidad datos en forma rápida y precisa, como lo puede hacer la fenómica. En este sentido, la fenómica podría ser de gran utilidad en la selección de genotipos superiores por varias características de interés agronómico (Nguyen y Norton, 2020; Jangra et al., 2021; Massas et al., 2022; Whyte et al., 2025; Hoyos-Villegas y Gore, 2026). Sin embargo, por ahora sus altos costos y altas exigencias tecnológicas y computacionales limitan su adopción generalizada muchos programas de mejoramiento.

VII. Herramientas bioinformaticas y base de datos on line

Algunas de las herramientas bioinformáticas que poseen información relacionada con *Phaseolus*, han sido descritas por varios autores (González et al., 2005; Lei et al., 2011; Bhawna y Gajula, 2016; Dash et al., 2016; Bauchet et al., 2019; Berendzen et al., 2021).

Genesys-PGR: https://www.genesys-pgr.org/

Phytozome database v13 (https://phytozome.jgi.doe.gov)

Legume Information System (LIS): https://legumeinfo.org

KnowPulse (https://knowpulse.usask.ca/)

LegumeIP

PvTFDB: a *Phaseolus vulgaris* transcription factors database.

LegProt: A legume specific protein database.

Referencias

Abdelrahman, M., Wei, Z., Rohila, J., et al. 2021. Multiplex genome-editing technologies for revolutionizing plant biology and crop improvement. Front. Plant Sci. 12:721203.

Adam-Blondon, A., Sévignac, M., Bannerot, H., et al. 1994. SCAR, RAPD and RFLP markers linked to a dominant gene (*Are*) conferring resistance to anthracnose in common bean. Theor. Appl. Genet. 88(6-7):865-870.

Ahloowalia, B., Maluszynski, M., Nichterlein, K. 2004. Global impact of mutation-derived varieties. Euphytica 135:187-204.

Amaro, G., Abreu, A., Ramalho, M., et al. 2007. Phenotypic recurrent selection in the common bean (*Phaseolus vulgaris* L.) with carioca-type grains for resistance to the fungi *Phaeoisariopsis griseola*. Genet. Mol. Biol. 30:584-588.

Anderson, N., Ascher, P., Haghighi, K. 1996. Congruity backcrossing as a means of creating genetic variability in self-pollinated crops; seed morphology of *Phaseolus vulgaris* L. and *P. acutifolius* A. Gray hybrids. Euphytica 87:211-224.

Aragão, F., Barros, L., De Sousa, M., et al. 1999. Expression of a methionine-rich storage albumin from the Brazil nut (*Bertholletia excelsa* HBK, Lecythidaceae) in transgenic bean plants (*Phaseolus vulgaris* L., Fabaceae). Genet. Mol. Biol. 22(3):445-449.

Aragão, F., Nogueira, E., Tinoco, M., et al. 2013. Molecular characterization of the first commercial transgenic common bean immune to the Bean golden mosaic virus. J. Biotechnol. 166(1-2):42-50.

Aragão, F., Vianna, G., Albino, M., et al. 2002. Transgenic dry bean tolerant to the herbicide glufosinate ammonium. Crop Sci. 42(4):1298-1302.

Arantes, L., Abreu, A., Ramalho, M. 2010. Eight cycles of recurrent selection for resistance to angular leaf spot in common bean. Crop Breed. Appl. Biotechnol. 10:232-237.

Arbona, V., Manzi, M., Ollas, C., et al. 2013. Metabolomics as a tool to investigate abiotic stress tolerance in plants. Int. J. Mol. Sci. 14:4885-4911.

Arellano, J., Fuentes, S., Castillo-España, P., et al. 2009. Regeneration of different cultivars of common bean (*Phaseolus vulgaris* L.) via indirect organogenesis. Plant. Cell Tissue Organ Cult. 96(1):11-18.

Ariani, A., Berny Mier y Terán, J., Gepts, P. 2018. Spatial and temporal scales of range expansion in wild *Phaseolus vulgaris*. Mol. Biol. Evol. 35:119-131.

Badowiec, A., Weidner, S. 2014. Proteomic changes in the roots of germinating *Phaseolus vulgaris* seeds in response to chilling stress and post-stress recovery. J. Plant. Physiol. 171(6):389-398.

Barbosa, G., Valentim-Neto, P., Martina Blank, M., et al. 2017. Comparison of grain proteome profiles of four Brazilian common bean (*Phaseolus vulgaris* L.) cultivars**.** J. Agric. Food Chem. 65(34):7588-7597.

Barrera, S., Berny Mier y Terán J., Lobaton, J., et al. 2022. Large genomic introgression blocks of *Phaseolus parvifolius* Freytag bean into the common bean enhance the crossability between tepary and common beans. Plant. Direct 6(12):e470.

Bauchet, G., Bett, K., Cameron, C., et al. 2019. The future of legume genetic data resources: Challenges, opportunities, and priorities. Legume Sci. 1:e16.

Beattie, A., Larsen, J., Michaels, T., et al. 2003. Mapping quantitative trait *loci* for a common bean (*Phaseolus vulgaris* L.) ideotype. Genome 46:411-422.

Beaver, J., Kelly, J. 1994. Comparison of two selection methods for the improvement of dry bean populations derived from crosses between gene pools. Crop Sci. 34:34-37.

Beaver, J., Osorno, J. 2009. Achievements and limitations of contemporary common bean breeding using conventional and molecular approaches. Euphytica 168(2):145-175.

Beebe, S., Skroch, P., Tohme, J., et al. 2000. Structure of genetic diversity among common bean landraces of Middle American origin based on correspondence analysis of RAPD. Crop Sci. 40:264-273.

Bellucci, E., Bitocchi, E., Ferrarini, A., et al. 2014. Decreased nucleotide and expression diversity and modified coexpression patterns characterize domestication in the common bean. Plant. Cell 26(5):1901-1912.

Berendzen, J., Brown, A., Cameron, C., et al. 2021. The legume information system and associated online genomic resources. Opportunities and challenges. Legume Sci. 3(3):e74.

Berny Mier y Terán, J., Konzen, E., Medina, V., et al. 2019. Root and shoot variation in relation to potential intermittent drought adaptation of Mesoamerican wild common bean (*Phaseolus vulgaris* L. Ann. Bot. 124(6):917-932.

Bhawna, V., Gajula M. 2016. PvTFDB: A *Phaseolus vulgaris* transcription factors database for expediting functional genomics in legumes. Database (Oxford) 27:baw114.

Bhowmik, P., Konkin, D., Polowick, P., et al. 2021. CRISPR/Cas9 gene editing in legume crops: Opportunities and challenges. Legume Sci. 3(3):e96.

Blair, M., Cortés, A., Penmetsa, R., et al. 2013. A high-throughput SNP marker system for parental polymorphism screening, and diversity analysis in common bean (*Phaseolus vulgaris* L.). Theor. Appl. Genet. 126(2):535-548.

Blair, M., Fernández, A., Ishitani, M., et al. 2011a. Construction and EST sequencing of full-length, drought stress cDNA libraries for common beans (*Phaseolus vulgaris* L.). BMC Plant. Biol. 11(1):171-115.

Blair, M., Hurtado, N., Chavarro, C., et al. 2011b. Gene-based SSR markers for common bean (*Phaseolus vulgaris* L.) derived from root and leaf tissue ESTs: An integration of the BMc series. BMC Plant. Biol. 11(1):50-10.

Blair, M., Iriarte, G., Beebe, S. 2006. QTL analysis of yield traits in an advanced backcross population derived from a cultivated Andean wild common bean (*Phaseolus vulgaris* L.) cross. Theor. Appl. Genet. 112:1149-1163.

Blair, M., Izquierdo, P. 2012. Use of the advanced backcross-QTL method to transfer seed mineral accumulation nutrition traits from wild to Andean cultivated common beans. Theor. Appl. Genet. 125(5):1015-1031.

Blair, M., Pedraza, F., Buendia, H., et al. 2003. Development of a genome-wide anchored microsatellite map for common bean (*Phaseolus vulgaris* L.). Theor. Appl. Genet. 107(8):1362-1374.

Blair, M., Torres, M., Giraldo, M., et al. 2009. Development and diversity of Andean-derived, gene-based microsatellites for common bean (*Phaseolus vulgaris* L.). BMC Plant. Biol. 9(1):100-114.

Bliss, F., Brown, J. 1983. Breeding common bean for improved quantity and quality of seed protein (pp. 59-102). In J. Janick (ed.). Plant. breeding reviews. Boston (MA): Springer.

Bonfim, K., Faria, J., Nogueira, E., et al. 2007. RNAi-mediated resistance to Bean golden mosaic virus in genetically engineered common bean (*Phaseolus vulgaris*). Mol. Plant-Microbe Interact. 20(6):717-726.

Botstein, D., White, R., Skolnick, M., et al. 1980. Construction of a genetic linkage map in man using restriction fragment length polymorphisms. Am. J. Hum. Genet. 32:314-331.

Brinz, B., Blair, M., Kilian, A., et al. 2012. A whole genome DArT assay to access germplasm collection diversity in common beans. Mol. Breed. 30:181-193.

Broman, K. 2005. The genomes of recombinant inbred lines. Genetics 169:1133-1146.

Broughton, W., Hernandez, G., Blair, M., et al. 2003. Beans (*Phaseolus* spp.) model food legumes. Plant. Soil 252(1):55-128.

Brunetti, A., Carnevale Neto, F., Vera, M., et al. 2018. An integrative omics perspective for the analysis of chemical signals in ecological interactions. Chem. Soc. Rev. 47:1574-1591.

Büyük, İ., Inal, B., Ilhan, E., et al. 2016. Genome-wide identification of salinity responsive HSP70s in common bean. Mol. Biol. Rep. 43(11):1251-1266.

Caballero, A., Tenesa, A., Keightley, P. 2015. The nature of genetic variation for complex traits revealed by GWAS and regional heritability mapping analyses. Genetics 201:1601-1613.

Cannon, S., Shoemaker, R. 2012. Evolutionary and comparative analyses of the soybean genome. Breed. Sci. 61(5):37-444.

Carneiro, J., Ramalho, M., Abreu, A., et al. 2002. Breeding potential of single, double and multiple crosses in common bean. Crop Breed. Appl. Biotechnol. 2: 515-524.

Casañas, F., Pérez-Vega, E., Almirall, A., et al. 2013. Mapping of QTL associated with seed chemical content in a RIL population of common bean (*Phaseolus vulgaris* L.). Euphytica 192:279-288.

Cavill, R., Jennen, D., Kleinjans, J., et al. 2016. Transcriptomic and metabolomic data integration. Brief Bioinform. 17:891-901.

Checa, O., Blair, M. 2012. Inheritance of yield-related traits in climbing beans (*Phaseolus vulgaris* L.). Crop Sci. 52:1998-2013.

Chen, N., Thareau, V., Ribeiro, T., et al. 2018. Common bean subtelomeres are hot spots of recombination and favor resistance gene evolution. Front. Plant. Sci. 9:1185.

Chen, L., Wu, Q., He, W., et al. 2019. *De Novo* transcriptome and metabolome analysis of common bean response to *Fusarium oxysporum* f. sp. *phaseoli* infection. Int. J. Mol. Sci. 20:6278.

Chen, L., Wu, Q., He, T., et al. 2020. Transcriptomic and metabolomic changes triggered by *Fusarium solani* in common bean (*Phaseolus vulgaris* L.). Genes 11(2):177.

Christ, B., Pluskal, T., Aubry, S., et al. 2018. Contribution of untargeted metabolomics for future assessment of biotech crops. Trends Plant. Sci. 23:1047-1056.

Cichy, K., Wiesinger, J., Mendoza, F. 2015. Genetic diversity and genome-wide association analysis of cooking time in dry bean (*Phaseolus vulgaris* L.). Theor. Appl. Genet. 128(8):1555-1567.

Collard, B., Jahufer, M., Brouwe, J., et al. 2005. An introduction to markers, quantitative trait *loci* (QTL) mapping and marker-assisted selection for crop improvement: The basic concepts. Euphytica142:169-196.

Colpaert, N., Tilleman, S., Van Montagu, M., et al. 2008. Composite *Phaseolus vulgaris* plants with transgenic roots as research tool. Afr. J. Biotechnol. 7(4):404-408.

Comai, L., Henikoff, S. 2006. TILLING: Practical single-nucleotide mutation discovery. Plant. J. 45:684-694.

Cooper, B., Campbell, K., Beard, H., et al. 2020. The proteomics of resistance to halo blight in common bean. MPMI 33(9):1161-1175.

Córdoba, J., Chavarro, C., Rojas, F., et al. 2010a. Identification and mapping of simple sequence repeat markers from common bean (*Phaseolus vulgaris* L.) bacterial artificial chromosome end sequences for genome characterization and genetic-physical map integration. Plant. Genome 3:154-165.

Córdoba, J., Chavarro, C., Schlueter, J., et al. 2010b. Integration of physical and genetic maps of common bean through BAC-derived microsatellite markers. BMC Genomics 11:436.

Cornejo, D., Urban, M., Santaella, M., et al. 2022**.** Using phenomics to identify and integrate traits of interest for better-performing common beans: A validation study on an interspecific hybrid and its *Acutifolii* parents. Front. Plant. Sci. 8:13.

Cortés, A., Chavarro, M., Blair, M. 2011. SNP marker diversity in common bean (*Phaseolus vulgaris* L.). Theor. Appl. Genet. 123:827-845.

Cortinovis, G., Oppermann, M., Neumann, K., et al. 2021. Towards the development, maintenance, and standardized phenotypic characterization of single-seed-descent genetic resources for Common bean. Curr. Protoc. 1:(5):e133.

Crossa, J., Pérez-Rodríguez, P., Cuevas, J., et al. 2017. Genomic selection in plant breeding: Methods, models, and perspectives. Trends Plant. Sci. 22:961-975.

Dang, W., Wei, Z. 2009. High frequency plant regeneration from the cotyledonary node of common bean. Biol. Plant. 53(2):312-316.

Darvasi, A., Soller, M. 1995. Advanced intercross lines, an experimental population for fine genetic mapping. Genetics 141:1199-1207.

Dash, S., Campbell, J., Cannon, E., et al. 2016. Legume information system (LegumeInfo.org): A key component of a set of federated data resources for the legume family. Nucleic Acids Res. 44(D1):D1181-D1188.

de La Fuente, M., Borrajo, A., Bermúdez, J., et al. 2011. 2-DEbased proteomic analysis of common bean (*Phaseolus vulgaris* L.) seeds. J. Proteomics 74(2):262-267.

Delfini, J., Moda-Cirino, V., dos Santos Neto, J., et al. 2021. Genome-Wide Association study identifies genomic regions for important morpho-agronomic traits in Mesoamerican common bean. Front. Plant. Sci. 12:748829.

de Oliveira, F., do Nascimento, T., Montenegro, C., et al. 2021. Oligo-FISH barcode in beans: A new chromosome identification system. Theor. Appl. Genet. 134:3675-3686.

de Ron, A., Papa, R., Bitocchi, E., et al. 2015. Common bean (pp. 1-36). In A. De Ron (ed). Grain legumes. Series: Handbook of plant breeding, New York, NY.

Desta, Z., Ortiz, R. 2014. Genomic selection: Genome-wide prediction in plant improvement. Trends Plant. Sci. 19:592-601.

Díaz, L., Arredondo, V., Ariza-Suarez, D., et al. 2021b. Genetic analyses and genomic predictions of root rot resistance in common bean across trials and populations. Front. Plant. Sci. 12:629221.

Díaz, S., Ariza-Suarez, D., Izquierdo, P., et al. 2020a. Genetic mapping for agronomic traits in a MAGIC population of common bean (*Phaseolus vulgaris* L.) under drought conditions. BMC Genomics 21:799.

Díaz, S., Ariza-Suarez, D., Izquierdo, P., et al. 2020b. Replication data for: Genetic mapping for agronomic traits in a MAGIC population of common bean (*Phaseolus vulgaris* L.) under drought conditions. https://doi.org/10.7910/DVN/JR4X4C, Harvard Dataverse, V1, UNF:6:9Mo09XULmZ19DQpPaR+Byw== [fileUNF]

Díaz, S., Ariza-Suarez, D., Ramdeen, R., et al. 2021a. Genetic architecture and genomic prediction of cooking time in common bean (*Phaseolus vulgaris* L.). Front. Plant. Sci. 11:622213.

Dillen, W., Engler, G., Van Montagu, M., et al. 1995. Electroporation-mediated DNA delivery to seedling tissues of *Phaseolus vulgaris* L. (common bean). Plant. Cell Rep. 15(1-2):119-124.

Di Vittori, V., Bitocchi, E., Rodríguez, M., et al. 2021. Pod indehiscence in common bean is associated with the fine regulation of *PvMYB26*. J. Exp. Bot. 72:1617-1633.

do Vale Martins, L., de Oliveira Bustamante F., da Silva Oliveira A.R., et al. 2021. BAC-and oligo-FISH mapping reveals chromosome evolution among *Vigna angularis*, *V. unguiculata*, and *Phaseolus vulgaris*. Chromosoma 130(2-3):133-147.

Duc, G., Agrama, H., Bao, S., et al. 2015. Breeding annual legumes for adaptation to low input cropping systems and new areas: Methods to approach more complex traits and target new variety ideotypes. Crit. Rev. Plant. Sci. 34:381-411.

Elias, J., Gonçalves-Vidigal, M., Ariani, A., et al. 2021. Genome-environment association analysis for bio-climatic variables in common bean (Phaseolus vulgaris L.) from Brazil. Plants 10:1572.

El-Mounadi, K., Morales-Floriano, M., García-Ruiz, H. 2020. Principles, applications, and biosafety of plant genome editing using CRISPR-Cas9. Front. Plant. Sci. 11:56.

Escobar, E., Oladzad, A., Somons, K., et al. 2022. New genomic regions associated with White mold resistance in dry bean using magic population. Plant. Genome 15:e2010.

Estrada-Navarrete, G., Alvarado-Affantranger, X., Olivares, J., et al. 2006. *Agrobacterium rhizogenes* transformation of the *Phaseolus* spp.: A tool for functional genomics. MPMI 19(12):1385-1393.

Estrada-Navarrete, G., Alvarado-Affantranger, X., Olivares, J., et al. 2007. Fast, efficient and reproducible genetic transformation of *Phaseolus* spp. by *Agrobacterium rhizogenes*. Nat. Protoc. 2(7):1819-1824.

FAO/OIEA. 2021. Manual de mejoramiento por mutación-Tercera edición. M. Spencer-Lopes, B. Forster, L. Jankuloski (coords.), Viena, FAO.

Faria, J., Albino, M., Dias, B., et al. 2006. Partial resistance to Bean golden mosaic virus in a transgenic common bean (*Phaseolus vulgaris* L.) line expressing a mutated *rep* gene. Plant. Sci. 171(5):565-571.

Fernie, A., Schauer, N. 2009. Metabolomics-assisted breeding: A viable option for crop improvement? Trends Genet. 25:39-48.

Ferreira, J., Murube, E., Campa, A. 2017. Introgressed genomic regions in a set of near-isogenic lines of common bean revealed by genotyping-by-sequencing. Plant. Genome 10(1):81.

Fonseca, A., Ferreira, J., dos Santos T., et al. 2010. Cytogenetic map of common bean (*Phaseolus vulgaris* L.). Chromosome Res. 18(4):487-502.

Franklin, C., Trieu, T., Cassidy, B., et al. 1993. Genetic transformation of green bean callus via *Agrobacterium* mediated DNA transfer. Plant. Cell Rep. 12(2):74-79.

Freyre, R., Skroch, P., Geffroy, V., et al. 1998. Towards an integrated linkage map of common bean. 4. Development of a core linkage map alignment of RFLP maps. Theor. Appl. Genet. 97:847-856.

Galeano, C., Fernández, A., Franco-Herrera, N., et al. 2011. Saturation of an intra-gene pool linkage map: Towards a unified consensus linkage map for fine mapping and synteny analysis in common bean. PLoS ONE 6(12):e28135.

Galeano, C., Fernández, A., Gómez, M., et al. 2009a. Single strand conformation polymorphism based SNP and indel markers for genetic mapping and synteny analysis of common bean (*Phaseolus vulgaris* L.). BMC Genomics 10:629.

Galeano, H., Gómez, M., Rodríguez, L., et al. 2009b. CEL I nuclease digestion for snp discovery and marker development in common bean (*Phaseolus vulgaris* L.). Crop Sci. 49:381-394.

García, T., Duitama, J., Smolenski, S., et al. 2020. *Phaseolus lunatus* V1. Phytozome genome ID: 563. NCBI taxonomy ID:3884.

García, T., Duitama, J., Smolenski, S., et al. 2021. Comprehensive genomic resources related to domestication and crop improvement traits in lima bean. Nat. Commun. 12:702.

Garcia, R., Rangel, P., Brondani, C., et al. 2011. The characterization of a new set of EST-derived simple sequence repeat (SSR) markers as a resource for the genetic analysis of *Phaseolus vulgaris*. BMC Genet. 12(1):41-14.

Geffroy, V., Sévignac, M., De Oliveira, J., et al. 2000. Inheritance of partial resistance against *Colletotrichum lindemuthianum* in *Phaseolus vulgaris* and co-localization of QTL with genes involved in specific resistance. MPMI 13:287-296.

Geffroy, V., Sicard, D., de Oliveira, J., et al. 1999. Identification of an ancestral resistance gene cluster involved in the coevolution process between *Phaseolus vulgaris* and its fungal pathogen *Colletotrichum lindemuthianum*. MPMI 12:774-784.

Gepts, P., Aragão, F., Barros, E., et al. 2008. Genomics of *Phaseolus* beans, a major source of dietary protein and micronutrients in the Tropics (pp. 113-143). In P.H. Moore, R. Ming (eds.) Genomics of tropical crop plants. Springer, Berlin.

Gioia, T., Logozzo, G., Kami, J., et al. 2013. Identification and characterization of a homologue to the *Arabidopsis INDEHISCENT* gene in common bean. J. Hered. 104:273-286.

González, M., Archuleta, E., Farmer, A., et al. 2005. The legume information system (LIS): An integrated information resource for comparative legume biology. Nucleic Acids Res. 33: D660-D665.

González, A., Vander Schoor, J., Fang, C., et al. 2021. Ancient relaxation of an obligate short-day requirement in common bean through loss of *CONSTANS*-like gene function. Curr. Biol. 31:1643-1652.

González-Neira, A. 2013. The GoldenGate genotyping assay: Custom design, processing and data analysis. Methods Mol. Biol. 1015:147-153.

Grisi, M., Blair, M., Gepts, P., et al. 2007. Genetic mapping of a new set of microsatellite markers in a reference common bean (*Phaseolus vulgaris*) population BAT93 × Jalo EEP558. Genet. Mol. Res. 6:691-706.

Haghighi, K., Ascher, P. 1988. Fertile, intermediate hybrids between *Phaseolus vulgaris* and *P. acutifolius* from congruity backcrossing. Sex Plant. Reprod. 1(1):51-58.

Hanai, L., Santini, L., Camargo, L., et al. 2009. Extension of the core map of common bean with EST-SSR, RGA, AFLP, and putative functional markers. Mol. Breed. 25:25-45.

Hatey, F., Tosser-Klopp, G., Clouscard-Martinato, C., et al. 1998. Expressed sequence tags for genes: A review. Genet. Sel. Evol. 30(6):521-541.

He, C., Holme, J., Anthony, J. 2014. Genotipificación de SNA: El ensayo KASP. Methods Mol. Biol. 1145:75-86.

Heinemann, A., Costa-Neto, G., Fritsche-Neto, R., et al. 2022. Enviromic prediction is useful to define the limits of climate adaptation: A case study of common bean in Brazil. Field Crops Res. 286:108628.

Hernández, G., Ramirez, M., Valdés-López, O., et al. 2007. Phosphorus stress in common bean: Root transcript and metabolic responses. Plant. Physiol. 144(2):752-767.

Hernández-Guerrero, C., Villa-Ruano, N., Zepeda-Vallejo, G., et al. 2021. Bean cultivars (*Phaseolus vulgaris*L.) under the spotlight of NMR metabolomics. Food Res. Int. 150 (Part A):110805.

Hoyos-Villegas, V., Gore, M. 2026. Affordable phenomics special topic-foreword for the plant phenome journal. Plant Phenome J. 9:e70068.

Hiz, M., Canher, B., Niron, H., et al. 2014. Transcriptome analysis of salt tolerant common bean (*Phaseolus vulgaris* L.) under saline conditions. PLoS ONE 9: e92598.

Hosfield, G., Varner, G., Uebersax, M., et al. 2004. Registration of 'Merlot' small red bean. Crop Sci. 44(1):351-353.

Hossain, Z., Nouri, M., Komatsu, S. 2012. Plant. cell organelle proteomics in response to abiotic stress. J. Proteome Res. 11:37-48.

Hoyos-Villegas, V., Song, Q., Kelly, J. 2017. Genome-wide association analysis for drought tolerance and associated traits in common bean. Plant. Genome 10(1):1-17.

Hummel, M., Hallahan, B., Brychkova, G., et al. 2018. Reduction in nutritional quality and growing area suitability of common bean under climate change induced drought stress in África. Sci. Rep. 8:16187.

Hyten, D., Song, Q., Fickus, E. 2010. High-through-put SNP discovery and assay development in common bean. BMC Genomics 11:475.

Jangra, S., Chaudhary, V., Yadav, R.C., et al. 2021. High-throughput phenotyping: A platform to accelerate crop improvement. Phenomics 1:31-53.

Jinek, M., Chylinski, K., Fonfara, I., et al. 2012. A programmable dual-RNA-guided DNA endonuclease in adaptive bacterial immunity. Science 337:816-821.

Johnson, W., Gepts, P. 2002. The role of epistasis in controlling seed yield and other agronomic traits in an Andean × Mesoamerican cross of common bean (*Phaseolus vulgaris* L.). Euphytica 125:69-79.

Jorrín-Novo, J., Pascual, J., Sánchez-Lucas, R., et al. 2015. Fourteen years of plant proteomics reflected in Proteomics: Moving from model species and 2DE–based approaches to orphan species and gel-free plat forms. Proteomics 15:1089-1112.

Jung, C., Till, B. 2021. Mutagenesis and genome editing in crop improvement: Perspectives for the global regulatory landscape. Trends Plant. Sci. 26:1258-1269.

Kaeppler, S., Phillips, R., Kim, S. 1993. Use of near-isogenic lines derived by backcrossing or selfing to map quantitative traits. Theor. Appl. Genet. 87:233-237.

Kalavacharla, V., Liu, Z., Meyers, B., et al. 2011. Identification and analysis of common bean (*Phaseolus vulgaris* L.) transcriptomes by massively parallel pyrosequencing. BMC Plant. Biol. 11(1):135-118.

Kamfwa, K., Cichy, K., Kelly, J. 2015a. Genome-wide association study of symbiotic nitrogen fixation in common bean. Theor. Appl. Genet. 128:1999-2017.

Kamfwa, K., Cichy, K., Kelly, J. 2015b. Genome-wide association study of agronomic traits in common bean. Plant. Genome 8:1-12.

Kamfwa, K., Zhao, D., Kelly, J., et al. 2017. Transcriptome analysis of two recombinant inbred lines of common bean contrasting for symbiotic nitrogen fixation. Plos ONE 12(2):e0172141.

Kavas, M., Baloğlu, M., Atabay, E., et al. 2016. Genome-wide characterization and expression analysis of common bean bHLH transcription factors in response to excess salt concentration. Mol. Genet. Genomic 291(1):129-143.

Keller, B., Ariza-Suarez, D., de la Hoz, J., et al. 2020. Genomic prediction of agronomic traits in common bean (*Phaseolus vulgaris* L.) under environmental stress. Front. Plant. Sci. 11:1001.

Keller, B., Ariza-Suarez, D., Portilla-Benavides, A., et al. 2022. Improving association studies and genomic predictions for climbing beans with data from bush bean populations. Front. Plant. Sci. 13:830896.

Kelly, J., Adams, M. 1987. Phenotypic recurrent selection in ideotype breeding of pinto beans. Euphytica 36(1):69-80.

Kelly, J., Adams, M., Saettler, A., et al. 1990. Registration of 'Sierra' pinto bean. Crop Sci. 30(3):745-746.

Kelly, J., Cichy K. 2013. Dry bean breeding and production technologies (pp. 23-54). In M. Siddiq, M. Uebersax (eds). Dry beans and pulses: Production, processing, and nutrition. Chichester (UK). Wiley-Blackwell.

Kelly, J., Gepts, P., Miklas, P., et al. 2003. Tagging and mapping of genes and QTL and molecular marker-assisted selection for traits of economic importance in bean and cowpea. Field Crops Res. 82:135-154.

Kelly, J., Hosfield, G., Varner, G., et al. 1999a. Registration of 'Matterhorn' great northern bean. Crop Sci. 39(2):589-590.

Kelly, J., Kolkman, J., Schneider, K. 1998. Breeding for yield in dry bean (*Phaseolus vulgaris* L.). Euphytica 102:343-356.

Kelly, J., Miklas, P. 1998. The role of RAPD markers in breeding for disease resistance in common bean. Mol. Breed. 4:1-11.

Kelly, J., Schneider, K., Kolkman, J. 1999b. Breeding to improve yield (pp. 185-222). In S. Singh (ed.). Common bean improvement in the twenty-first century. Developments in plant breeding Vol. 7. Kluwer Acad. Pub., Dordrecht, The Netherlands.

Kelly, J., Vallejo, V. 2004. A comprehensive review of the major genes conditioning resistance to anthracnose in common bean. HortSci. 39(6):1196-1207.

Kim, J., Minamikawa, T. 1996. Transformation and regeneration of French bean plants by the particle bombardment process. Plant. Sci. 117(1-2):131-138.

Klasen, J., Barbez, E., Meier, L., et al. 2016. A multi-marker association method for genome-wide association studies without the need for population structure correction. Nat. Commun. 7:13299.

Kolkman, J., Kelly, J. 2003. QTL conferring resistance and avoidance to white mold in common bean. Crop Sci. 43:539-548.

Korte, A., Farlow, A. 2013. The advantages and limitations of trait analysis with GWAS: A review. Plant. Methods 9:29.

Kumar, R., Bohra, A., Pandey, A., et al. 2017. Metabolomics for plant improvement: Status and prospects. Front. Plant. Sci. 8:1-27.

Kuzay, S., Hamilton-Conaty, P., Palkovic, A., et al. 2020. Is the USDA core collection of common bean representative of genetic diversity of the species, as assessed by SNP diversity? Crop Sci. 60:1398-1414.

Kwak, M., Gepts, P. 2009. Structure of genetic diversity in the two major gene pools of common bean (*Phaseolus vulgaris* L., Fabaceae). Theor. Appl. Genet. 118:979-992.

Kwak, M., Toro, O., Debouck, D., et al. 2012. Multiple origins of the determinate growth habit in domesticated common bean (*Phaseolus vulgaris* L.). Ann. Bot. 110:1573-1580.

Kwak, M., Velasco, D., Gepts, P. 2008. Mapping homologous sequences for determinacy and photoperiod sensitivity in common bean (*Phaseolus vulgaris*). J. Hered. 99(3):283-291.

Kwapata, K., Nguyen, T., Sticklen, M. 2012. Genetic transformation of common bean (*Phaseolus vulgaris* L.) with the *Gus* color marker, the *Bar* herbicide resistance, and the Barley (*Hordeum vulgare*) *HVA1* drought tolerance genes. Int. J. Agron. 2012:198960.

Kwon, S., Choi, E., Choi, Y., et al. 2006. Proteomics studies of post-translational modifications in plants. J. Exp. Bot. 57:1547-1551.

Lavin, M., Herendeen, P., Wojjciechowski, M. 2005. Evolutionary rate analysis of Leguminosae implicates a rapid diversification of lineages during the tertiary. Syst. Biol. 54:575-594.

Lee, J., Feng, J., Campbell, K., et al. 2009. Quantitative proteomic analysis of bean plants infected by a virulent and avirulent obligate rust fungus. Mol. Cell Proteomics 8(1):19-31.

Lehermeier, C., Schön, C., Campos, G. 2015. Assessment of genetic heterogeneity in structured plant populations using multivariate whole-genome regression models. Genetics 201:323-337.

Lei, Z., Dai, X., Watson, B., et al. 2011. A legume specific protein database (LegProt) improves the number of identified peptides, confidence scores and overall protein identification success rates for legume proteomics. Phytochem. 72(10):1020-1027.

Leitão, S., Bicho, M., Pereira, P., et al. 2021. Common bean SNP alleles and candidate genes affecting photosynthesis under contrasting water regimes. Hortic. Res. 8(1):1-14.

Libault, M., Dickstein, R. 2014. Advances in functional genomics in legumes (pp. 15-39). In S. Gupta, N. Nadarajan, D. Gupta (eds.). Legumes in the Omic Era. Springer, New York (NY).

Lin, C., Yealley, J., McDaniel, T., et al. 2009. Medium-to high-throughput SNP genotyping using VeraCode microbeads. Methods Mol. Biol. 496:129-132.

Liu, Z., Park, B., Kanno, A., et al. 2005. The novel use of a combination of sonication and vacuum infiltration in *Agrobacterium*-mediated transformation of kidney bean (*Phaseolus vulgaris* L.) with *Lea* gene. Mol. Breed.16:189.

Lobaton, J., Miller, T., Gil, J. 2018. Resequencing of common bean identifies regions of inter-gene pool introgression and provides comprehensive resources for molecular breeding. Plant. Genome 11:170068.

López, C., Acosta, I., Jara, C., et al. 2003. Identifying resistance gene analogs associated with resistances to different pathogens in common bean. Phytopathol. 93(1):88-95.

López-Pedrouso, M., Alonso, J., Zapata, C. 2014. Evidence for phosphorylation of the major seed storage protein of the common bean and its phosphorylation-dependent degradation during germination. Plant. Mol. Biol. 84(4-5):415-428.

Massas, A., Strock, C., Schneider, H., et al. 2022. Comparative phenomics of root architecture and anatomy in *Phaseolus* species. Crop Sci. 62(6):2347-2365.

McClean, P., Bett, K., Stonehouse, R., et al. 2018. White seed color in common bean (*Phaseolus vulgaris*) results from convergent evolution in the *P* (pigment) gene. New Phytol. 219:1112-1123.

McClean, P., Lee, R., Otto, C., et al. 2002. Molecular and phenotypic mapping of genes controlling seed coat pattern and color in common bean (*Phaseolus vulgaris* L.). J. Hered. 93(2):148-152.

McClean, P., Mamidi, S., McConnell, M., et al. 2010. Synteny mapping between common bean and soybean reveals extensive blocks of shared *loci*. BMC Genomics 11(1):184-110.

McConnell, M., Mamidi, S., Lee, R., et al. 2010. Syntenic relationships among legumes revealed using a gene-based genetic linkage map of common bean. Theor. Appl. Genet. 121(6):1103-1116.

Mecha, E., Erny, G., Guerreiro, A., et al. 2022. Metabolomics profile responses to changing environments in a common bean (*Phaseolus vulgaris* L.) germplasm collection. Food Chem. 370(1):131003.

Mejía-Jiménez, A., Muñoz, C., Jacobsen, H., et al. 1994. Interspecific hybridization between common and tepary beans: Increased hybrid embryo growth, fertility, and efficiency of hybridization through recurrent and congruity backcrossing. Theor. Appl. Genet. 88(3-4):324-331.

Melotto, M., Monteiro-Vitorello, C., Bruschi, A., et al. 2005. Comparative bioinformatics analysis of genes expressed in common bean (*Phaseolus vulgaris* L.) seedlings. Genome 48(3):562-570.

Menezes Jr, J., Rezende Jr, L., Rocha, G., et al. 2013. Two cycles of recurrent selection in red bean breeding. Crop Breed. Appl. Biotechnol. 13:41-48.

Meuwissen, T., Hayes, B., Goddard, M. 2001. Prediction of total genetic value using genome-wide dense marker maps. Genetics 157:1819-1829.

Miklas, P. 2007. Marker-assisted backcrossing QTL for partial resistance to *Sclerotinia* white mold in dry bean. Crop Sci. 47(3):935-942.

Miklas, P., Coyne, D., Grafton, K., et al. 2003. A major QTL for common bacterial blight resistance derives from the common bean great northern landrace cultivar Montana. Euphytica 131(1):137-146.

Miklas, P., Delorme, R., Stone, V., et al. 2000. Bacterial, fungal, and viral disease resistance *loci* mapped in a recombinant inbred common bean population ('Dorado'/XAN 176). J. Am. Soc. Hort. Sci. 125:476-481.

Miklas, P., Johnson, W., Delorme, R., et al. 2001. QTL conditioning physiological resistance and avoidance to white mold in dry bean. Crop Sci. 41:309-315.

Miklas, P., Kelly, J., Beebe, S., et al. 2006. Common bean breeding for resistance against biotic and abiotic stresses: From classical to MAS breeding. Euphytica 147:105-131.

Miklas, P., Kelly, J., Cichy, K. 2022. Dry bean breeding and production technologies (pp. 29-56). In M. Siddiq, M. Uebersax (eds.). Dry bean and pulses: Production, processing, and nutrition. Second edition. J. Willey and Son Ltd.

Moghaddam, S., Mamidi, M., Osorno, S., et al. 2016. Genome-wide association study identifies candidate *loci* underlying agronomic traits in a Middle American diversity panel of common bean. Plant. Genome 9:1-21.

Moghaddam, S., Oladzad, A., Koh, C., et al. 2021. The tepary bean genome provides insight into evolution and domestication under heat stress. Nat. Commun. 12:2638.

Moghaddam, S., Song, Q., Mamidi, S., et al. 2014. Developing market class specific InDel markers from next generation sequence data in *Phaseolus vulgaris* L. Front. Plant. Sci. 5:185.

Mukeshimana, G., Ma, Y., Walworth, E., et al. 2013. Factors influencing regeneration and *Agrobacterium tumefaciens*-mediated transformation of common bean (*Phaseolus vulgaris* L.). Plant. Biotechnol. Rep. 7:59-70.

Murray, J., Michaels, T., Cardona, C., et al. 2004. Quantitative trait *loci* for leafhopper (*Empoasca fabae* and *Empoasca kraemeri*) resistance and seed weight in common bean. Plant. Breed. 123:474-479.

Nagamine, Y., Pong-Wong, R., Navarro, P., et al. 2012 Localizing *loci* underlying complex trait variation using regional genomic relationship mapping. PLoS ONE 7:e46501.

Niron, H., Barlas, N., Salih, B., et al. 2020. Comparative transcriptome, metabolome, and ionome analysis of two contrasting common bean genotypes in saline conditions. Front. Plant. Sci. 11:599501.

Nodari, R., Koinange, E., Kelly, J., et al. 1992. Towards an integrated linkage map of common bean: 1. Development of genomic DNA probes and levels of restriction fragment length polymorphism. Theor. Appl. Genet. 84(1-2):186-192.

Nodari, R., Tsai, S., Guzmán, P., et al. 1993. Toward an integrated linkage map of common bean. III. Mapping genetic factors controlling host-bacteria interactions. Genetics 134(1):341-350.

Nguyen, G., Norton, S. 2020. Genebank phenomics: A strategic approach to enhance value and utilization of crop germplasm. Plants 9 (7):817.

Obata, T., Fernie, A. 2012. The use of metabolomics to dissect plant responses to abiotic stresses. Cell. Mol. Life Sci. 69:3225-3243.

Ochatt, S., Conreux, C., Moussa Mcolo, R., et al. 2018. Phytosulfokine-alpha, an enhancer of *in vitro* regeneration competence in recalcitrant legumes. Plant. Cell Tissue Organ Cult. 135:189-201.

Oladosu, Y., Rafii, M., Abdullah, N., et al. 2016. Principle and application of plant mutagenesis in crop improvement: A review. Biotechnol. Biotechnol. Equip. 30(1):1-16.

Oladzad, A., Porch, T., Rosas, J., et al. 2019. Single and multi-trait GWAS identify genetic factors associated with production traits in common bean under abiotic stress environments. G3: Genes, Genomes, Genet. 9(6):1881-1892.

Pallottini, L., Garcia, E., Kami, J., et al. 2004. The genetic anatomy of a patented yellow bean. Crop Sci. 44:968-977.

Pandurangan, S., Sandercock, M., Beyaert, R., et al. 2015. Differential response to sulfur nutrition of two common bean genotypes differing in storage protein composition. Plant. Physiol. 6(92):1-11.

Papa, R., Acosta, J., Delgado-Salinas, A., et al. 2005. A genome-wide analysis of differentiation between wild and domesticated *Phaseolus vulgaris* from Mesoamerica. Theor. Appl. Genet. 111:1147-1158.

Park, S., Coyne, D., Steadman, J., et al. 2001. Mapping of QTL for resistance to white mold disease in common bean. Crop Sci. 41(4):1253-1262.

Parker, T., Acosta-Gallegos, J., Beaver, J., et al. 2023. Genetic resources and breeding priorities in *Phaseolus* beans: Vulnerability, resilience, and future challenges. Plant. Breed. Rev. 46:289-420.

Parker, T., Cetz, J., de Sousa, L., et al. 2022. Loss of pod strings in common bean is associated with gene duplication, retrotransposon insertion and overexpression of *PvIND*. New Phytol. 235:2454-2465.

Parker, T., Gepts, P. 2021. Population genomics of *Phaseolus* spp.: A domestication hotspot (pp. 1-83). In O. Rajora (ed.) Population Genomics. Springer International Publishing, Cham, Switzerland.

Parker, T., Palkovic, A., Brummer, E., et al. 2021a. Registration of 'UC Rio Zape' heirloom-like dry bean. J. Plant. Regist. 15:37-42.

Parker, T., Palkovic, A., Brummer, E., et al. 2021b. Registration of 'UC Tiger's Eye' heirloom-like dry bean. J. Plant. Regist. 15:16-20.

Parker, T., Palkovic, A., Brummer, E., et al. 2021c. Registration of 'UC Sunrise' heirloom-like orange and white mottled bean. J. Plant. Regist. 15:43-47.

Parker, T., Palkovic, A., Brummer, E., et al. 2021d. Registration of 'UC Southwest Gold' heirloom-like gold and white mottled bean. J. Plant. Regist. 15:48-52.

Parker, T., Palkovic, A., Brummer, E., et al. 2021e. Registration of 'UC Southwest Red' heirloom-like red and white mottled bean. J. Plant. Regist. 15:21-27.

Parreira, J., Bouraada, J., Fitzpatrick, M., et al. 2016. Differential proteomics reveals the hallmarks of seed development in common bean (*Phaseolus vulgaris* L.). J. Proteomics 143:188-198.

Pedrosa, A., Vallejos, C., Bachmair, A., et al. 2003. Integration of common bean (*Phaseolus vulgaris* L.) linkage and chromosomal maps. Theor. Appl. Genet. 106:205-212.

Pedrosa-Harand, A., Almeida, C., Mosiolek, M., et al. 2006. Extensive ribosomal DNA amplification during Andean common bean (*Phaseolus vulgaris* L.) evolution. Theor. Appl. Genet. 112:924-933.

Pedrosa-Harand, A., Kami, J., Gepts, P., et al. 2009. Cytogenetic mapping of common bean chromosome reveals a less compartmentalized small-genome plant species. Chromosome Res. 17:405-417.

Pedrosa-Harand, A., Porch, T., Gepts, P. 2008. Standard nomenclature for common bean chromosomes and linkage groups. Annu. Rep. Bean Improv. Coop. 51:106-107.

Pérez de Souza, L., Bitocchi, E., Papa, R., et al. 2023. Decreased metabolic diversity in common beans associated with domestication revealed by untargeted metabolomics, information theory, and molecular networking. Plant. J. 115(4):1021-1036.

Pérez de Souza, L., Scossa, F., Proost, S., et al. 2018. Multi-tissue integration of transcriptomic and specialized metabolite profiling provides tools for assessing the common bean (*Phaseolus vulgaris*) metabolome. Plant. J. 97:1132-1153.

Pérez-Vega, E., Paneda, A., Rodríguez-Suarez, C., et al. 2010. Mapping of QTLs for morpho-agronomic and seed quality traits in a RIL population of common bean (*Phaseolus vulgaris* L.). Theor. Appl. Genet. 120:1367–1380.

Perseguini, J., Oblessuc, P., Rosa, J., et al. 2016. Genome-wide association studies of anthracnose and angular leaf spot resistance in common bean (*Phaseolus vulgaris* L.). PLoS ONE 11(3):e0150506.

Porch, T., Blair, M., Lariguet, P., et al. 2009. Generation of a mutant population for TILLING common bean genotype BAT 93. J. Amer. Soc. Hort. Sci. 134(3):348-355.

Quintero-Jiménez, A., Espinosa-Huerta, E., Acosta-Gallegos, J., et al. 2010. Enhanced shoot organogenesis and regeneration in the common bean (*Phaseolus vulgaris* L.). Plant. Cell Tissue Organ Cult. 102(3):381-386.

Ramalho, M., Abreu, A., Santos, J. 2005. Genetic progress after four cycles of recurrent selection for yield and grain traits in common bean. Euphytica 144:23-29.

Ramírez, M., Graham, M., Blanco-López, L., et al. 2005. Sequencing and analysis of common bean ESTs. Building a foundation for functional genomics. Plant. Physiol. 137(4):1211-1227.

Ranalli, P. 1996. Phenotypic recurrent selection in common bean (*Phaseolus vulgaris* L.) based on performance of S2 progenies. Euphytica 87:127-132.

Rendón-Anaya, M., Herrera-Estrella, A., Gepts, P., et al. 2017a. A new species of *Phaseolus* (Leguminosae, Papilionoideae) sister to *Phaseolus vulgaris*, the common bean. Phytotaxa 313:259-266.

Rendón-Anaya, M., Montero-Vargas, J., Saburido-Álvarez, S., et al. 2017b. Genomic history of the origin and domestications of common bean in the Americas unveils its closest sister species. Genome Biol. 18:60.

Repinski, S., Kwak, M., Gepts, P. 2012. The common bean growth habit gene *PvTFL1*y is a functional homolog of *Arabidopsis TFL1*. Theor. Appl. Genet. 124:1539-1547.

Resende, R., Hickey, L., Amaral, C., et al. 2024. Satellite-enabled enviromics to enhance crop improvement. Molecular Plant 17: 848-866.

Resende, R., Resende, M., Azevedo, C., et al. 2018. Genome-wide association and regional heritability mapping of plant architecture, lodging and productivity in *Phaseolus vulgaris*. G3: Genes, Genomes, Genetics 8:2141.

Richard, M., Gratias, A., Alvarez-Días, J., et al. 2021. A common bean truncated CRINKLY4 kinase controls gene-for-gene resistance to the fungus *Colletotrichum lindemuthianum*. J. Exp. Bot. 72(10):3569-3581.

Rockman, M., Kruglyak, L. 2008. Breeding designs for recombinant inbred advanced intercross lines. Genetics 179:1069-1078.

Resende, R., Hickey, L., Amaral, C., et al. 2024. Satellite-enabled enviromics to enhance crop improvement. Molecular Plant 17: 848-866.

Román-Avilés, B., Kelly, J. 2005. Identification of quantitative trait *loci* conditioning resistance to *Fusarium* root rot in common bean. Crop Sci. 45(5):1881-1890.

Sabzikar, R., Sticklen, M., Kelly, J. 2010. *In vitro* regeneration and morphogenesis studies in common bean. Plant. Cell, Tissue Organ Cult. 100(1):97-105.

Sahruzaini, N., Rejab, N., Harikrishna, J., et al. 2020. Pulse crop genetics for a sustainable future: Where we are now and where we should be heading. Front. Plant. Sci. 11:531.

Salavati, A., Taleei, A., Bushehri, A., et al. 2012. Analysis of the proteome of common bean (*Phaseolus vulgaris* L.) roots after inoculation with *Rhizobium etli*. Protein Pept. Lett. 19(8):880-889.

Sandhu, K., You, F., Conner, R., et al. 2018. Genetic analysis and QTL mapping of the seed hardness trait in a black common bean (*Phaseolus vulgaris*) recombinant inbred line (RIL) population. Mol. Breed. 38:34.

Schlueter, J., Dixon, P., Granger, C., et al. 2004. Mining the EST databases to determine evolutionary events in the legumes and grasses. Genome 47:868-876.

Schlueter, J., Goicoechea, J., Collura, K., et al. 2008. BAC-end sequence analysis and a draft physical map of the common bean (*Phaseolus*). Trop. Plant. Biol. 1:40-48.

Schmutz, J., McClean, P., Mamidi, S., et al. 2014. A reference genome for common bean and genome-wide analysis of dual domestications. Nat. Genet. 46:707-713.

Şen, K., Koca, A., Kacar, G. 2020. Importance, biology, damage and management of bean weevil *Acanthoscelides obtectus* Say (Coleoptera: Chrysomelidae). J. Inst. Sci. Technol. 10(3):1518-1527.

Shi, A., Gepts, P., Song, Q., et al. 2021. Genome-wide association study and genomic prediction for soybean *Cyst* nematode resistance in USDA common bean (*Phaseolus vulgaris*) core collection. Front. Plant. Sci. 12:624156.

Silbernagel, M., Hannan, R. 1992. Use of plant introductions to develop U.S. bean cultivars. In Use of plant introductions in cultivar development, Part 2, CSSA Special Publication Nº 20. Madison, WI.

Silva, D., Tsai, S., Chiorato, A., et al. 2019. Analysis of the common bean (*Phaseolus vulgaris* L.) transcriptome regarding efficiency of phosphorus use. PLoS ONE 14(1):e0210428.

Silva, G., Ramalho, M., Abreu, A., et al. 2010. Estimation of genetic progress after eight cycles of recurrent selection for common bean grain yield. Crop Breed. Appl. Biotechnol. 10:351-356.

Singh, D., Chaudhary, P., Taunk, J., et al. 2021. Advances in Fabaceae for abiotic stress resilience: From 'omics' to artificial intelligence. Int. J. Mol. Sci. 22 (19):10535.

Singh, S. 1991. Breeding for seed yield (pp. 383-443). In A. Van Schoonhoven; O. Voysest (eds.). Common beans. Research for crop improvement. CAB Int. CIAT, Colombia.

Singh, S. 1994. Gamete selection for simultaneous improvement of multiple traits in common bean. Crop Sci. 34(2):352-355.

Singh, S. 1999a. Integrated genetic improvement (pp. 133-165). In S. Singh S. (ed.). Common bean improvement in the twenty-first century. Development in plant breeding 7. Dordrecht. Springer.

Singh, S. 1999b. Production and utilization (pp. 1-24). In S. Singh (ed.). Common bean improvement in the twenty-first century. Development in plant breeding 7. Dordrecht. Springer.

Singh, S., Gepts, P., Debouck, D. 1991. Races of common bean (*Phaseolus vulgaris*, Fabaceae). Econ. Bot. 45: 379-396.

Singh, S., Terán, H., Muñoz, C., et al. 1999. Two cycles of recurrent selection for seed yield in common bean. Crop Sci. 39:391-397.

Singh, S., Urrea, C.; Molina, A., et al. 1992. Performance of small-seeded common bean from the second selection cycle and multiple-cross intra- and interracial populations. Can. J. Plant. Sci. 72:735-741.

Soler-Garzón, A., McClean, P., Miklas, P. 2021b. Genome-wide association mapping of *bc-1* and *bc-u* reveals candidate genes and new adjustments to the host pathogen interaction for resistance to Bean common mosaic necrosis virus in common bean. Front. Plant. Sci. 12:699569.

Soler-Garzón, A., Oladzad, A., Beaver, J., et al. 2021a. *NAC* candidate gene marker for *bgm-1* and interaction with QTL for resistance to Bean golden yellow mosaic virus in common bean. Plant. Sci. 12:628443.

Solís-Ramose, L., Ortíz-Pavon, J., Andrade-Torres, A., et al. 2019. *Agrobacterium tumefaciens*-mediated transformation of common bean (*Phaseolus vulgaris*) var. Brunca. Rev. Biol. Trop. 67(2):83-94.

Song, G., Han, X., Wiersma, A., et al. 2020. Induction of competent cells for *Agrobacterium tumefaciens*-mediated stable transformation of common bean (*Phaseolus vulgaris* L.). PLoS ONE 15(3):e0229909.

Song, Q., Jia, G., Hyten, D., et al. 2015. SNP assay development for linkage map construction, anchoring whole-genome sequence, and other genetic and genomic applications in common bean. G3: Genes, Genomes, Genet. 5:2285-2290.

Souza, T., Faria, J., Aragão, F., et al. 2018. Agronomic performance and yield stability of the RNA interference-based Bean golden mosaic virus-resistant common bean. Crop Sci. 58(2):579-591.

Stefanovic, S., Pfeil, B., Palmer, J. 2009. Relationships among phaseoloid legumes based on sequences from eight chloroplast regions. Syst. Bot. 34:115-128.

Tar'an, B., Michaels, T., Pauls, K. 2002. Genetic mapping of agronomic traits in common bean. Crop Sci. 42:544-556.

Tar'an, B., Michaels, T., Pauls, K. 2003. Marker-assisted selection for complex trait in common bean (*Phaseolus vulgaris* L.) using QTL-based index. Euphytica 130:423-432.

Terán, H., Lema, M., Webster, D., et al. 2009. 75 years of breeding pinto bean for resistance to diseases in the United States. Euphytica 167(3):341-351.

Thibivilliers, S., Joshi, T., Campbell, K., et al. 2009. Generation of *Phaseolus vulgaris* ESTs and investigation of their regulation upon *Uromyces appendiculatus* infection. BMC Plant. Biol. 9(1):46-13.

Tian, J., Venkatachalam, P., Liao, H., et al. 2007. Molecular cloning and characterization of phosphorus starvation responsive genes in common bean (*Phaseolus vulgaris* L.). Planta

227(1):151-165.

Tibbs-Cortés, L., Zhang, Z., Yu, J. 2021. Status and prospects of genome-wide association studies in plants. Plant. Genome 14 (1):e20077.

Tohge, T., de Souza, L., Fernie, A. 2017. Current understanding of the pathways of flavonoid biosynthesis in model and crop plants. J. Exp. Bot. 68:4013-4028.

Tollefson, J. 2011. Brazil cooks up transgenic bean. Nature 478:168.

Tsanova, T., Stefanova, L., Topalova, L., et al. 2020. DNA-free gene editing in plants: A brief overview. Biotechnol. Biotechnol. Equipm. 35(1):131-138.

Uemoto, Y., Pong-Wong, R., Navarro, P., et al. 2013. The power of regional heritability analysis for rare and common variant detection: Simulations and application to eye biometrical traits. Front. Genet. 4:232.

Urrea, C., Singh, S. 1994. Comparison of mass, F_2-derived family, and single-seed-descent selection methods in an interracial population of common bean. Can. J. Plant. Sci. 74(3):461-464.

Urrea, C., Singh S. 1995. Comparison of recurrent and congruity backcrossing for interracial hybridization in common bean. Euphytica 81:21-26.

USDA, 2026. European Parliament passes landmark new genomic techniques regulation.

Uwera, A., Rusagara, J., Msolla, S., et al. 2021. Molecular marker-assisted backcrossing of anthracnose resistance genes into common beans (*Phaseolus vulgaris* L.) varieties. Am. J. Plant. Sci. 12:771-781.

Vallejos, C., Sakiyama, N., Chase, C. 1992. A molecular marker-based linkage map of *Phaseolus vulgaris* L. Genetics 131(3):733-740.

Varshney, R., Bohra, A., Yu, J., et al. 2021. Designing future crops: Genomics-assisted breeding comes of age. Trends Plant. Sci. 26: 631-649.

Velez, J., Bassett, M., Beaver, J., et al. 1998. Inheritance of resistance to bean golden mosaic virus in common bean. J. Am. Soc. Hortic. Sci. 123(4):628-631.

Veltcheva, M., Svetleva, D. 2005. *In vitro* regeneration of *Phaseolus vulgaris* L. via organogenesis from petiole explants. J. Cent. Eur. Agric. 6(1):53-58.

Villordo-Pineda, E., González-Chavira, M., Giraldo-Carbajo, P., et al. 2015. Identification of novel drought-tolerant-associated SNPs in common bean (*Phaseolus vulgaris*). Front. Plant. Sci. 6:546.

Vlasova, A., Capella-Gutiérrez, S., Rendón-Anaya, M., et al. 2016. Genome and transcriptome analysis of the Mesoamerican common bean and the role of gene duplications in establishing tissue and temporal specialization of genes. Genome Biol. 17:32.

Volpato, L., Wright, E., Gomez, F. 2024. Drone-based digital phenotyping to evaluating relative maturity, stand count, and plant height in dry beans (Phaseolus vulgaris L.). Plant Phenomics 6: 0278.

Wang, W., Jacobs, J., Chilvers, M., et al. 2018a. QTL analysis of *Fusarium* root rot resistance in an Andean× Middle American common bean RIL population. Crop Sci. 58:1166-1180.

Wang, X., Xu, Y., Hu, Z., et al. 2018b. Genomic selection methods for crop improvement: Current status and prospects. Crop J. 6:330-240.

Wang, X., Yan, M., Cui, S., et al. 2025. Common bean pan-genome reveals abundant variation patterns and relationships of stress response genes and pathways. BMC Genomics 26:495.

Wen, Y., Zhang, H., Ni, Y., et al. 2018. Methodological implementation of mixed linear models in multi-*locus* genome-wide association studies. Brief. Bioinf. 19:700-712.

Whyte, M., Jackson, M., Volpato, L., et al. 2025. Prediction of symbiotic nitrogen fixation in common bean (Phaseolus vulgaris L.) using unmanned aerial system remote sensing. Plant Phenome J. 8(1): e70031.

Wong, C., Gilbert, M., Pierce, M., et al. 2023. Hyperspectral remote sensing for phenotyping the physiological drought response of common bean and thepary bean. Plant. Phenomics 5:21.

Wright, E., Kelly, J. 2011. Mapping QTL for seed yield and canning quality following processing of black bean (*Phaseolus vulgaris* L.). Euphytica 179(3):471-484.

Wu, J., Chen, J., Wang, L., et al. 2017. Genome-wide investigation of WRKY transcription factors involved in terminal drought stress response in common bean. Front. Plant. Sci. 8:380.

Wu, J., Wang, L., Wang, S. 2016. Comprehensive analysis and discovery of drought-related NAC transcription factors in common bean. BMC Plant. Biol. 16(1):1-13.

Wu, L., Chang, Y., Wang, L., et al. 2021. Genetic dissection of drought resistance based on root traits at the bud stage in common bean. Theor. Appl. Genet. 134: 1-15.

Xu, Y., Liu, X., Fu, J., et al. 2020. Enhancing genetic gain through genomic selection: From livestock to plants. Plant. Commun. 1:100005.

Whyte, M., Jackson, M., Volpato, L., et al. 2025. Prediction of symbiotic nitrogen fixation in common bean (Phaseolus vulgaris L.) using unmanned aerial system remote sensing. Plant Phenome J. 8(1): e70031.

Yu, K., Park, S., Poysa, V., et al. 2000. Integration of simple sequence repeat (SSR) markers into a molecular linkage map of common bean (*Phaseolus vulgaris* L.). J. Hered. 91(6):429-434.

Yuan, J., Song, Q. 2013. Polyploidy and diploidization in soybean. Mol. Breed. 6(43):51

Zadražnik, T., Hollung, K., Egge-Jacobsen, W., et al. 2013. Differential proteomic analysis of drought stress response in leaves of common bean (*Phaseolus vulgaris* L.). J. Proteomics 78:254-272.

Zhang, Z., Coyne, D., Mitra, A. 1997. Factors affecting *Agrobacterium*-mediated transformation of common bean. J. Am. Soc. Hort. Sci. 122(3):300-305.

Zhang, Y., Jia, Z., Dunwell, J. 2019. The applications of new multi-*locus* GWAS methodologies in the genetic dissection of complex traits. Front. Plant. Sci. 10:100.



Índice

SECCIÓN IX

Producción y comercialización del frejol a nivel internacional


BANQUETE
Natura
Poroto Caballero
LA PORTEÑA
Frejol
Poroto Negro
PORROTOS GRANADOS
wasil
Poroto Tortolo
Garbanzos
Poroto Hallado
Oregón
POROTO
PORO TOS
Poroto Blanco

Capítulo 24. Producción y comercialización de frejol en el mundo

Mario Paredes C., Viviana Becerra V.

El frejol es un cultivo que se produce y comercializa en varios continentes, en diferentes clases comerciales y bajo diferentes ambientes y sistemas de cultivo. Para analizar esta situación se tomó la base de datos de FAO (FAOSTAT, 2025 a; b) que contiene datos desde el año 1961 al 2023.

I. Situación mundial

Superficie. A nivel mundial, la superficie sembrada ha tenido un incremento sostenido desde 22,7 millones de has en 1961 a 37,7 millones de has en el año 2023. Dentro de este periodo se observa un menor incremento entre los años 1992 y 2009 y un aumento posterior hasta el 2017, donde alcanzó a 37,4 millones de has, para disminuir nuevamente y llegar a 37,7 millones de has en el año 2022 y 2023 (Fig. 1).

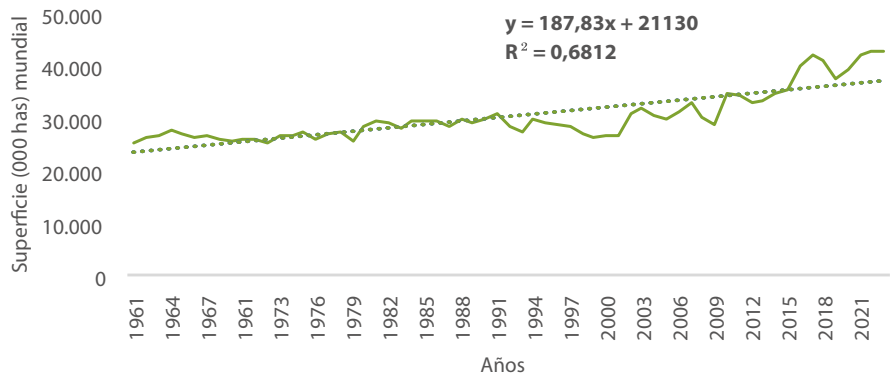


Figura 1. Superficie sembrada (000 has) de frejol a nivel mundial. 1961-2023.

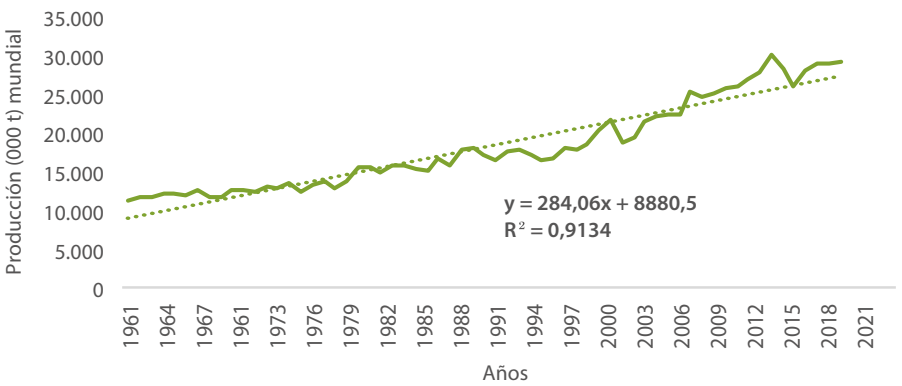


Figura 2. Producción (000 t) de frejol a nivel mundial. 1961-2023.

Producción. La producción mundial de frejol en este periodo siguió un crecimiento sostenido, similar a la tendencia observada con la superficie sembrada. Desde 1961, la producción aumentó desde los 11, 2 millones de t a 28,5 millones de t en el año 2023 (Fig. 2).

Rendimiento. El rendimiento promedio mundial de frejol en grano presentó también un aumento sostenido desde los 493,3 kg ha^{-1} en 1961 a 755,5 kg ha^{-1} en 2023, alcanzando un máximo entre los años 2013 y 2015, de 835,8 y 844,2 kg ha^{-1}, respectivamente (Fig. 3).

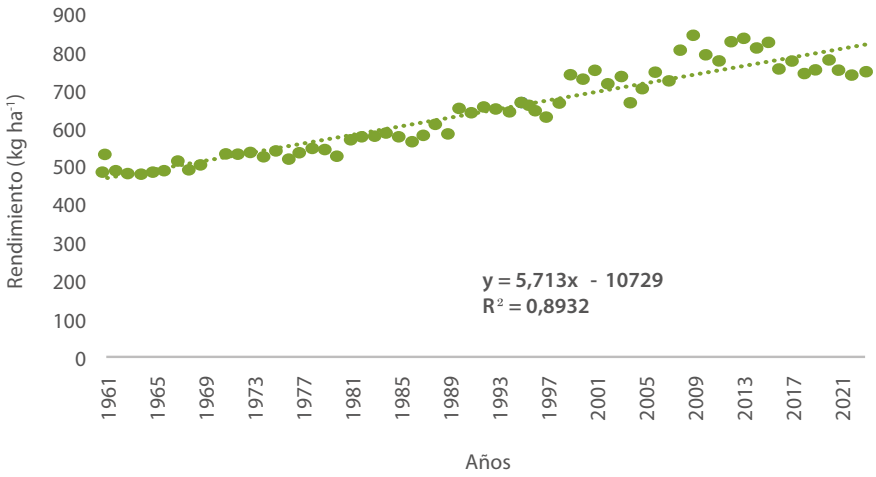


Figura 3. Rendimiento (kg ha^{-1}) promedio mundial de frejol. 1961-2023.

Situación continental

Superficie. A nivel de continentes, la mayor superficie sembrada de frejol está ubicada en Asia, seguida de América, África, Europa, El Caribe y Oceanía (Fig. 4).

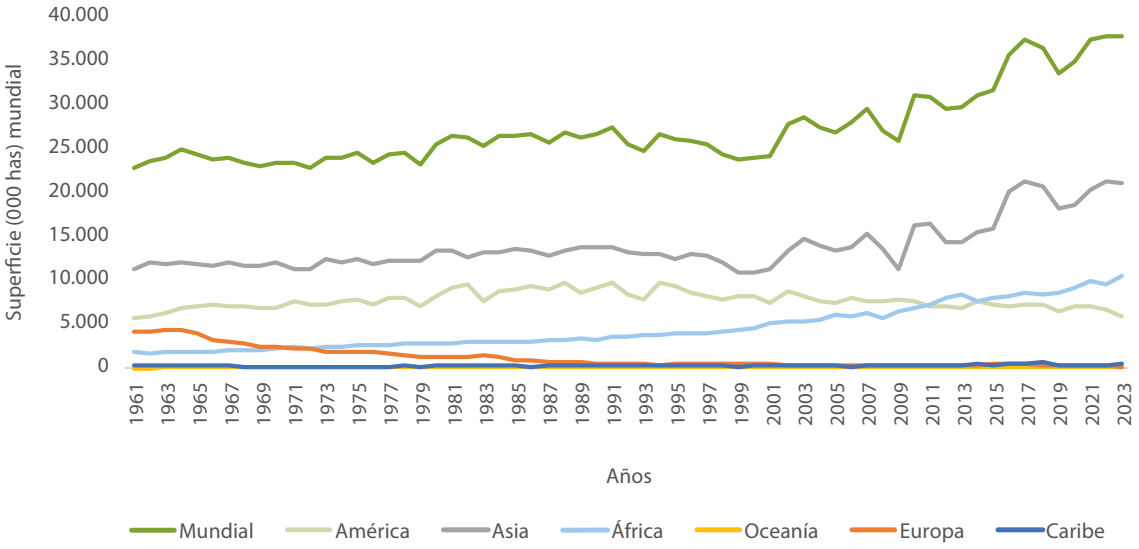


Figura 4. Distribución regional de la superficie (000 has) mundial de frejol. 1961-2023.

En el año 1961, la superficie sembrada de este cultivo en Asia fue de 11,3 millones de has, lo que representó el 40,7 % de la superficie mundial (22,8 millones de has) y en el año 2023 el

55,6 % (20,9 millones de has) del total mundial (37,7 millones de has). En el caso de América, la superficie sembrada en el año 1961 fue de 5,7 millones de has (25,0 %), y en el año 2023 de 5,9 millones de has (15,6 %). En África, en 1961, la superficie sembrada de 1,7 millones de has, representó un 7,5 %, y en el año 2023 los 10,5 millones de has representaron un 27,9 %. En Europa, la superficie sembrada en el año 1961 (4,1 millón de has) representó un 17,9 %, mientras que en el año 2023 fue de 163,3 mil has, y representó solo un 0,4 % de la superficie sembrada mundial (Fig. 4).

Es interesante indicar que, a partir de 1969, África superó a Europa en la superficie sembrada con frejol, y partir de 2011 superó a América (Fig. 4). Por otro lado, Europa ha tenido una reducción sostenida en la superficie sembrada de frejol durante este periodo, desde los 4, 1 millones de has en 1961 a 1,6 millones de has en el año 2023 (Fig. 4).

Producción. La distribución de la producción continental siguió la misma tendencia de la superficie sembrada, donde Asia representó la principal zona productora de frejol, seguida por América, África, Europa, el Caribe y Oceanía (Fig. 5). En 1961, la superficie sembrada con frejol en Asia, América y África y Europa representó un 50,0 %; 34,8 %; 8,9 % y 9,8 %, respectivamente del total de la producción mundial de 11,2 millones de t. Para el año 2023, Asia, América, África y Europa representaron un 43,9 %, 24,9 %, 29,1 % y un 1,2 % de la producción mundial de 28,5 millones de t (Fig. 5).

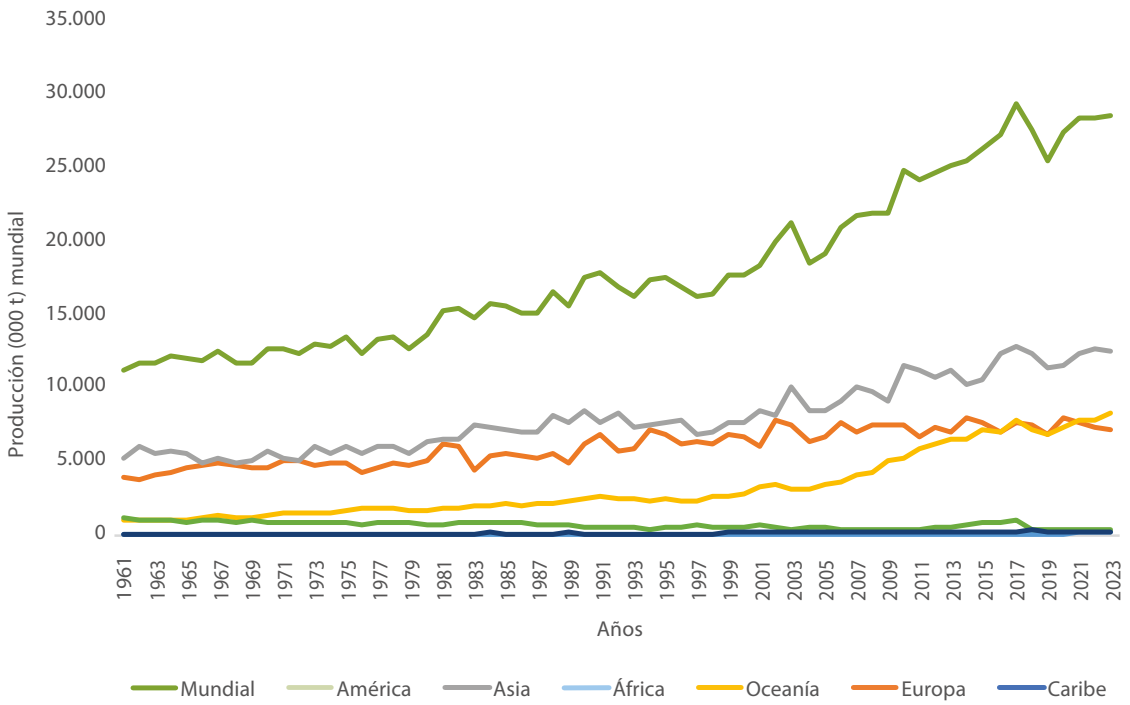


Figura 5. Distribución regional de la producción (000 t) mundial de frejol.1961-2023.

Rendimiento. A nivel continental, el mayor rendimiento promedio en frejol se obtuvo en Europa**,** el que se separó del resto de las regiones a partir de 1985, donde alcanzó un rendimiento de 986,7 kg ha^{-1}, llegando a un máximo de 2.430,7 kg ha^{-1} en el año 2017. Es importante destacar también el aumento de rendimiento observado en América, que varió desde los 650 kg ha^{-1} obtenido en 1961 a los 1.100 kg ha^{-1} alcanzados en el año 2023 (Fig. 6).

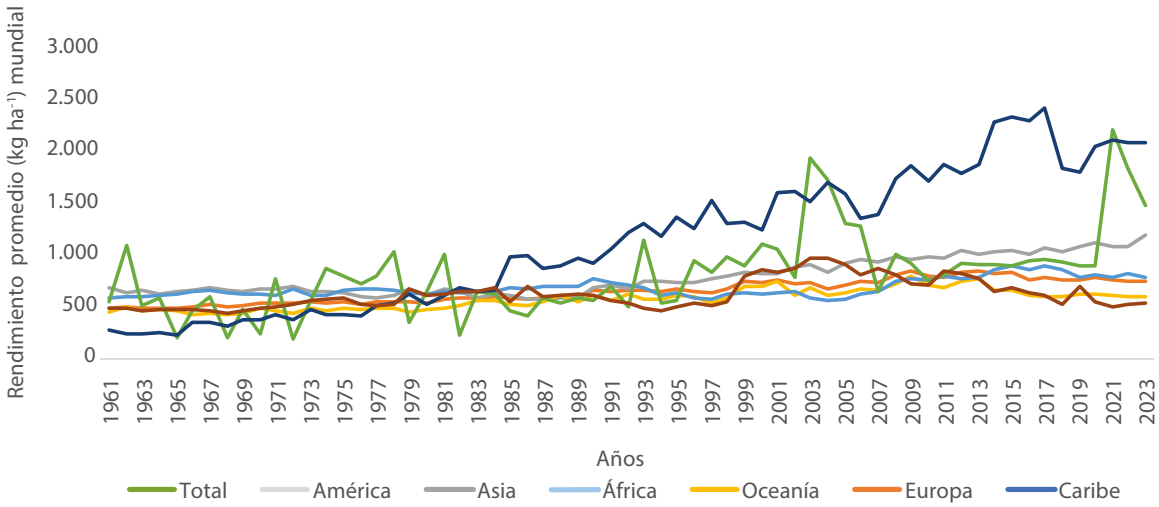


Figura 6. Rendimiento (kg ha^{-1}) promedio mundial de frejol. 1961-2023.

Continente Asiático

De acuerdo a la FAO, la producción de frejol en Asia está distribuida en seis regiones: 1) Asia Central (Kazajstán, Kirguistán, Tayikistán); 2) Asia Oriental (China Continental, Taiwán, Japón, República de Corea, RDP de Corea); 3) Asia Sud oriental; 4) Asia del Este (Camboya, Filipinas, Indonesia, Myanmar, RDP Lao, Tailandia, Timor-Este, Vietnam); 5) Asia Occidental (Armenia, Azerbaiyán, Georgia, Iraq, Líbano, Rep. Árabe Siria, Turquía, Yemen, Chipre); 6) Asia del Sur (Bangladesh, India, República Islámica de Irán, Nepal, Pakistán y Sri Lanka).

Visión general

Superficie. La superficie sembrada de frejol en el continente asiático se mantuvo relativamente estable en 11 millones de has entre los años 1961 y 1972, llegó a 12 millones el año 2001, y a 13 millones en el año 2002 (Fig. 7).

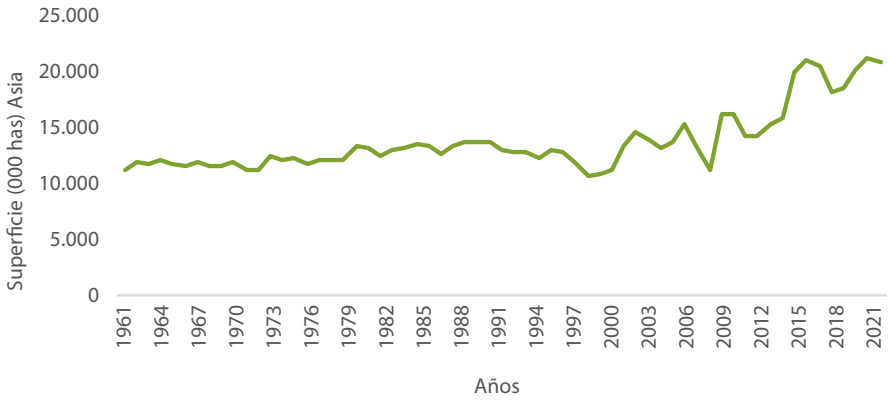


Figura 7. Superficie (000 has) sembrada de frejol en el continente asiático. 1961-2023.

En el año 2003 se observó un incremento acelerado, lo que le permitió llegar a 21 millones has en el año 2023 (Fig. 7).

Producción. En 1961, la producción de frejol en el continente asiático fue de 5, 1 millones de t, la que se mantuvo más o menos estable hasta 1972, donde comenzó a aumentar lentamente hasta 1983, alcanzando los 7,4 millones de t. A partir del año 2001, la producción se incrementó en forma sostenida, alcanzando el año 2026 los 12 millones de t, luego hubo una reducción hasta los 11 millones de t entre 2019 y 2020, para aumentar nuevamente y llegar a los 12,6 millones de t en el año 2023 (Fig. 8).

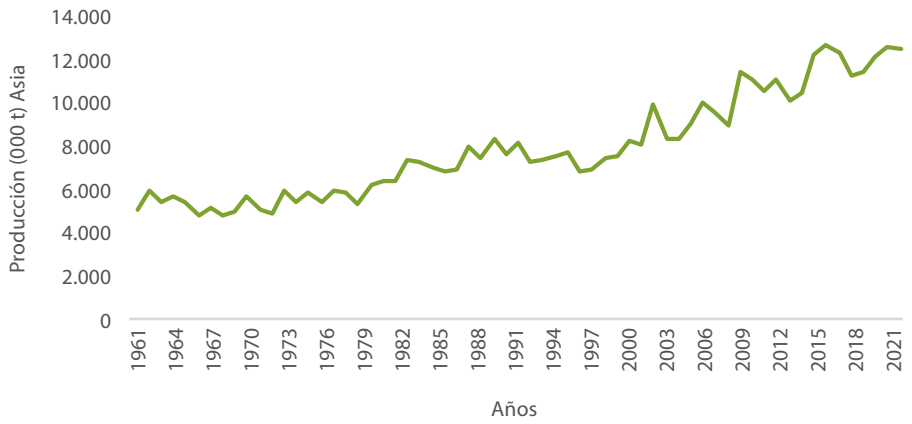


Figura 8. Producción (000 t) de frejol en el continente asiático. 1961-2023.

Rendimiento. Entre los años 1961 y 2023, el rendimiento de frejoles presentó un aumento desde los 456 kg ha^{-1} a los 600 kg ha^{-1} en el año 2003, observándose entre el año 1999 y 2001, y entre el año 2008 y 2010 rendimientos de alrededor de 700 kg ha^{-1} (Fig. 9).

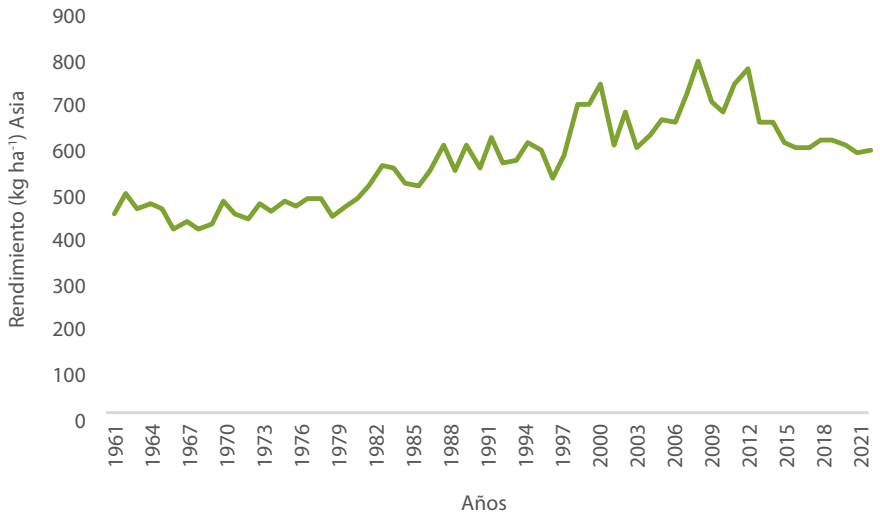


Figura 9. Rendimiento (kg ha^{-1}) promedio de frejol en el continente asiático. 1961-2023.

Visión regional en Asia

Para Asia Central, los datos disponibles cubren solo el periodo 1992-2023, a diferencia de las otras regiones que los datos cubren un mayor periodo, desde el 1961 al 2023.

Superficie. La zona sur del continente asiático concentró la mayor superficie sembrada de frejol, seguida del Sudeste, Este, Oeste y Central. En 1961, la superficie sembrada en el sur, fue de 6,7 millones de has, la cual aumentó paulatinamente hasta llegar a los 10,2 millones de has en el año 1991, para luego disminuir hasta el año 2001 donde se sembraron 6,5 millones de has. A partir del año 2002, se observó un nuevo aumento de la superficie sembrada alrededor de las 16 millones de has en el año 2023 (Fig. 10).

En el Sud Este asiático, se observa una tendencia al aumento sostenido de la superficie sembrada de frejol, desde las 758,7 mil has en el año 1961 a 3,9 millones de has en el año 2020, para decaer a 3,3 millones de has en el año 2023 (Fig. 10). En el Este de Asia, la situación es completamente diferente, ya que se observa una constante reducción de la superficie sembrada de frejol, desde los 3,6 millones de has sembradas en el año 1961, hasta el 1,1 millón de has del año 2023 (Fig. 10). En Asia Occidental la superficie de siembra es la más pequeña del continente, donde la superficie ha fluctuado entre las 144,3 mil has en el año 1961 a los 334, 5 mil has en el año 2021, y disminuyó a 259,8 mil has en el año 2023 (Fig. 10). En el caso de Asia Central, se observa un aumento de la superficie sembrada desde 17, 1 mil has en 1991 a las 435 mil has del año 2023, con superficies cercanas a los 500 mil has entre los años 2017 y 2018 (Fig. 10).

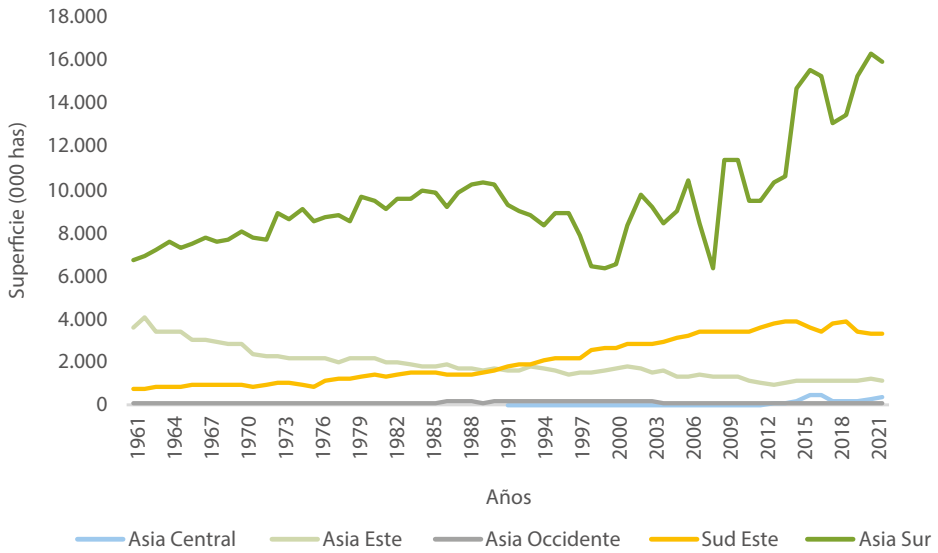


Figura 10. Superficie (000 has) sembrada de frejol en diferentes regiones de Asia. 1961-2023.

Producción. Actualmente, la mayor producción de frejol, se presenta en el Sur de Asia, seguida del Sudeste, Occidente, Este y Asia Central. En Asia del Sur, la producción ha fluctuado entre 1,8 millones de t en 1961 hasta 6,9 millones de t en el año 2023. Para el Sudeste asiático, la producción varió entre 558 mil t obtenidas en 1961 y 3,2 millones de t en el año 2023. En Asia del este, la producción disminuyó desde los 2,6 millones de t en 1961 a los 1,7 millones de t en el año 2023. Para Asia Occidental, la producción aumentó desde 144 mil t ha producidas en 1961

a 3,2 millones de t cosechadas en el año 2023. Mientras que, en Asia Central hubo un aumento de 2 millones de t a 2,5 millones de t durante el mismo periodo (Fig. 11).

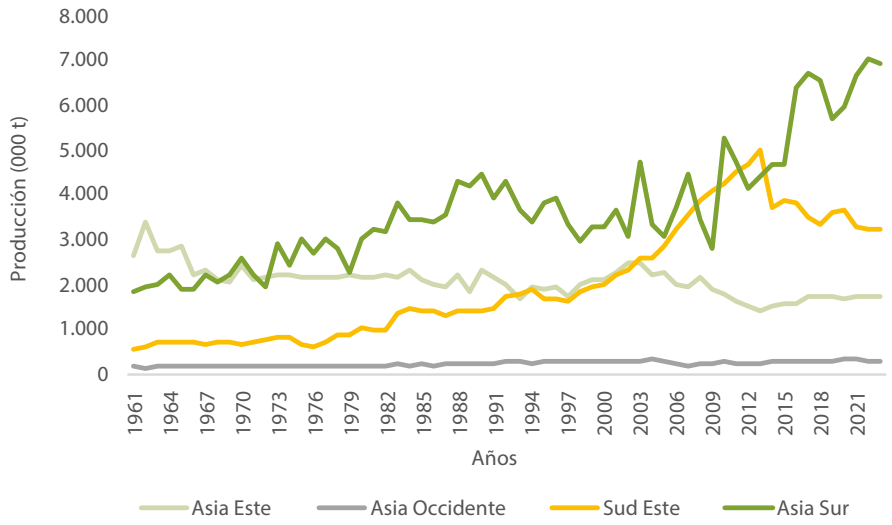


Figura 11. Producción (000 t) de frejol en diferentes regiones de Asia. 1961-2023. Los datos de Asia Central están ausentes en esta Figura.

Rendimiento. Todas las regiones asiáticas muestran una tendencia al aumento del rendimiento, siendo este bastante más acelerado en las regiones de Asia Central y Occidental, específicamente, a partir del año 2003, para el caso de Asia Occidental, y a partir de 1994, para el caso de Asia Central, llegando en esta última región a rendimientos de 3.500 kg ha^{-1}. Para el Este de Asia, el aumento de rendimiento ha sido menor, llegando a valores de 1.600 kg ha^{-1} en los años 2014 y 2015, y 1.400 kg ha^{-1} en el año 2022. Mientras que, en el Sudeste Asiático y Asia del sur, los rendimientos fluctuaron entre 650 kg ha^{-1} y los 1.100 kg ha^{-1} (Fig. 12).

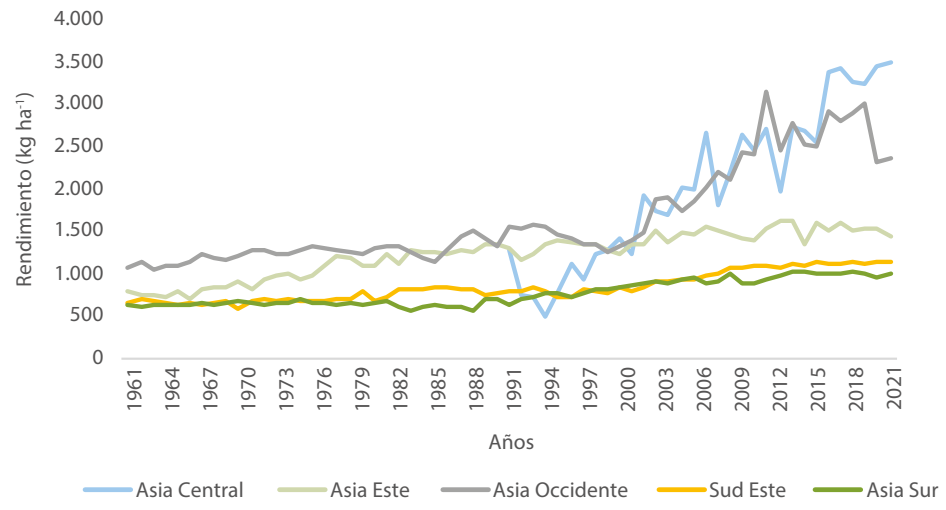


Figura 12. Rendimiento (kg ha^{-1}) de frejol en diferentes regiones de Asia. 1961-2023.

Continente Americano y el Caribe

El continente americano está representado por América del Norte (Canadá, Estados Unidos y los Estados Unidos de México), América del Sur (Argentina, Estado Plurinacional de Bolivia, Brasil, Chile, Colombia, Ecuador, Paraguay, Perú, Uruguay y la República Bolivariana de Venezuela) y América Central (Belice, Costa Rica, El Salvador, Honduras, Nicaragua, Panamá y Guatemala). Por otro lado, el Caribe está integrado por Barbados, Cuba, Granada, Haití, Jamaica, Puerto Rico y República Dominicana.

Visión general

Superficie. La superficie sembrada en América (Norte, Sur y Central), y el Caribe muestra un aumento desde 14 millones de has en 1961, hasta 21,7 millones de has en 1980. Posteriormente, se observa un ligero estancamiento en los 20 a 21 millones de has hasta el año 1996 y desde allí se inicia una disminución sostenida de la superficie sembrada hasta el año 2023, donde llegó a 14,3 millones de has (Fig. 13).

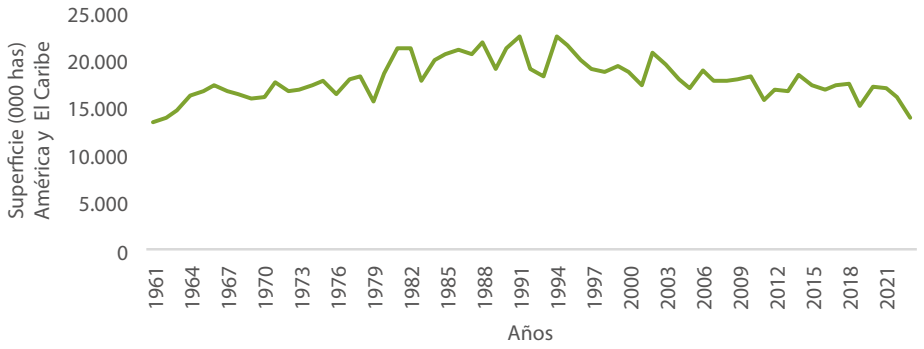


Figura 13. Superficie (000 has) sembrada de frejol en América y El Caribe. 1961-2023.

Producción. En la producción de frejol de América y el Caribe, se observó un aumento sostenido desde el año 1961 hasta el año 2023, lo que quedó reflejado en los 9,7 millones de t producidos en el año 1991 en comparación a los 17 millones de t obtenidos en el año 2023 (Fig. 14).

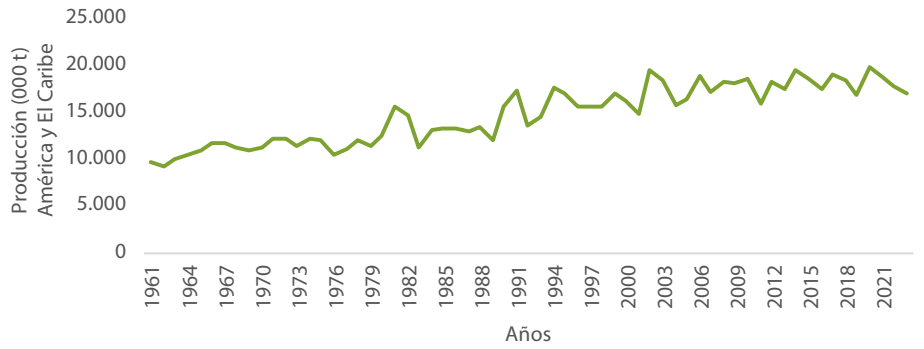


Figura 14. Producción (000 t) de frejol en América y el Caribe. 1961-2023.

Rendimiento. El rendimiento mostró la misma tendencia de la producción, con un sostenido aumento desde los 692,2 kg ha^{-1} obtenidos en el año 1961 a los 1.132 kg ha^{-1} informados para el año 2023. A partir de 2011, el rendimiento se sitúa ligeramente sobre los 1.000 kg ha^{-1} (Fig. 15).

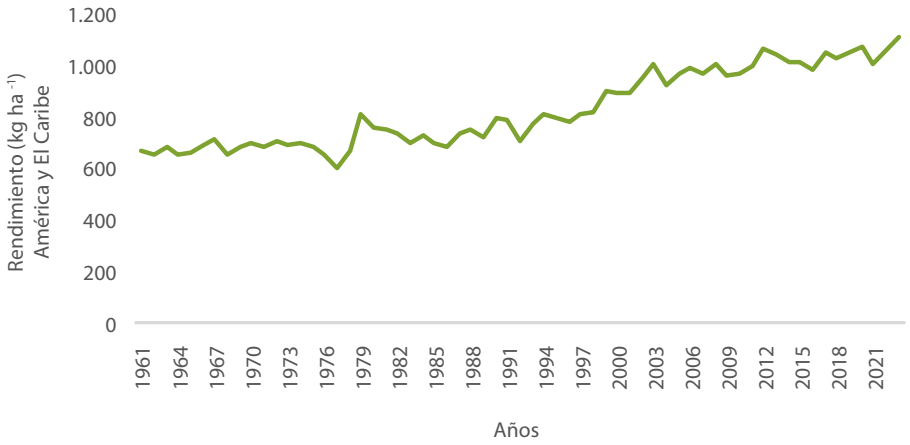


Figura 15. Rendimiento (kg ha^{-1}) promedio de frejoles. 1961-2023.

Visión regional en América y el Caribe

Superficie. La mayor superficie sembrada de frejol en América y el Caribe, se presentó en América del Sur, seguido de América del Norte, América Central y el Caribe (Fig. 16).

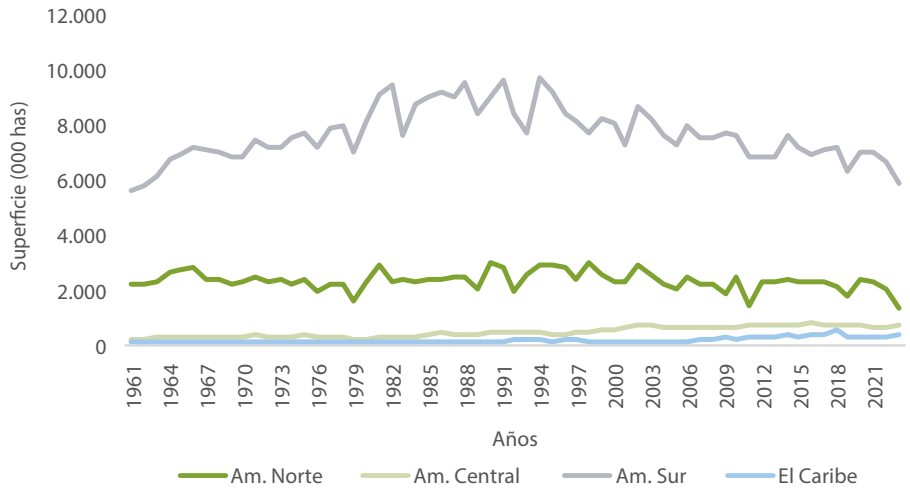


Figura 16. Superficie (000 has) sembrada con frejol en América y el Caribe. 1961-2023.

En el caso de Sud América, se observó un aumento de la superficie desde los 5,6 millones de has sembradas en el año 1961 a los 9,0 millones de has del año 1985, año en que la superficie se

mantuvo más o menos estable entre los 9,0 y 9,6 millones de has hasta el año 1991. A partir de este año, la superficie comenzó a declinar, con algunas excepciones, hasta llegar los 5,9 millones de has sembradas en el año 2023. En el caso de América del Norte, la superficie sembrada se ha mantenido más o menos constante, entre 2,2 y 2,4 millones de has, desde el año 1961 al 2022, las que disminuyeron a sólo 13 millones de has en el año 2023. En el caso de América Central se ha observado un aumento de la superficie sembrada desde 2,7 millones de has en 1961 a 7,4 millones de has en 2023. Mientras que, en el Caribe se observó un escaso aumento de la superficie sembrada desde 1961 con 163,5 mil hasta 196,9 has en el año 1985, a partir del cual empieza a observar un aumento de la superficie sembrada hasta llegar a las 300 mil has el año 2011 y a las 379 mil has en el año 2023 (Fig. 16).

Producción. La producción en América del sur ha tenido una tendencia al aumento en todo el periodo, desde los 3,9 millones de t en el año 1961 a los 7,1 millones de t en el año 2023. En América del Norte, se observó una tendencia similar, pero en menor proporción, con un incremento desde los 1,6 millones de t en 1961 a 2,1 millones de t en el año 2023. Mientras que, en América Central la producción aumentó desde 155 mil t a 592 mil t desde 1961 al 2015, y luego, a 700 mil t entre los años 2016 y 2020. En el Caribe también se observa un aumento de la producción desde 93 mil t en 1961 a 206 mil t en el año 2023 (Fig. 17).

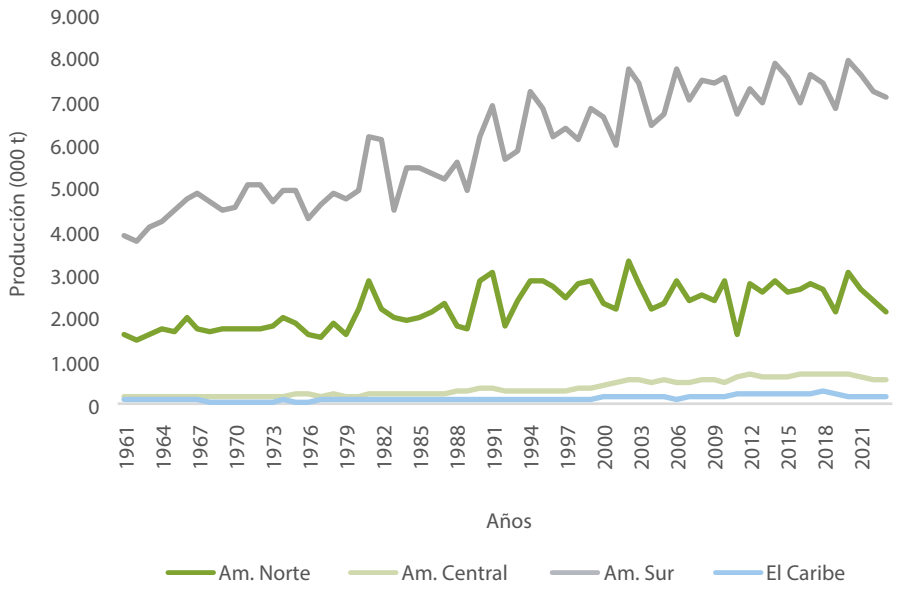


Figura 17. Producción (000 t) de frejol en América y el Caribe. 1961-2023.

Rendimiento. Para todas las regiones de América, el rendimiento de frejol mantuvo una tendencia al aumento, con excepción del Caribe, donde en el último decenio se observó una tendencia a la disminución. América del Norte presentó casi el doble del rendimiento en comparación a las otras regiones. Las variaciones de rendimiento en América del Norte han fluctuado desde los 1.000 kg ha^{-1} en 1961 a 1.970 kg ha^{-1} en el año 2023. En América del Sur, el rendimiento ha aumentado desde los 693,3 kg ha^{-1} en 1961 a los 1.192,6 kg ha^{-1} en el año 2023. En este caso, a partir del año 2011, América del Sur empezó a presentar rendimientos promedios sobre los 1.000 kg ha^{-1}. América Central aumentó el rendimiento desde los 532 kg ha^{-1} en 1961 a los 823 kg ha^{-1} en el año 2022, con una reducción a 765 kg ha^{-1} en el año 2023. En el Caribe también

se observó un aumento desde los 483 kg ha^{-1} en 1961 a 853 kg ha^{-1} en 2011, sin embargo, se detectó de un descenso a 543 kg ha^{-1} en el año 2023 (Fig. 18).

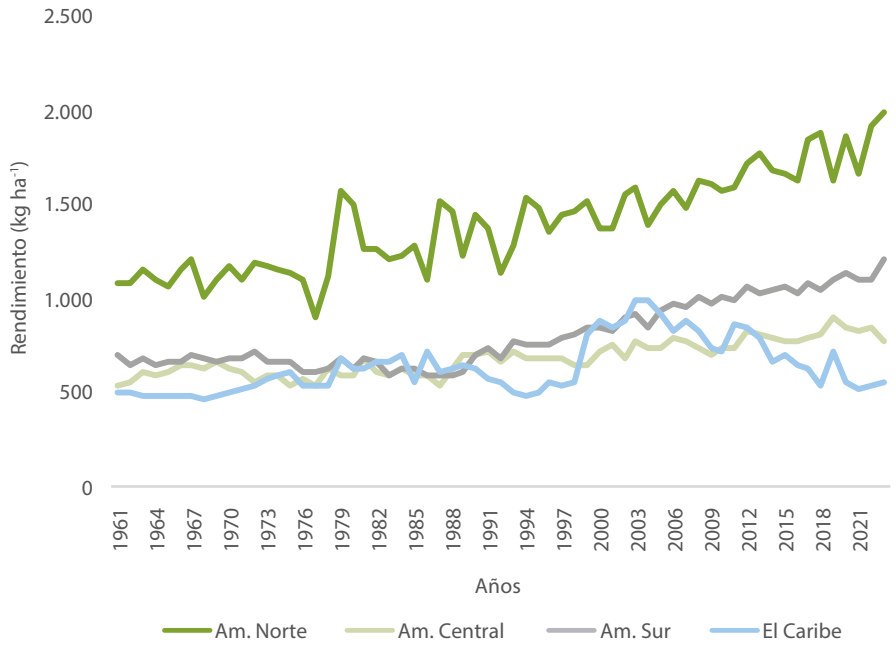


Figura 18. Rendimiento (kg ha^{-1}) de frejol en América y el Caribe. 1961-2023.

Continente Europeo

FAO divide a Europa en cuatro regiones: 1) Europa del Norte (Suecia, Estonia, Letonia y Lituania); 2) Europa del Este (Bielorrusia, Federación Rusa (URSS), Republica de Moldavia, Ucrania, Bulgaria, República Checa y Rep. Eslovaca; Hungría, Polonia y Rumania; 3) Europa del Sur (Albania, Yugoeslavia, Macedonia del Norte, Bosnia y Herzegovina, Eslovenia, Croacia, Serbia y Montenegro, Serbia, Montenegro, España, Grecia, Italia Malta y Portugal); y 4) Europa Occidental (Francia y Países Bajos).

En este punto, es importante dejar constancia que la información entregada por la base de datos de la FAO, en relación a los países de Europa incluye a diferentes periodos.

Europa del Este: Bielorrusia (1992-2023); URSS (1961-1991), Federación Rusa (1992-2023); Bulgaria, Checoeslovaquia (1961-1992), Rep. Checa (1993-2023); Eslovaquia (1993-2023); Hungría, Polonia, Rumania (1961-2017). Europa del Sur: Albania (1961-2023), Yugoeslavia (1961-1991), Macedonia del Norte; Bosnia y Herzegovina, Eslovenia, Croacia (1992-2023); Serbia y Montenegro (1992-2005); Serbia, Montenegro (2006-2023); España, Grecia, Italia Malta y Portugal (1961-2017). Europa Occidental: Francia y Países Bajos (1961-2017). Norte de Europa: Suecia (1961-1999); Estonia, Letonia, Lituania (1992-2017).

Visión general

Superficie. En Europa se observa una brusca reducción de la superficie sembrada de frejol, a partir de 1964. En el año 1961, la superficie sembrada de frejol en Europa fue de 4,1 millones de has en comparación a las 163 mil has en el año 2023 (Fig. 19).

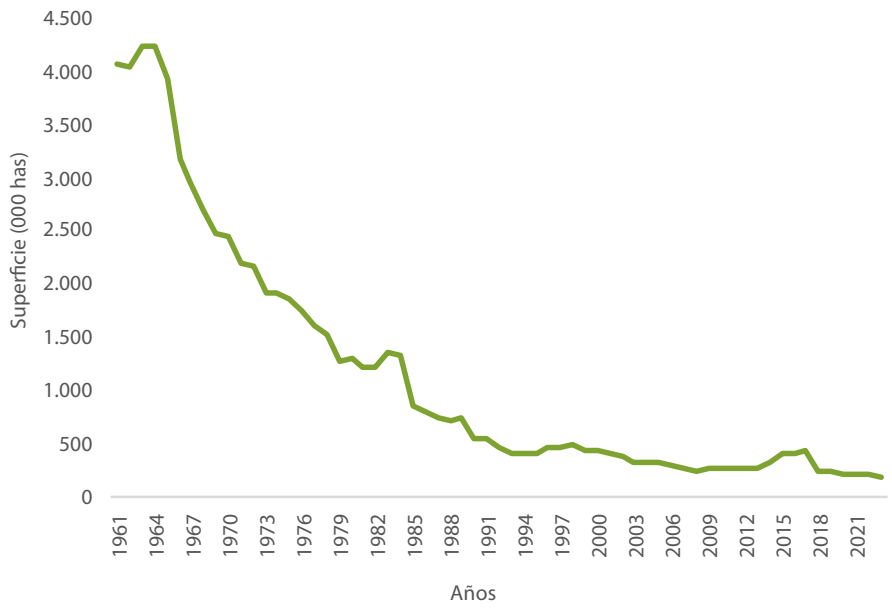


Figura 19. Superficie (000 has) sembrada con frejol en Europa. 1961-2023.

Producción. La producción siguió la misma tendencia de la reducción de la superficie sembrada, desde 1,1 millón de t en 1961, hasta las 327 mil t, en el año 2007. A partir del 2007, la producción aumentó a 1,1 millón de t alrededor del año 2015, sin embargo, a partir de esta fecha se produjo nuevamente una reducción drástica de la producción que alcanzó a las 341,6 mil t en el año 2023 (Fig. 20).

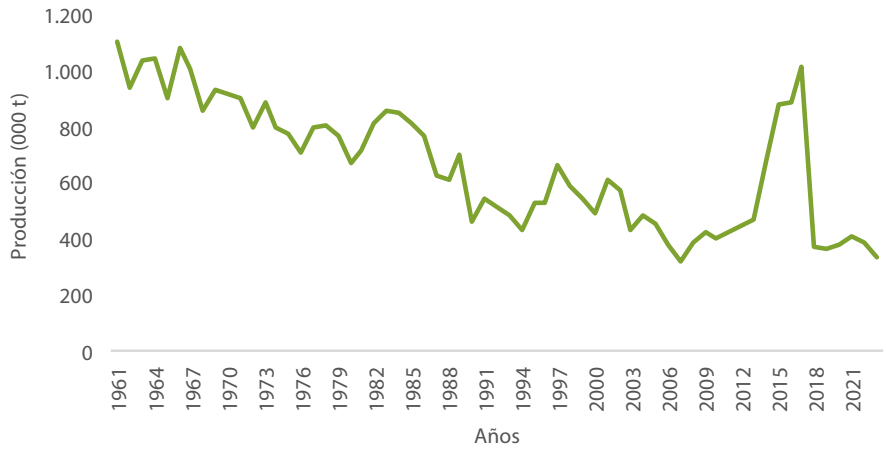


Figura 20. Producción (000 t) de frejol en Europa. 1961-2021.

Rendimiento. A pesar de la fuerte reducción de la superficie y producción de frejol, el rendimiento presentó un aumento constante desde 1961 hasta el año 2017. En el año 1961, el rendimiento promedio en Europa fue de 274,6 kg ha^{-1}, el que llegó a 2.400 kg ha^{-1} en el año 2017, y a 2.100 kg ha^{-1} en el año 2023 (Fig. 21).

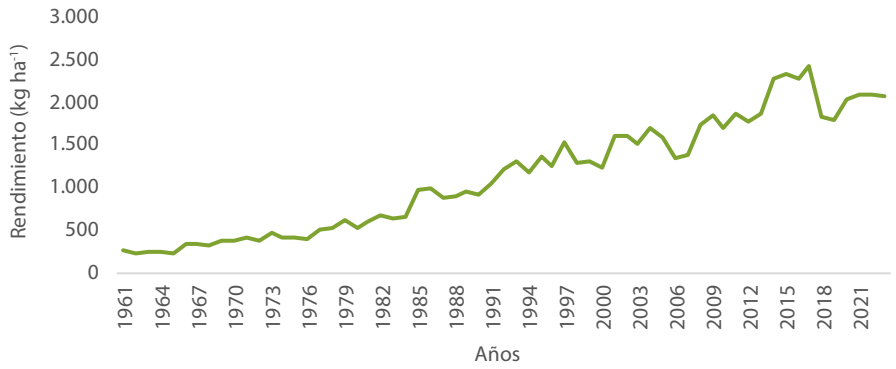


Figura 21. Rendimiento (kg ha^{-1}) de frejol en Europa. 1961-2023.

Visión regional de Europa

Superficie. Las regiones que presentaron una mayor superficie sembrada de frejoles están ubicadas en Europa del Este y el Sur de Europa, en comparación a Europa Occidental y del Norte de Europa (Fig. 22). En la región de Europa del Este, la superficie sembrada de frejoles se redujo desde 2,8 millones de has en 1961 a 136 mil has en el año 2023. En el Sur de Europa, la reducción fue de 2,1 millones de has en 1961 a 27,1 mil has en el año 2023. Una situación similar ocurrió en el Occidente de Europa, donde la superficie sembrada con frejol disminuyó desde 99,8 mil has a 5,9 mil has en el año 2017. En el caso del norte de Europa, la superficie sembrada con frejol es bastante menor y se mantuvo más o menos constante desde 1961 hasta 1985, con 1,8 mil has, donde tuvo un aumento a alrededor de 3 mil has hasta el 2010, posteriormente a 11,6 mil has en 2013 y a 132 mil has en el año 2017 (Fig. 22).

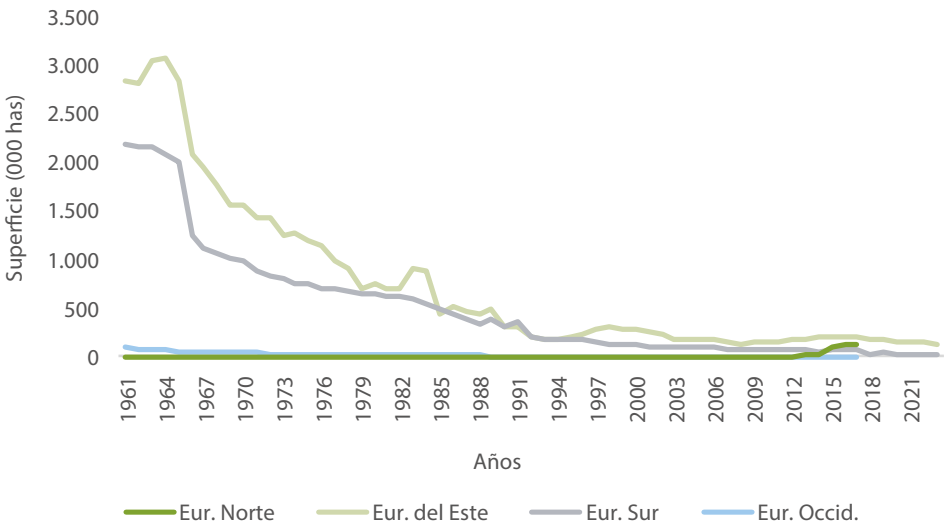


Fig. 22. Superficie (000 has) sembrada de frejoles en diferentes regiones de Europa. 1961-2023.

Producción. La producción de frejol en las diferentes regiones de Europa sigue la misma tendencia de la superficie sembrada, donde la mayor producción está ubicada en el Este y Sur de Europa (Fig. 23). En el Este de Europa se observó una producción bastante variable, con aumentos y disminuciones de la producción, pero con una tendencia general a la disminución. Es así como, en 1961 la producción fue de 539 mil t, en comparación con el año 2023 que llegó a 289,9 mil t. En el Sur de Europa se observó también una clara tendencia a la disminución de la producción. En este caso, la producción de 1961 fue de 703,6 mil t y de solo 64 mil t en el año 2023. En Europa Occidental, la producción de 1961 llegó a 95 mil t y la del año 2017 a 15,7 mil t. En el Norte de Europa, a pesar de la escasa superficie sembrada, se presentó un aumento de la producción desde 3,6 mil t en 1961 a 395,9 mil t en el año 2017 (Fig. 23).

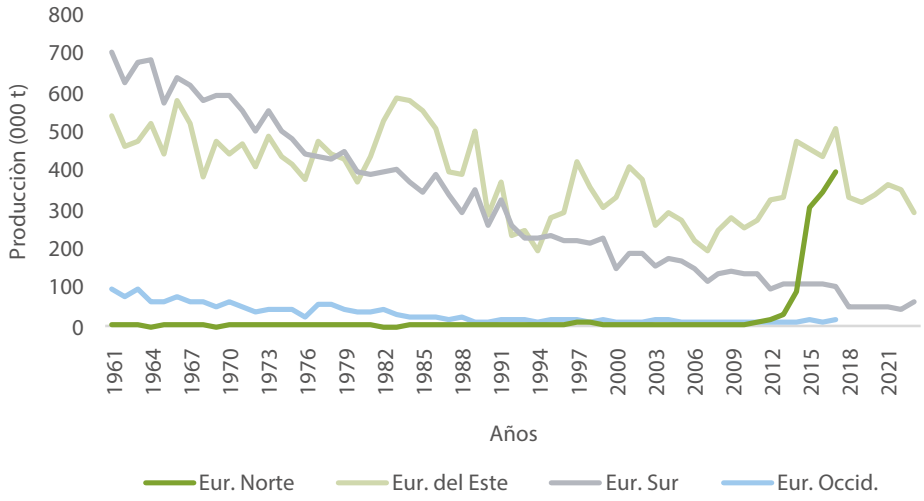


Fig. 23. Producción (000 t) de frejol en las cuatro regiones de Europa. 1961-2023.

Rendimiento. En Europa del Este, Sur y Occidente se observó un aumento de los rendimientos (Fig. 24).

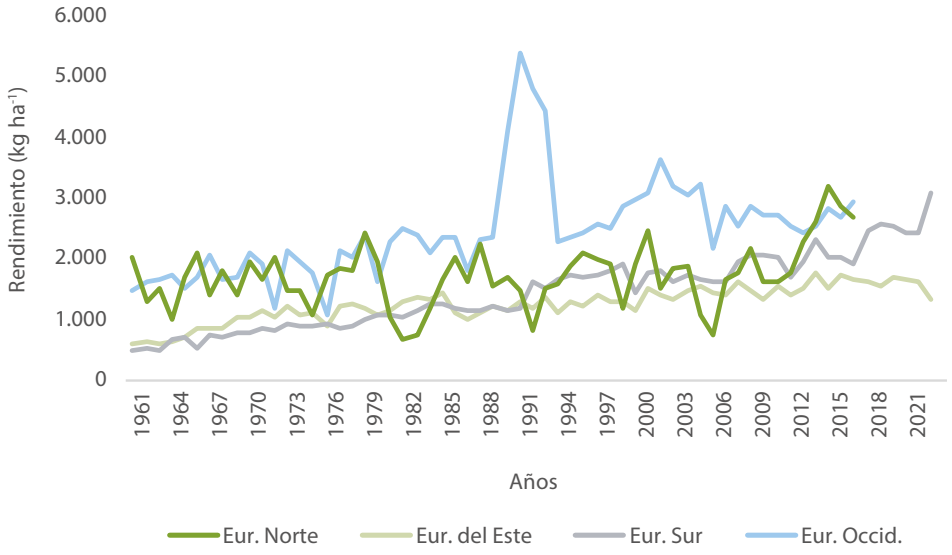


Figura 24. Rendimiento (kg ha^{-1}) promedio de frejol en las cuatro regiones de Europa. 1961-2023**.**

En Europa del Este, el rendimiento varió entre los 587,1 kg ha^{-1} en 1961 a 1.755,5 kg ha^{-1} en el año 2017, el que se redujo a 1.332,6 kg ha^{-1} en el año 2023. En el Sur de Europa, el rendimiento fluctuó entre 487,4 kg ha^{-1} en el año 1961 a 3.085,7 kg ha^{-1} en el año 2023, alcanzando rendimientos mayores a 2.000 kg ha^{-1} a partir del año 2009. En Europa Occidental, se obtuvieron los rendimientos más altos de Europa, los que variaron desde 1.472 kg ha^{-1} en 1961 a 5.364 kg ha^{-1} en el año 1991 para luego descender a 2.932 en el año 2017. En el Norte de Europa, los rendimientos fluctuaron entre los 1.300 kg ha^{-1} en el año 1962 a 2.686 kg ha^{-1} en el año 2017 (Fig. 24).

Continente Africano

De acuerdo a FAO, África está representada por cinco regiones: 1) África del Norte (Argelia, Egipto, Libia, Marruecos, Sudan y Tunes); 2) África del Sur (Suazilandia, Lesoto, Namibia, y Sud África); 3) África Central (Angola, Camerún, Chad, Congo, República Democrática del Congo); 4) África del Este (Burundi, Yibuti, Eritrea, Etiopía, Kenia, Madagascar, Malawi, Mozambique, Ruanda, Somalia, Sue de Sudan, Uganda, Republica Unida de Tanzania, Zambia y Zimbabue); 5) África Occidental (Benín, Costa de Marfil, Gana, Mali, Mauritania, Nigeria y Togo).

Visión general

Superficie. La superficie sembrada de frejol en África presentó una tendencia al aumento desde los 1,7 millones de has en el año 1961, a los 10,5 millones de has en el año 2023 (Fig. 25).

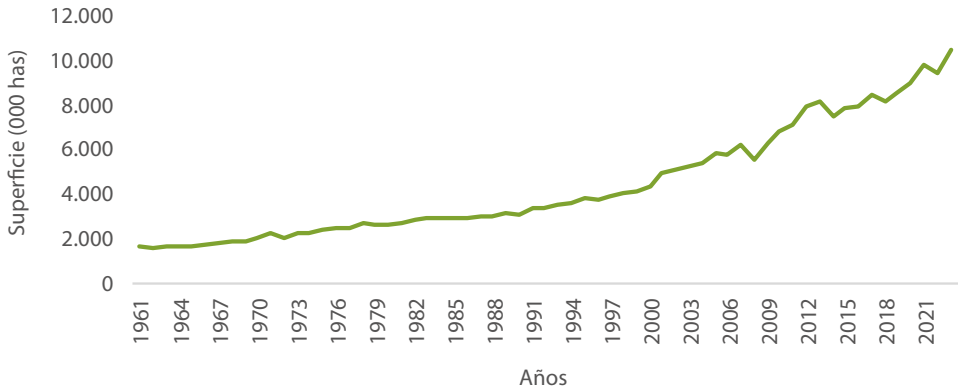


Figura 25. Superficie (000 has) sembrada con frejol en África. 1961-2023.



Figura 26. Producción (000 t) de frejol en África. 1961-2023.

Producción. La producción de frejol en el continente africano también mantuvo un incremento durante el periodo analizado, desde 1,0 millón de t en el año 1961 a 8,3 millones de t en el año 2023 (Fig. 26).

Rendimiento. El rendimiento del cultivo del frejol también mostró un aumento, desde los 587,4 kg ha^{-1} en el año 1961 hasta 821,5 kg ha^{-1} en el año 2022, aunque se redujo a 788,9 kg ha^{-1} en el año 2023 (Fig. 27).

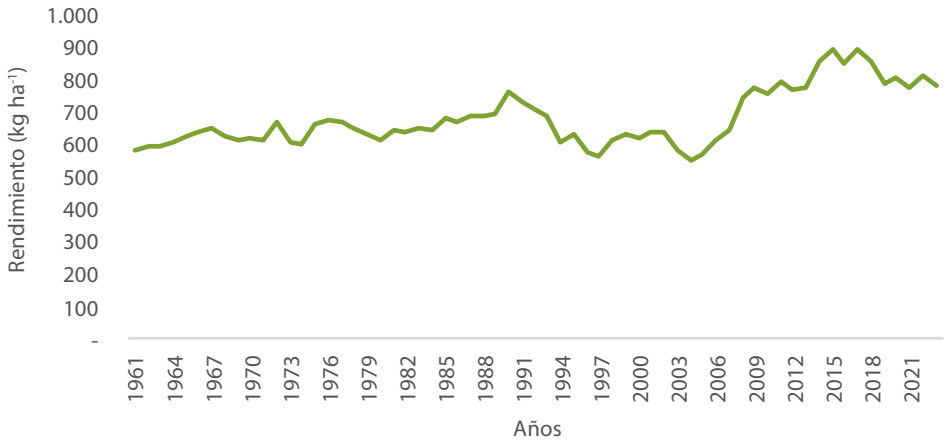


Figura 27. Rendimiento (kg ha^{-1}) de frejol en África. 1961-2023.

Visión regional África

Superficie. Las mayores superficies sembradas con frejol en África se encuentran ubicadas en la región Este, seguido por la zona Central, Occidental, Sur y Norte, respectivamente (Fig. 28).

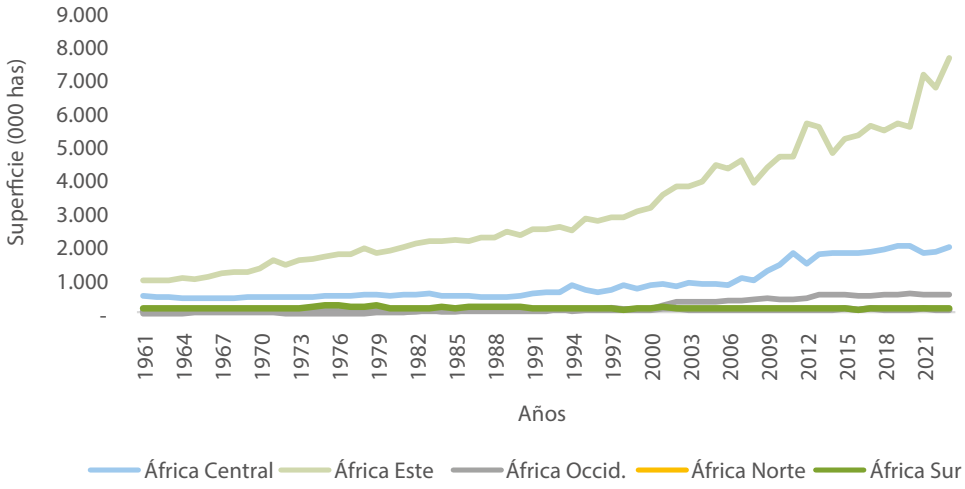


Figura 28. Superficie (000 has) sembrada con frejol en diferentes regiones de África. 1961-2023.

En la zona Este, la superficie sembrada ha aumentado sostenidamente de 1 a 7,7 millones de has entre 1961 y el año 2023. En la región Central, la superficie aumentó desde 578,6 mil has a 2,0 millones de has. En la región Occidental, la superficie sembrada varió entre los 43 mil a los 619,9 mil has. Mientras en la región Sur, la superficie sembrada se redujo desde los 80,1 mil has a los 58 mil has. En la zona Norte aumentó de 12,7 mil has en 1961 a las 46,3 mil has del año 2023 (Fig. 28).

Producción. La producción en el continente africano siguió la misma tendencia de la superficie sembrada (Fig. 29). En el año 1961, la producción de frejol en la región Este fue de 484,2 mil t, la que alcanzó a 5,2 millones de t en el año 2023.

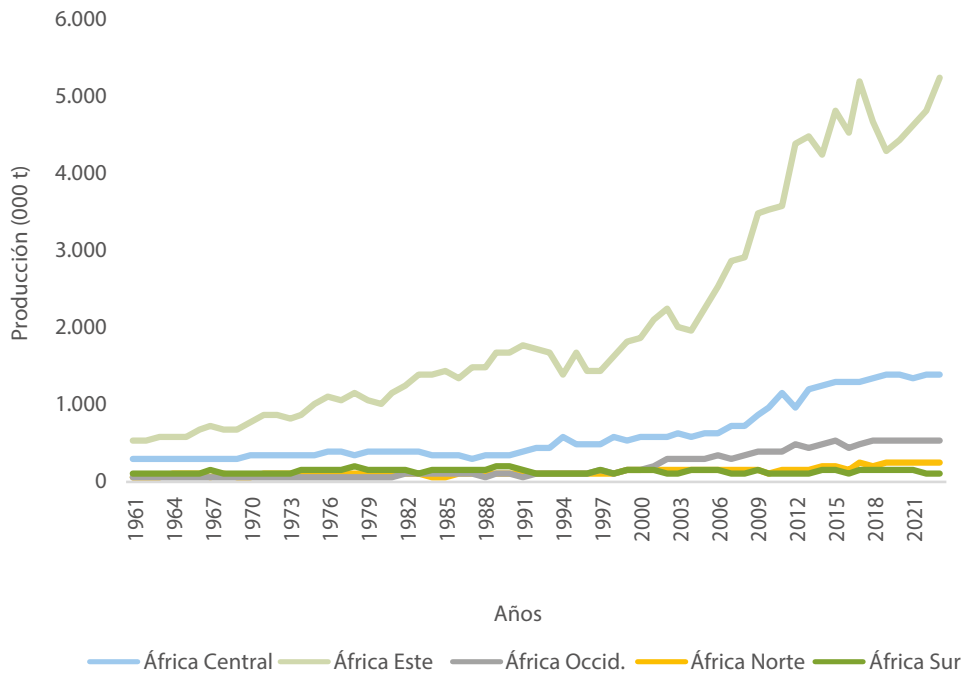


Figura 29. Producción (000 t) de frejol en diferentes regiones de África. 1961-2023.

En África Central la producción aumentó desde las 225,2 mil t sembradas en el año 1961 a 1,3 millones de t en el año 2023. En África Occidental también se observó un aumento desde las 12 mil t a las 471,6 mil t. En la zona Sur, la producción se mantuvo más o menos constante (56,3 *vs* 56,4 mil t) a pesar que en algunos años se ha observado aumentos en la producción entre 100 y 145 mil t (1986-1990). Mientras que en la zona Norte, se observó un aumento de la producción de 16,9 mil t en 1961 a 194,7 mil t en el año 2023. En este caso se ha observado un aumento sistemático de la producción desde el año 2013 en adelante (Fig. 29).

Rendimiento. La región del norte de África presentó el mayor rendimiento con valores que fluctuaron entre los 1.223 kg ha^{-1} y 2.513 kg ha^{-1} en los años 1961 y 2023, respectivamente. En la zona Sur, se obtuvo rendimientos entre los 800 y 900 kg ha^{-1} en las últimas temporadas y la zona Este y Central rendimientos entre 700 y 800 kg ha^{-1} (Fig. 30).

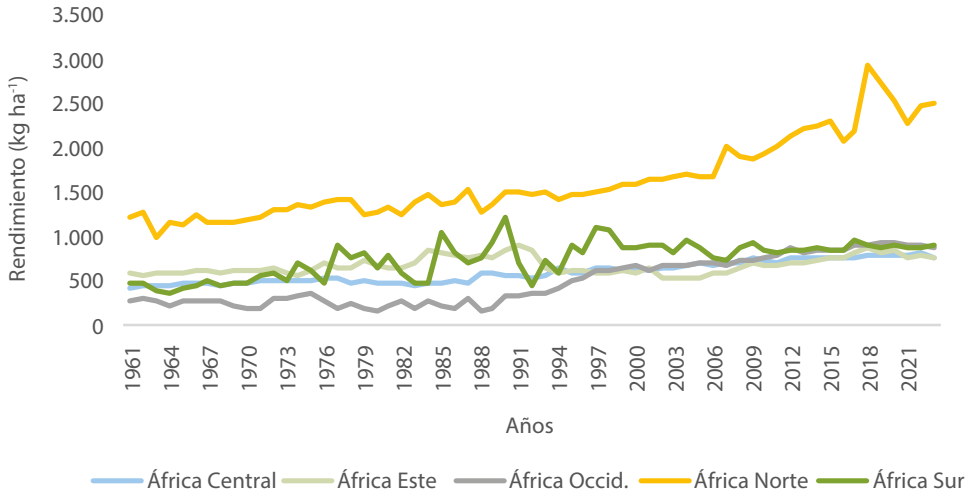


Figura 30. Rendimiento (kg ha^{-1}) de frejol en diferentes regiones de África. 1961-2023.

Oceanía

Los datos de Oceanía corresponden a Australia, como único país productor de frejol.

Visión general

Superficie. La superficie sembrada con frejol en Australia fluctuó entre los 8 mil has y 121,8 mil has para los años 1961 y 2023, respectivamente. Desde 1961 hasta el año 1981, la superficie sembrada se mantuvo prácticamente bajo las 10 mil has. Sin embargo, a partir de 1982 la superficie sembrada con frejol aumentó a los 21,6 mil has para alcanzar 64 mil has en el año 2014. A partir del año 2015, la superficie sembrada con frejol empezó a superar las 100 mil has para llegar a las 130 mil has en el año 2016, y luego descender a las 121,8 mil has en el año 2023 (Fig. 31).

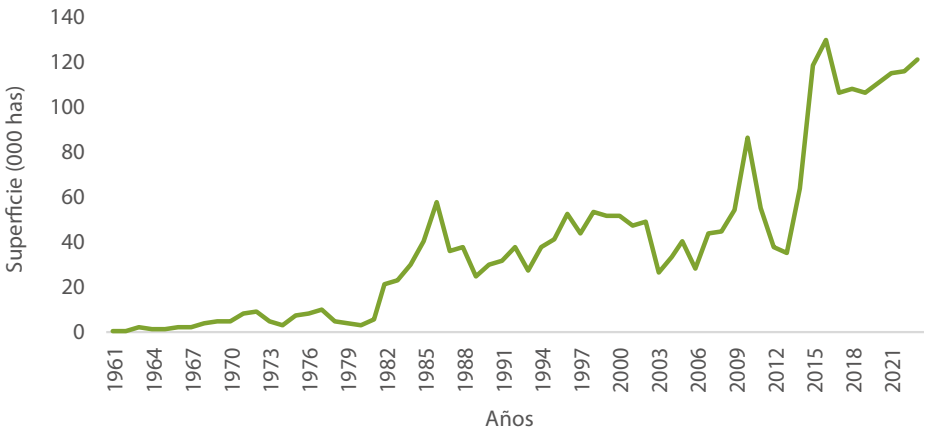


Figura 31. Superficie (000 has) sembradas con frejol en Australia. 1961-2023.

Producción. En Australia, la producción de frejoles tuvo un incremento lento desde las 4.000 t en el año 1961 a 5.000 t para el año 1982. A partir del año 1983, la producción aumentó desde

15,1 mil t hasta llegar a 58 mil t en el año 2014 y sobrepasar las 100 mil t a partir del 2015, llegando a 257 mil t en el año 2021 y a 181,2 mil t en el año 2023 (Fig. 32).

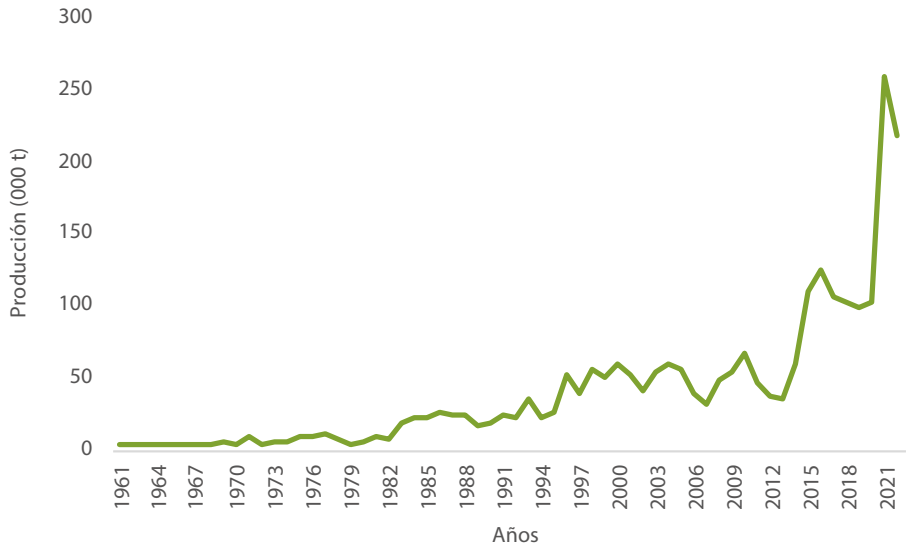


Figura 32. Producción (000 t) de frejol en Australia. 1961-2023.

Rendimiento. En Australia, el rendimiento ha sido bastante variable, aunque existe una tendencia al incremento. El periodo 1961-1995, se caracterizó por una alta volatilidad con rendimientos entre 550 y 700 kg ha^{-1}, para luego aumentar a rendimientos cercanos a los 900 kg ha^{-1}, en 2020. En el año 2021 alcanzó un rendimiento de 2.216 kg ha^{-1} para descender a 1.488 kg ha^{-1} en el año 2023 (Fig. 33).

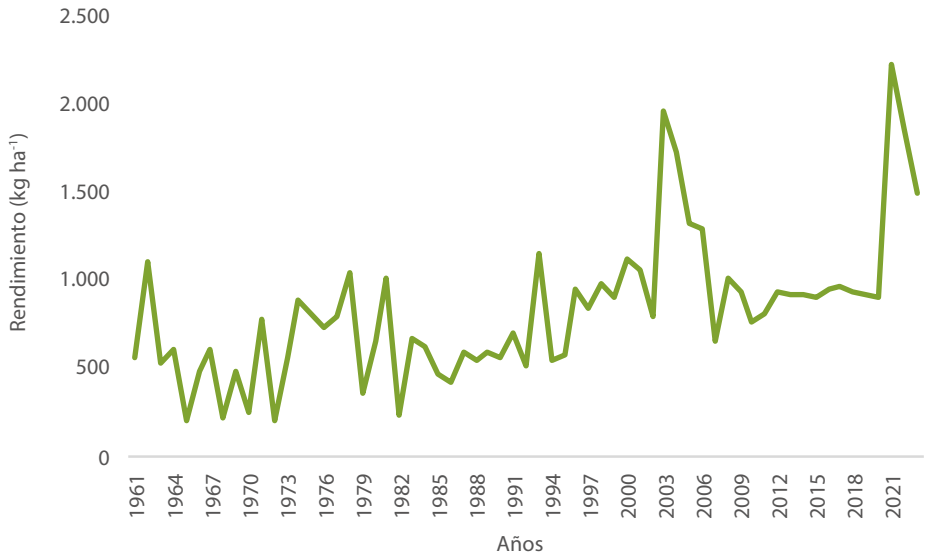


Figura 33. Rendimiento (kg ha^{-1}) de frejoles en Australia. 1961-2023.

Principales países productores de frejol en el mundo

De acuerdo a la información disponible para el año 2023, los principales países productores de frejol en el mundo fueron: India con 6,4 millones de t, seguido de Brasil con 2,9 millones de t, Myanmar con 2,6 Millones de t; China continental con 1,2 millones de t, Estados Unidos con 1,1 millón de t y México con 723 mil t (Fig. 34).

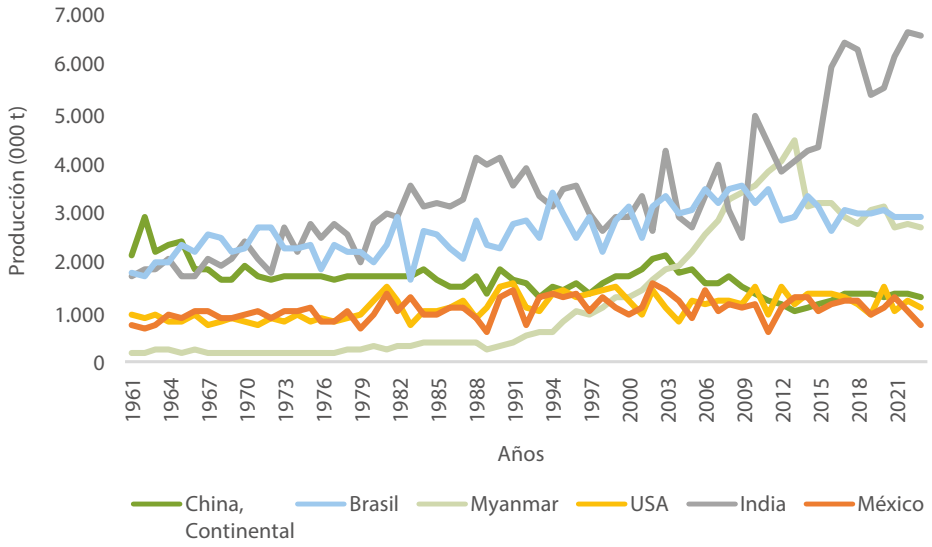


Figura 34. Evolución de los principales países productores (000 t) de frejoles a nivel mundial. 1961-2023.

II. Comercio mundial y regional de frejoles

Visión mundial

Exportaciones. La exportación de frejol a nivel mundial ha tenido un aumento sostenido durante el periodo 1961-2023, con algunas variaciones anuales.

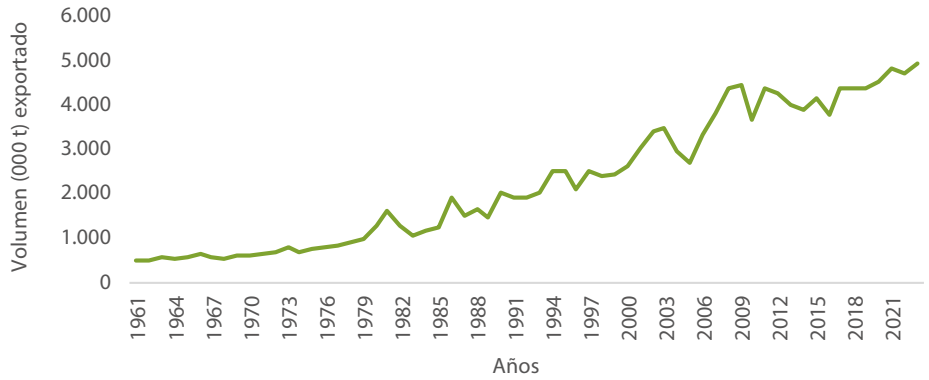


Figura 35. Volumen (000 t) de exportaciones de frejol a nivel mundial. 1961-2023.

En 1961, el volumen exportado fue de 509,1 mil t en comparación a los 4,9 millones de t en el año 2023. En este contexto, hasta el año 1979 se mantuvo un nivel de exportaciones bajo el millón de t. Sin embargo, a partir de 1980 se observó un aumento acelerado, que permitió llegar a los dos millones de t en 1993, tres y medio millones de t en el año 2003 y a 4,9 millones de t en el año 2023 (Fig. 35.)

Importaciones. Las importaciones de frejol a nivel mundial han seguido una tendencia similar al aumento de las exportaciones. Es así como, en 1961 se importaron 367,5 mil t y en el año 2023 esta cifra llegó a los 4,7 millones de t. En este caso se observó también un volumen de importación de frejol inferior a un millón de t hasta el año 1979, el que posteriormente se incrementó a dos millones de t en el año 2001, a tres millones de t en el año 2007, para llegar a los 4,7 millones de t en el año 2023 (Fig. 36).

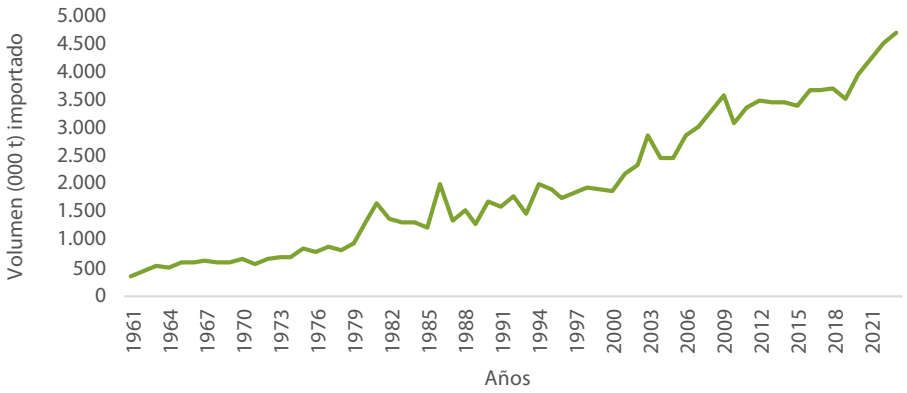


Figura 36. Volumen (000 t) de importaciones de frejol a nivel mundial. 1961-2023.

Exportaciones de frejol mundial

La comparación entre los cinco continentes muestra que Asia es el principal exportador de frejol, seguido de América, África, Europa y Oceanía (Fig. 37)**.**

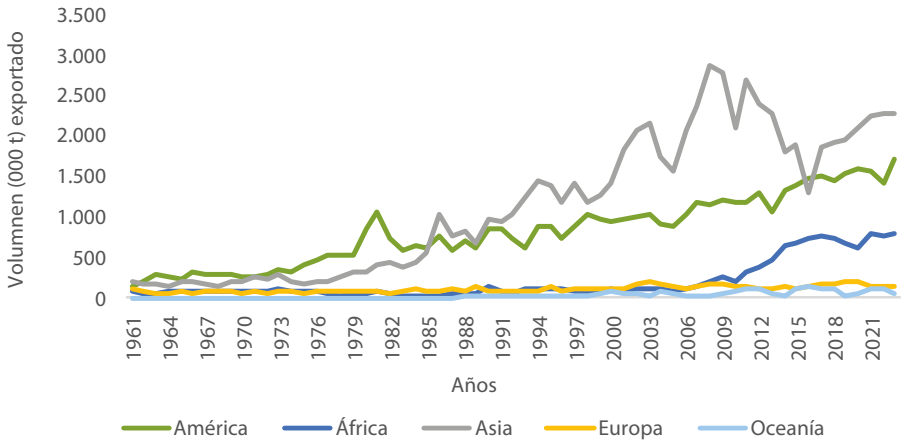


Figura 37. Exportaciones (000 t) de frejoles por continente. 1961-2023.

Importaciones de frejol mundial

La comparación entre los cinco continentes indica que Asia importa el mayor volumen de frejol en comparación con América, Europa, África y Oceanía (Fig. 38).

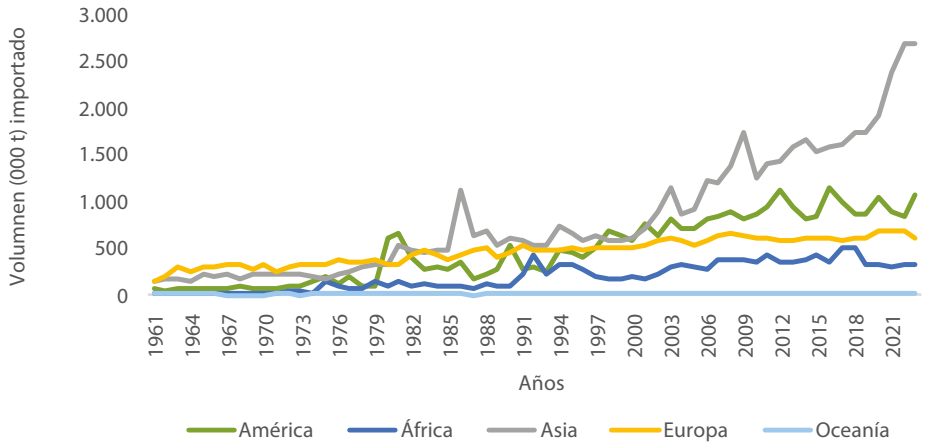


Figura 38. Importaciones (000 t) de frejol por continente. 1961-2023.

Importaciones y exportaciones de frejol en Asia

Las importaciones de frejol en Asia se mantuvieron en un relativo equilibrio con las exportaciones hasta el año 1990, sin embargo, a partir de 1990 las exportaciones, empezaron a superar a las importaciones hasta el año 2021, para luego las importaciones superar a las exportaciones, hasta el año 2023 (Fig. 39).

Exportaciones. El volumen de exportación de frejol en Asia aumentó desde el año 1961 con 203,7 mil t hasta a los 2,8 millones de t en el año 2008, para luego decaer hasta 1,3 millones de t en el año 2016, y volver a aumentar hasta los 2,3 millones de t en el año 2023 (Fig. 39).

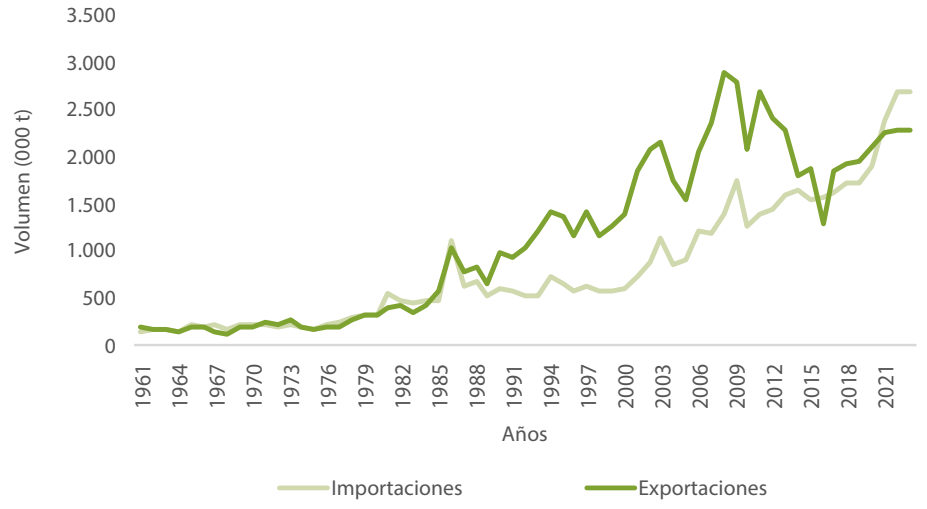


Figura 39. Exportaciones e importaciones (000 t) de frejol en Asia. 1961-2023.

Importaciones. Las importaciones aumentaron desde 139,2 mil t en el año 1961 hasta 2,7 millones de t en el año 2023. Desde 1961 hasta el año 2005, las importaciones se mantuvieron bajo el millón de t, con excepción del año 2003. En el año 2006, las importaciones alcanzaron 1,2 millones de t, las que alcanzaron los 2,7 millones en el año 2023 (Fig. 39).

Importaciones y exportaciones de frejol en América

Exportaciones. Los volúmenes exportados son mayores a los importados y la tendencia de ambas curvas aumentan en forma paralela (Fig. 40).

Para el continente americano, se observó un aumento importante de las exportaciones de frejol durante el periodo 1961-2023. En 1961, el volumen exportado fue de 127,5 mil t, la que aumentó sostenidamente hasta 1,7 millones de t en el año 2023. A partir del año 2006, el volumen de exportación superó el millón de t (Fig. 40).

Importaciones. Las importaciones también aumentaron durante este periodo, desde las 57,6 mil t en el año 1961 a 1,1 millón de t en el año 2023 (Fig. 40).



Figura 40. Exportaciones e importaciones (000 t) de frejol en América. 1961-2023**.**

Importaciones y exportaciones de frejol en África

La tendencia de exportaciones e importaciones en África han sufrido varios cambios durante el periodo 1961-2023. Entre 1961 y 1974 y 2012 y 2023 las exportaciones han superado, en volumen a las importaciones, por el contrario, entre 1975 y 2011, el volumen de importaciones superó a la exportación (Fig. 41).

Exportaciones. En África, el volumen de exportaciones entre los años 1961 y el 2005 estuvo prácticamente bajo las 100 mil t, con algunas excepciones (1993-1996; 200; 2002-2003), sin

embargo, a partir del año 2006 las exportaciones aumentaron sostenidamente hasta las 785,7 mil t en el año 2023 (Fig. 41).

Importaciones. El volumen de las importaciones ha fluctuado entre 14,7 mil t en el año 1961 a 336,7 mil t en el año 2023. Entre 1961 y 1990, estuvo bajo las 100 mil t, con algunas excepciones (1975; 1979-1984; 1988). Desde 1991, el volumen de exportaciones superó las 200 mil t hasta llegar a las 336,7 mil t en el año 2023 (Fig. 41).



Figura 41. Exportaciones e importaciones (000 t) de frejoles en África. 1961-2023**.**

Importaciones y exportaciones de frejol en Europa

En Europa las importaciones superaron a las exportaciones durante todo el periodo 1961-2023.

Importaciones. Se observa una tendencia al aumento de las importaciones, que van desde los 150,9 mil t en el año 1961 a las 693,0 mil t en el año 2020, la que disminuyó a 619,9 mil t en el año 2023 (Fig.42).

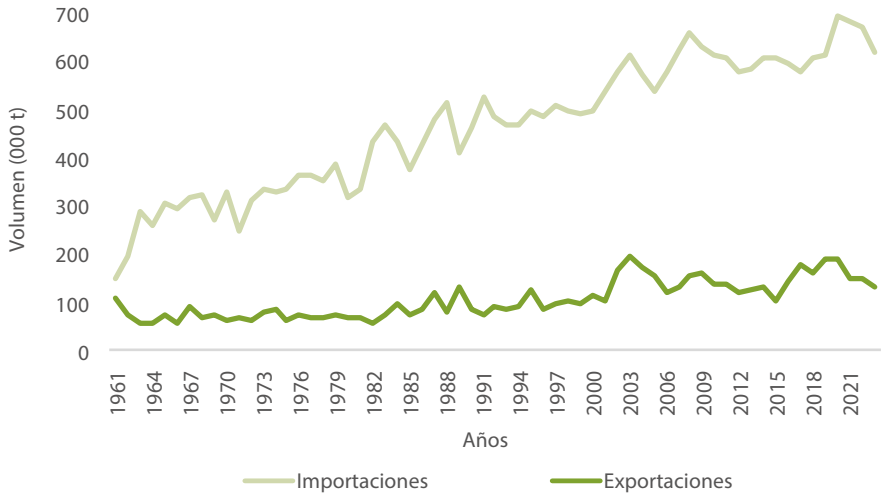


Figura 42. Exportaciones e importaciones (000 t) de frejoles en Europa. 1961-2023**.**

Exportaciones. Durante el periodo 1962-1999, las exportaciones de frejol estuvieron bajo las 100 mil t, con algunas excepciones (1961, 1987, 1989, 1995, 1998), sin embargo, a partir del año 2000, el volumen de exportación de frejoles superó las 100 mil t para alcanzar a las 152 mil t en el año 2022 y 133,3 mil t el año 2023 (Fig. 42).

Importaciones y exportaciones de frejol en Oceanía

Este análisis sólo incluye Australia, donde los volúmenes de exportación e importación de frejoles han sido bajos.

Importaciones. Entre 1961 y el año 2023, las importaciones han fluctuado entre 5,3 mil t en el año y 14,9 t en el año 2023. Desde 1961 hasta el año 1989, las importaciones no sobrepasaron las 1000 t, sin embargo, a partir del año 1990 las exportaciones de frejol llegaron a las 14,9 mil t del año 2023 (Fig. 43).



Figura 43. Exportaciones e importaciones (000 t) de frejol en Australia. 1961-2023**.**

Exportaciones. Desde 1961 hasta 1987, el volumen exportado no superó, las 1000 t, con algunas excepciones (1963-1965;1980-1981; 1985). Sin embargo, a partir de 1988, el volumen exportado de frejol empezó a superar las 10 mil t para llegar a las 119,3 mil t en el año 2021 y descender a 61 mil en el año 2023 (Fig. 43).

Principales países importadores y exportadores de frejol en el mundo

Importadores. Los principales países importadores de frejoles en el año 2023 fueron: India, China Continental, México y Estados Unidos (Fig. 44).

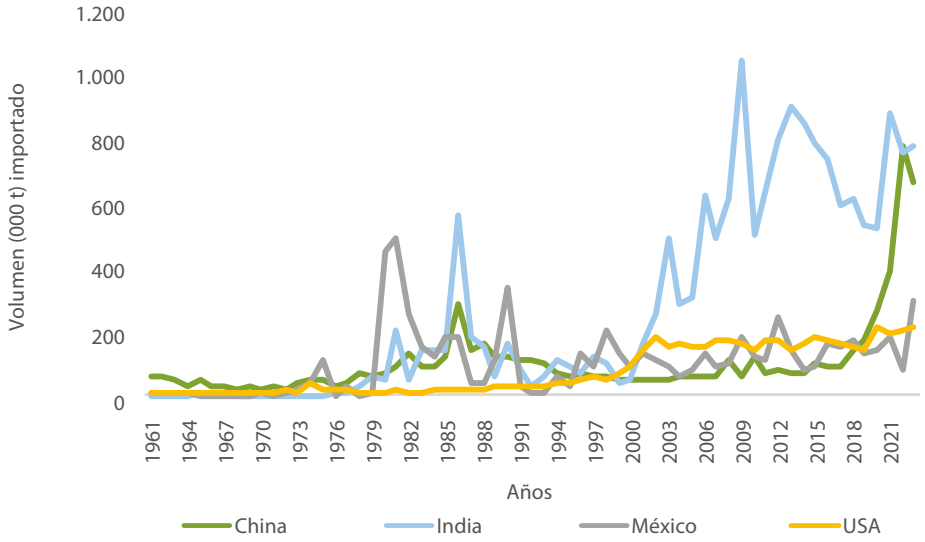


Figura 44. Principales países importadores (000 t) de frejol en el mundo. 1961-2023.

Durante este año, India importó 772, 6 mil t, China continental 656,3 mil t, México 286,4 mil t y Estados Unidos 207, 5 mil t (Fig. 44).

Exportadores. En el año 2023, los principales países exportadores de frejol fueron: Myanmar, Estados Unidos y Canadá (Fig. 45). Myanmar, ha tenido una participación importante en las exportaciones de frejol, a partir de 1992, donde empezó a sobrepasar a Canadá y USA en el mercado. En el año 2023, el volumen exportado por Myanmar, Estados Unidos y Canadá fue de 1,3 millones de t y de 534,3 y 291,6 mil t, respectivamente (Fig. 45).

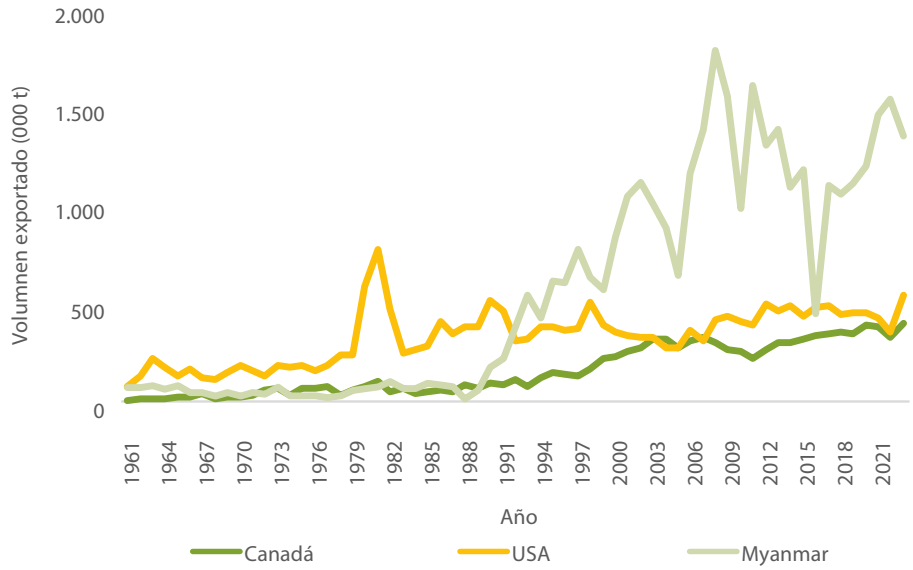


Figura 45. Principales países exportadores (000 t) de frejol en el mundo. 1961-2023.

Referencias

FAOSTAT. 2025a. Production. Crops and livestock products. Food and Agriculture Organization of the United Nations, FAO, https://www.fao.org/faostat/en/#data/QCL.

FAOSTAT. 2025b. Trade. Crops and livestock products. Food and Agriculture Organization of the United Nations. FAO. https://www.fao.org/faostat/en/#data/TCL.


CIAT Centro Internacional de Agricultura Tropical



Historia del frejol
(*Phaseolus vulgaris L.*) en Chile, desde sus orígenes

Editores: Mario Paredes C., Viviana Becerra V.