

**DIVERSIDAD GENÉTICA EN EL
COMPLEJO POBLACIONAL DE LA
RAZA DURANGO DE FRIJOL
Phaseolus vulgaris L.**

**GENETIC DIVERSITY IN THE
DURANGO RACE POPULATION
COMPLEX OF COMMON BEAN
Phaseolus vulgaris L.**

Rosales Serna, R., N. Almaraz Abarca, D. Sierra Zurita, A.I. Chaidez Ayala, E.A. y Delgado Alvarado

DIVERSIDAD GENÉTICA EN EL COMPLEJO POBLACIONAL DE LA RAZA DURANGO DE FRIJOL *Phaseolus vulgaris* L.

GENETIC DIVERSITY IN THE DURANGO RACE POPULATION COMPLEX OF COMMON BEAN *Phaseolus vulgaris* L.



Diversidad genética en el complejo poblacional de la raza Durango de frijol *Phaseolus vulgaris* L.**Genetic diversity in the Durango race population complex of common bean *Phaseolus vulgaris* L.**

Rigoberto Rosales Serna,
Norma Almaraz Abarca,
Donaji Sierra Zurita, Ana
Isabel Chaidez Ayala, Eli
Amanda Delgado Alvarado

DIVERSIDAD GENÉTICA EN
EL COMPLEJO
POBLACIONAL DE LA
RAZA DURANGO DE
FRIJOL *Phaseolus vulgaris* L.

GENETIC DIVERSITY IN
THE DURANGO RACE
POPULATION COMPLEX
OF COMMON BEAN
Phaseolus vulgaris L.

POLIBOTÁNICA

Instituto Politécnico Nacional

Núm. 59: 313-327. Enero 2025

DOI:
10.18387/polibotanica.59.20

Rigoberto Rosales Serna <https://orcid.org/0000-0002-2185-0907>

INIFAP – Campo Experimental Valle del Guadiana. Carretera Durango – El Mezquital km 4.5. Durango, Dgo., México, 34170.

Norma Almaraz Abarca <https://orcid.org/0000-0003-1603-4865>

Centro Interdisciplinario de Investigación para el Desarrollo Integral Regional, Unidad Durango, Instituto Politécnico Nacional. Sigma 119, 20 de Noviembre II, Durango, Dgo., México, 34220

Donaji Sierra Zurita Autora de correspondencia: sierra.donaji@inifap.gob.com
<https://orcid.org/0000-0002-7685-9108>

INIFAP – Campo Experimental Valle del Guadiana. Carretera Durango – El Mezquital km 4.5. Durango, Dgo., México, 34170.

Ana Isabel Chaidez Ayala <https://orcid.org/0000-0003-4190-9192>

Eli Amanda Delgado Alvarado <https://orcid.org/0000-0003-3835-9572>
Centro Interdisciplinario de Investigación para el Desarrollo Integral Regional, Unidad Durango, Instituto Politécnico Nacional. Sigma 119, 20 de Noviembre II, Durango, Dgo., México, 34220.

RESUMEN: El estado de Durango, Méx., es centro importante de diversidad genética del frijol tolerante a sequía y enfermedades, cuyas poblaciones se pierden paulatinamente por la modernidad y calentamiento global. El objetivo fue determinar la diversidad genética actual en el Complejo Poblacional de la Raza Durango de frijol. Se utilizaron 27 colectas, de las cuales 26 eran de frijol [nativo (18), criollo (4) y mejorado (4)]; así como una de *Phaseolus coccineus* (testigo). Se registraron 48 rasgos morfo-agronómicos y se obtuvieron perfiles de amplificación a partir de cuatro pares de marcadores moleculares ISTR (Inverse Sequence Tagged Repeat). Los datos obtenidos se analizaron con estadística descriptiva, análisis de componentes principales (ACP) y agrupamiento (Cluster), usando los programas de cómputo R (2023.12.0+369), GelAnalyzer (23.1) y PAST4- 4.15. Las colectas de frijol nativo, comparadas con las variedades mejoradas, resultaron más precoces para el desarrollo de la guía (29 Vs. 35 días después de la siembra, DDS), pero mostraron floración (59 Vs. 49 DDS) y madurez tardías (107 Vs. 93 DDS); así como, semillas pequeñas (15 Vs. 31 g 100 semillas⁻¹). El CP 1 explicó 15.2% de la varianza observada y se relacionó con el tamaño de la semilla y ancho de la vaina; mientras que, el CP 2 alcanzó 10.1% y se asoció con el tamaño de las brácteas florales. El análisis de agrupamiento reveló la diferencia más pronunciada entre *P. coccineus* y las colectas de frijol nativo y cultivado. El grupo de frijol nativo (IIa) se dividió en dos subgrupos, relacionados con el tamaño y color de la semilla. El otro grupo (IIb) constó de dos subgrupos, uno con variedades de frijol pinto (IIb₁) y colectas nativas de grano flor de mayo. Otro subgrupo (IIb₂) incluyó dos variedades criollas, consideradas como recombinantes interraciales. Los marcadores moleculares ISTR produjeron 69 bandas polimórficas y la combinación de iniciadores B8/F9 reveló el nivel más alto de polimorfismo (86%). El agrupamiento con cuatro combinaciones ITSr, mostró separación clara de las colectas con base en su estructura genética. El grupo I incluyó colectas nativas con dos subgrupos y la variedad Borroso, considerado como recombinante genético. El grupo II incluyó principalmente frijol cultivado y algunos recombinantes, con dos subgrupos, IIa) con separación marcada para una colecta

de frijol nativo con grano bayo pequeño (LF 2), variedades criollas de la raza Jalisco (Negro San Luis) y colectas resultantes de la recombinación genética entre razas. En otro clado se incluyeron variedades criollas y mejoradas de la raza Durango y colectas nativas con granos medianos a grandes. El subgrupo IIB incluyó únicamente a *P. coccineus*. El uso de atributos morfo-agronómicos y marcadores moleculares permitieron la evaluación de la diversidad genética presente en frijol del Complejo Poblacional de la Raza Durango. Las poblaciones nativas y recombinantes genéticos de frijol pueden diferenciarse, por los rasgos morfométricos y marcadores moleculares, de acuerdo con su origen genético y geográfico. La información obtenida será utilizada en la optimización del mejoramiento del frijol cultivado para resistencia a sequía, adaptación al calentamiento global y tolerancia a las enfermedades.

Palabras clave: biodiversidad, conservación, reserva natural, lucha contra la sequía, calentamiento global.

ABSTRACT: The state of Durango, Méx., is an important center of genetic diversity of drought- and disease-tolerant common bean populations, whose are gradually being lost due to modernity and global warming effects. The objective was to determine the actual level of genetic diversity of the common bean Durango Race Population Complex. Twenty-seven common bean accessions were used, of which 26 was common bean [native (18), landrace varieties (4) and improved cultivars (4)] and an accession of *Phaseolus coccineus* (control). Forty-eight morpho-agronomic traits were recorded, and amplification profiles were obtained with four pairs of ISTR (Inverse Sequence Tagged Repeat) molecular markers. The data generated were analyzed using descriptive statistics, principal component analysis (PCA) and cluster analysis, performed in the computer programs R (2023.12.0+369), GelAnalyzer (23.1) and PAST4- 4.15. The common bean native accessions compared to the improved cultivars were precocious for vines growth (29 Vs. 35 days after sowing, DAS), but showed late flowering (59 Vs. 49 DAS) and maturity (107 Vs. 93 DAS); as well as small seeds (15 Vs. 31 g 100 seeds⁻¹). The PC 1 explained 15.2% of the observed variance, related to seed size and pod width, while the PC 2 reached 10.1%, associated to the size of the floral bracts. The cluster analysis revealed the most pronounced difference between *P. coccineus* and the common bean accessions, native and cultivated. The native common bean group (IIa) was divided into two sub-groups, related to seed size and color. The other group (IIb) consisted of two sub-groups, one with pinto bean varieties (IIb₁), as well as native accessions producing flor de mayo seeds. Another sub-group (IIb₂) included two landrace varieties, considered as interracial recombinants. The ISTR molecular markers produced 69 polymorphic bands and the B8/F9 primers combination registered the highest polymorphism level (86%). The cluster analysis generated by using four ISTR combinations showed a clear separation of the common bean accessions, according to its genetic structure. The group I included native accessions with two sub-groups and the Borroso cultivar, considered as a genetic recombinant. The group II included cultivated cultivars and some genetic recombinants, with two sub-groups, one (IIa) with a marked separation for a common bean native accession with small bayo grains (LF 2), landrace cultivars of the Jalisco race (Negro San Luis) and native accessions derived from genetic recombination between races. Another clade included landrace and improved cultivars of the Durango Race and native accessions producing medium to large seeds. The sub-group IIb only included the *P. coccineus* landrace cultivar. The use of morpho-agronomic attributes and molecular markers allowed the evaluation of the genetic diversity present in the Durango Race Population Complex of common bean. Native populations and recombinant accessions of common bean could be identified according to their genetic and geographic origin using morphometric traits and molecular markers. The information obtained in this work will be used to optimize results of the common bean breeding programs for drought resistance, adaptation to global warming effects and disease tolerance.

Key words: biodiversity, conservation, nature reserves, drought control, global warming.

INTRODUCCIÓN

En el estado de Durango, México, existe diversidad importante en especies de plantas del género *Phaseolus*. Particularmente, puede encontrarse un número alto de poblaciones nativas de frijol en varios municipios (Wallander-Compean *et al.*, 2022), por lo que ésta entidad debe ser considerada como un centro importante de diversidad genética y domesticación del frijol, sobretodo cuando se consideran los antecedentes históricos (Chacón-Sánchez, 2009; Punzo-Díaz & Ramírez-Luna, 2008) y los requerimientos para hacer frente a los escenarios de calentamiento global (Mourice *et al.*, 2016; Rosales-Serna, R., C. M. Reyes-Rodríguez, N. Almaraz-Abarca, D. Sierra-Zurita, J. L. Becerra-López, S. Santana-Espinoza., 2024). La adaptación del frijol en condiciones adversas requerirá la incorporación de genes relacionados con mecanismos de adaptación al estrés hídrico, temperaturas altas y organismos patógenos. Varias clases comerciales de frijol, como bayo y pinto, se originaron dentro del Complejo Poblacional de la Raza Durango y muestran grado alto de tolerancia al estrés hídrico (sequía), temperaturas altas (29 a 33 °C) y enfermedades (Chaves-Barrantes *et al.*, 2018; Rosales-Serna *et al.*, 2004). Sin embargo, es necesario explorar, coleccionar y caracterizar colectas nativas provenientes de áreas de origen, para ampliar la gama de posibilidades en la selección de fuentes de resistencia al estrés hídrico, variaciones de temperatura y efectos negativos de organismos patógenos. Con ello, se podrá realizar mejoramiento genético para dichos factores en diferentes países del mundo donde se cultiva frijol en forma intensiva y extensiva.

La tolerancia a la sequía del frijol de la Raza Durango se debe principalmente a su fenología precoz, que le permiten el escape al estrés hídrico terminal y recuperación de la planta, después de periodos de escasez de agua (Rosales-Serna *et al.*, 2004). El escape implica la transición rápida a la etapa reproductiva y la removilización acelerada de fotoasimilados a las vainas y granos en formación; mientras que, la recuperación requiere el fortalecimiento del crecimiento vegetativo y ajuste de la fenología (plasticidad fenológica) (Labastida *et al.*, 2023). El estrés hídrico, registrado en múltiples países a nivel mundial donde se cultiva frijol, se agrava con la presencia de temperaturas altas (>35 °C), por lo que cuando se presentan ambos factores por periodos prolongados, causan problemas fisiológicos y caída de flores y frutos en formación (Hernández *et al.*, 2015).

En la localidad de La Ferrería, Durango, México, crecen poblaciones nativas y formas intermedias (recombinantes genéticos) de frijol. La Ferrería, es considerada como la zona arqueológica más importante del Valle del Guadiana (Durango) en la época Chalchihuites, 600 a 1,300 d.c. [INAH (Instituto Nacional de Antropología e Historia, 2024)]. La población Chalchihuites fomentó el consumo de frijol (Punzo-Díaz & Ramírez-Luna, 2008); mientras que, la confluencia y movilización de las poblaciones humanas y el intercambio de semillas, favorecieron la recombinación genética del Complejo Poblacional de la Raza Durango (Singh *et al.*, 1991) con el germoplasma de frijol de otras áreas de México. Lo anterior, favoreció la diversidad genética que puede ser utilizada para la solución de problemas derivados del cultivo de frijol en áreas sujetas a sequía y presión de diversos patógenos que reducen el rendimiento y calidad del grano en varios países del mundo.

El análisis de la variabilidad genética, recombinación y flujo génico entre estas poblaciones vegetales contribuiría al esclarecimiento del proceso de evolución paulatina que les ha permitido adaptarse a los cambios ocasionados por el calentamiento global (Köstner *et al.*, 2013); así como, la identificación de genes relacionados con la tolerancia a la sequía, temperaturas altas y enfermedades. La caracterización morfológica y morfométrica de las colectas de frijol nativo puede brindar información esencial sobre la diversidad genética que persiste en el Complejo Poblacional de la Raza Durango. Las directrices para la ejecución del examen de la distinción, la homogeneidad y la estabilidad, para judía común, alubia, *Phaseolus vulgaris* [SNICS (Servicio Nacional de Inspección y Certificación de Semillas), 2017; UPOV (Unión Internacional para la Protección de las Obtenciones Vegetales, 2012)], relacionadas con los descriptores de la especie [IBPGR (International Board for Plant Genetic Resources, 1982)], son aceptadas internacionalmente y pueden utilizarse en la determinación de la diversidad genética del frijol nativo y cultivado del Complejo Poblacional de la Raza Durango.

Los ISTR son marcadores genéticos moleculares que detectan polimorfismos entre regiones del genoma que separan retrotransposones, los cuales son los elementos móviles más abundantes y

activos de los genomas vegetales y la principal fuente de variación en este tipo de organismos (Orozco-Arias *et al.*, 2022; Paszkowski, 2015). Los diferentes tipos de retrotransposones han formado linajes en diferentes grupos de plantas (Yu *et al.*, 2024), por lo que se consideran marcadores útiles, para el estudio de la diversidad genética en germoplasma de frijol. Los resultados obtenidos favorecerán el conocimiento y uso eficiente de la diversidad genética de frijol para el mejoramiento de las variedades usadas en la alimentación humana, en respuesta a los efectos del calentamiento global. El objetivo del presente estudio fue estimar la diversidad genética en el Complejo Poblacional de la Raza Durango de frijol nativo y cultivado.

MATERIALES Y MÉTODOS

Germoplasma. En el año 2022, se colectaron al azar semillas de plantas individuales de poblaciones nativas de frijol, en La Ferrería, Durango, Dgo., México. También, se obtuvieron variedades criollas en la zona de cultivo de Los Llanos, Guadalupe Victoria e Ignacio Allende, Dgo. Se generó una base de datos sobre la ubicación de los sitios donde se obtuvieron las colectas nativas y variedades criollas de frijol. Se utilizó un grupo de 27 colectas, de las cuales 26 son de frijol (18 nativas, 4 variedades criollas y 4 variedades mejoradas, producidas en Durango, Dgo.) y una variedad criolla de *Phaseolus coccineus*, como testigo de referencia.

Las variedades criollas son poblaciones de plantas cultivadas tradicionalmente, por los productores, mediante su reproducción constante por más de 30 años (Herrera-Cabrera *et al.*, 2002) y algunas de ellas (Río Grande), fueron generadas en las primeras etapas de mejoramiento genético de frijol [1960-1976 (Rosales *et al.*, 2004)]. Durante dicho proceso, se aplicó selección masal en variedades locales, heterogéneas y ocasionalmente heterócigotas, las cuales, aún en la actualidad, muestran variación intrapoblacional considerable y se adaptan a las condiciones locales de cultivo. Las variedades mejoradas son poblaciones desarrolladas mediante la recombinación genética entre progenitores sobresalientes y la aplicación de un esquema de mejoramiento genético, principalmente el método de pedigrí (genealógico) (Rosales *et al.*, 2020). La descripción de las colectas utilizadas en el presente estudio se muestran en la Tabla 1, donde se consideró como colecta la muestra obtenida de las semillas de cada una de las plantas individuales, en el caso de *Phaseolus* nativo, y de muestras masales obtenidas en el caso de las variedades criollas y mejoradas de frijol cultivado. *Phaseolus coccineus* L. (patol o ayocote) se colectó y caracterizó de la misma manera (morfo-agronómica y molecular) para su uso con fines comparativos. Las colectas y variedades se sembraron en condiciones de campo en Durango (INIFAP-C. E. Valle del Guadiana, Durango, Dgo., México) para realizar la caracterización morfo-agronómica y molecular.

Condiciones de cultivo. La siembra se realizó el 10 de julio de 2023 y se aplicó el manejo agronómico, recomendado en Durango, para el cultivo del frijol en condiciones de riego [INIFAP (Instituto Nacional de Investigaciones Forestales, 2017)]. La parcela experimental estuvo situada en la carretera Durango-El Mezquital km 4.5 (23° 59' 21" N, 104° 37' 33" O, 1,877 m). La parcela útil estuvo compuesta por un surco de 5 m de largo, con un espaciamiento de 0.81 m y 80 plantas. Se colocaron estacas cerca de cada planta para ayudar a las guías a trepar en secciones de carrizo (*Arundo donax*) colocadas verticalmente y con una altura de 2 m sobre la superficie del suelo.

Tabla 1. Colectas de frijol utilizadas para la caracterización de la diversidad genética en el Complejo Poblacional de la Raza Durango.

Table 1. Common bean accessions used for the characterization of the genetic diversity in the Durango Race Population Complex.

Colecta	Forma	Color de semilla	Colecta	Forma	Color de semilla
¹ LF 1	Nativa	² FM Negro	LF 27	Nativa	Café
LF 2	Nativa	Bayo (crema)	LF 29	Nativa	Negro
LF 3	Nativa	Café	LF 30	Nativa	Bayo (crema)
LF 5	Nativa	BY-PT Negro	LF 35	Nativa	Café
LF 7	Nativa	FM Rosa	Borroso	Criolla	Café-Gris
LF 12	Nativa	Café	BY Madero	Mejorada	Bayo (crema)

LF 13	Nativa	FM Negro	NG San Luis	Criolla	Negro
LF 16	Nativa	FM Morado	Patol	Criolla	Negro, Pinto
LF 19	Nativa	Negro	PT Burro	Criolla	Pinto
LF 21	Nativa	Negro	PT Nacional	Criolla	Pinto
LF 23	Nativa	Bayo (crema)	PTSaltillo	Mejorada	Pinto
LF 24	Nativa	Crema-Gris	PT Villa	Mejorada	Pinto
LF 25	Nativa	Crema-Gris	Querétaro	Mejorada	Bayo (crema)
LF 26	Nativa	FM Morado			

¹LF = La Ferrería, ²FM= flor de mayo, rosa, violeta, morado, o jaspeado de negro sobre fondo amarillo-pálido; PT= pinto moteado de café o negro, sobre fondo blanco o beige; NG= negro brillante.

El suelo predominante es de sitio es de tipo franco-arcilloso (Kastañozem), el cual tiene capacidad intermedia para la retención de humedad, profundidad media, pendiente de 0 a 4%, pH de 7.9 y es pobre en contenido de materia orgánica, fósforo y nitrógeno. El clima predominante es templado semiárido [BS₁ kw (w) (e)], con régimen de lluvias en verano, variación fuerte de temperatura con una media anual de 17.4 °C (García, 1987). La lluvia acumulada durante el año alcanza un promedio de 476 mm, con valores altos entre junio y septiembre (Medina-García, 2005).

Caracterización morfo-agronómica. En una población > 60 plantas de cada colecta se registraron 48 atributos morfo-agronómicos incluidos en las guías publicadas por [UPOV (Unión Internacional para la Protección de las Obtenciones Vegetales), 2012] y [SNICS (Servicio Nacional de Inspección y Certificación de Semillas), 2017]. En dichas variables se consideran mayoritariamente variables cualitativas (46) y únicamente dos cuantitativas. Las observaciones para cada atributo se realizaron conforme a las recomendaciones incluidas en las guías [UPOV (Unión Internacional para la Protección de las Obtenciones Vegetales), 2012]. El registro del número de días a floración se realizó cuando más del 50% de las plantas mostraron una flor abierta; mientras que, la maduración se evaluó cuando la mayoría de las plantas presentaron las vainas y hojas amarillas, típicas de la madurez fisiológica [CIAT (Centro Internacional de Agricultura Tropical), 1986].

Extracción de ADN. La extracción de ADN se realizó de acuerdo a Coelho *et al.* (2009), a partir de 100 mg de tejido foliar de 3 plantas de frijol para cada colecta y variedad.

Cuantificación del ADN. La cuantificación y estimación de la pureza del ADN obtenido se determinó a partir de los registros de absorbancia a 260 y 280 nm, de acuerdo a Chan (1992). La determinación de la cantidad de ADN obtenido se realizó de manera espectrofotométrica. Se tomaron 4 µL de cada solución individual de ADN y se combinaron con 996 µL de agua inyectable (dilución 1/250). Se determinaron los valores de absorbancia a 260 nm (A₂₆₀). La concentración de ADN en cada muestra se estimó considerando que una solución de ADN de 50 ng µL⁻¹ tiene un valor de A₂₆₀ de 1 (Chan, 1992). La determinación de la pureza de las soluciones de ADN se realizó de manera espectrométrica de acuerdo a Sambrook J. (1989). De manera individual se registraron los valores de A₂₈₀ y se calcularon los valores de la relación A₂₆₀/A₂₈₀, considerando las lecturas previas de A₂₆₀. Valores de esas proporciones iguales o mayores de 1.7 indicaron que el ADN se encontraba lo suficientemente libre de proteínas para su ampliación por PCR (Reyes-Martínez *et al.*, 2011).

Amplificación. Se emplearon cuatro pares (combinaciones) de iniciadores B1/F10, B6/F10, B8/F9 y B1/F10, los cuales fueron seleccionados por la facilidad de implementación en el CIIDIR-IPN Unidad Durango; así como, por su eficiencia en la discriminación de especies y detección de variabilidad genética intrapoblacional en Agavaceas (Torres-Morán *et al.*, 2008) y capacidad para separar germoplasma silvestre y cultivado de frijol; así como, para establecer el grado de similitud entre colectas (Castellanos-Hernández *et al.*, 2017). Las secuencias de cada uno de los iniciadores se muestran en el Tabla 2.

Caracterización molecular. Los perfiles de amplificación ISTR se obtuvieron mediante la técnica de la reacción en cadena de la polimerasa (PCR), de acuerdo a (Osorio *et al.*, 2006). La concentración inicial de ADN fue 1,490 ng µL⁻¹ y con base en ello, se prepararon 1.5 µL de una solución de ADN (25 ng µL⁻¹) se combinaron con 2 µL de regulador de la enzima (1X), 3 mM de MgCl₂, 0.3 µM de cada iniciador ISTR, 0.25 mM de dNTP, 1U de *Taq* polimerasa (Promega®)

y la cantidad de agua (ultrapura) necesaria para que el volumen final de reacción fuera de 20 μL . Las condiciones de amplificación fueron, un primer ciclo de desnaturalización de 3 min a 95 °C, seguida por 40 ciclos de desnaturalización a 95 °C por 3s, alineación a 45 °C por 1 min y extensión a 72 °C por 2 min. Se incluyó un paso de extensión final de 10 min a 72 °C.

Los fragmentos amplificados se separaron y visualizaron en geles de poliacrilamida (5%), de acuerdo con (Sanguinetti & Simpson, 1994), teñidos con Sybr Green. Los fragmentos amplificados en cada muestra representaron su perfil de amplificación. Las bandas resueltas en los geles de poliacrilamida se seleccionaron y cuantificaron con ayuda del programa de cómputo GelAnalyzer 23.1.

Análisis de la información. Los datos fenotípicos, resultantes de la caracterización morfo-agronómica, se analizaron mediante estadística descriptiva (promedios) y se sometieron a análisis de componentes principales (ACP) y análisis de agrupamiento o conglomerados (cluster analysis). Los perfiles de amplificación se usaron para construir matrices binarias (una para cada tipo de datos) de presencia/ausencia (1/0) de bandas amplificadas (caracteres fenotípicos). Con los datos moleculares se estimó el porcentaje de polimorfismo y se sometieron a análisis de agrupamiento. En los análisis de agrupamiento se utilizó el método UPGMA (Agrupación de Pares no Ponderados con Promedios Aritméticos). Los análisis de datos se hicieron con los programas R ver.2023.12.0+369 y Past 4.14 (Hammer & Harper, 2001).

Tabla 2. Secuencia de los iniciadores ISTR utilizados en la caracterización molecular de 27 colectas de frijol (*Phaseolus* spp.).

Table 2. Primer sequences for ISTR used in molecular characterization of 27 accessions of common bean (*Phaseolus* spp.).

Iniciador	Secuencia (5'→3')
F9	TTA CCT CCT CCA TCT CGT AG
F10	TAA GCA AGC ATC TCG GAG
B1	ATC AGG AAG GTC TGT AAA GC
B6	GGT TCC ACT TGG TCC TTA G
B8	ATA CCT TTC AGG GGG ATG

RESULTADOS

Caracterización morfo-agronómica. Las colectas de frijol nativo mostraron precocidad para el desarrollo de las guías (29 días después de la siembra; DDS); aunque resultaron tardías para el número de días a floración (59 DDS) e intermedias a la madurez (107 DDS), al mismo tiempo que presentaron semillas pequeñas (15 g 100 semillas⁻¹). Las variedades criollas y mejoradas de frijol mostraron valores entre 34 y 35 DDS para el inicio del desarrollo de la guía, 49 DDS para el inicio de la floración, entre 93 a 97 días a madurez fisiológica y 31 a 44 g para el peso de 100 semillas. El testigo mostró 33 DDS para el inicio del desarrollo de las guías, floración a los 44 DDS, madurez 125 DDS y peso de 100 semillas 127 g. Se observaron diferencias considerables para los rasgos morfo-agronómicos evaluados en el presente estudio, en colectas nativas y cultivadas de frijol; así como, con respecto al testigo de referencia.

Tabla 3. Variables evaluadas en 27 colectas de frijol sembradas en Durango, México.

Table 3. Traits evaluated in 27 common bean accessions sown at Durango, México.

Colectas	DDG	DIF	P100S (g)	DMF
Nativas	29	59	15	107
Criollas	34	49	44	97
Mejoradas	35	49	31	93
Testigo	33	44	127	125
Total/Promedio	33	50	54	106

DDG = días para el desarrollo de guías, DIF = Días a inicio de floración, P100S= peso de 100 semillas y DMF = días a madurez fisiológica.

El Análisis de Componentes Principales (ACP) generado a partir de la caracterización morfo-agronómica mostró una proporción baja de la varianza explicada por el CP 1 (15.2%) y CP 2 (10.1%), por lo que se requirieron 26 CP para alcanzar un valor cercano a 100%. La diferencia (altura) más pronunciada en el dendrograma generado a partir del análisis de la información de atributos morfo-agronómicos se observó para *P. coccineus* (frijol patol), la cual formó un grupo independiente del resto de las colectas, lo que está en concordancia con el hecho de que es una especie diferente (Figura 2). La variabilidad disminuyó entre las colectas con semillas pequeñas y típicamente de frijol nativo, las cuales formaron dos subgrupos (IIa y IIb), que incluyeron colectas con semillas de color bayo (crema-beige), café, negro y rayadas negras (IIa₁). El subgrupo IIa₂ incluyó colectas con semillas pequeñas de color beige, conocidas como frijol bayo y flor de mayo, incluyendo coloración abigarrada negra y rosada en la testa de la semilla.

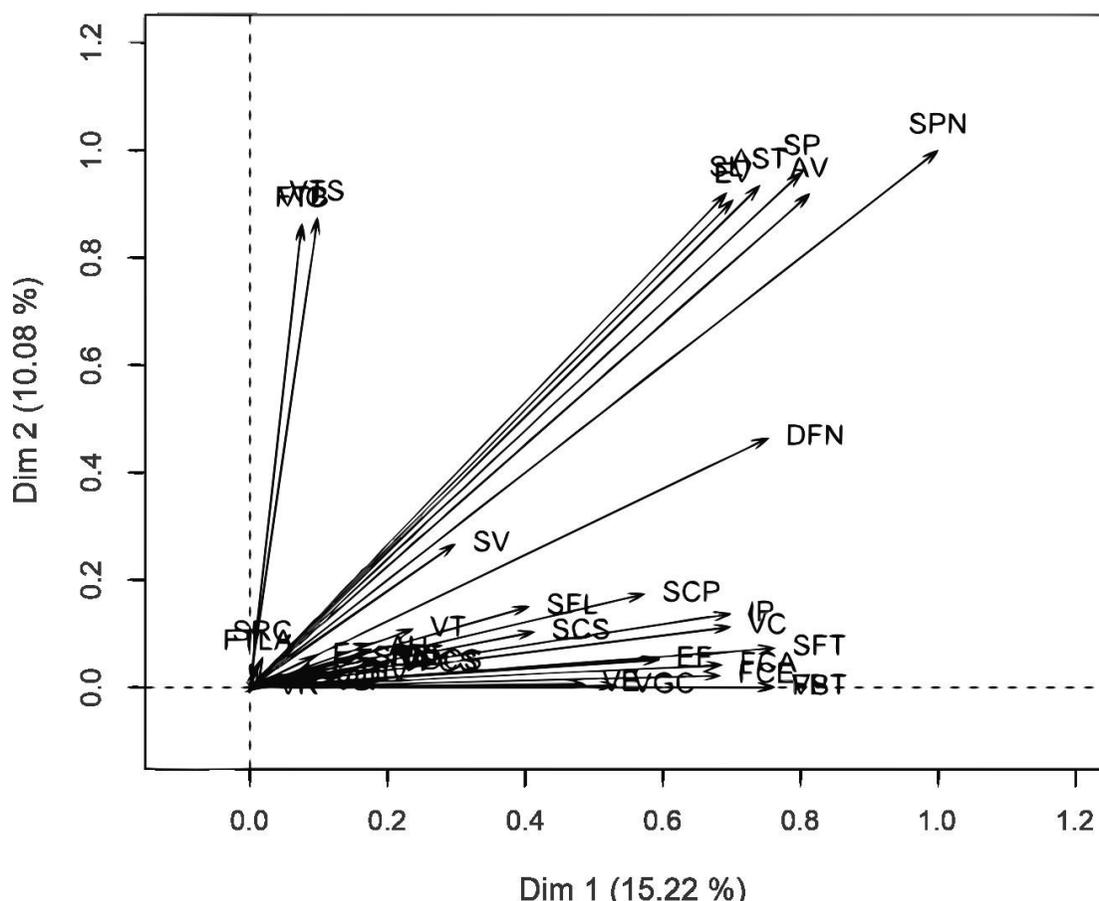


Figura 1. Resultado bidimensional del análisis de componentes principales para variables morfo-agronómicas de frijol nativo y cultivado del estado de Durango (SPN = semilla peso numérico, AV = anchura de la vaina, SP = tamaño de la semilla, AST = anchura de la semilla, en sección transversal).

Figure 1. Bidimensional results of the Principal Component Analysis for the main morpho-agronomic traits in native and improved common bean from Durango Race Population Complex (SPN = seed weight, AV = pod width, SP = seed size, AST = seed width in cross section).

El grupo IIb incluyó dos subgrupos, que englobaron variedades criollas y mejoradas con semillas de color pinto y formas intermedias (regresivas) con semillas grandes de color flor de mayo (rosado). También, se observó grado alto de diferenciación en el subgrupo IIb₁ de variedades criollas (Negro San Luis) y variedades mejoradas (Río Grande y Bayo Madero); así como, para colectas recombinantes con semillas flor de mayo. Otro subgrupo (IIb₂) estuvo compuesto por dos variedades criollas con grado alto de segregación (recombinantes), conocidas como Pinto

Burro y Borroso (Rebocero), que probablemente se originaron a partir de cruzamientos naturales de tipo interracial.

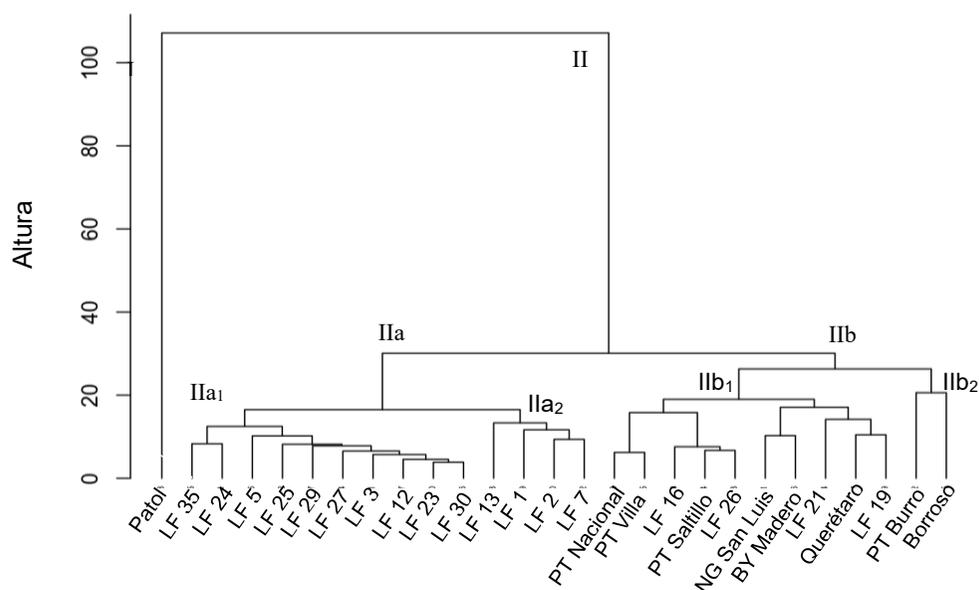


Figura 2. Dendrograma basado en características morfo-agronómicas evaluadas en colectas de frijol del Complejo Poblacional de la Razas Durango y Jalisco.

Figure 2. Dendrogram based on morpho-agronomic traits evaluated in common bean accessions from the Durango and Jalisco Races Population Complex.

Caracterización molecular. Las cuatro combinaciones de marcadores moleculares ISTR, produjeron un total de 69 bandas (Tabla 3). El nivel de polimorfismo varió entre 56% para la combinación B1/F10 y 86% para la combinación B8/F9, por lo que esta última fue más informativa. El dendrograma generado por los perfiles de amplificación, con cuatro combinaciones ISTR incluidas en el análisis, mostraron una separación clara de las colectas bajo estudio, revelando dos grupos principales (I y II) (Figura 3). El grupo I incluyó colectas principalmente nativas (subgrupos Ia y Ib) y únicamente se mezcló en el subgrupo (Ib) la variedad criolla de la Sierra de Durango, conocida como Borroso (Rebocero), la cual puede ser resultado de la recombinación genética entre colectas criollas y nativas.

Tabla 4. Parámetros genéticos obtenidos en la evaluación de la diversidad genética en colectas de frijol de la Raza Durango mediante cuatro combinaciones de ISTR.

Table 4. Genetic parameters obtained in the evaluation of the genetic diversity in common bean accessions of the Durango Race by using four ISTR combinations.

Iniciador ISTR	Total de Bandas	Bandas Polimórficas	Polimorfismo (%)
Combinación 1 (B1/F10)	32	18	56
Combinación 2 (B6/F10)	17	12	71
Combinación 3 (B8/F9)	14	12	86
Combinación 4 (B8/F10)	6	4	67
Total	69	46	--
Promedio	17	12	70

El grupo II se subdividió en dos subgrupos (IIa y IIb), el grupo IIa incluyó principalmente frijol cultivado (criollo y mejorado) y una colecta de frijol nativo, con grano de color bayo y tamaño

pequeño (LF 2), la cual, formó un clado independiente del resto de las muestras de frijol cultivado (Figura 3). En el mismo subgrupo IIa, se formó un clado separado de variedades criollas de la Raza Jalisco (Río Grande, Negro San Luis) y formas intermedias, como Pinto Burro, lo que sugiere que éstas pueden ser el resultado de la recombinación genética entre razas (Jalisco y Durango).

En otra división del subgrupo IIa se incluyeron variedades criollas y mejoradas provenientes de la raza Durango, la cual incluye las clases comerciales bayo (Bayo Madero) y pinto (Pinto Saltillo). También, englobó colectas recombinantes y granos medianos-grandes de color café, negro y flor de mayo, éstos últimos con diferentes tonalidades del color primario y secundario de la testa (Figura 3). *Phaseolus coccineus* (patol) fue el único elemento del subgrupo IIb, lo cual era esperado por ser una especie diferente. Los perfiles ISTR permitieron la diferenciación clara de cada grupo de colectas y variedades cultivadas, ya que cada una formó un clado individual, lo que sugiere perfiles genéticos diferentes. La mayor similitud genética se estableció entre la población LF 27 y LF 29 (Figura 3).

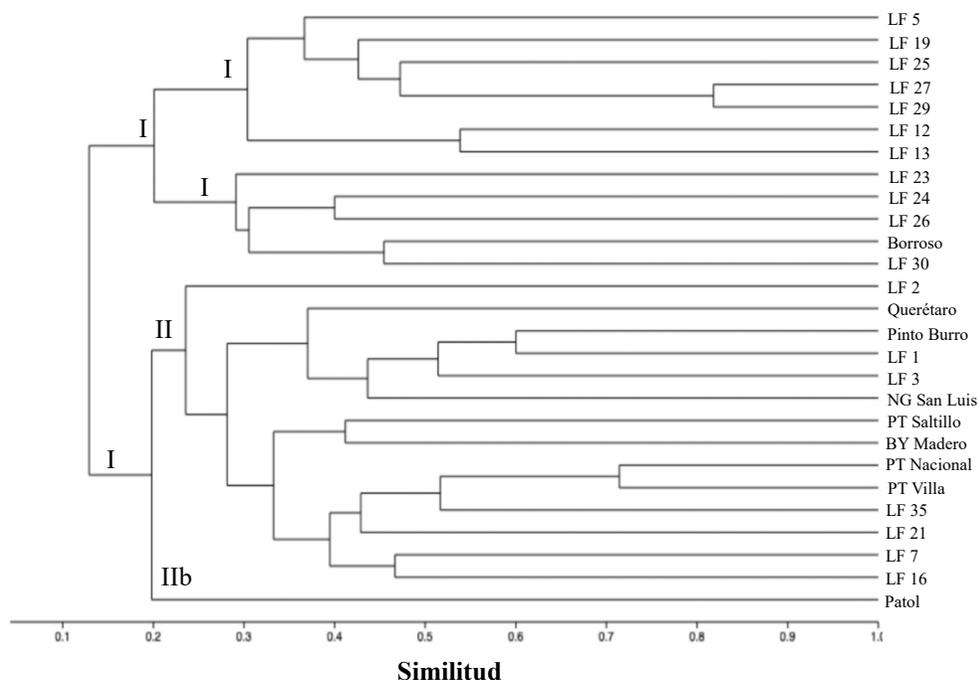


Figura 3. Dendrograma basado en cuatro pares de iniciadores de marcadores moleculares ISTR evaluados en colectas de frijol de las razas genéticas Durango y Jalisco.

Figure 3. Dendrogram based on four primer pairs for molecular markers ISTR evaluated in common bean accessions from Durango and Jalisco genetic races.

DISCUSIÓN

Caracterización morfo-agronómica. Las plantas de las colectas de frijol nativo mostraron hábito de crecimiento trepador, lo que favorece su crecimiento en ecosistemas con competencia intra e interpoblacional fuerte con especies arbustivas y arbóreas (Kwak *et al.*, 2012), lo cual contrastó con las variedades criollas y mejoradas; así como con el testigo de comparación. Lo anterior, provocó retraso en la floración y madurez de las colectas silvestres, por la necesidad de asignar la biomasa producida hacia el crecimiento vegetativo de la planta. Además, mostraron semillas pequeñas, testa gruesa y brillante; así como vainas dehiscentes de forma explosiva, lo que les permite adaptarse y reproducirse en ambientes adversos y contrastó con el resto de las colectas incluidas en el estudio (Acosta-Gallegos *et al.*, 2007).

Los resultados del Análisis de Componentes Principales (ACP) difirieron de lo observado en otros estudios con frijol, en los cuales se requirieron entre dos y cuatro Componentes Principales para explicar 40 a 84% de la variación total observada (Espinosa-Pérez *et al.*, 2015; Long *et al.*, 2020). El requerimiento de un número alto de Componentes Principales se relacionó con la diversidad alta para las colectas y variables incluidas en la caracterización realizada en el presente estudio, entre las que sobresalieron el tamaño de la semilla (Blair *et al.*, 2009) y anchura de vainas y granos (Lépiz-Ildefonso *et al.*, 2010) (Figura 1), las cuales estuvieron asociadas al CP 1 y al proceso evolutivo del frijol en la región bajo estudio. En estudios previos realizados en Durango, México, se encontró también una variación importante en las características de semillas y vainas entre cinco poblaciones nativas de frijol (Wallander-Compeán *et al.*, 2022). Lo anterior, permite determinar que Durango es un centro importante para la diversidad y domesticación del frijol en México debido a la variación para diferentes atributos de la vaina y las semillas detectada en las colectas de frijol nativo, lo cual persiste en las variedades criollas y mejoradas cultivadas actualmente.

Los resultados mostraron qué el estudio de atributos morfo-agronómicos de la planta de frijol reveló variabilidad abundante, lo que sugiere que estos rasgos representan una herramienta importante para la caracterización del frijol y los estudios de diversidad genética. A pesar de lo anterior, se consideró necesaria la depuración de las variables incluidas en la caracterización morfo-agronómica, debido a la falta de variabilidad intra e interpoblacional en algunas de ellas, para incrementar la precisión y reducir tiempos y costos de evaluación en estudios posteriores.

La separación clara de *P. coccineus* (frijol patol), estuvo en concordancia con el hecho de que es una especie con morfología, fenología y adaptación diferente a *P. vulgaris* (Giurcă, 2008). La diversidad genética disminuyó entre las colectas que producen semillas pequeñas y típicamente nativas, las cuales formaron un subgrupo que incluyó colectas con semillas de color bayo (crema-beige), café, negro y rayadas negras (IIa₁), pero con similitud para otros caracteres morfo-agronómicos. Los colores de la semilla, se observan en algunas de las variedades cultivadas tradicionalmente en Durango, Chihuahua y Zacatecas (López *et al.*, 2021), por lo que se pudo establecer un vínculo entre colectas nativas y cultivadas de frijol. En otro subgrupo (IIa₂) se acumularon colectas con semillas pequeñas de color beige, conocidas como frijol bayo y flor de mayo, incluyendo coloración abigarrada negra y rosada en la testa de la semilla. Este subgrupo fue generado por la recombinación genética con colectas de la raza Jalisco, o bien estas colectas son la fuente de la variabilidad presente en la raza Durango y las clases comerciales cultivadas localmente (bayo y flor de mayo) (Singh *et al.*, 1991).

El grupo alterno (IIb) se formó con variedades criollas y mejoradas con semillas de color pinto (Raza Durango) y recombinantes genéticos interaciales, así como con semillas grandes de color flor de mayo (rosado). Los resultados mostraron continuidad geográfica para algunas clases comerciales de frijol (flor de mayo) tanto en las colectas de frijol nativo, como las variedades cultivadas. Lo anterior, pudo estar relacionado con la movilización de semillas y el intercambio genético interacial; así como, entre las clases comerciales de frijol de las razas Durango y Jalisco. También, se observó grado alto de diferenciación en el subgrupo IIb₁ de variedades criollas (Negro San Luis) y variedades mejoradas (Río Grande y Bayo Madero); así como, para las colectas nativas con semillas flor de mayo. Se apreció separación entre clases comerciales de frijol, especialmente entre las colectas nativas y cultivadas de grano pinto y por otro lado las variedades con grano negro y bayo. Se ha observado que algunas variedades (Durango 222) con grano bayo (bayo blanco, bayo rata) muestran características típicas de las variedades con semillas negras (flores y guías moradas), lo que se asoció con la cercanía genética. Además, se observó que las colectas y variedades de grano flor de mayo comparten características con la mayoría de las colectas nativas y variedades cultivadas que fueron incluidas en el estudio. Otro subgrupo (IIb₂) estuvo compuesto por dos variedades criollas con grado alto de segregación (recombinantes), conocidas como Pinto Burro y Borroso (Rebocero), que probablemente se originaron a partir de cruzamientos naturales de tipo interracial (Raza Durango y Raza Jalisco). El uso de caracteres morfo-agronómicos permitió la separación entre colectas nativas y variedades cultivadas de frijol, las cuales se relacionan principalmente con la raza Durango y sus interacciones con la raza Jalisco. Además, pudo determinarse que algunas colectas nativas y variedades cultivadas han mantenido una identidad genética propia, asociada a su origen genético y geográfico. Los resultados obtenidos permiten suponer que las formas cultivadas de frijol

(variedades criollas y mejoradas), pertenecientes a las razas Durango y Jalisco, descienden de poblaciones nativas de frijol con semillas pequeñas que presentan los colores siguientes: beige, café, bayo rata (beige vetado de gris) y pinto (café y rayado negro). Dichos resultados serán corroborados, mediante un análisis filogenético que establezca con precisión las relaciones genéticas entre colectas pertenecientes al Complejo Poblacional de la Raza Durango y su dispersión a otras áreas de México.

Las colectas nativas de La Ferrería, Dgo., mostraron presencia de semillas de color negro brillante y flor de mayo (de color negro y rosa), las cuales predominan en la Raza Jalisco (Singh *et al.*, 1991) y en la actualidad están presentes en la Raza Durango. Lo anterior, pudo ser ocasionado por la dispersión del germoplasma de frijol originado en Durango, hacia una zona con condiciones más favorables para su crecimiento. También, influyó el flujo genético entre las poblaciones de frijol nativo y las variedades cultivadas (criollas y mejoradas) (Zizumbo-Villarreal *et al.*, 2005), que se introdujeron en áreas cercanas a la zona arqueológica de La Ferrería, Dgo. Se ha detectado variación en el nivel de entrecruzamiento entre germoplasma nativo y cultivado de frijol [0.0 - 66.8% (Chacon-Sanchez *et al.*, 2021)]. Con base en los resultados obtenidos, pudo establecerse la importancia del germoplasma de la raza Durango debido a que las colectas nativas obtenidas en La Ferrería, Dgo., fueron similares a las variedades cultivadas en Durango, Chihuahua y Zacatecas.

Caracterización molecular. Los niveles de polimorfismo encontrados en el presente estudio fueron inferiores (B1/F10, B6/F10, B8/F10) y en algunos casos similares (B8/F9) a los obtenidos, con el mismo tipo de marcadores moleculares, para frijol nativo, cultivado e intermedio de Jalisco, que fluctuaron entre 85 y 89% (Castellanos-Hernández *et al.*, 2017). Los iniciadores incluidos en el presente estudio resultaron útiles para separar las colectas de frijol con base en su diversidad genética y nivel evolutivo (nativo, criollo, mejorado y testigo). En cada uno de los grupos se observaron colectas que representan recombinantes genéticos entre razas y niveles evolutivos, aunque se desconoce el sentido del intercambio, es decir se pueden tratar de avances y retrocesos desde el nativo hasta las colectas mejoradas, o bien desde éstas hacia el frijol nativo. En el grupo de colectas nativas se mezcló la variedad criolla de la Sierra de Durango, conocida como Borroso (Rebocero), la cual puede ser resultado de la recombinación genética entre germoplasma nativo y criollo, de las razas Durango y Jalisco, lo que dio lugar a esta colecta de crecimiento indeterminado, guía de longitud media y grano grande.

Otro de los grupos (II) incluyó principalmente frijol cultivado (criollo y mejorado) y una colecta de frijol nativo, con grano de color bayo y tamaño pequeño (LF 2), que mostró grado alto de diferenciación. En el mismo subgrupo, se formó un clado independiente de variedades criollas de la raza Jalisco (Río Grande y Negro San Luis) y variedades de origen interacial, como Pinto Burro, lo que sugiere que éstas pueden ser el resultado de la recombinación genética entre razas (Jalisco y Durango). Pinto Burro es una variedad que puede ubicarse en la raza Durango debido a que tiene granos de color crema y moteado de color café; aunque difiere de los pintos tradicionales, debido a que presenta tamaño grande y forma redondeada, que son atributos comunes en los granos observados en la raza Jalisco (Singh *et al.*, 1991).

En el grupo predominante de variedades cultivadas, se incluyeron colectas de frijol criollo y mejorado de la raza Durango, con grano bayo (Bayo Madero) y pinto (Pinto Saltillo). Además, se englobaron colectas con formas intermedias y granos medianos-grandes de color café, negro y flor de mayo, éstos últimos con diferentes tonalidades del color primario y secundario de la testa. La colecta de *Phaseolus coccineus* (patol) fue el único elemento del subgrupo IIb, lo cual era esperado por ser una especie diferente. Los perfiles ISTR permitieron la diferenciación de cada grupo de colectas (nativas y cultivadas de las razas Durango y Jalisco), ya que cada uno formó un clado individual, lo que sugiere un perfil genético único. La mayor similitud genética se estableció entre las colectas LF 27 y LF 29, aunque una tiene grano de color amarillo oscuro y la otra negro brillante, lo cual demostró que los caracteres morfológicos pueden mostrar cierto nivel de error en la diferenciación de colectas cercanas genéticamente. La identificación de colectas y variedades genéticamente distantes favorecerá los avances en los programas de mejoramiento genético del frijol para tolerancia a la sequía, altas temperaturas y tolerancia a las enfermedades, lo que a su vez incrementará el rendimiento y calidad del grano.

CONCLUSIONES

Persiste variación morfo-agronómica y molecular importante en el Complejo Poblacional de la raza Durango de frijol, lo que facilitó la diferenciación entre las colectas con grado diferente de evolución y éste fue consistente con su origen genético y geográfico. Las colectas de frijol nativo, obtenidas en La Ferrería, Dgo., se perfilaron como parte de las poblaciones originarias del frijol cultivado de la raza Durango, principalmente de aquel perteneciente a la clase comercial pinto y bayo. Los resultados obtenidos sugieren que ha habido flujo genético entre las colectas nativas y cultivadas; así como, entre las razas genéticas Durango y Jalisco. Se sugiere el estudio detallado del origen de los colores negro brillante y flor de mayo, los cuales predominan en la raza Jalisco y en la actualidad, están presentes de forma abundante en frijol nativo de la Raza Durango. Las formas intermedias que mostraron colores de grano principalmente flor de mayo (rosado y negro) puede ser el resultado del flujo genético entre colectas nativas y variedades cultivadas de frijol que fueron introducidas en Durango. Algunas colectas de frijol nativo y la mayoría de las formas intermedias colectadas en La Ferrería mostraron similitud con las variedades cultivadas en Durango, Chihuahua, Zacatecas y Jalisco.

Se observaron algunas variedades criollas con características similares a las colectas nativas y variedades recombinantes, como son Borroso y Pinto Burro, por lo que sus granos fueron grandes en comparación con el frijol nativo. La heterogeneidad intrapoblacional de los granos, observada en la mayoría de las colectas de frijol nativo y formas intermedias colectadas en Durango, dificultó la caracterización con base en los atributos de la semilla. El uso de marcadores genéticos moleculares, corroboró las diferencias genéticas entre las colectas y variedades cultivadas que fueron incluidas en el estudio. Los resultados obtenidos ayudarán a optimizar los programas de mejoramiento genético para tolerancia a sequía, temperaturas altas y enfermedades, los cuales son desarrollados en diferentes áreas productoras de frijol en México y otros países del mundo.

AGRADECIMIENTOS

Se agradece al Centro Interdisciplinario de Investigación para el Desarrollo Integral Regional Unidad Durango, del Instituto Politécnico Nacional por el apoyo y las facilidades brindadas para la realización del presente estudio.

LITERATURA CITADA

- Acosta-Gallegos, J. A., Kelly, J. D., & Gepts, P. (2007). Prebreeding in common bean and use of genetic diversity from wild germplasm. *Crop Science*, 47, S-44.
- Blair, M. W., Díaz, L. M., Buendía, H. F., & Duque, M. C. (2009). Genetic diversity, seed size associations and population structure of a core collection of common beans (*Phaseolus vulgaris* L.). *Theoretical and Applied Genetics*, 119, 955–972.
- Castellanos-Hernández, O. A., Lepiz-Ildelfonso, R., Castellanos-Enríquez, G. E., Rodríguez-Sahagún, A., & Torres-Morán, M. I. (2017). Relaciones genéticas basadas en marcadores ISTR entre formas silvestres, cultivadas e intermedias de frijol de guía colectado en Jalisco, México. *Acta Botánica Mexicana*, 118, 53–63.
- Chacón-Sánchez, M. I. (2009). Darwin y la domesticación de plantas en las américas: El caso del maíz y el frijol. *Acta biológica Colombiana*, 14: 351-363.
- Chacon-Sanchez, M. I., Martínez-Castillo, J., Duitama, J., & Debouck, D. G. (2021). Gene flow in *Phaseolus* beans and its role as a plausible driver of ecological fitness and expansion of cultigens. *Frontiers in Ecology and Evolution*, 9, 618709.
- Chan, T. W. V. (1992). Extraction of nucleic acids from clinical samples and cultured cells. *Diagnostic Molecular Pathology. A Practical Approach*. IRL Press, Oxford, 1–23.
- Chaves-Barrantes, N. F., Polanía, J. A., Muñoz-Perea, C. G., Rao, I. M., & Beebe, S. E. (2018). Caracterización fenotípica por resistencia a sequía terminal de germoplasma de frijol común. *Agronomía Mesoamericana*, 29(1), 1–17.

- CIAT (Centro Internacional de Agricultura Tropical). (1986). Etapas de desarrollo de la planta de frijol común (*Phaseolus vulgaris* L.). F. Fernández de C., P. Gepts, M. López.
- Coelho, R. C., Faria, M. A., Rocha, J., Reis, A., Oliveira, M. B. P. P., & Nunes, E. (2009). Assessing genetic variability in germplasm of *Phaseolus vulgaris* L. collected in Northern Portugal. *Scientia Horticulturae*, 122(3), 333–338.
- Espinosa-Pérez, E. N., Ramírez-Vallejo, P., Crosby-Galván, M. M., Estrada-Gómez, J. A., Lucas-Florentino, B., & Chávez-Servia, J. L. (2015). Clasificación de poblaciones nativas de frijol común del centro-sur de México por morfología de semilla. *Revista Fitotecnia Mexicana*, 38(1), 29–38.
- García M., E. (1987). Modificaciones al sistema de clasificación climática de Köppen (Para adaptarlo a las condiciones de la República Mexicana). 4a. ed.
- Giurcă, D.-M. (2008). Morphological and phenological differences between the two species of the *Phaseolus* genus (*Phaseolus vulgaris* and *Phaseolus coccineus*). *Cercetări Agronomice în Moldova XLII(2)*: 39-45.
- Hammer, Ø., & Harper, D. A. T. (2001). Past: paleontological statistics software package for education and data analysis. *Palaeontologia Electronica*, 4(1), 1.
- Hernandez, Y. M., Antomarchi, A. B., Fabre, T. B., Barreiro, E. A., de Guevara, L., Palacio, A. J., & Castillo, R. O. (2015). Rendimiento y tolerancia a la sequía de seis variedades de frijol común (*Phaseolus vulgaris* L.) en condiciones de campo. *Centro Agrícola*, 42(1), 69–74.
- Herrera-Cabrera, B. E., Macías-López, A., Díaz-Ruiz, R., Valadez-Ramírez, M., & Delgado-Alvarado, A. (2002). Uso de semilla criolla y caracteres de mazorca para la selección de semilla de maíz en México. *Revista Fitotecnia Mexicana*, 25(1), 17.
- IBPGR (International Board for Plant Genetic Resources). (1982). *Phaseolus vulgaris* descriptors. *IBPGR Secretariat. Rome, Italy*. 32 p.
- INAH (Instituto Nacional de Antropología e Historia). (2024). La Ferrería. <https://www.inah.gob.mx/zonas/zona-arqueologica-la-ferreria>
- INIFAP (Instituto Nacional de Investigaciones Forestales, A. y P. (2017). Agenda técnica agrícola. *Durango y La Laguna. Ciudad de México, México*. 196 p.
- Köstner, B., Hebner, A., Pohlan, J., & Dalitz, K. (2013). Estrategias de adaptación al cambio climático en la región de Durango para la mejora de la eficiencia agropecuaria. IAK-Technische Universität Desarrollo Económico-VITA, Victoria de Durango, Méx. <https://doi.org/10.13140/RG.2.1.2125.2005>
- Kwak, M., Toro, O., Debouck, D. G., & Gepts, P. (2012). Multiple origins of the determinate growth habit in domesticated common bean (*Phaseolus vulgaris*). *Annals of Botany*, 110(8), 1573–1580.
- Labastida, D., Ingvarsson, P. K., & Rendon-Anaya, M. (2023). Dissecting the genetic basis of drought responses in common bean using natural variation. *Frontiers in Plant Science*, 14, 1143873.
- Lépiz-Ildfonso, R., López-Alcocer, J. J., Sánchez-González, J. J., Santacruz-Ruvalcaba, F., Nuño-Romero, R., & Rodríguez-Guzmán, E. (2010). Características morfológicas de formas cultivadas, silvestres e intermedias de frijol común de hábito trepador. *Revista Fitotecnia Mexicana*, 33(1), 21–28.
- Long, J., Zhang, J., Zhang, X., Wu, J., Chen, H., Wang, P., Wang, Q., & Du, C. (2020). Genetic diversity of common bean (*Phaseolus vulgaris* L.) germplasm resources in Chongqing, evidenced by morphological characterization. *Frontiers in Genetics*, 11, 697.
- López, J. L. A., Pérez, F. J. I., Cota, F. G. R., Murrieta, P. F. O., Almanza, E. C., & Gallegos, J. A. A. (2021). Leguminosas de grano en México: variedades mejoradas de frijol y garbanzo desarrolladas por el INIFAP. *Revista Mexicana de Ciencias Agrícolas*, 25, 63–75.
- Medina G. G., G. Díaz P., J. López H., J. A. Ruiz C. y M. Marín S. (2005). Estadísticas climatológicas básicas del estado de Durango (Periodo 1961-2003). *Libro Técnico Núm. 1. SAGARPA-INIFAP-CIRNOC-Campo Experimental Valle del Guadiana. Durango, Dgo. México*. 224 p.
- Mourice, S. K., Tumbo, S. D., & Rweyemamu, C. L. (2016). Assessment of climate change impact on common bean (*Phaseolus vulgaris* Savi, L.) Production in Tanzania. *Climate Change and Multi-Dimensional Sustainability in African Agriculture: Climate Change*

Recibido:
13/agosto/2024

Aceptado:
21/noviembre/2024

- and Sustainability in Agriculture*, 259–279.
- Orozco-Arias, S., Candamil-Cortes, M. S., Jaimes, P. A., Valencia-Castrillon, E., Tabares-Soto, R., Isaza, G., & Guyot, R. (2022). Automatic curation of LTR retrotransposon libraries from plant genomes through machine learning. *Journal of Integrative Bioinformatics*, 19(3), 20210036.
- Osorio, Z. M. A., Infante, D., & Molina, S. (2006). Variación genética asexual en *Agave cocui* Trelease. *Nakari*, 17, 1–7.
- Paszowski, J. (2015). Controlled activation of retrotransposition for plant breeding. *Current Opinion in Biotechnology*, 32, 200–206.
- Punzo-Díaz, J. L., & Ramírez-Luna, A. (2008). The Chalchihuites chronology revisited: the Guadiana branch. *Podium Presentation at the 73rd Annual Meeting of the Society for American Archaeology in Vancouver BC, Canada*.
- Reyes-Martínez, A., Barriada-Bernal, L. G., Rivera-Rodríguez, D. M., Pajarito-Ravelero, A., Delgado-Alvarado, E. A., Almaraz-Abarca, N., Herrera-Corral, J., Uribe-Soto, J. N., & Naranjo-Jiménez, N. (2011). Comparación de dos métodos para obtener adn total de *Phaseolus vulgaris* para análisis de ISTR.
- Rosales-Serna, R., C. M. Reyes-Rodríguez, N. Almaraz-Abarca, D. Sierra-Zurita, J. L. Becerra-López, S. Santana-Espinoza., and M. E. (2024). Global warming effects on natural populations of the Durango Race Common Bean Complex. *Annual Report of the Bean Improvement Cooperative* 67: 75-76.
- Rosales-Serna, R., Kohashi-Shibata, J., Acosta-Gallegos, J. A., Trejo-López, C., Ortiz-Cereceres, J., & Kelly, J. D. (2004). Biomass distribution, maturity acceleration and yield in drought-stressed common bean cultivars. *Field Crops Research*, 85(2–3), 203–211.
- Rosales, S. R., Acosta, G. J. A., Muruaga, M. J. S., Hernández, C. J. M., Esquivel, E. G., & Pérez, H. P. (2004). Variedades mejoradas de frijol del Instituto Nacional de Investigaciones Forestales, Agrícolas y Pecuarias. *SAGARPA. INIFAP. CIRCE. Campo Experimental Valle de México. Chapingo, Estado de México, México. Libro Técnico*, 6, 148.
- Rosales, S. R., Gallardo, H. F., & Espinoza, S. S. (2020). *NOD 1*, Variedad mejorada de frijol negro opaco para el estado de Durango.
- Sambrook J., E. F. F. and T. M. (1989). *Molecular cloning: a Laboratory Manual, Vol. 1. Cold Spring Harbor Laboratory Press, USA. 1659 p.*
- Sanguinetti, C. J., & Simpson, A. J. (1994). Rapid silver staining and recovery of PCR products separated on polyacrylamide gels. *Biotechniques*, 17(5), 914–921.
- Singh, S. P., Gepts, P., & Debouck, D. G. (1991). Races of common bean (*Phaseolus vulgaris*, Fabaceae). *Economic Botany*, 379–396.
- SNICS (Servicio Nacional de Inspección y Certificación de Semillas). (2017). Frijol (*Phaseolus vulgaris* L.). Guía técnica, para la descripción varietal (2a Edición, 2017). *SNICS-SAGARPA. CDMX. México. 41 p.*
- Torres-Morán, M. I., Almaraz-Abarca, N., Velasco-Ramírez, A. P., Hernández-Vargas, V., Orea-Lara, G., León, A. C. D. de, & Oliver-Salvador, C. (2008). *Taxonomic significance of ISTR to discriminate species in Agavaceae*.
- UPOV (Unión Internacional para la Protección de las Obtenciones Vegetales). (2012). *Directrices para la ejecución del examen de la distinción, la homogeneidad y la estabilidad, para judía común, alubia, Phaseolus vulgaris. TG/12/9. http://www.upov.int/edocs/tgdocs/es/tg012.pdf.*
- Waller-Compean, L., Almaraz-Abarca, N., Alejandro-Iturbide, G., Uribe-Soto, J. N., Ávila-Reyes, J. A., Torres-Ricario, R., Herrera-Arrieta, Y., & Delgado-Alvarado, E. A. (2022). Variación fenológica y morfométrica de *Phaseolus vulgaris* (Fabaceae) de cinco poblaciones silvestres de Durango, México. *Botanical Sciences*, 100(3), 563–578.
- Yu, Z., Li, J., Wang, H., Ping, B., Li, X., Liu, Z., Guo, B., Yu, Q., Zou, Y., & Sun, Y. (2024). Transposable elements in Rosaceae: insights into genome evolution, expression dynamics, and Syntenic gene regulation. *Horticulture Research*, uhae118.
- Zizumbo-Villarreal, D., Colunga-GarcíaMarín, P., de la Cruz, E. P., Delgado-Valerio, P., & Gepts, P. (2005). Population structure and evolutionary dynamics of wild–weedy–domesticated complexes of common bean in a Mesoamerican region. *Crop Science*, 45(3), 1073–1083.

