

Caracterización morfológica de 30 genotipos de *Phaseolus lunatus* L. de la costa del Perú

Luz Marina Espinoza Melgar

luz.espinoza@unica.edu.pe

Universidad Nacional Agraria La Molina
Escuela de Posgrado. Avenida La Molina s/n. Lima -Perú

Félix Camarena Mayta

camafe@lamolina.edu.pe

Universidad Nacional Agraria La Molina
Escuela de Posgrado. Avenida La Molina s/n. Lima -Perú.

Doris Elizabeth Zúñiga-Dávila

dzuniga@lamolina.edu.pe

Universidad Nacional Agraria La Molina
Escuela de Posgrado. Avenida La Molina s/n. Lima – Perú

RESUMEN

Phaseolus lunatus L. (pallar) es una leguminosa de grano de la familia Fabaceae, cuya utilidad primaria reside en el consumo de su semilla por su alto contenido proteínico entre 20 y 22%. En la costa centro-sur del Perú y en particular en la región Ica, es la leguminosa de mayor importancia, con denominación de origen, cuya diversidad no ha sido suficientemente estudiada. Con el objetivo de evaluar dicha diversidad, se planteó realizar la caracterización morfológica de 30 genotipos de pallar cuya semilla fue colectada de los valles de la región Ica y un distrito de Lambayeque, estableciendo el campo experimental en la zona media del valle de Ica. Se utilizaron siete descriptores cualitativos y nueve cuantitativos. El peso de 100 semillas presentó alta correlación positiva con todas las variables cuantitativas evaluadas. Se identificaron cuatro grupos definidos a un coeficiente de distancia genética de 0,5; siendo el más distante LEM-28 por ser del cultigrupo Sieva. La diversidad de pallar hallada, mostró predominancia en el patrón de crecimiento indeterminado, color blanco de alas de la flor, vainas ligeramente curvas, con ápice de vaina medio y largo, y forma de semilla arrionada, que en conjunto explican el 86,50% de la variación total.

Palabras clave: diversidad; *phaseolus lunatus*; caracterización morfológica; pallar

Morphological characterization of 30 genotypes of *Phaseolus lunatus* L. from the coast of Peru

ABSTRACT

Phaseolus lunatus L. (lima bean) is a grain legume of the Fabaceae family, whose primary utility lies in the consumption of its seed due to its high protein content between 20 and 22%. On the south-central coast of Peru and in particular in the Ica region, it is the most important legume, with a denomination of origin, whose diversity has not been sufficiently studied. In order to evaluate this diversity, it was proposed to carry out the morphological characterization of 30 lima bean genotypes whose seed was collected from the valleys of the Ica region and a district of Lambayeque, establishing the experimental field in the middle zone of the Ica valley. Seven qualitative and nine quantitative descriptors were used. The weight of 100 seeds presented a high positive correlation with all the quantitative variables evaluated. Four defined groups at a genetic distance coefficient of 0.5 were identified; being the most distant LEM-28 for being of the Sieva cultigroup. The lima bean diversity found, showed predominance in the indeterminate growth pattern, white color of the flower wings, slightly curved pods, with medium and long pod apex, and kidney-shaped seed shape, which together explain 86.50% of the total variation.

Keywords: diversity; *phaseolus lunatus*; morphological characterization; Lima bean

Artículo recibido: 10 Setiembre. 2021

Aceptado para publicación: 15 Octubre. 2021

Correspondencia: luz.espinoza@unica.edu.pe

Conflictos de Interés: Ninguna que declarar

1. INTRODUCCIÓN

Es necesario salvaguardar y hacer uso sostenible de la biodiversidad como parte integral de los ecosistemas, para garantizar la producción de alimentos y evitar la erosión genética, ya que “el alarmante ritmo de pérdida de biodiversidad actual amenaza con consecuencias devastadoras para la humanidad si no hacemos algo al respecto” (Organización de las Naciones Unidas para la Agricultura y la Alimentación (FAO), 2018), se reconoce por tanto que la biodiversidad es un elemento vital de la agricultura y la alimentación sostenibles.

La (FAO, 2018) señala que “la biodiversidad en las tierras de los agricultores asegura una cesta de alimentos equilibrada y sirve como una "póliza de seguros" contra las pérdidas de cosechas”; porque ciertamente, la diversificación de las cosechas es garantía para alcanzar la seguridad alimentaria y nutricional, rumbo a lograr el Hambre Cero.

Por ello, para garantizar la seguridad alimentaria y la conservación de la biodiversidad, los países que forman parte del Tratado Internacional sobre los Recursos Fitogenéticos para la Alimentación y la Agricultura (TIRFAA) han acordado poner a disposición su diversidad genética vegetal a través del Sistema multilateral de acceso y distribución de beneficios, que cubre 64 cultivos, que representan el 80% de los alimentos vegetales (FAO, 2018 p. 25).

Los acuerdos realizados con la finalidad de relevar la importancia de los recursos fitogenéticos para la humanidad, se enmarcan en los objetivos del TIRFAA, que son la conservación y el uso sostenible de todos los recursos fitogenéticos para la alimentación y la agricultura y la distribución justa y equitativa de los beneficios derivados de su uso, en armonía con la Convención sobre Diversidad Biológica, para la agricultura sostenible y la seguridad alimentaria (FAO, 2009, p.2).

El Instituto Interamericano de Cooperación para la Agricultura (IICA, 2010), señala que los recursos genéticos están constituidos por la variación genética organizada en un conjunto de materiales diferentes entre sí, al que se denomina germoplasma, que incluye la variabilidad genética intra e interespecífica utilizada en la investigación, y particularmente en el mejoramiento genético... Las variedades antiguas, que presentaban alta variabilidad entre individuos fueron transformándose en cultivares modernos, en general estrechando su base genética, para responder rápidamente a ambientes de alto potencial y uso de insumos (p. 10).

Las leguminosas de grano son plantas que pertenecen a la familia *Fabaceae*, una de las

más numerosas del reino vegetal constituida por más de 19 000 especies, entre árboles, arbustos y hierbas, su fruto es conocido como legumbre, que contiene una a más semillas, y su denominación se debe al uso directo que se les da a sus granos en la alimentación humana y animal (Cubero y Moreno, 1983).

Para la forma silvestre y cultivada de *Phaseolus lunatus*, Baudet (1977), propone la clasificación siguiente:

- *Phaseolus lunatus* Var. silvestre Baudet; para las formas silvestres.
- *Phaseolus lunatus* Var. lunatus Baudet; para las formas cultivadas.

Los cultigrupos considerados en esta especie son: Cv-gr: big lima, Cv-gr: sieva y Cv-gr: potato.

Los cultivares y variedades de *P. lunatus* que se encuentran difundidos en la costa del Perú y en especial en la región Ica, se encuentran clasificadas dentro del cultigrupo “big lima” (Baudet, 1977).

Con respecto a las semillas de *P. lunatus*, Kay (1985), dice que “son muy variables en tamaño, forma y color, y están subdivididas en: Microspermus - sieva o limas pequeñas de 1 cm de longitud y las Macruspermus - lima o grandes limas, de 2,5 cm de longitud”. Sostiene además que “la forma del grano varía desde planas hasta redondas (forma potato o de patatas) y suele ser de color blanco o crema, aunque también hay rojas, púrpuras, marrones, negras y moteadas”.

Existe gran interés en conocer la diversidad de los recursos genéticos, sobre todo de aquellos directamente relacionados con la alimentación y la seguridad alimentaria por su aporte nutricional como proteínas, vitaminas, lípidos, etc., como las leguminosas y dentro de ellas las llamadas proteaginosas del género *Phaseolus*, y en este caso *P. lunatus*; por lo que se han realizado importantes aportes en la identificación de su diversidad en diversas zonas geográficas donde se desarrolla.

En las prospecciones realizadas desde México a la Argentina, Debouck (1986), toma en cuenta la repartición geográfica de las formas y especies silvestres, considerando tres centros de diversidad para *Phaseolus*:

- Un centro mesoamericano, el más rico en especies, se extiende del sudeste de Estados Unidos, al Oeste de Panamá.
- Un centro norandino, que se extiende del oeste de Venezuela al norte del Perú.
- Un centro subandino, extendiéndose del norte del Perú a Argentina.
- Sobre el origen de *P. lunatus*, habas lima (pallar), Sauer (1993), señala que se originó

en América Central y América del Sur, en donde fueron domesticadas por lo menos hace unos 8 500 años. En lo que se refiere a la domesticación del *P. lunatus*, indica que “parece haber ocurrido dos veces, la primera, al noroeste de América del Sur produciendo las variedades grandes de habas lima, por la evidencia encontrada en restos arqueológicos peruanos, cuya fecha data de 6 500 años a.C., 1 000 años antes que las habas vulgaris (frijoles) encontradas en el mismo sitio y anterior a la domesticación del maíz”, además, refiere que “la segunda domesticación produjo las variedades Sieva bean, Butter bean y Baby Lima bean que ocurrió en América Central, probablemente en Guatemala, aunque la evidencia arqueológica más antigua es de México que data del año 800 d.C.”

En resumen, Sauer (1993), sostiene que “para ambas domesticaciones, la evidencia arqueológica más antigua proviene de sitios que están más allá del rango actual de *P. lunatus* silvestre, lo que sugiere que la domesticación no comenzó en las regiones donde se encuentran estos sitios arqueológicos”.

Rocha et al., (1997), describen en detalle la dinámica de las poblaciones silvestres de P. lunatus en el valle central de Costa Rica, las cuales fueron visitadas durante tres años consecutivos, y señalan que:

“Para una localidad dada, las poblaciones están sujetas a extinción, recolonización y a eventos de expansión y fragmentación (fisión – fusión) y que cerca del 30% de las poblaciones desaparecen cada año y el riesgo de desaparición es similar de un año al siguiente”, y,

entre los factores que causan la extinción local de dichas poblaciones silvestres, mencionan que:

“el desarrollo urbanístico y las prácticas agrícolas para el control de malezas, que provocan el 49,8% y el 39,5% de las desapariciones, respectivamente; y que, cada año en una proporción importante de las poblaciones no se realiza ninguna reproducción”.

En el plano nacional, las características agroecológicas de los valles del departamento o región Ica, han sido fundamentales para darle cualidades especiales al pallar, evidencias válidas para otorgarle la Denominación de Origen “pallar de Ica” (MINAG, 2008); valles que presentan un clima apropiado para su siembra desde el mes de febrero hasta abril, etapa en que las temperaturas promedios fluctúan entre 24 y 27 °C, permitiendo que la germinación de la semilla sea óptima, emergiendo las plántulas entre los seis a ocho días,

condiciones que los agricultores de esta zona tienen en cuenta para su calendario de siembras que siguen la secuencia del clima y la disponibilidad del recurso hídrico.

La región Ica, cuenta con una amplia distribución de la agrobiodiversidad de *P. lunatus* en sus diferentes zonas ecológicas, aún no identificada ni evaluada, lo que se agrava por los escasos estudios sobre temas relacionados y por la ausencia de inventarios actualizados de la diversidad de esta especie y de sus posibles parientes silvestres; por lo que los huertos familiares, las chacras o parcelas de los pequeños agricultores son lugares de primordial importancia donde se encuentra y se conserva esta diversidad, que deben ser considerados en los trabajos de investigación, de tal manera que se pueda promover su participación en prácticas sencillas de mejoramiento de su semilla, priorizando la conservación de las mismas y fomentando las cosechas sustentables, contribuyendo con el desarrollo sostenible de su localidad, la región y del país en general.

Es importante mencionar que a consecuencia del uso de semilla “mejorada” de cultivares de ciclo más corto, como requiere el mercado, se viene reduciendo o desplazando algunas variedades tradicionales, como las “criollas” de largo ciclo, llamadas “tardías”, causando erosión de la diversidad de esta especie.

Con la finalidad de analizar la diversidad genética del pallar, se colectaron 30 genotipos en la costa centro-sur y norte del Perú, que fueron caracterizados morfológicamente según los descriptores morfológicos propuestos por International Plant Genetic Resources Institute (IPGRI), (2001), considerando nueve variables cuantitativas y siete cualitativas, determinando también la correlación existente entre los caracteres cuantitativos de importancia agronómica.

2. MATERIALES Y MÉTODOS

2.1 Localización del estudio

El estudio se llevó a cabo en el ámbito de los valles del departamento de Ica comprendiendo localidades de Chincha (Vista Alegre, El Carmen), Pisco (Independencia), Ica (Salas, Subtanjalla, Pachacútec y Ocucaje), Nazca (Changuillo e Ingenio). Adicionalmente, cinco genotipos de pallar proceden del departamento de Lambayeque, provincia de Chiclayo, distrito de Pátapo.

2.2 Material Biológico

El material biológico consistió en semilla de variedades de uso ancestral de autoconsumo, cultivares comerciales y mejorados según la demanda del mercado, que fue obtenida de campos de cultivo y almacenes, totalizando 25 de procedencia del departamento de Ica y

cinco líneas avanzadas proporcionadas por el Programa de Promenestras a través de su responsable en Chiclayo, de los cuales, dos son de patrón de crecimiento determinado y tres indeterminados; siendo en total 30 los genotipos evaluados.

2.3 Siembra y conducción del campo experimental

Se sembró en un suelo de textura franco arenoso, de reacción moderadamente alcalina, con contenido medio de materia orgánica, bajo en porcentaje de nitrógeno (N), ligeramente salino, con alto contenido de fósforo, medio en potasio, capacidad de intercambio catiónico, medio, con predominancia de los cationes calcio y magnesio sobre potasio y sodio que presentó un bajo contenido en meq/100 g.

Momentos previos a la siembra, la semilla fue coinoculada con cepas seleccionadas de *Bacillus* sp y *Bradyrhizobium* sp., obtenidas en el Laboratorio de Ecología Microbiana y Biotecnología de la Universidad Nacional Agraria de La Molina. Las semillas se colocaron en una disposición sistemática, tres por sitio, para dejar diez plantas por entrada de las cuales cinco plantas, 20 vainas y 10 granos se tomaron en cuenta para las evaluaciones morfológicas, según requerimiento del descriptor. La conducción del cultivo en general se realizó en condiciones de riego tecnificado por goteo y de acuerdo a los requerimientos nutricionales mínimos del pallar y un manejo integrado de plagas.

2.4 Caracterización morfológica

La caracterización morfológica de la diversidad genética colectada se basó en descriptores previamente seleccionados, acorde con lo indicado por IPGRI (2001), siendo nueve cuantitativos y siete cualitativos: color de flor, patrón de crecimiento, días al 50% de floración, días a madurez de la vaina, forma de la vaina, forma del ápice de la vaina, color y forma del grano, largo y ancho de vainas, largo, ancho y espesor de granos, peso de 100 granos, entre otros.

El análisis de componentes principales se realizó mediante el software MINITAB 18 y el análisis de conglomerados mediante el software NTSYS 2.1, aplicando la distancia euclidiana, método UPGMA y WARN (Rohlf, 2000).

Para medir el grado de relación de las variables cuantitativas se utilizó el Coeficiente de Correlación de Pearson (Milton, 2007).

3. RESULTADOS Y DISCUSIÓN

3.1 Caracteres cuantitativos evaluados

En la tabla 1, se presentan los valores mínimos, máximos, promedios, desviaciones estándar y coeficientes de variación hallados a las variables cuantitativas de los genotipos

de pallar en estudio.

El promedio general de los días a la floración (DF) fue 69 días, siendo el máximo valor para los genotipos LEM-4, LEM-5 y LEM-6 con 80 días a la floración, cada uno, siendo de patrón de crecimiento indeterminado, y el mínimo valor fue para LEM-26 con 50 días a la floración, siendo de patrón de crecimiento determinado. En este caso, se trata de un descriptor fácilmente distinguible, altamente heredable y expresable en la misma forma en cualquier ambiente (Hernández-Villareal, 2013); (Franco e Hidalgo, 2003); que está relacionado con el ciclo del cultivo; siendo que los determinados son precoces y los indeterminados no lo son; como se aprecia en la evaluación de los días a la madurez de la vaina (tabla 1).

El promedio general de los días a la madurez de la vaina fue 172 días, con valores máximos de 195 días para LEM-4, LEM-6 y LEM-19, siendo genotipos de patrón de crecimiento indeterminado, y el menor valor fue para LEM-26 con 122 días a la madurez de la vaina, siendo un genotipo de patrón de crecimiento determinado (tabla 1).

En las dimensiones de la vaina, tanto el largo (LV) como el ancho (AV), presentan datos muy variables, con promedios generales de 11,40 y 2,12 cm para el largo y el ancho de la vaina, respectivamente. Las vainas de mayor tamaño fueron del genotipo LEM-29 con 14,21 cm de largo y las de menor tamaño fueron para LEM-24 con 6,38 cm de largo de vaina. El mayor ancho de vaina fue para LEM-1 con 2,57 cm y el menor ancho de vaina fue para LEM-28 con 1,62 cm; el largo (LG), ancho (AG) y espesor (EG) del grano, también presentaron valores muy variables, con promedios generales de 2,55; 1,61 y 0,65 cm, respectivamente (tabla 1).

Tabla 1

Promedios, desviación standard y coeficiente de variación de las variables cuantitativas de la caracterización morfológica de 30 genotipos de Phaseolus lunatus

Código	Altitud	DF	LV	AV	LG	AG	EG	NGV	P100S	DMV
LEM -1	18.988	72	12.77	2.57	2.37	2.00	0.67	3.7	234.44	182
LEM-2	287.554	70	12.13	2.25	2.68	1.73	0.66	2.2	244.12	180
LEM-3	328.232	72	11.83	2.05	2.55	1.68	0.69	2.5	240.72	185
LEM-4	328.232	80	11.83	2.37	2.93	1.77	0.65	2.4	247.90	195
LEM-5	280.037	80	11.95	2.32	2.74	1.73	0.64	2.5	250.80	192
LEM-6	305.674	80	11.46	2.41	2.36	1.84	0.70	3.3	226.96	195
LEM-7	280.037	78	12.75	2.41	2.43	1.92	0.70	3.8	238.32	190
LEM-8	317.813	76	12.53	2.12	2.61	1.67	0.65	2.8	211.28	185
LEM-9	317.813	72	11.65	2.10	2.61	1.58	0.62	2.7	211.28	182
LEM-10	317.813	74	12.18	2.19	2.65	1.59	0.69	2.5	229.28	185

LEM-11	432.015	72	12.04	2.07	2.66	1.64	0.67	2.5	219.80	180
LEM-12	432.015	70	11.70	2.02	2.76	1.68	0.64	2.4	227.52	180
LEM-13	427.003	78	11.65	2.13	2.60	1.53	0.68	2.0	230.65	185
LEM-14	398.001	78	10.95	1.92	2.62	1.51	0.65	2.3	191.20	183
LEM-15	428.202	75	12.64	2.35	2.71	1.72	0.66	2.7	217.43	188
LEM-16	224.740	78	10.94	1.76	2.69	1.48	0.62	2.4	172.24	190
LEM-17	398.001	70	12.82	2.20	2.85	1.69	0.70	2.6	260.76	180
LEM-18	216.185	78	12.24	2.13	2.91	1.73	0.68	2.5	261.72	188
LEM-19	196.729	70	12.66	2.31	2.83	1.71	0.69	2.6	254.16	195
LEM-20	101.087	66	8.83	1.85	2.26	1.42	0.65	3.0	157.32	175
LEM-21	101.087	66	9.64	1.98	2.16	1.43	0.63	2.9	147.52	175
LEM-22	196.729	77	11.27	1.90	2.83	1.63	0.69	3.0	242.72	188
LEM-23	254.146	72	10.88	2.25	2.77	1.64	0.69	2.4	241.28	192
LEM-24	101.087	54	6.38	1.75	2.37	1.31	0.61	2.0	158.08	125
LEM-25	101.087	54	8.17	1.99	2.31	1.39	0.62	2.3	153.84	125
LEM-26	428.202	50	10.90	1.97	2.11	1.53	0.64	3.4	165.16	122
LEM-27	339.025	51	13.67	2.14	2.57	1.60	0.62	3.4	217.48	124
LEM-28	101.087	52	6.88	1.62	1.41	0.99	0.45	2.6	45.24	125
LEM-29	273.819	53	14.21	2.24	2.43	1.60	0.62	3.2	197.60	127
LEM-30	224.740	53	12.34	2.21	2.70	1.74	0.69	2.7	240.64	128
Mínimo	18.988	50	6.38	1.62	1.41	0.99	0.45	2.0	45.24	122
Máximo	432.015	80	14.21	2.57	2.93	2.00	0.70	3.8	261.72	195
Promedio	271.906	69	11.40	2.12	2.55	1.61	0.65	2.7	211.25	172
D. est.	117.988	10	1.80	0.22	0.30	0.19	0.05	0.5	46.23	27
C.V.(%)	43.393	15	15.79	10.35	11.95	11.90	7.25	17.0	21.88	15

DF: días a la floración, LV: largo de vaina, AV: ancho de vaina, LG: largo de grano, AG: ancho de grano, EG: espesor de grano, NGV: número de granos/vaina, P100S: peso de 100 semillas, DMV: días a madurez de vaina.

El genotipo de mayor tamaño de grano fue LEM-4 con 2,93 cm de largo, el de menor tamaño de grano fue LEM-28 con 1,41 cm de largo. El genotipo LEM-1 presentó el mayor ancho de grano con 2,0 cm en promedio y el genotipo LEM-28 fue el de granos más angosto con 0,99 cm de ancho. Y, con respecto al espesor o grosor del grano los genotipos LEM-6, LEM-7 y LEM-17 presentaron los granos con mayor grosor o espesor, con 0,70 cm en promedio cada uno y LEM-28 presentó los granos más delgados o aplanados con 0,45 cm de espesor o grosor, en promedio (tabla 1).

El número de granos por vaina (NGV), presentó un promedio general de 2,7 granos, desde 2,0 granos por vaina para los genotipos LEM-13 y LEM-24, cada uno, hasta 3,8 granos por vaina para LEM-7, mostrando una interesante variabilidad, que se puede tener en cuenta para la selección de nuevos cultivares con mayor potencial de rendimiento (tabla 1).

El promedio general del peso de 100 semillas (P100S) fue 211,25 g; con una variación

desde 45,24 g en promedio para LEM-28, hasta 261,72 g en promedio para LEM-18 como valor máximo. LEM-28 presenta el valor mínimo por ser del cultigrupo Sieva o pallar “baby” de grano muy pequeño (tabla 1).

Los coeficientes de variación hallados, se encuentran por encima de 10%, siendo una importante variabilidad entre las características evaluadas, y, como señala Hernández-Villarreal (2013), la caracterización morfológica es un procedimiento que permite medir y conocer la variabilidad genética del genoma de una población y seleccionar los descriptores morfológicos más adecuados, confiables y discriminantes para evaluarlas.

3.2 Coeficiente de correlación de Pearson de las variables cuantitativas de 30 genotipos de pallar

En la tabla 2, se presentan los coeficientes de correlación hallados entre las variables cuantitativas evaluadas a los 30 genotipos de pallar, en el cual se muestra el grado de relación o asociación entre ellas.

Existe alta correlación positiva ($r > 0.8$) entre las variables: días a la madurez de la vaina (DMV) y días a la floración (DF); ancho de grano (AG) y ancho de vaina (AV); el peso de 100 semillas (P100S) presentó alta correlación positiva con las variables largo de grano (LG), ancho de grano (AG) y espesor del grano (EG) (tabla 2). También se encontró que el Peso de 100 semillas presentó alta correlación positiva ($r > 0.7$) con el largo de vaina (LV) y el ancho de vaina (AV). Esto significa que se podría reducir el número de variables en los análisis de diversidad fenotípica del pallar ya que éstas explican lo mismo (tabla 2).

Tabla 2

Coefficientes de correlación entre ocho variables cuantitativas de la caracterización morfológica de 30 genotipos de Phaseolus lunatus

	DF	LV	AV	LG	AG	EG	NGV	P100S
LV	0.334							
AV	0.378 *	0.716 **						
LG	0.557 **	0.608 **	0.44 *					
AG	0.518 **	0.782 **	0.878 **	0.627 **				
EG	0.508 **	0.565 **	0.6 **	0.717 **	0.765 **			
NGV	-0.138	0.355	0.366 *	-0.277	0.39 *	0.098		
P100S	0.555 **	0.76 **	0.725 **	0.874 **	0.863 **	0.85 **	0.018	
DMV	0.96 **	0.356	0.409 *	0.56 **	0.534 **	0.55 **	- 0.109	0.575 **

* Significación al 0.05 de probabilidad, ** Significación al 0.01 de probabilidad

3.3 Análisis de componentes principales de las variables morfológicas de 30 genotipos de pallar

El análisis de componentes principales muestra que las cinco primeras variables, patrón de crecimiento (36,7%), color de alas de la flor (22,8%), curvatura de la vaina (10,9%), forma del ápice de la vaina (9,4%) y forma de la semilla (6,6%), explican el 86,5% de la variación total (tabla 3).

Tabla 3

Valores y porcentajes de la variación de cada componente principal de la matriz de 30 genotipos de Phaseolus lunatus

Componente	Valor propio	% de varianza	Varianza acumulada (%)
Patrón de crecimiento	5.87	36.7	36.7
Color de las alas/flor	3.65	22.8	59.5
Curvatura de la vaina	1.75	10.9	70.4
Forma del ápice de la vaina	1.51	9.4	79.8
Forma de la semilla	1.06	6.6	86.5
Color de fondo de la semilla	0.72	4.5	91.0
Patrón del tegumento de la semilla	0.60	3.8	94.7
Días a la floración (50%)	0.00	0.0	100.0
Largo de vainas (cm)	0.22	1.4	98.0
Ancho de vainas (cm)	0.10	0.6	98.6
Largo de granos (cm)	0.09	0.6	99.2
Ancho de granos (cm)	0.05	0.3	99.5
Espesor de granos (cm)	0.04	0.3	99.7
Número de granos por vaina	0.02	0.1	99.9
Peso de 100 granos (g)	0.02	0.1	100.0
Días a la madurez de la vaina	0.01	0.0	100.0

El CP1 con 36,7% de la variación estuvo definido principalmente por las variables peso de 100 semillas (g), ancho de grano (cm), largo de grano (cm), espesor de grano (cm), días a la madurez de la vaina y días a la floración (50%); el CP2, aportó con una varianza de 22,8%, constituido por las variables número de granos por vaina, patrón del tegumento de la semilla, color de fondo de la semilla, forma de la semilla, forma del ápice de la vaina y ancho de la vaina (cm) (tabla 4).

El CP3 aportó con una varianza de 10,9% constituido por las variables patrón de crecimiento, días a la floración (50%), forma de semilla, curvatura de la vaina, y días a la madurez de la vaina; el CP4 con 9,4% de la variación estuvo definido por las variables color de fondo de la semilla, color de las alas/flor, patrón de crecimiento y patrón del tegumento de la semilla y, el CP5 que aportó con el 6,6% de la variación estuvo definido

por la forma del ápice de la vaina y curvatura de la vaina (tabla 4).

Tabla 4

Variables morfológicas de Phaseolus lunatus asociadas con los componentes principales más importantes

Variables morfológicas	CP1	CP2	CP3	CP4	CP5
PC	0.221	-0.174	0.439	-0.357	0.116
CA	0.171	-0.109	-0.262	-0.382	0.189
CV	0.009	-0.295	-0.321	0.190	0.475
FAV	-0.025	-0.315	0.060	0.105	-0.689
FS	0.090	-0.338	-0.342	-0.228	-0.201
CFS	0.060	-0.346	0.232	0.506	0.000
PTS	0.075	-0.371	0.145	0.341	0.181
DF	0.324	-0.152	0.358	-0.137	-0.005
LV	0.307	0.157	-0.131	0.190	-0.226
AV	0.294	0.310	-0.037	-0.052	-0.168
LG	0.344	-0.141	-0.277	0.137	-0.083
AG	0.350	0.235	0.014	0.158	-0.042
EG	0.343	0.073	-0.144	0.125	0.242
NGV	0.010	0.392	0.248	0.296	0.123
P100S	0.383	0.059	-0.193	0.086	-0.076
DMV	0.336	-0.133	0.311	-0.208	0.100

3.4 Análisis de vectores - variables

En la figura 1, se observa que los vectores: espesor de grano (EG) y peso de 100 semillas (P100S) están muy correlacionados por ser muy cercanos; igual ocurre con los vectores días a la madurez de la vaina (DMV), longitud de grano (LG) y días a la floración (DF 50%) que forman un segundo grupo; el tercer grupo lo conforman los vectores patrón de crecimiento (PC) y color de las alas/flor (CA); y un cuarto grupo formado por los vectores color de fondo de la semilla (CFS) y patrón del tegumento de la semilla (PTS).

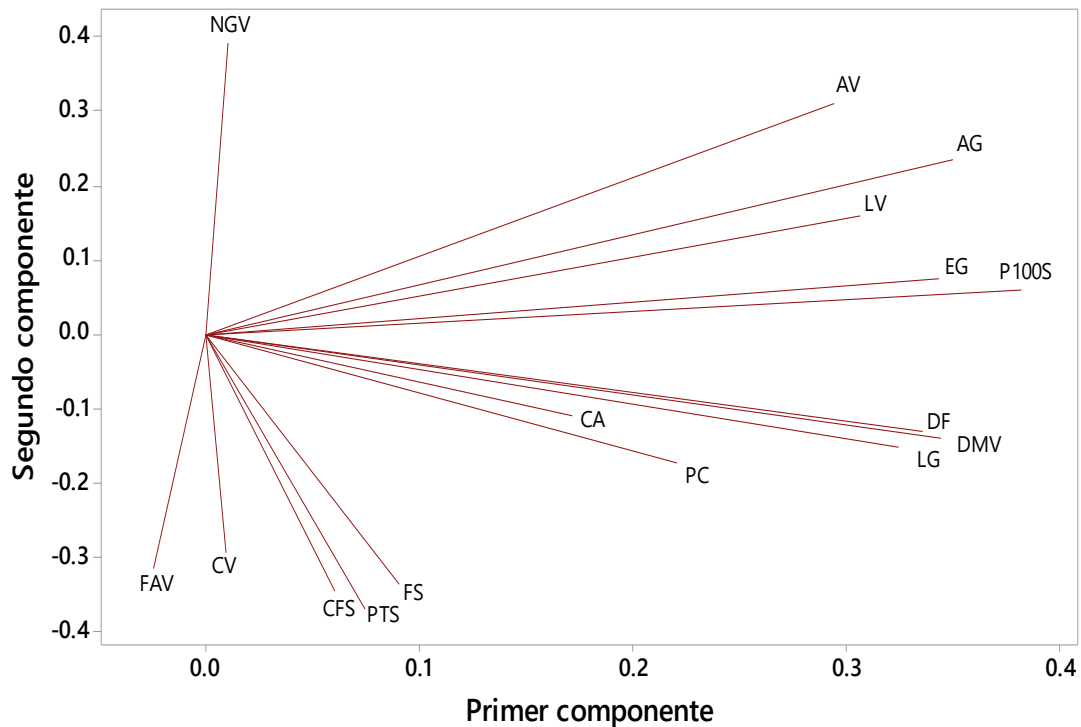


Figura 1. Comportamiento de los vectores-variables con base en el análisis de componentes principales (CP) de siete variables cualitativas y nueve cuantitativas de *Phaseolus lunatus*.

3.5 Análisis de agrupamiento

En la figura 2, a un coeficiente de distancia genética de 0,5 se observa que los genotipos de pallar evaluados, conformaron cuatro grupos bien definidos y dentro de ellos, se observan accesiones de distancias taxonómicas muy cercanas, como LEM-1 y LEM-3, LEM-2 y LEM-18, LEM-4 y LEM-5, LEM-8 y LEM-9, LEM-10 y LEM-11, LEM 20 y LEM 21, LEM-24 y LEM-25, LEM-27 y LEM-30, lo que indicaría que son muy parecidos y podrían ser el mismo morfotipo que fueron colectados en diferentes localidades; mientras que genotipo LEM-28, se ubica de manera solitaria en el cuarto grupo; entendiendo esta distancia por ser del cultigrupo Sieva (Baudet, 1977), de grano aplanado, muy pequeño y de color verde de la testa de semilla.

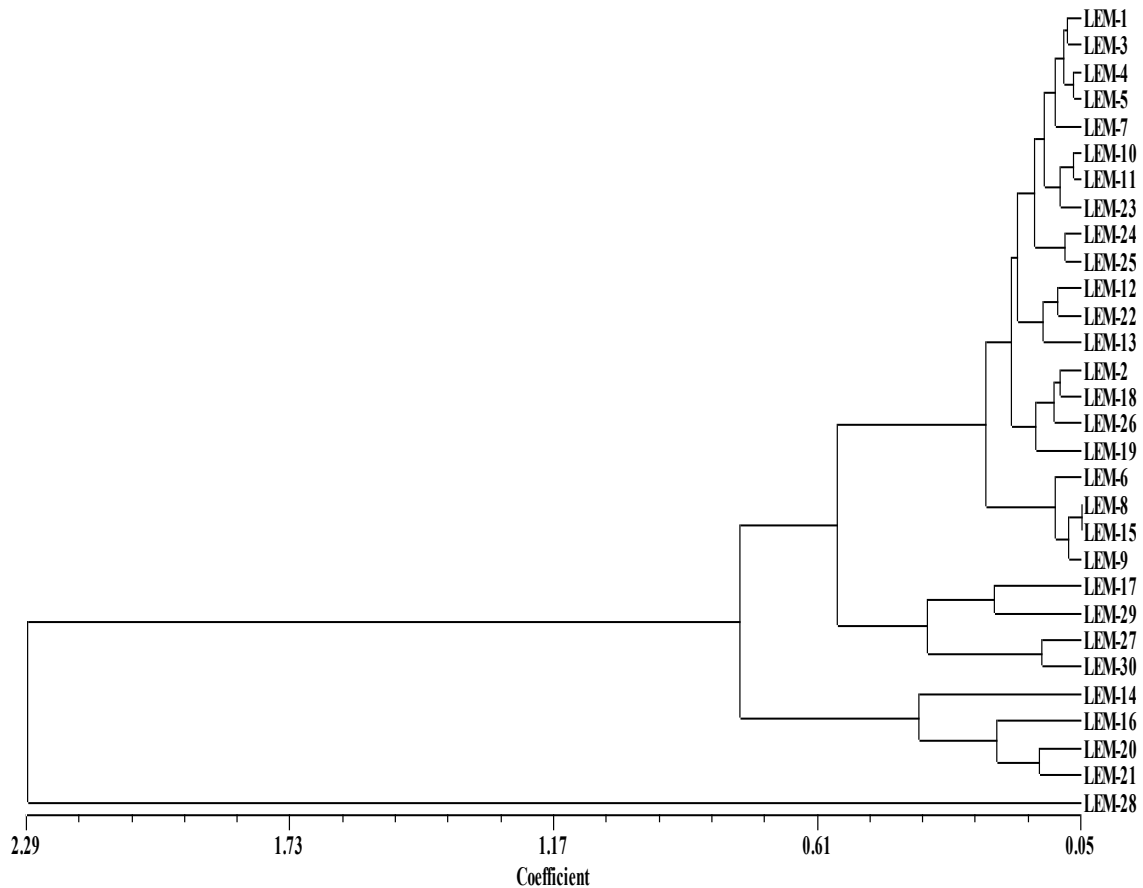


Figura 2. Dendrograma de 30 accesiones de *Phaseolus lunatus* clasificadas con siete variables morfológicas cualitativas y nueve cuantitativas.

4. CONCLUSIONES

- *Phaseolus lunatus* ‘pallar’, de grano grande, se encuentra distribuido en todas las provincias del departamento o región Ica, siendo un recurso genético muy adaptado a las condiciones edafo climáticas de esta parte del país.
- Hay una importante diversidad genética encontrada a través de la caracterización morfológica, destacando las variables patrón de crecimiento con 36,70%, color de alas de la flor con 22,80%, curvatura de la vaina con 10,90%, forma del ápice de la vaina con 9,40% y forma de la semilla con 6,60%, que explican el 86,50% de la variación total.
- Las variables morfológicas predominantes en la diversidad de genotipos de pallar evaluados fueron: patrón de crecimiento indeterminado, color blanco de alas de la flor, vainas ligeramente curvas, forma del ápice de la vaina, medio y largo, y la forma de semilla arriñonada.

5. REFERENCIAS

- Baudet, J. C. (1977). *Origen y Clasificación de las especies cultivadas del género Phaseolus*. Bull. Soc. Roy. Bot. Bélgica. 110: 65-76.
- Cubero, J.I. y Moreno M.T. (1983). *Leguminosas de grano*. Ediciones Mundi-Prensa. Madrid. 359 p.
- Debouck, D. (1986). *La búsqueda de la diversidad genética en Phaseolus en los tres centros americanos como servicio de fitomejoramiento del cultivo*. CIAT. Seminarios Internos. SE – 2 – 86. 20 p.
- FAO. (2009). *Tratado internacional sobre los recursos fitogenéticos para la alimentación y la agricultura*. Roma.
- FAO. (2018). *Biodiversidad para una agricultura sostenible*. El trabajo de la FAO sobre el uso de la biodiversidad en la alimentación y la agricultura. <http://www.fao.org/3/CA2227ES/ca2227es.pdf>
- Franco, T. L. y Hidalgo, R. (eds.). 2003. Análisis Estadístico de Datos de Caracterización Morfológica de Recursos Fitogenéticos. Boletín técnico no. 8, Instituto Internacional de Recursos Fitogenéticos (IPGRI), Cali, Colombia. 89 p.
- Hernandez-Villarreal, A. Caracterización morfológica de recursos fitogenéticos. *Revista Bio Ciencias* 2013; 2(3): 113-118.
- International Plant Genetic Resources Institute (IPGRI). 2001. Descriptores para *Phaseolus lunatus* (Feijão-espadinho). Rome. 51 p.
- Instituto Interamericano de Cooperación para la Agricultura (IICA). (2010). *Estrategia en los recursos fitogenéticos para los países del cono sur*. PROCISUR, IICA. <http://repiica.iica.int/docs/B2247e/B2247e.pdf>
- Kay, D. (1985). *Legumbres alimenticias; Judía Lima*. Ediciones Acribia S.A. Zaragoza – España. 438 p.
- Milton J. S. (2007). *Estadística para Biología y Ciencias de la Salud*. McGraw-Hill Interamericana. 3ra. edición ampliada. 744 p.
- Ministerio de Agricultura (MINAG). (2008). El Pallar de Ica. Denominación de origen. Dirección General de Promoción Agraria. Lima. 96 p.
- Rocha, O., Macaya, G. y Baudoin, J. P. (1997). *Causes of local extinction and recolonization determined by 3 years of monitoring wild populations of Phaseolus lunatus L. in the Central Valley of Costa Rica*. Plant Genetic Resources Newsletter. 112: 44-48.

Rohlf, F.J. 2000. NTSYS-pc, Version 2.1d. Exeter Software, Setauket, NY.

Sauer, J. D. (1993). *Historical Geography of Crops Plants: a select roster*. CRC Press.
Boca Raton Florida. 342 pp.