



Siembra

ISSN: 1390-8928

ISSN: 2477-8850

xblastra@uce.edu.ec

Universidad Central del Ecuador

Ecuador

Gibson, Kimberly; Palkovic, Antonia; Bick, Emily; Zullo, Stephanie; Dohle, Sarah; Gepts, Paul
Genotyping and Phenotyping Studies in Support of a Lima Bean Breeding Program
Siembra, vol. 9, núm. 3, Esp., 2022
Universidad Central del Ecuador
Quito, Ecuador

Disponible en: <https://www.redalyc.org/articulo.oa?id=653872001019>

- ▶ Cómo citar el artículo
- ▶ Número completo
- ▶ Más información del artículo
- ▶ Página de la revista en redalyc.org

redalyc.org

Sistema de Información Científica Redalyc

Red de Revistas Científicas de América Latina y el Caribe, España y Portugal
Proyecto académico sin fines de lucro, desarrollado bajo la iniciativa de acceso
abierto

**MEMORIAS DEL
II SIMPOSIO INTERNACIONAL
SOBRE EL FRIJOL LIMA**

(Phaseolus lunatus L.):

**Retos y Perspectivas ante Escenarios de
Cambio Climático**

Instituciones organizadoras:

**Instituto de Investigaciones en Etnociencias de la
Universidad Central del Ecuador**

Centro de Investigación Científica de Yucatán, A. C.

Quito, Ecuador. 22-24 de junio del 2022



INTRODUCCIÓN

El cambio climático global impactará fuertemente en la diversidad intraespecífica, provocando cambios en la distribución de variantes genéticas en el espacio y el tiempo, en los niveles de plasticidad fenotípica y en las adaptaciones evolutivas, lo que a su vez podría reducir la diversidad genética en las poblaciones naturales y contribuir a una reducción de su viabilidad y, en última instancia, a su extinción. Para las especies cultivadas, dos grandes preocupaciones son la disminución de la productividad y el aumento de las pérdidas postcosecha; desafortunadamente, los escenarios climáticos futuros prevén un aumento de la temperatura y la variabilidad de las precipitaciones, lo que tendría grandes consecuencias para la producción de alimentos a nivel mundial.

Los frijoles (*Phaseolus* sp.) son originarios de América; este es un grupo económica, social, biológica y culturalmente importante en este continente, así como en otras regiones del mundo. El género *Phaseolus* comprende más de 70 especies, de las cuales cinco han sido domesticadas, representando estas, en conjunto, la legumbre de grano más importante en la dieta del hombre a nivel mundial. Una de las especies domesticadas de frijol es *P. lunatus* L., la cual recibe diferentes nombres, como: frijol Lima, fréjol torta, pallar y feijao-fava. Después del frijol común (*P. vulgaris* L.), el frijol Lima es la segunda especie más importante del género; en las últimas décadas, esta especie ha adquirido mayor relevancia como resultado de una preocupación cada vez mayor por tener una seguridad alimentaria ante la generación de problemas de producción de grano de frijol derivados del cambio climático y también por qué el frijol Lima posee un rango mayor de adaptaciones ecológicas que el observado en el frijol común, lo que sugiere la existencia de una base genética más amplia de la cual se puede hacer uso en programas de fitomejoramiento.

Aún con el gran potencial productivo del frijol Lima y de que Ecuador es parte de su centro de domesticación Andino y un área importante de diversidad genética de la especie, su cultivo en este país está muy poco desarrollado y la investigación científica en torno a esta especie es muy escasa. Hoy en día, en Ecuador no existe información actualizada sobre el estado de conservación de sus variedades criollas y de sus poblaciones silvestres; además, las accesiones de frijol Lima colectadas en este país usadas en los estudios sobre esta especie son muy pocas, aspecto que no permite determinar la importancia real de este germoplasma. Ante esta problemática, es importante llevar a cabo eventos internacionales sobre el frijol Lima que detonen el interés de los grupos de investigación ecuatorianos por esta especie, los cuales puedan colaborar con expertos internacionales y así generar conocimiento científico y tecnológico en beneficio de la seguridad alimentaria del Ecuador y de Latinoamérica en general.

Hoy, investigadores de diversos países e instituciones internacionales que están llevando a cabo esfuerzos importantes para el estudio, conservación, manejo y caracterización de la diversidad genética del frijol Lima se reúnen en este **II Simposio Internacional sobre el Frijol Lima: Retos y Perspectivas ante Escenarios de Cambio Climático**, con el fin de compartir sus experiencias y generar sinergias de trabajo en beneficio de la seguridad alimentaria de América y otras regiones del planeta en donde también se cultiva el frijol Lima.

El Comité Organizador del Simposio, integrado por el Dr. Juan Cadena V., la M. Sc. Andrea León C. y la Lic. Irina L. Puente M., del Instituto en Investigaciones en Etnociencias de la Universidad Central del Ecuador (UCE); así como por el Dr. Jaime Martínez C., profesor-investigador de la Unidad de Recursos Naturales del Centro de Investigación Científica de Yucatán, A. C. (CICY), les damos la más cordial bienvenida, esperando disfruten y obtengan el mejor beneficio académico de este Simposio.

PROGRAMA DEL SIMPOSIO		
Día 1. Miércoles 22 de junio		
Inauguración del Simposio		
Presentación del Simposio	Mtr. Juan Peralvo	15:00-15:15
Inauguración del Simposio	Autoridades de la Universidad Central del Ecuador	15:15-15:30
Conferencia inaugural: Dra. Nora Castaneda	Agrobiodiversidad, seguridad alimentaria y cambio climático.	15:30-16:00
Evento cultural y brindis	Coro de la Universidad Central del Ecuador	16:00-17:00
DIA 2. Jueves 23 de junio		
Sesión 1: Conservación		
Ponente	Nombre de la conferencia	Hora
Dra. Elena Bitochi	Increase project: A new approach to improve conservation, characterization and use of food legume genetic resources.	9:00-9:30
Dr. Jonás Aguirre	La respuesta evolutiva de los parientes silvestres de las especies cultivadas al cambio climático.	9:30-10:00
Dr. Daniel G. Debouck	Haricot de Lima o Lima bean: topónimo o valor evolutivo.	10:00-10:30
Descanso (coffe-break)		10:30-11:00
M. en C. Luis G. Santos	El frijol Lima (<i>Phaseolus lunatus</i>) un distinguido del banco de germoplasma de la Alianza Bioversity y CIAT.	11:00-11:30
Ing. Angel Murillo	Programa de leguminosas del INIAP-Ecuador.	11:30-12:00
Dra. Luz M. Espinoza	Situación actual del pallar (<i>Phaseolus lunatus</i> L.) en el Perú: potencialidades y riesgos.	12:00-12:30
Dr. Carlos Nieto	Panorama actual y perspectivas del cultivo de frejol Lima en Ecuador.	12:30-13:30
Descanso (comida)		13:00-14:30
Sesión 2: Domesticación		
Dr. Rubén H. Andueza	Domesticación del frijol Lima en México.	14:30-15:00
Ing. Eduardo Peralta	Uso social del fréjol torta: lúdica y juego en Sur América.	15:00-15:30
Dra. María I. Chacón	Historia de la domesticación del frijol Lima en las Américas.	15:30-16:00
Descanso (coffe-break)		16:00-16:30
M. en C. Leydi T. García	Huellas de selección en la domesticación del frijol Lima.	16:30-17:00
Dra. Angela C. de Almeida	Diversidade genética de feijão-fava (<i>Phaseolus lunatus</i>) no Brasil.	17:00-17:30
Dr. Jaime Martínez	Flujo genético e introgresión silvestre-domesticado en el frijol Lima en México.	17:30-18:00
DIA 3. Viernes 24 de junio		
Sesión 3: Mejoramiento genético		
Ponente	Nombre de la conferencia	Hora
Dr. Ademir Araujo	Domestication and genetic improvement of the Lima bean and the response of the rhizosphere microbiome, studies in Brazil.	9:00-9:30
Dr. Ernesto Ormeño	Dominancia de una especie de Bradyrhizobium en nódulos de frijol Lima en la costa central de Perú. <i>Virtual</i>	9:30-10:00
Dr. Horacio Ballina	Determinación de características relevantes para la selección de accesiones de razas locales de <i>Phaseolus lunatus</i> L. para resistencia a insectos.	10:00-10:30
Descanso (coffe-break)		10:30-11:00

Dra. Kimberly Gibson	Genotyping and Phenotyping Studies in Support of a Lima Bean Breeding Program.	11:00-11:30
Dra. Regina L. Ferreira	Avanços no melhoramento genético do feijão-fava no Brasil.	11:30-12:00
Ing. Eudaldo F. Jadán	Los efectos del cambio climático en las variedades locales de frijol y caupí andinos, destacan las alternativas para el manejo y conservación de cultivos.	12:30-12:30
Dr. Jorge Duitama	Recursos genómicos para el estudio de la evolución, domesticación y mejoramiento genético del frijol Lima.	12:30-13:00
Descanso (comida)		13:00-14:30
	Sesión 4: Clausura del Simposio	
Mesa de análisis	Todos los ponentes	14:30-15:30
Homenaje al Dr. Daniel Debouck	Dr. Jaime Martínez	15:30-16:00
Clausura del evento	Autoridades de la Universidad Central del Ecuador	16:00-16:30
Evento cultural y brindis	Grupo de danza de la Facultad de Artes (UCE)	16:30-18:00

RESUMENES DE LAS CONFERENCIAS

SESIÓN: CONSERVACIÓN

Il Progetto INCREASE: un nuovo approccio volto al miglioramento della conservazione, caratterizzazione e utilizzo di risorse genetiche vegetali di leguminose

Elena Bitocchi

Università Politecnica delle Marche, Dipartimento di Scienze Agrarie, Alimentari e Ambientali (D3A), Italy. e.bitocchi@univpm.it

Sintesi

Le risorse genetiche vegetali giocano un ruolo chiave nell'affrontare le attuali sfide dell'agricoltura, quali la mitigazione dei cambiamenti climatici, un'agricoltura sostenibile, la conservazione della biodiversità, la sicurezza e la qualità alimentare. La transizione verso diete a base di alimenti di origine vegetale è una grande opportunità per l'adattamento e la mitigazione, così come genera significativi benefici per la salute dell'uomo. In questo contesto, i legumi per alimentazione umana sono colture chiave, essendo un'importante risorsa di proteine, alternative a quelle di origine animale, e di altre sostanze di elevata qualità nutrizionale per l'uomo e migliorando la qualità dei suoli attraverso l'azotofissazione mediante simbiosi con i rizobi. INCREASE è un Progetto della durata di sei anni finanziato dal Programma Innovazione e Ricerca Horizon 2020 dell'Unione Europea, volto alla caratterizzazione, conservazione e sfruttamento delle risorse genetiche vegetali di leguminose per alimentazione umana, ancora largamente inesplorate, al fine di contribuire alla sostenibilità in agricoltura e allo sviluppo di un sistema alimentare più sano. Il progetto si focalizza su quattro importanti leguminose (cece, fagiolo comune, lenticchia e lupino). INCREASE si fonda su quattro pilastri: i) sviluppo di soluzioni di gestione dei dati innovative al fine di determinare standards di riferimento per la condivisione ed integrazione dei dati in una infrastruttura centralizzata, di metodologie ben definite per sfruttare le nuove informazioni prodotte e di strumenti di visualizzazione user-friendly; ii) messa a punto di nuovi strumenti e principi per la gestione del germoplasma, basati sullo sviluppo di "Collezioni Intelligenti" costituite da insiemi di accessioni annidate di diversa dimensione che rappresentano l'intera diversità presente in ciascuna specie; iii) l'uso di tecnologie all'avanguardia per la genotipizzazione e fenotipizzazione combinate con il potenziale dell'Intelligenza Artificiale, con maggiore focus sui caratteri di interesse per gli utilizzatori; iv) realizzazione di un esperimento di scienza dei cittadini rivolto principalmente alla disseminazione del progetto ai portatori di interesse e ai cittadini stessi. In generale, INCREASE è volto a rafforzare l'utilizzo delle risorse genetiche di leguminose per l'alimentazione umana ma allo stesso tempo rappresenta un importante modello e strumento per la conservazione e l'uso delle risorse genetiche di qualsiasi specie vegetale.

Parole chiave: Risorse genetiche, Colture di leguminose, Raccolte intelligenti, Intelligenza artificiale.

INCREASE project: a new approach to improve conservation, characterization, and use of food legume genetic resources

Abstract

Plant genetic resources play a crucial role in facing all the agriculture-related societal challenges, including climate change mitigation, sustainable agriculture, biodiversity conservation, food quality and security. The transition to plant-based diets could present major opportunities for adaptation and mitigation, as well as generate significant co-benefits for human health. In this context, food legumes are key crops being a very good source of proteins, as alternative to meat, and of other high quality nutritional compounds for human diets and, at the same time, being able to improve soil quality by nitrogen fixation through symbiosis with Rhizobia. INCREASE is a six-year project funded by the European Union's Horizon 2020 research and innovation program aimed to characterise, maintain and exploit food-legume genetic resources, to date largely unexploited, as the core development of both sustainable agriculture and a healthy food system. The focus is on four important food legumes (chickpea, common bean, lentil, lupin). INCREASE's activities are based on four pillars: i) innovative data management solutions to develop gold standards for data sharing and integration into the central infrastructure, with decentralised data input, defined methodologies and best practices to exploit the novel information produced as well as the development of user-friendly visualization tools; ii) developing novel tools and principles for germplasm management, based on the development of "Intelligent Collections" as a set of nested core collections of different sizes representing the entire diversity of each crop; iii) adoption of cutting-edge technologies for genotyping and phenotyping combined with the potential of Artificial Intelligence focusing on traits of interest for users; iv) carrying out a citizen-science experiment, primarily aimed at dissemination of the project to stakeholders and citizens. Overall, INCREASE is aimed to strengthen the field of food legumes genetic resources and simultaneously it will represent an important model and tool for all crop genetic resources.

Key words: Genetic Resources, Legume crops, Intelligent Collections, Artificial Intelligence.

La respuesta evolutiva de los parientes silvestres de las especies cultivadas al cambio climático

Jonás A. Aguirre-Liguori

Instituto de Biología, Universidad Nacional Autónoma de México, Cd. de México, México.

jonas_aguirre@hotmail.com

Resumen

El cambio climático se está convirtiendo en una amenaza importante para la biodiversidad. Las poblaciones pueden responder a esta amenaza migrando a áreas adecuadas o adaptándose localmente a condiciones climáticas futuras. En el caso de las especies domesticadas, adaptarse a nuevas condiciones puede ser complicado, ya que muchas especies domesticadas pueden tener acumulación de mutaciones deletéreas, tamaños poblacionales efectivos bajos y diversidad genética baja. Por el contrario, los parientes silvestres (PS) tienden a tener una mayor diversidad genética, un tamaño de población efectivo grande y, por lo general, están adaptados a un rango más amplio de presiones selectivas ambientales y bióticas. Debido a esto, los PS se han utilizado o se han sugerido como reservorios genéticos que pueden aportar características novedosas en la agricultura y que podrían contribuir a la adaptación local de especies domesticadas al cambio climático. En este estudio,

presento el modelo FOLDS, un marco conceptual que permite incorporar distintas capas de información genómica y ambiental para predecir qué poblaciones responderán adecuadamente al cambio climático y definir poblaciones que deben priorizarse para su conservación y manejo. Posteriormente, ejemplifico cómo se puede usar este modelo para identificar PS de *Vitis* (uvas) que podrían usarse para ayudar a la adaptación de uvas domesticadas (*V. vinifera*) en el futuro. Para ello, aplico el modelo FOLDS a 5 especies de *Vitis* silvestres, con base en modelos de distribución de especies, patrones de adaptación local, carga genómica y el cambio en los tamaños de población efectivos de las especies y la resistencia a la enfermedad de Pierce, una enfermedad mortal en uvas. Con base en las accesiones que responderán adecuadamente al cambio climático, proyecto cuáles podrían adaptarse en el futuro, si se trasladaran activamente a lugares donde *V. vinifera* podría estar en riesgo en el futuro.

Palabras clave: Adaptación local, Cambio climático, Conservación, Género *Vitis*, Parientes silvestres.

The evolutionary response of crop wild relatives to climate change

Abstract

Climate change is becoming a serious threat to biodiversity. Populations can respond to this threat by migrating to suitable areas or adapting locally to persist in the future. In the case of domesticated species, adapting to new conditions can be challenging because many domesticated species can have high accumulation of deleterious mutation, low effective population sizes and low genetic diversity. In contrast, crop wild relatives (CWRs) tend to have higher genetic diversity and effective population size and are usually adapted to a wider range of environmental and biotic selective pressures. Because of this, CWR have either been used, or have been suggested as possible, genetic reservoirs that can contribute novel traits in agriculture and that could contribute to the local adaptation of domesticated species to climate change. Here, I present the FOLDS model, a conceptual framework that allows to incorporate different layers of genomic and environmental information to predict which populations will respond adequately to climate change and define populations that should be prioritized for conservation and management. Next, I exemplify how this model can be used to identify CWR of *Vitis* species (grapes), as well as to assist in the adaptation of domesticated grapes (*V. vinifera*) in the future. To do so, I apply the FOLDS model to 5 wild *Vitis* species, using species distribution models, identifying patterns of local adaptation, estimating the genomic load and the change in the effective population sizes of species and evaluating their resistance to Pierce Disease, a deadly disease in grapes. Based on the accessions that are predicted to respond adequately to climate change, I project which ones could be adapted in the future if they are actively moved to locations where *V. vinifera* might be at risk if climate continues to change.

Keywords: Climate change, Conservation, Crop Wild relatives, Local adaptation, *Vitis* genus

Haricot de Lima, Haba de Lima o Lima bean: ¿topónimo o valor evolutivo?

Daniel G. Debouck

Genetic Resources Program. Alliance of Bioversity International and International Center for Tropical Agriculture (CIAT), Cali, Colombia. danieldebouck@outlook.com

Resumen

La haba de Lima es conocida por los Amerindios desde el octavo milenio antes del presente (por lo menos en Suramérica, de repente un poco más reciente en Mesoamérica), y por los estudiosos de Europa occidental durante el primer siglo después de 1492. Este primer siglo ve la rápida difusión hacia otras partes tropicales y subtropicales del Viejo Mundo (hasta engañar al propio Linneo!). El descubrimiento del Estrecho de Magallanes en 1520 permitió otra aproximación a las zonas costeras (y agrícolas aledañas) de Brasil, Chile y Perú. La expansión del pueblo Quechua del lado Pacífico desde el sur de Colombia hasta Chile, y la difusión de sus cultivos, dejó al fréjol de semillas grandes aplanadas su nombre nativo (pallar) y durante el virreinato el nombre de 'haba de Lima' para distinguirlo del fréjol común y de la haba (también conocida como grano celta o haba caballar) *Vicia faba* L. El argumento lingüístico junto con los hallazgos arqueológicos dejó sin piso el argumento de un origen geográfico en el Viejo Mundo. El entendimiento del origen biológico de este cultivo se mejoró cuando se encontraron en 1985 y en adelante formas silvestres en el suroccidente de Ecuador y el noroccidente del Perú. La gente del campo de ambas regiones ha reconocido una relación entre estas formas silvestres y la haba de Lima, como lo indican algunos nombres vernáculos. La doble domesticación que ha sido mencionada contra una hipótesis de 1943 ha sido demostrada gracias a una mejor representación de formas silvestres y de variedades tradicionales en los análisis y gracias a los avances en genética molecular. De manera no esperada estos avances han mostrado la presencia de otro acervo genético andino (AII) y de otro acervo 'mesoamericano' (MII). La situación de este último (distribuido desde Yucatán hasta Salta) con respecto a la domesticación aún es objeto de discusiones. Antes de 1492, bajo cultivo, el acervo andino AI ha tenido una distribución muy grande: la zona Quechua y la zona Guaraní, y un rango altitudinal desde 0 hasta 3,100 m. En épocas post-colombinas, las variedades del acervo AI han sido cultivadas en campos tan apartados como California, Congo oriental, Etiopía, Zimbabue, Madagascar, la India y la China. En contraste, su forma ancestral crece en matorrales secos estacionales de la vertiente occidental de los Andes desde Imbabura hasta Cajamarca a 300-2,000 msnm. Por lo tanto, parece una paradoja que de los tres acervos genéticos silvestres AI haya progresado tanto bajo domesticación y en expansión territorial y ecológica. Quedan muchas preguntas pendientes cuya respuesta requiere ahora más trabajo de campo en América del Sur.

Palabras clave: origen de los cultivos, progreso genético, variedades locales, ancestros silvestres.

Haricot de Lima, Haba de Lima, or Lima bean: only a toponym, or reflecting an evolutive value?

Abstract

The Lima bean is known to Amerindians since the 8th millennium before present (at least in South America, maybe slightly later in Mesoamerica), and to western European scholars during the first century of Columbian contact. That first century also marks its rapid diffusion into other areas of the Old World tropics and subtropics (misleading Linnaeus!). Long distance sea journeys as early as 1520 through the Strait of Magellan opened up another approach to the coasts of Brazil, Chile and Peru. Because of the expansion of the Quechua people on the Pacific side from southern Colombia down

to Chile, and the diffusion of their crops, the large seeded beans were named after the viceroyalty replacing the Inca kingdom, in order to distinguish them from the kidney bean and the 'horse bean'. The linguistic argument together with the archaeological records turned down any claim to an Old World geographical origin. The biological origin of this bean crop became better understood once wild forms were found in SW Ecuador and NW Peru since 1985 onwards. Rural inhabitants of both regions recognized a relationship with the large seeded bean as indicated by the vernacular names. The long claimed independent double domestication against a hypothesis of 1943 was demonstrated thanks to a better representation of wild forms and landraces in the analysis and to the advances in molecular genetics. But unexpectedly these advances have revealed another Andean genepool (AII) and another so-called Mesoamerican genepool (MII). The situation of the latter (distributed from Yucatán down to Salta) vis-à-vis domestication is still under discussion. Before 1492, under cultivation, the Andean genepool AI had a huge distribution: the Quechua range and the Guarani area, and an altitudinal range from sea level up to 3,100 m. In post-Columbian times, landraces of genepool AI have been grown in distant places such as California, Congo, Ethiopia, Zimbabwe, Madagascar, India and China. In contrast, its ancestral form thrives in seasonally dry thickets of the western Andes from Imbabura to Cajamarca at 300-2,000 m. Given this, it seems paradoxical that out of the three wild genepools AI made more progress under domestication and in ecological range expansion. Solving many pending questions requires now more field work in South America.

Keywords: crop origin, genetic progress, landraces, wild ancestors.

Résumé

Le haricot de Lima est connu des Amérindiens depuis le 8ème millénaire avant le présent (au moins en Amérique du Sud, peut-être un peu plus récent en Mésoamérique), et des érudits de l'Europe de l'Ouest pendant le premier siècle depuis le contact européen. Ce premier siècle marque aussi la diffusion rapide de sa culture dans les régions tropicales et subtropicales de l'Ancien Monde (au point que Linné lui-même est confondu!). Le détroit de Magellan découvert en 1520 permit une autre approche aux zones côtières (et agricoles) du Brésil, du Chili et du Pérou. L'expansion du peuple Quechua sur la façade Pacifique, depuis le sud de la Colombie jusqu'au Chili, et de ses cultures, a laissé au haricot à grandes graines son nom natif (*pallar*) et aussi 'haricot de Lima' durant la période du vice-royaume, pour le distinguer du haricot commun et de la fève *Vicia faba* L. L'argument linguistique et les données archéologiques ont réfuté l'argument d'une origine géographique dans l'Ancien Monde. L'origine biologique de ce haricot à grandes graines plates a été mieux comprise grâce à la découverte en 1985 et après de formes sauvages dans le sud-ouest de l'Equateur et le nord-ouest du Pérou. Les habitants ruraux de ces deux régions reconnaissent une relation entre ces formes et le haricot de Lima, comme l'indiquent certains noms vernaculaires. La double domestication longtemps invoquée contre une hypothèse de 1943 a été démontrée grâce à une meilleure représentation des formes sauvages et des variétés traditionnelles dans les analyses et aux progrès de la génétique moléculaire. De façon inattendue, ces progrès ont aussi révélé un autre pool génique andin (AII) et un autre pool génique 'mésoaméricain' (MII). La situation de ce dernier (avec une distribution depuis le Yucatan jusqu'à Salta!) par rapport à la domestication est encore objet de discussions. Avant 1492, sous culture, le pool génique andin AI a une distribution territoriale immense: le domaine Quechua et l'aire Guarani, et une distribution en altitude depuis le niveau de la mer jusque 3,100 m. Dans l'époque post-colombienne, les variétés traditionnelles du pool génique andin AI ont été cultivées dans des champs aussi éloignés que ceux de la Californie, l'est montagneux du Congo, l'Éthiopie, le Zimbabwe, Madagascar, l'Inde et la Chine. Par contraste, sa forme ancestrale se trouve dans des fourrés soumis à sécheresse saisonnière du versant occidental des Andes de l'Imbabura jusqu'au Cajamarca et de 300 à 2,000 m d'altitude. Ainsi, il semble paradoxal que des trois pools géniques sauvages AI a fait le plus de progrès sous la domestication et en expansion

écologique et territoriale. La réponse à plusieurs questions pendantes demande maintenant plus de travail de terrain en Amérique du Sud.

El frijol Lima (*Phaseolus lunatus*) un distinguido del banco de germoplasma de la Alianza Bioversity y CIAT

Luis Guillermo Santos M. *, Javier M. Gereda, Ramiro A. Sabogal, Marcela Santaella y Peter Wenzl

The Alliance of Bioversity International and the International Center for Tropical Agriculture (CIAT), Genetic Resources Program, Palmira, Valle, Colombia. * l.g.santos@cgiar.org

Resumen

La colección mundial de *Phaseolus* spp. que custodia el banco de germoplasma de la Alianza de Bioversity International y el CIAT en Colombia, conserva 37.934 accesiones pertenecientes a 47 especies y 13 híbridos interespecíficos procedentes de 112 países. La colección de frijol lima (*Phaseolus lunatus*), que es la segunda especie más representativa dentro del género, comprende 3.301 accesiones procedentes principalmente de las Américas, África y Asia. A pesar de que se tienen vacíos en cuanto a cobertura, esta colección contiene una gran diversidad de materiales que los mejoradores pueden seleccionar para enfrentar el cambio climático, dado que cubre un rango más amplio de temperatura, altitud y humedad en comparación con la colección de *Phaseolus vulgaris*: desde las accesiones mesoamericanas silvestres y regresivas entre 3 y 1800 metros sobre el nivel del mar (msnm) hasta las accesiones andinas (320 - 2400 msnm) y otras accesiones de zonas desérticas y húmedas. El mejoramiento genético del frijol lima, hasta la fecha, ha sido limitado, a pesar de su potencial para contribuir a la adaptación al clima. Históricamente, se han distribuido un total de 14.274 muestras de frijol lima a organizaciones de 63 países. Esto representa el 10% del total de muestras de *Phaseolus* spp. enviadas fuera de la Alianza. Curiosamente, sólo 920 muestras han sido solicitadas con fines de mejoramiento, predominantemente por organizaciones de Bélgica, Perú y Estados Unidos. Las 13.354 muestras restantes se utilizaron para otros fines, como investigación básica y experimentos agronómicos. También cabe destacar que la colección de *Phaseolus* de la Alianza incluye 65 accesiones de ocho especies pertenecientes a la sección *Paniculati* (Freytag), que podrían cruzarse con el frijol lima para introducir rasgos favorables, las cuales pueden solicitarse al banco de germoplasma para este tipo de fines. Estamos en proceso de trasladar la colección de *Phaseolus* al nuevo banco de germoplasma llamado Semilla del Futuro (<https://alliancebioiversityciat.org/future-seeds>), una plataforma que apoyará las innovaciones en genómica y big data con el fin de impulsar el uso de las colecciones de germoplasma para la adaptación al clima y la mejora en la nutrición.

Palabras clave: Recursos genéticos, colección de frijol, diversidad, conservación, Semillas del futuro

Lima bean (*Phaseolus lunatus*) a distinguished member of the genebank at the Alliance Bioversity and CIAT

Abstract

The world collection of *Phaseolus* spp. held by the Colombia genebank of the Alliance of Bioversity International and CIAT conserves 37,934 accessions belonging to 47 species and 13 interspecific hybrids originating from 112 countries. The lima bean (*Phaseolus lunatus*) collection, which is the second most representative species within the genus, comprises 3,301 accessions mainly from the

Americas, Africa and Asia. Notwithstanding some gaps in coverage, the collection contains a great diversity of materials that breeders can select to confront climate change, given that the collection covers a broader range of temperature, altitude and humidity compared to the *Phaseolus vulgaris* collection: from the wild and weedy Mesoamerican accessions between 3 and 1800 meters above sea level (masl) to the Andean accessions (320 – 2400 masl) and other accessions from desert and humid areas. Genetic improvement of lima bean, to this date, has been limited, despite its potential to contribute to climate adaptation. Historically, a total of 14,274 lima bean samples have been distributed to organizations in 63 countries. This represents 10% of the total samples of *Phaseolus* spp. shipped outside the Alliance. Interestingly, only 920 samples have been requested for breeding purposes, predominantly by organizations in Belgium, Peru and USA. The remaining 13,354 samples were used for other purposes such as a basic research and agronomic experiments. It is also worth noting that the Alliance's *Phaseolus* collection includes 65 accessions of eight species belonging to the *Paniculati* (Freytag) section, which could be crossed with lima bean to introgress favorable traits and can be requested from the genebank for this aim. We are in the process of moving the *Phaseolus* collection to the new Future Seeds genebank (<https://alliancebioiversityciat.org/future-seeds>), a platform that will build on innovations in genomics and big data to boost the use of germplasm collections for climate adaptation and improving nutrition.

Key words: Genetic resources, bean collection, diversity, conservation, Future Seeds.

Leguminosas de Grano: Diversidad Genética de *P. lunatus* en Ecuador y Perspectivas para el Futuro

Angel Murillo^{1*}, A. Monteros²

¹ Programa de Leguminosas y Granos Andinos (EESC-INIAP), ² Departamento Nacional de Recursos Fitogenéticos (EESC- INIAP), Quito, Ecuador. *angel.murillo@iniap.gob.ec

Resumen

El INIAP a través del Programa de Leguminosas y Granos Andinos (PRONALEG-GA) con sede en la Estación Experimental Santa Catalina (EESC), realiza investigación para ofrecer alternativas tecnológicas para mejorar la productividad y consumo de leguminosas de grano: fréjol (*Phaseolus vulgaris*), haba (*Vicia faba*), arveja (*Pisum sativum*), chocho (*Lupinus mutabilis*) y lenteja (*Lens culinaris*). En el periodo comprendido entre 1990 a 2015 ha liberado 23 variedades de fréjol (arbustivo y volubles), 6 de arveja, 2 de chocho y 2 de haba. El banco de germoplasma del género *Phaseolus* del INIAP está conformado por 2844 accesiones, de las cuales 2465 son de *P. vulgaris*, 176 *P. coccineus* y 142 accesiones de *P. lunatus* principalmente. Las primeras 94 colectas de *P. lunatus* fueron realizadas entre 1989 y 1990, mayormente en las provincias de Imbabura, Azuay, Pichincha y Loja (D. Debouck). Posteriormente entre 2006 y 2007, 48 accesiones fueron colectados en la provincia de Imbabura (Karina García y Luís Lima). Adicionalmente, en 2019 se realizó 23 colectas de *P. lunatus* y *P. Coccineus*) en las provincias de Cañar y Azuay. En este mismo año, se realizó el incremento de semilla de 10 accesiones de *P. Lunatus* del banco de germoplasma del INIAP. Los retos y perspectivas para el futuro es el refrescamiento e incremento de semilla de la colección del banco de germoplasma de *P. lunatus* del INIAP y caracterización agronómicamente, morfológicamente y genéticamente de la colección; y búsqueda de fuentes de resistencia a gorgojos (*A. obtectus*), para incorporar en materiales comerciales de fréjol (*P. vulgaris*).

Palabras claves: leguminosas, germoplasma, diversidad genética, *P. lunatus*.

Grain Legumes: Genetic Diversity of *P. lunatus* in Ecuador and Perspectives for the Future

Abstract

INIAP, through the Andean Legumes and Grains Program (PRONALEG-GA) based at the Santa Catalina Experimental Station (EESC), conducts research to offer technological alternatives to improve the productivity and consumption of grain legumes: beans (*Phaseolus vulgaris*), broad bean (*Vicia faba*), peas (*Pisum sativum*), chocho (*Lupinus mutabilis*) and lentils (*Lens culinaris*). In the period between 1990 and 2015, it has released 23 varieties of beans (bushy and climbing), 6 peas, 2 lupins and 2 broad beans. The INIAP germplasm bank of the genus *Phaseolus* is made up of 2844 accessions, of which 2465 are *P. vulgaris*, 176 *P. coccineus* and 142 *P. lunatus* accessions mainly. The first 94 collections of *P. lunatus* were made between 1989 and 1990, mostly in the provinces of Imbabura, Azuay, Pichincha and Loja (D. Debouck). Subsequently, between 2006 and 2007, 48 accessions were collected in the province of Imbabura (Karina García and Luís Lima). Additionally, in 2019, 23 collections of *P. lunatus* and *P. Coccineus*) were made in the provinces of Cañar and Azuay. In this same year, the seed increase of 10 accessions of *P. Lunatus* from the INIAP germplasm bank was carried out. The challenges and perspectives for the future are the refreshing and increase of seed from the INIAP germplasm bank collection of *P. lunatus* and the agronomic, morphological and genetic characterization of the collection; and search for sources of resistance to weevils (*A. obtectus*), to incorporate into commercial materials for beans (*P. vulgaris*).

Keywords: legumes, germplasm, genetic diversity, *P. lunatus*.

Situación actual del pallar (*Phaseolus lunatus* L.) en el Perú: potencialidades y riesgos

Luz M. Espinoza

Universidad Nacional “San Luis Gonzaga” Ica – Perú. luz.espinoza@unica.edu.pe

Resumen

El pallar (*Phaseolus lunatus* L.), especie leguminosa nativa de consumo ancestral en la costa peruana, juega un rol importante porque aporta a la nutrición humana y animal un alto contenido de proteína, su amplia diversidad en las diferentes zonas ecológicas aún no ha sido suficientemente identificada ni evaluada; su cultivo, es considerado ideal para mejorar el suelo dentro de un plan de rotación, por su aporte de materia orgánica y su habilidad simbiótica con sus rizobios que le permiten proveerse de manera biológica del nitrógeno, contribuyendo con la salud del suelo. El tipo “big lima” (grano grande), representa para el Perú, particularmente para la región Ica, ubicada en la costa centro sur del país, un producto bandera, con denominación de origen, por sus cualidades especiales y por el área que se siembra en sus valles productores; sin embargo, no es ajeno a la amenaza que se vislumbra por efectos del cambio climático, como el incremento de la temperatura, disminución de las cosechas, incremento de plagas y enfermedades y alto costo de producción, lo que origina inestabilidad en los precios y una consecuente disminución de las áreas sembradas. Es un valioso recurso genético vinculado estrechamente a la seguridad alimentaria y la lucha contra la desnutrición; por lo que urge fortalecer las estrategias de conservación de su diversidad, actualizar su caracterización morfológica y molecular para contar con una reserva debidamente identificada, que permita ofrecer alternativas para hacer frente a la escasez y disminuir el riesgo de erosión por la preferencia de muy pocos cultivares comerciales.

Palabras clave: *Phaseolus lunatus*, pallar, recurso genético, conservación.

Current situation of the pallar (*Phaseolus lunatus* L.) in Peru: potentialities and risks

Abstract

The Lima bean (*Phaseolus lunatus* L.), a native legume species of ancestral consumption on the Peruvian coast, plays an important role because it provides human and animal nutrition with a high content of protein, its wide diversity in the different ecological zones has not yet been sufficiently identified or evaluated; Its cultivation is considered ideal to improve the soil within a rotation plan, due to its contribution of organic matter and its symbiotic ability with its rhizobia that allow it to biologically supply itself with nitrogen, contributing to the health of the soil. The type "big lima" (large grain), represents for Peru, particularly for the Ica region, located on the south central coast of the country, a flagship product, with denomination of origin, for its special qualities and for the area that is planting in its producing valleys; however, it is no stranger to the threat that is looming due to the effects of climate change, such as the increase in temperature, decrease in harvests, increase in pests and diseases and high cost of production, which causes instability in prices and a consequent decrease in planted areas. It is a valuable genetic resource closely linked to food security and the fight against malnutrition; Therefore, it is urgent to strengthen the conservation strategies of its diversity, update its morphological and molecular characterization to have a duly identified reserve, which allows offering alternatives to face the scarcity and reduce the risk of erosion due to the preference of very few commercial cultivars.

Key words: *Phaseolus lunatus*, lima bean, genetic resource, conservation.

Panorama actual y perspectivas del cultivo de frejol Lima en Ecuador

Dr. Carlos Nieto Cabrera

Facultad de Ciencias Agrícolas, Universidad Central del Ecuador, Quito, Ecuador.

cnieto@uce.edu.ec

Resumen

El frijol pallar, frijol lima o haba pallar, *Phaseolus lunatus* L., a pesar de ser una especie nativa, en Ecuador no consta como cultivo principal de interés comercial o para la alimentación nacional; pero, es importante para la alimentación de las comunidades locales en varias provincias como: Manabí en la Costa e Imbabura, Chimborazo y Loja en la Sierra, aunque solamente en Manabí se comercializa como verdura en los mercados locales. Por su adaptación a climas secos, con altitudes de hasta 2,800 m.s.n.m, y temperaturas promedio de 16 a 27 °C, es una especie clave para varios agroecosistemas, especialmente para las comunidades que hacen agricultura de subsistencia. La importancia y potencial de la especie se justifica por: i) La diversidad, (variedades anuales, perennes y material silvestre), de consumo como verdura y grano seco; ii) Es componente apropiado para los sistemas de huertos caseros, con siembras escalonadas, para garantizar la disponibilidad de alimento para la familia y el mercado local; iii) Por sus características nutricionales (contenidos de proteína superiores a 20%, y contenidos altos de minerales, vitaminas y fibra), es un alimento ideal para combatir la desnutrición

en el área rural; iv) La especie tiene potencial de expansión en toda la región costanera, en las estribaciones de las cordilleras oriental y occidental, en los valles bajos de la Sierra y en la Amazonia; v) Es una especie fijadora de nitrógeno atmosférico. En investigación, hay varios estudios puntuales, sobresale la intervención del INIAP, en mejoramiento genético con la obtención de dos variedades mejoradas: INIAP 490, para época lluviosa e INIAP 491, para época seca y, con la conservación del germoplasma (193 colectas en el banco de germoplasma en la Estación Santa Catalina). Sin embargo, la investigación de los varios aspectos: genéticos, botánicos, agronómicos, nutricionales, resiliencia a estrés agroclimático, así como en temas socioeconómicos de la especie, es todavía incipiente. Un programa nacional de rescate y promoción de la especie como componente de los agroecosistemas diversos y de las cadenas agroalimentarias locales es urgente y necesario.

Palabras clave: *Phaseolus lunatus*, agrobiodiversidad nativa, alimentación local, fuente proteínica, Fijación de nitrógeno.

Current panorama and prospects for the cultivation of Lima bean in Ecuador

Abstract

The pallar bean, lima bean or pallar bean, *Phaseolus lunatus* L., despite being a native species in Ecuador, it does not appear as a main crop of commercial interest or for national food; but, it is important for feeding local communities in several provinces such as: Manabí on the Coast and Imbabura, Chimborazo and Loja in the Sierra, although only in Manabí it is sold as a vegetable in local markets. Due to its adaptation to dry climates, with altitudes of up to 2,800 meters above sea level, and average temperatures of 16 to 27 °C, it is a key species for several agroecosystems, especially for communities that practice subsistence agriculture. The importance and potential of the species is justified by: i) The diversity, (annual and perennial varieties and wild material), of consumption as vegetables and dry grain; ii) It is an appropriate component for home garden systems, with staggered planting, to guarantee the availability of food for the family and the local market; iii) Due to its nutritional characteristics (protein content greater than 20%, and high content of minerals, vitamins and fiber), it is an ideal food to combat malnutrition in rural areas; iv) The species has potential for expansion throughout the coastal region, in the foothills of the eastern and western mountain ranges, in the lower valleys of the Sierra and in the Amazon; v) It is an atmospheric nitrogen-fixing species. In research, there are several specific studies, the intervention of INIAP stands out, in genetic improvement with the obtaining of two improved varieties: INIAP 490, for the rainy season and INIAP 491, for the dry season and, with the conservation of the germplasm (193 collections in the germplasm bank at Santa Catalina Station). However, the investigation of the various aspects: genetic, botanical, agronomic, nutritional, resilience to agroclimatic stress, as well as socioeconomic issues of the species, is still incipient. A national program to rescue and promote the species as a component of diverse agroecosystems and local agrifood chains is urgent and necessary.

Keywords: *Phaseolus lunatus*, native agrobiodiversity, local diet, protein source, nitrogen fixation.

SESIÓN: DOMESTICACIÓN

Domesticación del frijol Lima (*Phaseolus lunatus* L.) en México

Rubén Humberto Andueza Noh^{1*}; Jaime Martínez Castillo²

¹CONACYT-Instituto Tecnológico Nacional de México, Campus Conkal, Yucatán, México. ²Centro de Investigación Científica de Yucatán, A. C., Mérida, México. * r_andueza81@hotmail.com; ruben.andueza@itconkal.edu.mx

Resumen

El frijol Lima (*Phaseolus lunatus* L.), es una de las cinco especies del género *Phaseolus* que ha sido domesticada, posee dos grandes acervos génicos, el acervo génico Andino y el Acervo génico Mesoamericano, ambos acervos están involucrados en la historia de la domesticación de la especie donde se han propuesto dos centros de domesticación independientes. El primero localizado en la región Andina entre Ecuador y norte Perú y el segundo en Mesoamérica. Sin embargo, la domesticación del frijol Lima en Mesoamérica aún no es muy clara. Dentro de Mesoamérica, México ha sido reconocido como un área importante de domesticación de plantas cultivadas ejemplo de estos cultivos son el maíz, los chiles y los frijoles. Entre las especies de frijol que han sido domesticadas en México se encuentra el frijol Lima, donde las poblaciones silvestres y domesticadas están ampliamente distribuidas a lo largo de la costa del Pacífico de México, la costa del golfo de México, la Península de Yucatán y Chiapas. Diferentes estudios se han realizado con el objetivo de esclarecer con mayor detalle la historia de domesticación del frijol Lima en Mesoamérica, sin embargo, los resultados han mostrado que la domesticación de esta especie es más compleja de lo que se pensaba. Los primeros estudios que se realizaron indican la existencia de domesticación múltiple dentro del acervo génico Mesoamericano del frijol Lima, sin embargo, estudios más recientes sugieren un solo evento de domesticación localizado en México, también señalan que debido a las relaciones más cercanas entre las poblaciones silvestres y domesticadas distribuidas en el centro-occidente de México específicamente en el área localizada entre los estados de Nayarit-Jalisco y Guerrero-Oaxaca, esta región puede ser considerada como el centro de domesticación para el frijol Lima Mesoamericano.

Palabras clave: Mesoamérica, domesticación, plantas domesticadas, plantas silvestres.

Domestication of Lima bean (*Phaseolus lunatus* L.) in Mexico

Abstract

Lima bean (*Phaseolus lunatus* L.) one of the five species of the genus *Phaseolus* that has been domesticated, is composed of two major gene pools, the Andean gene pool and the Mesoamerican gene pool, both gene pools are involved in the history of the domestication of the species, where two independent domestication centers have been proposed. The first has been located in the Andean region between Ecuador and northern Peru and the second in Mesoamerica. However, the domestication of the Lima bean in Mesoamerica remains unclear. Within Mesoamerica, Mexico has been recognized as an important area for the domestication of cultivated plants. Examples of these crops are maize, chili peppers, and beans. Among the bean species that have been domesticated in Mexico is the Lima bean, where wild and domesticated populations are widely distributed along the Pacific coast in the central-westerns Mexico, the coastal of the Gulf of Mexico, the Yucatan Peninsula and in Chiapas. Different studies have been carried out with the aim to clarifying in greater detail the history of Lima bean domestication in Mesoamerica, however, the results have shown that the

domestication of this species is more complex than previously thought. The first studies that were carried out indicate the existence of multiple domestication within the Mesoamerican lima bean gene pool, however, more recent studies suggest a single domestication event located in Mexico, they also indicate that due to the closer genetic relationships observed between wild populations and domesticated distributed in the central-westerns of Mexico, specifically in the area located between the states of Nayarit-Jalisco and Guerrero-Oaxaca, this region can be considered as the center of domestication for the Mesoamerican Lima bean.

Keywords: Mesoamerica, domestication, domesticated crops, wild crops

Uso social del fréjol torta: lúdica y juego en Sur América

Eduardo Peralta Idrovo^{1*}, Francisco Peralta Idrovo², Hernán Peralta Idrovo³

¹Consultor, investigador independiente. Ex INIAP. Quito, Ecuador. ²Docente, Facultad de Comunicación Social, Universidad Central. Quito, Ecuador. ³Docente, Universidad Indoamérica, Quito, Ecuador. * peraltaedu55@gmail.com

Resumen

En Ecuador se cultivan y consumen cuatro de las cinco especies de *Phaseolus*: *P. vulgaris* L. (fréjol común), *P. lunatus* L. (tortas), *P. coccineus* L. y *P. dumosus* Mac. (popayán). Los antiguos ecuatorianos estuvieron ocupados domesticando la torta, en lugar del fréjol común, pues practicaban la selección mientras jugaban. Así, el fréjol se constituyó en un elemento de juego rural, citadino, escolar, juvenil, adulto, familiar, en las poblaciones indígenas, afroecuatoriana y mestiza. La gran variabilidad genética de *Phaseolus* marcada por la riqueza fenológica de las semillas, llevó a los pobladores andinos a jugar con ellos. El objetivo de esta investigación fue recopilar la lúdica y los juegos con las diferentes especies de fréjol en Ecuador, Perú y Bolivia. Para este propósito, se estableció una muestra mínima de tres personas por provincia, departamento o país. Se entrevistaron a 85 personas en Ecuador, ocho en Perú y nueve en Bolivia. En Ecuador se identificaron 40 juegos diferentes, ocho en Perú y seis en Bolivia. En Ecuador los siete juegos más mencionados fueron: bomba, tres en raya, perinola y trompos, pares o nones, pica, hoyo y quiriminduña. El aprendizaje de la aritmética básica usando el fréjol fue mencionado en los tres países. Los juegos y el aprendizaje desaparecen a partir de la década de 1990, lo que sugiere que estos juegos pudieron ser reemplazados por: i) juguetes artesanales, industriales, electrónicos y ii) por los cambios en el sistema educativo, con el uso del material multibase 10. Actualmente, los juegos se mantienen junto con la diversidad genética en la provincia de Imbabura, Ecuador.

Palabras clave: Selección, variabilidad, aprendizaje, conservación, Imbabura.

Social use of the Lima bean: ludic and game in South America

Abstract

Ecuador cultivates and consumes four of the five *Phaseolus* species: *P. vulgaris* L. (common bean), *P. lunatus* L. (tortas), *P. coccineus* L. y *P. dumosus* Mac. (popayán). Ancient Ecuadorians were busy domesticating Lima bean to play instead of the common bean. Thus, the Lima bean became a versatile game element in the indigenous, mestizo and Afro-Ecuadorian populations. The wide genetic variability of lima bean seeds and their great phenology responses allowed the Andean population to

play with them. The aim of the research was to get information on the games that are practiced with different bean species in Ecuador, Peru and Bolivia. A minimum sample of three people per province, department or country was established. We interviewed 85 people in Ecuador, eight in Peru and nine in Bolivia. We identify 40 different games in Ecuador, eight in Peru and six in Bolivia. The most popular games in Ecuador were: bomba, tres en raya, perinola and trompos, pares o nones, pica, hoyo and quiriminduña. People of all three countries mentioned above claimed to have learned arithmetic operations with beans. Games and learning with beans disappear from the 1990s suggesting a replacement by i) craft toys, plastic toys, electronic toys and ii) changes in education system. Currently, the games are maintained as well as the genetic diversity in the province of Imbabura, Ecuador.

Keywords: selection, variability, learning, conservation, Imbabura.

Historia de la domesticación del frijol Lima en las Américas

María Isabel Chacón Sánchez^{1}, Tatiana García¹, Jorge Duitama²*

¹Universidad Nacional de Colombia - Bogotá, Facultad de Ciencias Agrarias - Departamento de Agronomía, Bogotá, Colombia. ²Departamento de Ingeniería de Sistemas y Computación, Universidad de los Andes, Bogotá, Colombia. * michacons@unal.edu.co

Resumen

Una de las especies de frijol más importantes consumida por su grano seco es el frijol Lima (*Phaseolus lunatus* L.). El frijol Lima es una especie de interés científico desde el punto de vista evolutivo por dos razones. Primero, su pariente silvestre, el frijol Lima silvestre, es una especie ampliamente distribuida desde el norte de México hasta el norte de Argentina con una estructura genética definida en acervos génicos. Segundo, esta especie fue domesticada al menos dos veces e independientemente en Mesoamérica y los Andes lo que dio origen a una gran diversidad de variedades criollas mesoamericanas y andinas. La domesticación dual brinda una excelente oportunidad para evaluar los efectos que sobre el genoma de las variedades criollas han tenido los procesos de domesticación. En el presente trabajo se presentan los resultados de diversos estudios que han sido liderados por nuestro grupo de investigación sobre la diversidad genética del frijol Lima silvestre y domesticado mediante marcadores moleculares del ADN cloroplástico y marcadores genómicos del ADN nuclear. Los resultados muestran un origen andino para el frijol Lima silvestre durante el Pleistoceno y una temprana divergencia de los acervos génicos mesoamericano y andino. Desde su área de origen en los Andes, el frijol Lima silvestre habría migrado a otras áreas en los Andes y Mesoamérica y actualmente se encuentra estructurado en cuatro acervos génicos, dos mesoamericanos (MI, MII) y dos andinos (AI, AII), con distribuciones geográficas no solapantes. Los resultados apuntan a que la domesticación en Mesoamérica tuvo lugar en el centro-occidente de México y en los Andes ocurrió en Ecuador y norte del Perú. Los marcadores genómicos permitieron reconocer tres subgrupos de variedades criollas mesoamericanas con distribuciones geográficas diferentes: México-Centroamérica, Península de Yucatán y Suramérica. La domesticación redujo la diversidad genética de las variedades criollas, especialmente las mesoamericanas, y produjo altos niveles de desequilibrio de ligamiento. Se discuten las implicaciones que tienen los resultados de investigación en la conservación y uso de esta especie.

Palabras clave: Filogeografía, ADN ribosomal, GBS (Genotyping-by-sequencing), genómica, efecto fundador, domesticación.

History of Lima bean domestication in the Americas

Abstract

One of the most important bean species consumed for its dry grain is the Lima bean (*Phaseolus lunatus* L.). The Lima bean is a species of scientific interest from an evolutionary point of view for two reasons. First, its wild relative, the wild Lima bean, is a widely distributed species from northern Mexico to northern Argentina with a genetic structure defined in gene pools. Second, this species was domesticated at least twice and independently in Mesoamerica and the Andes, giving rise to a great diversity of Mesoamerican and Andean landraces. Dual domestication provides an excellent opportunity to assess the effects that domestication processes have had on the genome of landraces. This paper presents the results of various studies that have been led by our research group on the genetic diversity of wild and domesticated Lima beans using molecular markers of chloroplast DNA and genomic markers of nuclear DNA. The results show an Andean origin for the wild lima bean during the Pleistocene and an early divergence of the Mesoamerican and Andean gene pools. From its area of origin in the Andes, the wild lima bean would have migrated to other areas in the Andes and Mesoamerica and is currently structured in four gene pools, two Mesoamerican (MI, MII) and two Andean (AI, AII), with non-overlapping geographic distributions. The results indicate that domestication in Mesoamerica took place in central-western Mexico and in the Andes it occurred in Ecuador and northern Peru. The genomic markers allowed us to recognize three subgroups of Mesoamerican landraces with different geographic distributions: Mexico-Central America, the Yucatan Peninsula, and South America. Domestication reduced the genetic diversity of landraces, especially Mesoamerican ones, and produced high levels of linkage disequilibrium. The implications of the research results for the conservation and use of this species are discussed.

Keywords: Phylogeography, ribosomal DNA, GBS (Genotyping-by-sequencing), genomics, founder effect, domestication.

Huellas de selección en la domesticación del Frijol Lima

Tatiana García^{1}, Daniela Lozano², Jorge Duitama², María Isabel Chacón Sánchez¹*

¹Universidad Nacional de Colombia - Bogotá, Facultad de Ciencias Agrarias - Departamento de Agronomía, Bogotá, Colombia. ²Departamento de Ingeniería de Sistemas y Computación, Universidad de los Andes, Bogotá, Colombia. * ltgarcian@unal.edu.co

Resumen

Procesos evolutivos como la domesticación generan cambios en la composición genética de las poblaciones de diferentes cultivos, dejando señales en los genomas como la distorsiones en el espectro de frecuencias de sitio, mayores niveles de desequilibrio de ligamiento, menor variabilidad local y mayor diferenciación entre poblaciones silvestres y domesticadas. En los últimos años se ha incrementado el conocimiento sobre el proceso de domesticación debido a los avances en las tecnologías de secuenciación que han permitido el ensamblaje del genoma de especies no modelo como el Frijol Lima. En esta investigación se generó el re-secuenciamiento del genoma completo (WGRS) de 60 accesiones de frijol Lima con el objetivo de identificar regiones genómicas potencialmente asociadas con huellas de selección en esta especie. El análisis de los datos se llevó a cabo a través de enfoque integrador empleando tres estrategias que comparan las accesiones silvestres y domesticadas dentro de cada acervo genético. Estas estrategias fueron: (1) Evaluación de índices de diversidad mediante un enfoque genómico de ventana deslizante, (2) evaluación de índices de diversidad mediante un enfoque gen por gen, (3) un enfoque basado en la frecuencia de alelos que

calcula estadísticas de diferenciación genética entre poblaciones. Se identificaron mediante el primer enfoque un total de 362 regiones (34.8Mpb) en el acervo Andino, incluyendo 2,517 genes candidatos bajo selección. En el acervo Mesoamericano se hallaron 372 regiones (32.02 Mpb) con 2,207 genes. Mediante el segundo enfoque se identificaron 739 y 1,016 genes para el acervo genético Andino y mesoamericano, respectivamente. Estos resultados sugieren que alelos de diferentes genes fueron seleccionados en los procesos de domesticación mesoamericano y andino, configurando un proceso de selección convergente.

Palabras claves: Huellas de selección, domesticación, re-secuenciación del genoma completo.

Selective sweeps in the Lima bean domestication

Abstract

Evolutionary processes such as domestication generate changes in the genetic composition of the populations of different crops, leaving signals in the genomes such as distortions in the spectrum of site frequencies, higher levels of linkage disequilibrium, less local variability, and greater differentiation between wild and domesticated populations. In recent years, knowledge about the domestication process has increased due to advances in sequencing technologies that have allowed the genome assembly of non-model species such as the Lima Bean. This research generated the whole genome re-sequencing (WGRS) of 60 lima bean accessions to identify genomic regions likely with selective sweeps. Data analysis was carried out through an integrative approach focusing upon three strategies that compare wild and domesticated accessions within each gene pool: (1) evaluation of diversity indexes by a genomic sliding-window approach, (2) evaluation of diversity indexes by a gene-by-gene approach, (3) an allele-frequency-based approach that calculates a genetic differentiation statistics between populations. A total of 362 regions (34.8Mpb) in the Andean gene pool with 2,517 candidate genes under selection were detected in the first approach. The Mesoamerican gene pool identified 372 regions (32.02 Mpb) with 2,207 genes. In addition, 739 and 1,016 genes were identified in a second approach for the Andean and Mesoamerican gene pools. These results suggest that alleles of different genes were selected in the Mesoamerican and Andean gene pool in domestication processes, which shows a convergent selection process.

Keywords: Selective sweeps, domestication, whole-genome re-sequencing.

Diversidade genética de feijão-fava no Brasil

Ângela Celis de Almeida Lopes

Universidade Federal do Piauí, Departamento de Fitotecnia, Centro de Ciências Agrárias, Teresina, Brasil. acalopes@ufpi.edu.br

Resumo

O feijão-fava (*Phaseolus lunatus* var. *lunatus*) é a segunda espécie mais cultivada e consumida no Brasil quando comparada ao feijão-comum (*Phaseolus vulgaris*). Considerando as cinco regiões ecogeográficas, é possível afirmar que o feijão-fava pode ser encontrado, de forma ampla e diversa, em todas, destacando-se o Nordeste com maior diversidade genética em variedades crioulas. Infelizmente, os dados estatísticos federais não separam as favas (*P. lunatus* e *Vicia faba*) e tão pouco

os feijões (*P. vulgaris* e *Vigna unguiculata*), dessa forma as informações ainda são imprecisas quanto à representativa e importância de cada uma dessas leguminosas. O destaque em termos de diversidade está na região Nordeste do Brasil. Provavelmente, por ser uma região muito pobre, os feijões fazem parte diariamente da dieta dos nordestinos, como principal fonte de proteína vegetal. Entretanto observa-se particularidades sobre o feijão-fava: sua representatividade se concentra nas regiões de elevadas altitudes, podendo ser a principal e única fonte de proteína vegetal, enquanto em outros estados representa uma iguaria ofertada como um presente, existe portanto uma relação afetiva nesta leguminosa que não se observa nas demais cultivadas no Brasil. Sobre a origem do germoplasma brasileiro de feijão-fava, trabalhos indicam que temos representatividade dos três conjuntos gênicos, sendo que a localização geográfica do Brasil favorece tal afirmação, podendo inclusive se considerar a hipótese do Brasil ser um centro de domesticação, há registros de coleta de provável germoplasma silvestre realizado na região central do Brasil. Em termos de conservação ex situ, o Banco Ativo de Germoplasma de *Phaseolus* da Universidade Federal do Piauí (BGP/UFPI) foi estabelecido em 2003, com coletas de variedades locais em comunidades agrícolas, feiras e mercados, tendo sido incorporados inicialmente 211 acessos. O BGP/UFPI possui 1345 acessos, até fevereiro de 2020, provenientes principalmente do Brasil.

Palavras-chave: *Phaseolus lunatus*, Nordeste do Brasil, banco de germoplasma.

Genetic diversity of lima bean in Brazil

Abstract

Lima bean (*Phaseolus lunatus* var. *lunatus*) is the second most cultivated and consumed species, from *Phaseolus* genus, in Brazil as compared to common bean (*Phaseolus vulgaris*). This plant species can be found widely and with high diversity in all ecogeographic regions, highlighting the Northeastern, Brazil, where lima bean presents greater genetic diversity in landrace genotypes. Unfortunately, national surveys do not discriminate *P. lunatus* and *Vicia faba* (known as “fava”). Thus, the available information become unclear how are the representativeness and importance of each of these legume species in Brazil. The highest diversity of beans, in general, is found in the Northeastern region, Brazil. Since this region is considered as the poorest region, beans are an important part of diet to population, mainly due to their high content of protein. However, there are particularities about lima bean, such as its representativeness in regions of high altitude, being mostly the main source of protein. In other regions, lima bean usually represents a special type of food. Regarding the origin of the Brazilian germplasm of lima bean, studies indicate the presence of genotypes from three known gene pools, and the geographic location of Brazil favors this assumption. It can support the hypothesis that Brazil is a center of domestication. There is information about wild genotypes collected in the Central region of Brazil. In terms of ex situ conservation, the Active Germplasm Bank of *Phaseolus* from Federal University of Piauí (BGP/UFPI) was established in 2003, and conservates landraces obtained from local smallholders and sellers. Currently, the BGP/UFPI has 1345 genotypes (updated in February 2020) mainly obtained in Brazil.

Keywords: *Phaseolus lunatus*, Northeastern, Brazil, germplasm bank.

Flujo genético e introgresión silvestre-domesticado en el frijol Lima en México

Jaime Martínez Castillo^{1*}, Mauricio Heredia Pech¹, Matilde M. Ortiz García¹, María I. Chacón Sánchez², Rubén H. Andueza Noh³, Mariana Chávez Pesqueira¹.

¹Centro de Investigación Científica de Yucatán, A. C., Mérida, México. ²Universidad Nacional de Colombia - Bogotá, Facultad de Ciencias Agrarias - Departamento de Agronomía, Bogotá, Colombia. ³CONACYT-Instituto Tecnológico Nacional de México Campus Conkal, Yucatán, México. * jmartinez@cicy.mx

Resumen

Se muestran evidencias obtenidas de diferentes estudios realizados por nuestro grupo de trabajo sobre el papel del flujo génico y la introgresión silvestre-domesticado en la estructura y diversidad genética del frijol Lima (*Phaseolus lunatus*) en la península de Yucatán, un área importante de diversidad genética en Mesoamérica, utilizando datos etnobotánicos, morfológicos y moleculares, a escala local y regional. A escala local, los resultados indican una introgresión genética predominantemente en una dirección del acervo domesticado hacia el silvestre, pero también evidencia de un flujo genético bidireccional en los complejos silvestre-arvense-domesticado estudiados. Dentro de estos complejos, encontramos: a) individuos silvestres y domesticados puros, pero también individuos arvenses; b) mayores niveles de introgresión en el complejo más antiguo; c) mayores niveles de diversidad genética en complejos con mayores niveles de introgresión; d) mayor diversidad genética (H_E) en las accesiones domesticadas que en las silvestres. A escala regional, encontramos: a) flujo genético bajo, predominantemente de domesticados a silvestres; b) una marcada estructura genética basada en la existencia de los acervos genéticos MI domesticado y MII silvestre; c) mayor diversidad genética en el acervo silvestre que en el domesticado. Nuestros resultados indican que el flujo y la introgresión genética están jugando un papel importante a escala local, pero sus consecuencias en la estructura y diversidad genética del frijol Lima no se reflejan a escala regional, en donde los patrones de diversidad entre poblaciones silvestres y domesticadas podrían estar reflejando eventos históricos.

Palabras clave: Frijol Lima, flujo genético, introgresión, Península de Yucatán.

Gene Flow and wild-crop introgression in Lima bean in Mexico

Abstract

We showed evidences obtained from different studies made by our research group about the role of gene flow and wild-crop introgression on the structure and genetic diversity of Lima bean (*Phaseolus lunatus*) in the Yucatan Peninsula, an important Mesoamerican diversity area for this crop, using ethnobotanical, morphological, a molecular data at local and regional scales. At the local scale, analyses showed predominantly crop-to-wild introgression, but also evidence of a bidirectional gene flow in the different wild-weedy-crop complexes studied. Within these complexes, we could find a) pure wild and domesticated individuals, but also admixed (weedy) individuals; b) higher levels of introgression in the older complex; c) higher levels of genetic diversity in complexes with higher levels of introgression; d) higher genetic diversity (H_E) in the domesticated accessions than in the wild ones. At a regional scale, we found: a) low gene flow, predominantly from crop-to-wild; b) a marked genetic structure based in the existence of domesticated MI and wild MII gene pools; c) higher genetic diversity in the wild accessions than in the domesticated ones, Our results indicate that gene flow and introgression are playing an important role at the local scale, but its consequences on the structure

and genetic diversity of the Lima bean are not clearly reflected at the regional scale, where diversity patterns between wild and domesticated populations could be reflecting historical events.

Key words: Lima bean, gene flow, introgression, Yucatán peninsula.

SESIÓN: MEJORAMIENTO GENÉTICO

Domesticação e melhoramento genético do feijão-fava e as respostas do microbioma da rizosfera, estudos no Brasil

*Ademir Sergio Ferreira Araujo**, *Angela Celis de Almeida Lopes*

Federal University of Piauí, Agricultural Science Center, Teresina, Brazil. * ademir@ufpi.edu.br

Resumo

As plantas moldam a microbiota do solo e selecionam uma comunidade microbiana específica na rizosfera. No entanto, a domesticação e o melhoramento de plantas reduzem a diversidade genética e podem trazer impactos na montagem do microbioma associado à rizosfera. De fato, estudos sobre as comunidades microbianas na rizosfera do gênero *Phaseolus vulgaris* mostraram a influência da domesticação sobre grupos microbianos, tais como a diminuição de Bacteroidetes e o aumento de Proteobacteria. Em relação ao feijão-fava (*Phaseolus lunatus*), sua domesticação promoveu um “efeito fundador” que reduz significativamente a diversidade genética em genótipos domesticados. Isto tem promovido mudanças no microbioma da rizosfera em genótipos de feijão-fava. Nosso primeiro estudo avaliando o microbioma da rizosfera a partir de genótipos domesticados mostrou diferentes genótipos recrutando grupos microbianos distintos na rizosfera. Recentemente, nosso estudo avaliou o microbioma da rizosfera em genótipos selvagens, semi-domesticados e domesticados de feijão-fava e encontrou um efeito significativo da domesticação na comunidade microbiana na rizosfera. Em primeiro lugar, a similaridade da comunidade microbiana na rizosfera diminuiu de genótipos domesticados para selvagens. Em segundo lugar, grupos microbianos específicos foram encontrados na rizosfera em genótipos selvagens, semi-domesticados e domesticados. Terceiro e mais interessante, a complexidade das conexões microbianas diminuiu de genótipos selvagens para domesticados. Conjuntamente, os resultados mostram que o processo de domesticação altera significativamente a estrutura e composição das comunidades microbianas e reduz sua complexidade de conexões na rizosfera do feijão-fava. Essas mudanças nas comunidades microbianas na rizosfera de genótipos durante a domesticação de plantas podem influenciar o desempenho das plantas e suas respostas a fatores bióticos e abióticos.

Palavras-chave: Ecologia microbiana, síndrome da domesticação, 16S rRNA gene, interação plantas-microrganismos.

Domestication and genetic improvement of the Lima bean and the response of the rhizosphere microbiome, studies in Brazil

Abstract

Plants modulate the soil microbiota and select a specific microbial community in the rhizosphere. However, plant domestication and breeding reduce genetic diversity, and it can bring impact on the associated microbiome assembly. Indeed, studies about the microbial communities in the rhizosphere of genus *Phaseolus vulgaris* have shown the influence of domestication on microbial groups in the rhizosphere, such as decreased Bacteroidetes and increased Proteobacteria. Regarding to Lima bean (*Phaseolus lunatus*), its domestication has promoted a “founder effect” that significantly reduces the genetic diversity in domesticated genotypes. It has brought changes in the microbiome of rhizosphere in genotypes of Lima bean. Our first study assessing the microbiome of rhizosphere from domesticated genotypes has shown different genotypes recruiting distinct microbial groups in the rhizosphere. Recently, our study assessed the microbiome of rhizosphere in wild, semi-domesticated, and domesticated genotypes of Lima bean and found a significant effect of domestication on microbial community in the rhizosphere. Firstly, the similarity of microbial community decreased from domesticated to wild genotypes. Second, specific microbial groups were found in rhizosphere in wild, semi-domesticated, and domesticated genotypes. Third and more interestingly, the complexity of microbial connections decreased from wild to domesticated genotypes. Altogether, it shows that the process of domestication significantly changes the structure and composition of microbial communities and reduces their complexity of connections in the rhizosphere of Lima bean. These shifts on microbial communities in the rhizosphere of genotypes during plant domestication could influence the performance of plants and their responses to biotic and abiotic factors.

Keywords: Microbial ecology, domestication syndrome, 16S rRNA gene, plant-microbe interaction.

Dominancia de una especie de *Bradyrhizobium* en nódulos de frijol Lima en la costa central de Perú

Ernesto Ormeño-Orrillo

Universidad Nacional Agraria La Molina, Lima, Perú. eormeno@lamolina.edu.pe

Resumen

El frijol lima (*Phaseolus lunatus* L.) es una de varias especies de *Phaseolus* que fueron domesticadas en las Américas. Como otras leguminosas, el frijol Lima establece una relación simbiótica con bacterias fijadoras de nitrógeno conocidas como rizobios. En los años 30 del siglo XX, el frijol Lima se incluyó en el grupo de inoculación cruzada del caupí que incluía al caupí y otras leguminosas hospederas y sus rizobios asociados compartidos. Los rizobios de caupí eran en su mayoría de crecimiento lento y luego se incluyeron en el género *Bradyrhizobium*. En la actualidad, varios estudios han demostrado que el frijol Lima es capaz de establecer simbiosis con una variedad de rizobios, aunque prefiere los bradyrizobios. Se han reportado al menos siete genoespecies de *Bradyrhizobium* de frijol Lima en México, y se han encontrado cepas de *Bradyrhizobium*, *Rhizobium*, *Agrobacterium*, *Mesorhizobium* y *Allorhizobium* en Brasil. En Perú, hemos encontrado mayormente *Bradyrhizobium* distribuido en cuatro (geno)especies con una de ellas, *Bradyrhizobium paxllaeri*, representando hasta el 80% de los bradyrizobios obtenidos en la costa central donde se cultiva la

mayor parte del frijol Lima. Es interesante notar que todos los aislamientos de *B. paxllaeri* muestran perfiles genómicos por PCR muy similares, así como genes “housekeeping” y simbióticos idénticos o casi idénticos. Los genomas obtenidos han revelado alta conservación a nivel de secuencia y de identidad promedio de nucleótidos dentro de esa especie. Estas observaciones son consistentes con la presencia de una población clonal dominante de *B. paxllaeri* como colonizadores altamente exitosos de los nódulos de frijol Lima en la costa central de Perú. Comprender las bases de esa dominancia podría permitir la selección de cepas para inoculantes más competitivas.

Palabras clave: Ecología microbiana, competitividad, *Phaseolus lunatus*.

Dominance of a *Bradyrhizobium* species in Lima bean nodules in the central coast of Peru

Abstract

Lima bean (*Phaseolus lunatus*) is one of several species of *Phaseolus* which were domesticated in the Americas. As other legumes, Lima bean establish a symbiotic relationship with nitrogen-fixing bacteria known as rhizobia. In the 30s of the twenty century, Lima bean was included in the cowpea cross-inoculation group which included cowpea and other legume hosts and their shared associated rhizobia. Cowpea rhizobia were mostly slow growers and were later included in the *Bradyrhizobium* genus. Nowadays, several studies have shown that Lima bean is able to establish symbioses with a range of rhizobia although it prefers bradyrhizobia. At least seven genospecies of *Bradyrhizobium* have been reported from Lima bean in Mexico, and strains of *Bradyrhizobium*, *Rhizobium*, *Agrobacterium*, *Mesorhizobium* and *Allorhizobium* have been found in Brazil. In Peru, we have found mostly *Bradyrhizobium* encompassing four (geno)species with one of them, *Bradyrhizobium paxllaeri*, representing up to 80% of the bradyrhizobia obtained in the central coast where most of the Lima bean is grown. Interestingly, all *B. paxllaeri* isolates show highly similar PCR genomic fingerprints and identical or almost identical housekeeping and symbiosis genes. Genome sequences revealed high whole sequence conservation and average nucleotide identity within that species. These observations are consistent with the presence of a dominant clonal population of *B. paxllaeri* as highly successful colonizers of Lima bean nodules in the central coast of Peru. Understanding the basis for that dominance may allow the selection of more competitive inoculant strains.

Keywords: microbial ecology, competitiveness, *Phaseolus lunatus*.

Determinación de características relevantes para la selección de accesiones de razas locales de *Phaseolus lunatus* L. para resistencia a insectos

Roberto R. Ruiz-Santiago¹, Horacio S. Ballina-Gómez^{1*}, Esau Ruiz-Sánchez¹, Jaime Martínez-Castillo², René Garruña-Hernández³ & Rubén H. Andueza-Noh³

¹Division de Estudios de Posgrado e Investigación, Tecnológico Nacional de México/Campus Conkal, Conkal, Mexico. ²Centro de Investigación Científica de Yucatán, A.C., Mérida, México.

³Division de Estudios de Posgrado e Investigación, Conacyt-Tecnológico Nacional de México/Campus Conkal, Conkal, Mexico. * horacio.bg@conkal.tecnm.mx

Resumen

Las interacciones planta-insecto son un factor determinante para la producción sostenible de cultivos. Aunque las plantas pueden resistir o tolerar a los insectos herbívoros en diversos grados, incluso con

el uso de pesticidas, los insectos pueden reducir la productividad neta de la planta hasta en un 20 %, por lo que se necesitan estrategias sostenibles para el control de plagas que dependan menos de los productos químicos. La selección de plantas con resistencia óptima y características fotosintéticas puede ayudar a minimizar el daño y mantener la productividad. Aquí, se evaluaron en el campo 27 accesiones de variedades locales de frijol lima, *Phaseolus lunatus* L., de la península de Yucatán para determinar las características de resistencia morfológica, las características fotosintéticas, el daño por insectos y el rendimiento de semillas. Se encontró variación en los rasgos físicos de las hojas (número, área y masa seca de las hojas; densidad de tricomas, grosor y dureza específicos de las hojas) y en los rasgos fisiológicos (tasa fotosintética, conductancia estomática, carbono intercelular, eficiencia en el uso del agua y transpiración). Cinco accesiones (JMC1325, JMC1288, JMC1339, JMC1208 y JMC1264) tuvieron el índice más bajo de daño acumulativo con el mayor rendimiento de semilla, aunque el análisis RDA descubrió dos accesiones (JMC1339, JMC1288) con una fuerte asociación positiva de rendimiento de semilla y el índice de daño acumulativo con producción de hojas, área foliar específica (SLA) y área foliar total. Los rasgos de las hojas, incluidos el SLA y el área foliar total, son factores importantes para optimizar el rendimiento de las semillas. Este estudio identificó 12 rasgos morfológicos y fisiológicos importantes de las hojas para seleccionar accesiones de razas locales de *P. lunatus* para obtener altos rendimientos (independientemente del nivel de daño) para lograr una producción de cultivos sostenible y ambientalmente segura.

Palabras clave: Frijol Lima, Defensa de las plantas, Daño foliar, Producción de semilla, Fisiología de la planta.

Determining relevant traits for selecting landrace accessions of *Phaseolus lunatus* L. for insect resistance

Abstract

Plant-insect interactions are a determining factor for sustainable crop production. Although plants can resist or tolerate herbivorous insects to varying degrees, even with the use of pesticides, insects can reduce plant net productivity by as much as 20%, so sustainable strategies for pest control with less dependence on chemicals are needed. Selecting plants with optimal resistance and photosynthetic traits can help minimize damage and maintain productivity. Here, 27 landrace accessions of lima beans, *Phaseolus lunatus* L., from the Yucatan Peninsula were evaluated in the field for morphological resistance traits, photosynthetic characteristics, insect damage and seed yield. Variation was found in physical leaf traits (number, area, and dry mass of leaves; trichome density, specific leaf thickness and hardness) and in physiological traits (photosynthetic rate, stomatal conductance, intercellular carbon, water-use efficiency, and transpiration). Five accessions (JMC1325, JMC1288, JMC1339, JMC1208 and JMC1264) had the lowest index for cumulative damage with the highest seed yield, although RDA analysis uncovered two accessions (JMC1339, JMC1288) with strong positive association of seed yield and the cumulative damage index with leaf production, specific leaf area (SLA) and total leaf area. Leaf traits, including SLA and total leaf area are important drivers for optimizing seed yield. This study identified 12 important morphological and physiological leaf traits for selecting landrace accessions of *P. lunatus* for high yields (regardless of damage level) to achieve sustainable, environmentally safe crop production.

Keywords: Lima bean, Plant defense, Leaf damage, Seed yield, Plant physiology.

Genotyping and Phenotyping Studies in Support of a Lima Bean Breeding Program

Kimberly Gibson¹*, Antonia Palkovic, Emily Bick, Stephanie Zullo, Sarah Dohle, and Paul Gepts

¹PhD Candidate in Horticulture and Agronomy, University of California, Davis, California, USA

* kjgibson@ucdavis.edu

Abstract

Phaseolus lunatus (Lima bean) is the most economically important grain legume in California. The UC Davis Dry Bean Breeding program supports this industry by developing new varieties that are white-seeded, large- and small-seeded, bush or viny, with pest resistance and other adaptations to the Central Valley of California. To support this work, several studies have been conducted in the Gepts Lab at UC Davis in genotyping and phenotyping important agronomic traits. Genetic studies have focused on the traits of determinacy, seed size, and cyanogenesis. Methods have included quantitative trait locus mapping and a genome wide association study. Phenotyping studies have focused on cyanogenesis and the complex trait of tolerance or resistance to the insect pest *Lygus hesperus*. Methods have included controlled greenhouse studies with colony raised insects and field-based scoring. As part of this work, preliminary studies with novel autonomous insect sensors have been conducted to develop a high-throughput phenotyping method for insect tolerance.

Keywords: Growth habit, Seed size, Cyanogenesis, Pest resistance, High-Throughput phenotyping.

Estudios de Genotipado y Fenotipado en Apoyo a un Programa de Mejoramiento de Frijol Lima

Resumen

Phaseolus lunatus (haba de Lima, poroto pallar, ib) es la legumbre económicamente más importante en California. El programa de mejoramiento de frijoles secos de UC Davis apoya esta industria mediante el desarrollo de nuevos cultivares de porte arbustivo y de guía larga, con semillas blancas, pequeñas y grandes, con resistencia a las plagas, y otras adaptaciones al Valle Central de California. Para apoyar a este trabajo, se han realizado varios estudios en el Laboratorio Gepts de UC Davis para genotipar y fenotipar características agronómicas importantes. Los estudios genéticos se han enfocado en los rasgos de hábito de crecimiento, tamaño de semilla y cianogénesis. Los métodos han incluido el mapeo de loci de rasgos cuantitativos y un estudio de asociación de genoma completo. Los estudios de fenotipado se han centrado en la cianogénesis y tolerancia o resistencia al insecto *Lygus hesperus*. Los métodos han incluido estudios de invernadero controlado, con insectos criados en colonias y calificación basada en el campo. Como parte de este trabajo, se han llevado a cabo estudios preliminares con nuevos sensores de insectos autónomos para desarrollar un método de fenotipado de alto rendimiento para la tolerancia a insectos.

Palabras clave: Hábito de crecimiento, Tamaño de semilla, Cianogénesis, Resistencia a plagas, Fenotipado de alto rendimiento.

Avanços no melhoramento genético do feijão-fava no Brasil

Regina Lucia Ferreira Gomes*; Ângela Celis de Almeida Lopes; Verônica Brito da Silva

Federal University of Piauí, Centro de Ciências Agrícolas, Teresina, Brasil. * rlfgomes@ufpi.edu.br

Resumo

No feijão-fava (*Phaseolus lunatus* L.), espécie alimentícia de grande importância socioeconômica no Brasil, principalmente na região Nordeste, estudos têm demonstrado ampla variabilidade genética. Assim, considerando a disponibilidade de acessos no Banco de Germoplasma *Phaseolus* da Universidade Federal do Piauí, com potencial para uso em programas de melhoramento, além da ausência de cultivares melhoradas no mercado, esforços têm sido dispendido para a obtenção de cultivares com hábito de crescimento determinado e maturação uniformidade, ciclo curto e grãos de acordo com a preferência do consumidor, para o agronegócio. Cultivares com hábito de crescimento indeterminado, para agricultura familiar, também estão sendo desenvolvidas como opção para os pequenos agricultores utilizarem no mesmo sistema de produção consorciado com milho crioulo, porém mais produtivas e resistentes a doenças. Na seleção dos genitores, no Departamento de Ciências Vegetais, da Universidade da Califórnia, Davis, nos Estados Unidos, foram priorizados aspectos relacionados ao hábito de crescimento e ciclo, sendo utilizados os seguintes genótipos: duas variedades crioulas do Brasil, um acesso da Argentina, um acesso da África, um acesso dos Estados Unidos, duas cultivares dos Estados Unidos, além de sete variedades crioulas do México. Atualmente, na área experimental do Departamento de Fitotecnia da Universidade Federal do Piauí, no Brasil, estão sendo avaliadas seis populações com hábito de crescimento determinado na geração F₆, e cinco populações com hábito indeterminado, na geração F₄. No Brasil, a seleção dos genitores priorizou aspectos relacionados ao hábito de crescimento, resistência à antracnose e padrão comercial das sementes. Foram utilizados três acessos resistentes à antracnose e com hábito de crescimento indeterminado e três acessos de hábito determinado, com sementes grandes e brancas, cujas populações na geração F₄ estão sendo avançadas pelo método Bulk. Esperava-se selecionar genótipos com características desejáveis ao ideótipo da cultura para o desenvolvimento de cultivares melhoradas.

Palavras-chave: *Phaseolus lunatus*, melhoramento de plantas, arquitetura da planta, resistência à antracnose, padrão comercial de sementes.

Advances in the genetic improvement of the Lima bean in Brazil

Abstract

Lima bean (*Phaseolus lunatus* L.) is an important species to Brazil, especially to the Northeast region, and presents high genetic variability. Considering the availability of Lima bean genotypes deposited in the Germplasm Bank from Federal University of Piauí, which present potential to be used in breeding programs, efforts have been done to obtain cultivars with desirable traits, such as determined growth, uniformity of maturation, and short cycle. However, we are also developing cultivars with indeterminate growth habit to be intercropped with landraces corn, but being productive and resistant to diseases. Firstly, genotypes presenting determined growth habit and short cycle were selected at the Department of Plant Sciences from University of California, Davis (USA) were used in the biparental crosses with landraces from Brazil, Argentina, Africa, and Mexico. Currently, we are evaluating, in the experimental field from Department of Plant Science, Federal University of Piauí, Brazil, six populations with determined growth habit, in F₆ generation, and five populations with indeterminate habit, in F₄ generation. In Brazil, the selection of parents focuses on growth habit,

resistance to diseases (anthracnose) and commercial standard of seeds. We used three genotypes resistant to anthracnose and with indeterminate growth habit, and three accessions with determined habit, large white seeds, and where populations in F₄ generation have been advanced by the Bulk method. We expect to select genotypes with desirable traits to the crop ideotype for the development of improved cultivars.

Keywords: *Phaseolus lunatus*, plant breeding, plant architecture, anthracnose resistance, commercial standard of seeds.

Los efectos heterogéneos de las condiciones climáticas en variedades locales de fréjol andinos y vainitas señalan alternativas para el manejo y conservación de cultivos

Jadán-Veriñas, Eudaldo^{1*}, Acosta-Quezada, Pablo G.², Valladolid, Edin², Murquincho, Michelle², and Ruiz-González, Mario Xavier^{1,3}.

¹ Universidad Técnica de Machala – UTMACH, Facultad de CC. Agropecuarias, Machala, Ecuador.

² Universidad Técnica Particular de Loja - UTPL, Departamento de CC. Biológicas y Agropecuarias, Loja, Ecuador. ³Instituto Universitario de Conservación y Mejora de la Agrodiversidad Valenciana, Universitat Politècnica de València, Valencia, España. * jadaneudaldo@gmail.com

Resumen

El cambio climático impone nuevos desafíos a la sociedad humana, y el uso y conservación de la agrobiodiversidad se han vuelto críticos para enfrentarlos. La conservación comienza con la recolección de recursos fitogenéticos, pero un paso crítico es su análisis posterior para comprender su potencial y mejorar la resiliencia agrícola y la adaptación a las nuevas condiciones climáticas. Seleccionamos nueve variedades locales de *Phaseolus vulgaris*, una de *P. lunatus* y dos de *Vigna unguiculata* de dos entornos climáticos diferentes de la región andina del sur de Ecuador y una variedad comercial de *P. vulgaris*, y las cultivamos en dos condiciones diferentes de temperatura y humedad (campo abierto e invernadero). Luego, registramos datos para 32 caracteres de arquitectura vegetal, características de flores y frutos y rendimiento y 17 eventos en la fenología de las plantas. Investigamos el impacto del tratamiento en las especies, el entorno climático y cada una de las variedades locales, e identificamos tanto los caracteres como las variedades locales que se ven más afectados por los cambios en sus condiciones ambientales. En general, las temperaturas más altas fueron benignas para todos los materiales excepto para dos variedades locales de *P. vulgaris* de trasfondo frío, que se comportaron mejor o se desarrollaron más rápido en condiciones frías. Finalmente, calculamos un índice de resiliencia climática de las variedades locales, que nos permitió clasificar las variedades locales por su plasticidad a las nuevas condiciones ambientales, y encontramos una susceptibilidad heterogénea de las variedades locales a condiciones más cálidas. Se destacaron dos variedades locales de *P. vulgaris* como objetivos críticos para la conservación. *P. lunatus* demostró ser un material resiliente con potencial para fortalecer la seguridad alimentaria.

Palabras clave: Cambio climático, *Phaseolus lunatus*, *Phaseolus vulgaris*, *Vigna unguiculata*.

Heterogeneous effects of climatic conditions on Andean bean landraces and cowpeas highlight alternatives for crop management and conservation

Abstract

The climate change imposes new challenges to human society, and the use and conservation of agrobiodiversity have become critical to face them. Conservation starts with the collection of phylogenetic resources, but their analysis is a critical follow up to understand their potential to

improve agricultural resilience and adaptation to the new climatic conditions. We selected nine *Phaseolus vulgaris*, one *P. lunatus* and two *Vigna unguiculata* landraces from two different climatic backgrounds of the Andean region of South Ecuador and one *P. vulgaris* commercial cultivar, and we grew them under two different conditions of temperature and humidity (open field and greenhouse). Then, we recorded data for 32 characters of plant architecture, flower and fruit characteristics and yield, and 17 events in the phenology of the plants. We investigated the impact of treatment on species, climatic background, and each of the landraces, and identified both characters and landraces that are mostly affected by changes in their environmental conditions. Overall, higher temperatures were benign for all materials except for two *P. vulgaris* landraces from cold background, which performed better or developed faster under cold conditions. Finally, we calculated a climate resilience landrace index, which allowed us to classify the landraces by their plasticity to new environmental conditions, and found heterogeneous landrace susceptibility to warmer conditions. Two *P. vulgaris* landraces were highlighted as critical targets for conservation. *P. lunatus* was a resilient material with potential to strengthen food security.

Keywords: Cambio climático, *Phaseolus lunatus*, *Phaseolus vulgaris*, *Vigna unguiculata*.

Recursos genómicos para el estudio de la evolución, domesticación y mejoramiento genético de frijol Lima

Daniela Alexandra Lozano Arce¹, Tatiana García², María Isabel Chacón Sanchez², Jorge Duitama^{1*}

¹Departamento de Ingeniería de Sistemas y Computación, Universidad de los Andes, Bogotá, Colombia. ²Departamento de Agronomía, Facultad de Ciencias Agrarias, Universidad Nacional de Colombia, Bogotá, Colombia. * ja.duitama@uniandes.edu.co

Resumen

El frijol Lima (*Phaseolus lunatus* L.) es una de las cinco especies domesticadas del género *Phaseolus*. Su distribución se encuentra desde México hasta Argentina presentando una amplia gama de adaptaciones ecológicas. Por esto, es considerado como un cultivo prometedor para mejorar la seguridad alimentaria en escenarios previstos de cambio climático. Nuestro grupo de investigación participó recientemente en el ensamblaje del genoma de *P. lunatus* y en el estudio de variabilidad genética dentro de esta especie. Dado que los elementos transponibles (TE) son el componente más abundante de los genomas de las plantas y pueden afectar drásticamente la evolución del genoma y la variación genética, en este trabajo presentamos la caracterización más completa desarrollada hasta el momento de elementos transponibles en el genoma de frijol Lima. Combinando diferentes métodos basados en homología y estructura, se identificaron, clasificaron y anotaron 186.109 elementos transponibles en el genoma del frijol Lima. Esta base de datos generada cubre 210Mbp del genoma, siendo LTR/Gypsy, DNA/CACTA y LTR/Copia las familias con más presencia. Para investigar la dinámica poblacional de estos elementos se secuenció el genoma completo (WGS) de 60 accesiones de *P. lunatus*, incluyendo muestras de dos poblaciones domesticadas y dos silvestres. Se obtuvo un promedio de profundidad superior a 10x para cada una de las accesiones secuenciadas. Se identificaron y genotiparon un total de 5.988.625 SNVs y 598.305 indels. Estos eventos constituyen la primera base de datos de variabilidad genómica para frijol Lima. Con respecto a variabilidad de TEs, se identificaron eventos de ausencia-presencia (PAVs) en más de 10000 TEs. Algunos de estos TEs variables se encuentran cerca a genes relacionados con rasgos como el peso de semilla y la dehiscencia de la vaina. Esperamos que los recursos genómicos generados en este trabajo contribuyan al desarrollo de estrategias de mejoramiento genético de frijol Lima.

Palabras clave: Genómica, Elementos transponibles, Frijol Lima, Bioinformática.

Genomic resources for evolution, domestication and genetic improvement in Lima bean

Abstract

Lima bean (*Phaseolus lunatus* L.) is one of the five domesticated species in the *Phaseolus* genus. It is distributed from México to Argentina, showing a wide range of ecological adaptations. Consequently, it is considered as a promising crop for food security in predicted climate change scenarios. Our research group recently participated in the *P. lunatus* genome assembly and the largest study of genetic variability in this species. Taking into account that transposable elements (TEs) make close to half of the nucleotide content in plant genomes and that variability within TEs can shape both the genetic evolution and the phenotypic variability, in this work we present the most complete characterization to date of TEs in the Lima bean genome. Combining different methods based in homology and structure, we identified and classified 186.109 transposable elements covering 210Mbp of the Lima bean genome. The families LTR/Gypsy, DNA/CACTA y LTR/Copia are the most abundant across TE families. To investigate the population dynamics of these elements, we performed whole genome resequencing (WGS) of 60 *P. lunatus* accessions, including wild and domesticated samples from the MI and AI gene pools. We obtained an average read depth of 10x per sequenced accession. We built the first genetic variability database for this species, including a total of 5.988.625 SNVs y 598.305 indels. Regarding TEs variability, we identified presence-absence variation (PAVs) in more than 10.000 TEs. Some of these cases are close to genes related to traits such as seed weight and pod dehiscence. We expect that the genomic resources generated in this work contribute to the development of molecular breeding strategies in Lima bean.

Keywords: Genomics, Transposable elements, Lima bean, Bioinformatics.

HOMENAJE AL DR. DANIEL G. DEBOUCK

Daniel G. Debouck nació en Bruselas, Bélgica, en 1952. Es Ingeniero Agrónomo, especialista en Agronomía Tropical y Doctor en Ciencias Agronómicas de la Universidad de Gembloux (Bélgica). Ha trabajado para el Ministerio de Agricultura de Bélgica en fisiología de cultivos. Ha trabajado para la Organización para la Agricultura y la Alimentación de Naciones Unidas (FAO), para el Centro Internacional de Agricultura Tropical junto con muchos programas de América Latina en recursos genéticos de frijoles. Ha trabajado para el Consejo Internacional de Recursos Fitogenéticos en diversidad genética de cultivos neotropicales. Ha sido consejero del Grupo Consultivo para la Investigación Agrícola Internacional para la Conferencia de las Naciones Unidas sobre Desarrollo y Medio Ambiente de junio de 1992 en Rio de Janeiro, y sobre el Tratado Internacional de Recursos Filogenéticos para Alimentación y Agricultura (1994-2001).

El Dr. Debouck ha sido Profesor invitado en muchos cursos internacionales sobre recursos fitogenéticos llevados a cabo en las Américas. Ha sido revisor para 7 revistas científicas internacionales. Recibió en 2010 la medalla Frank N. Meyer, en 2017 la condecoración de Oficial de la Orden de Leopoldo de Bélgica, y en 2018 el reconocimiento del legado de parte del Global Crop Diversity Trust, por su trabajo en recursos fitogenéticos. Ha sido autor y coautor de aproximadamente 24 capítulos en libros y 97 publicaciones científicas (incluyendo una monografía). Ha presentado 160 comunicaciones científicas en conferencias en Europa, Asia y en las Américas. Actualmente es investigador en el Programa de Recursos Genéticos del Centro Internacional de Agricultura Tropical, CIAT en Cali, Colombia donde continúa trabajando en aspectos de diversidad genética y evolución de cultivos del Neotrópico.

El Dr. Debouck es el experto mundial más reconocido en diversidad de frijol, ha colectado más de 4.000 accesiones de frijol, ha descubierto 16 especies nuevas, ha colectado a lo largo de todo el rango de distribución del género *Phaseolus* en las Américas, desde el norte de México hasta el norte de Argentina. En el año de 1996, tomó el cargo de Jefe de la Unidad de Recursos Genéticos del CIAT donde estuvo por 20 años y fue responsable por la conservación de 68.000 accesiones de 141 diferentes países, 38.000 de las cuales son de frijol. Ha hecho posible que más del 94% de estas accesiones de frijol tengan una copia de respaldo en la bóveda de fin del mundo en Svalbard, Noruega, que es como el arca de Noé pero solo para las semillas. Para mí es un verdadero honor haber trabajado con el Dr. Daniel Debouck en investigaciones en frijol Lima.

En este evento, le rendimos al Dr. Debouck un muy merecido homenaje y un agradecimiento por sus más de 40 años de labor científica y por todos sus valiosos aportes en el área de los recursos genéticos vegetales. Sin los recursos genéticos que el Dr. Debouck ha contribuido a coleccionar, estudiar y conservar, el área de la faseología no hubiese sido posible.

INFORMACIÓN DE LOS PONENTES

Dra. Nora Castañeda

Nacionalidad Colombiana. Es Ing. Agrónoma egresada de la Universidad Nacional de Colombia y tiene un doctorado en conservación biológica de la Universidad de Birmingham (Reino Unido). Antes de unirse a Crop Trust, Nora trabajó en varios proyectos de investigación, incluido el modelado de distribuciones potenciales de más de 1000 especies de parientes silvestres de cultivos en todo el mundo y el diseño de sistemas de producción agrícola más sostenibles en paisajes amazónicos degradados. Actualmente dirige "Seeds for Resilience", un proyecto de Crop Trust que ayuda a los bancos de genes nacionales en África a mejorar sus instalaciones y procesos para la conservación a largo plazo de importantes recursos fitogenéticos.

Dra. Elena Bitocchi

Associate Professor in Plant Genetics at Università Politecnica delle Marche, Department of Agricultural, Food and Environmental Sciences in Italy, where she graduated with a thesis focused on genetic characterization of Italian tomato landraces, and she received her PhD with a thesis on evolutionary changes at genome level in maize landraces from central Italy after the introduction and cultivation of modern maize hybrid varieties. Her research activity is mainly focused on population genomics studies aimed to investigate the level and structure of genetic diversity of plant genetic resources and their evolutionary history, with a special focus on legumes; she was and is also involved in numerous national and international projects (e.g. NEXT-BEAN, BEAN-ADAPT, BRESOV H2020, INCREASE H2020) focused on i) identifying the genetic control of important traits such as adaptation, biotic and abiotic stress resistance/ tolerance, agronomic and nutritional quality traits, ii) characterizing and maintaining plant biodiversity, and iii) using such diversity in plant breeding.

Dr. Jonás A. Aguirre

Nacionalidad Mexicana. Estudió su licenciatura Biología en la facultad de Ciencias de la Universidad Nacional Autónoma de México (UNAM). Realizó su doctorado y primer postdoctorado en el laboratorio de Evolución Molecular y Experimental del Instituto de Ecología de la UNAM, bajo la dirección del Dr. Luis Eguiarte. Posteriormente, realizó un postdoctorado en la Universidad de California, campus Irvine, en el laboratorio del Dr. Brandon Gaut. Actualmente, está realizando un postdoctorado en el laboratorio del Dr. Santiago Ramírez-Barahona, en el Instituto de Biología de la UNAM. Ha estudiado la genómica evolutiva de plantas domesticadas y sus parientes silvestres, incluidos el teosinte (pariente silvestre del maíz), la calabaza y las uvas. Actualmente está desarrollando una aproximación que utiliza múltiples fuentes de información genómica, ecológica y datos climáticos, para entender cómo las especies responderán al cambio climático, así como identificar poblaciones que deberían priorizarse para su conservación y manejo.

Dr. Daniel G. Debouck

Nacionalidad Belga. En pocos casos en el reino vegetal tenemos un género que ha contribuido con cinco especies cultivadas y siete cultivos. Mientras sus colegas en el Centro Internacional de Agricultura Tropical en Palmira, Colombia, trabajaban para la mejora del frijól común a partir de variedades tradicionales, Debouck trató de aumentar el conocimiento sobre el género *Phaseolus* a partir de las especies silvestres. Su segundo año profesional de este lado del Atlántico, 1978, en México, fue revelador: todavía no conocemos los recursos genéticos del frijól, mientras los perdemos de manera rápida. Como responsable del banco de germoplasma del CIAT durante veinte años, trató

de enfrentar este doble desafío para contribuir a la alimentación de las sociedades humanas. Junto con colegas de América Latina, en 41 exploraciones, contribuyó con más de 3,000 colectas y 15 especies nuevas. Hoy nos muestra una interpretación de los recursos fitogenéticos del fríjol Lima, y de lo que aún podemos hacer juntos.

Magister Luis G. Santos

Es Ingeniero Agrónomo de la Universidad Nacional de Colombia y tiene una Maestría en Ingeniería industrial con énfasis en calidad y operaciones de la Universidad Icesi en Cali, Colombia. Más de 10 años de experiencia en sistemas de conservación ex situ con principal enfoque en procesos relacionados a la calidad de la conservación de semillas, desde el presecado de frutos, pasando por la trilla, verificación de la pureza, viabilidad de semillas y rompimiento de latencias, hasta el empaque, la conservación a largo plazo y los procesos de distribución, tanto a nivel nacional como internacional. Tiene conocimiento en el desarrollo de procesos y estrategias de conservación, aspectos legales de acceso y recursos genéticos. Su trayectoria profesional la inició hace 22 años en el Centro Internacional de Agricultura tropical (CIAT) con su tesis de pregrado en estudios de crioconservación de callo embriogénico friable en yuca; posteriormente trabajó en micropropagación de plántulas, cultivos de tejidos y endurecimiento de vitroplantas en invernadero dentro del área de Genética de Yuca del CIAT; y en la actualidad es el coordinador de Conservación y viabilidad de Semillas del banco de germoplasma de la Alianza Bioversity – CIAT en la sede de las Américas en Palmira, Colombia.

Magister Angel Murillo

Nacionalidad Ecuatoriana. Es Ingeniero Agrónomo egresado de la Escuela Superior Politécnica de Chimborazo (ESPOCH), Ecuador. Tiene una maestría en Ciencias por la Universidad de Puerto Rico. Desde hace 26 años, el M. Sc. Murillo es fitomejorador del Programa de Leguminosas y Granos Andinos del INIAP, durante 26 años. Ha generado 8 variedades de fréjol y participado en la generación de 10 variedades de fréjol, 6 de arveja, 2 de chocho y 1 de haba. Coautor de 20 publicaciones técnicas y divulgativas, autor y coautor de 8 publicaciones científicas en granos andinos y leguminosas. Y conferencista en congresos nacionales e internacionales sobre mejoramiento genético de leguminosas y Granos Andinos. Actualmente es Responsable del Programa de Leguminosas y Granos Andinos con sede en la Estación Experimental Santa Catalina del INIAP.

Dra. Luz Espinoza

Nacionalidad Peruana. Es Ing. Agrónomo de la Universidad Nacional “San Luis Gozaga” Ica – Perú. Magister Scientiae en Mejoramiento Genético de Plantas: Universidad Nacional Agraria la Molina. Lima – Perú y con Doctorado en Agricultura Sustentable: Universidad Nacional Agraria La Molina. Lima – Perú. Desde hace 40 años, la Dra. Espinoza es docente Principal de la Facultad de Agronomía – Universidad Nacional “San Luis Gonzaga”. Tiene dos líneas principales de investigación:

1) Mejoramiento genético de *P. lunatus* L. tipo “big lima”. Algunos de los logros en esta línea son: la generación de líneas avanzadas de patrón de crecimiento determinado y ciclo precoz; la caracterización morfológica y molecular de genotipos de crecimiento indeterminado de grano blanco; la recuperación y caracterización morfológica de genotipos ancestrales de crecimiento indeterminado con granos de diversos colores; la obtención de líneas sobresalientes de *P. lunatus* L. tipo “big lima” con posibilidades para la agroindustria; la identificación y selección de genotipos de *P. lunatus* L. con mayor habilidad o capacidad simbiótica con sus rizobios nativos. Línea de investigación 2: Agricultura sostenible. Algunos de sus logros en esta línea son: la aplicación de innovaciones biotecnológicas en pallar, garbanzo, algodón y maíz morado inoculando o coinoculando con cepas seleccionadas de rizobacterias. La Dra. Espinoza ha sido ponente en diversos eventos nacionales e internacionales, organizado Talleres participativos en campo de agricultores mostrando las bondades

y ventajas de la inoculación de sus semillas. Y es autora de un capítulo y cuatro subcapítulos del libro “Las leguminosas y su microbioma en la agricultura sostenible”.

Dr. Carlos Nieto

Nacionalidad Ecuatoriana. Es Ing. Agrónomo graduado en la Universidad Central del Ecuador. Posee una maestría en Agricultura tropical Universidad obtenida en Costa Rica y un doctorado en Agroecología y gestión de recursos naturales en la Universidad de Nebraska, USA. Investigador agropecuario por más de 20 años en el INIAP. Docente en varias Universidades, y carreras de pre y posgrado. Consultor en instituciones públicas y privadas sobre temas de desarrollo, conservación y emprendimientos. Mas de 40 publicaciones entre textos, libros y artículos científicos. Acaba de concluir su ciclo como Decano de la Facultad de Ciencias Agrícolas de la Universidad Central del Ecuador y actualmente es docente investigador de dicha Facultad y Agricultor - promotor de la producción agroecológica.

Dr. Rubén H. Andueza

Nacionalidad Mexicana. Es ingeniero agrónomo egresado del Instituto Tecnológico de Conkal, Yucatán, México; realizó sus estudios de maestría en el Instituto Tecnológico de Roque, Celaya, México y es doctor en ciencias biológicas por el Centro de Investigación científica de Yucatán. El Dr. Andueza, es Investigador Nacional Nivel I del CONACYT. Actualmente se Catedrático-Conacyt, desempeñándose como profesor investigador en el Instituto Tecnológico de Cokal, Yucatán, México. Su línea de investigación es manejo y conservación de recursos fitogenéticos, ha dirigido diversas tesis de Maestría y de Doctorado, así como publicado diversos artículos en revistas mexicanas e internacionales.

Magister Miguel E. Peralta

De nacionalidad ecuatoriana, es Ingeniero Agrónomo graduado por la Facultad de Ciencias Agrícolas de la Universidad Central del Ecuador, en 1981. Maestro en Ciencias en Fitomejoramiento y Fisiotecnia por la Escuela de Graduados del Instituto Tecnológico y de Estudios Superiores de Monterrey (ITESM), México, en 1990. Con 33 años de experiencia en investigación y desarrollo en el Instituto Nacional de Investigaciones Agropecuarias (INIAP), de 1982 a 2016. De 1982-1990 fue técnico del Programa de Cultivos Andinos del INIAP en la estación experimental Santa Catalina en Quito. Durante 26 años dirigió el Programa Nacional de Leguminosas y Granos Andinos, contribuyendo a la formación de bancos de germoplasma de cultivos andinos y leguminosas, mejora genética, generación de nuevas variedades, manejo agronómico, producción de semilla, procesos de transformación y uso, promoción de estos cultivos y alimentos. Coautor u obtentor de 38 variedades mejoradas de fréjol, haba, arveja, quinua, chocho y amaranto. Autor y coautor de más de 200 publicaciones técnicas, científicas y divulgativas registradas en el repositorio del INIAP. Exdocente de la Facultad de Ciencias Agrícolas de la Universidad Central del Ecuador, de la Carrera de Ciencias Agropecuarias de la Escuela Politécnica del Ejército-ESPE y de la Universidad San Francisco de Quito, entre 1995 y 2007. Se jubiló en el año 2016 y ahora se dedica a actividades como conferencista, escritor y consultor independiente. Entre los años 2019 y 2022 publicó 6 libros como autor y coautor.

Dra. María I. Chacón

Nacionalidad Colombiana. Es bióloga-genetista egresada de la Universidad del Valle, Colombia; con un doctorado en Botánica Agrícola obtenido en la Universidad de Reading, Inglaterra. Actualmente es profesora asociada en la Facultad de Ciencias Agrarias de la Universidad Nacional

de Colombia, sede Bogotá. Sus áreas de interés en investigación relacionadas con la genética vegetal, mejoramiento genético vegetal, evolución de plantas de interés agronómico, genética de poblaciones, filogeografía, genómica y aprovechamiento de recursos naturales para aplicaciones en agronomía. A lo largo de los últimos años, la Dra. Chacón ha realizado investigaciones sobre la evolución de especies domesticadas tomando como modelo la especie frijol Lima (*Phaseolus lunatus* L.), aplicando marcadores moleculares (secuencias del núcleo y cloroplasto) y secuenciación de última generación con el fin de evaluar los efectos del proceso de domesticación sobre la diversidad del genoma en esta especie.

Magister Leydi T. García

Nacionalidad Colombiana. Es Licenciada en Biología de la Universidad Pedagógica Nacional, con maestría en Bioinformática de la Universidad Nacional de Colombia. Actualmente, es estudiante de doctorado en genética y fitomejoramiento de la Universidad Nacional de Colombia. Ha trabajado en equipos multidisciplinarios realizando investigaciones en genómica vegetal y bioinformática para diferentes cultivos, incluyendo leguminosas, gramíneas y brasicáceas. Durante su trabajo ha producido recursos genómicos que incluyen: un genoma de referencia para frijol Lima, caracterización y análisis de bases de datos de variación genómica y análisis de expresión diferencial. En los últimos dos años, ha trabajado en la caracterización de factores de transcripción involucrados en la síntesis, degradación y almacenamiento de ácidos grasos y flujo de carbono en plantas con semillas oleaginosas como Camelina y Pennycress. Su interés investigativo incluye el área de la genómica, la bioinformática, evolución del genoma vegetal y aspectos relacionados a domesticación.

Dra. Angela Celis de Almeida

Nacionalidad Brasileña. Obtuvo sus grados en agronomía, maestría y doctorado en Genética y fitomejoramiento en la Escuela Superior de Agricultura Luiz de Queiroz de la Universidad de Sao Paulo, un posdoctorado en Genética y Mejoramiento de Plantas en la Universidad de California, campus Davis. Actualmente es Profesora Titular de la Universidad Federal de Piauí, Teresina, Brasil. Realiza investigación en conservación, caracterización de germoplasma y mejoramiento de frijol Lima. Desarrolla investigaciones en el área de conservación con otras especies de importancia para la región Nordeste de Brasil. Profesora y asesora del Programa de Posgrado en Agronomía de la Universidad Federar de Piauí en el área de Genética y Mejoramiento. También trabaja con proyectos de extensión, desarrollando charlas y cursos en el área de Genética, recursos genéticos y mejoramiento.

Dr. Jaime Martínez

Nacionalidad Mexicana, es Biólogo egresado de la Universidad Nacional Autónoma de México (UNAM), con un doctorado obtenido en el Centro de Investigación Científica de Yucatán (CICY). De 2007 a la actualidad, es Profesor-Investigador Titular C en la línea de investigación denominada “Agrobiodiversidad para la Sustentabilidad Ecológica y Cultural” de la Unidad de Recursos Naturales del CICY. Durante este mismo periodo, ha sido Investigador Nivel I del Sistema Nacional de Investigadores del CONACYT-México. Tiene más de 20 años de experiencia estudiando la diversidad genética y domesticación del frijol Lima en Mesoamérica, tiempo durante el cual ha sido responsable técnico de diversos proyectos apoyados por fuentes financiadoras de México y otros países (como CONACYT-México, National Geographic Society e UC-Mexus), ha publicado más de 25 artículos científicos indexados en revistas internacionales y ha dirigido más de 15 tesis de pregrado y posgrado, todo esto en relación al frijol Lima.

Dr. Ademir Araujo

Nacionalidad Brasileña. Es ingeniero agrónomo con doctorado en Microbiología de Suelos de la Universidad de São Paulo y posdoctorado en Ecología Microbiana de la Universidad de California, Davis, EE.UU. Actualmente es profesor asociado de la Universidad Federal de Piauí (Teresina-Brasil), trabajando a nivel de pregrado y posgrado. Tiene experiencia en Microbiología de Suelos, Ecología Microbiana de Suelos, fijación de N y biomasa microbiana. Tiene más de 180 artículos publicados en revistas indexadas con JCR. Ha publicado varios libros y capítulos, entre ellos el libro “*Phaseolus lunatus*: diversidad, crecimiento y producción” publicado en EE.UU. En el tema de su ponencia, viene desarrollando investigaciones con microbioma rizosférico en la domesticación y mejoramiento de frijol Lima, con alianzas nacionales e internacionales.

Dr. Ernesto Ormeño

Nacionalidad Peruana. Biólogo graduado de la Universidad Nacional Agraria La Molina y Doctor en Ciencias por la Universidad Nacional Autónoma de México (UNAM). Ha laborado en el Centro de Ciencias Genómicas de la UNAM en México y realizado estancias posdoctorales en Bélgica (Universidad de Leuven), España (Universidad Politécnica de Madrid) y Brasil (Embrapa Soja). Actualmente es Docente Principal del Departamento de Biología de la Universidad Nacional Agraria en Lima – Perú, y es parte del grupo de investigación del Laboratorio de Ecología Microbiana y Biotecnología. Sus áreas de investigación son la biotecnología y la biodiversidad, y sus líneas de investigación principales son las interacciones planta-microorganismo; y la evolución, filogenia y taxonomía de bacterias. Sus publicaciones incluyen 63 artículos en revistas indizadas y 6 capítulos de libro. Ha estudiado la diversidad molecular de los rizobios asociados al frijol Lima en Perú y en México, y descrito dos especies de estas bacterias aisladas de ese cultivo.

Dr. Horacio Ballina

Nacionalidad Mexicana. Doctorado obtenido en el Centro de Investigación Científica de Yucatán. Es profesor investigador en el Tecnológico Nacional de México, Campus Conkal, desde 2008. Ha realizado estancias de investigación en la Universidad de California en Riverside y el curso Ecología Tropical y Conservación por la OET. Es investigador nacional nivel I (SNI-Conacyt). Ha impartido más de 30 cursos a nivel licenciatura, posgrado e interinstitucionales a investigadores. Ha dirigido y participado en más de 10 proyectos de investigación, dirigido más de 20 tesis de licenciatura, maestría y doctorado. Ha publicado más de 30 artículos de investigación en revistas internacionales. Su línea de investigación es la “ecología de la interacción”. Sus proyectos actuales involucran las interacciones multitróficas, comunicación entre plantas y su impacto en los ecosistemas y agroecosistemas. Él disfruta enseñar y dirigir las investigaciones de los estudiantes como una manera de mantenerse en contacto con el desarrollo actual de la ciencia.

Dra. Kimberly Gibson

Nacionalidad Estado-Unidense. Obtuvo su licenciatura en la Universidad de Stanford. Es Candidata a doctorado en Horticultura y Agronomía en la Universidad de California, campus Davis, bajo la asesoría del Dr. Paul Gepts. Su investigación se centra en los mecanismos y la herencia de las defensas bioquímicas que utiliza el frijol Lima contra su principal insecto plaga en California, *Lygus hesperus* (Hemiptera: Miridae). Durante su tiempo en el laboratorio del Dr. Gepts, Kimberly ha contribuido activamente al Programa de mejoramiento de frijoles secos, cultivares de frijol Lima con resistencia a plagas y otras adaptaciones a los sistemas de agricultura convencional y orgánica en el Valle Central de California. En 2021, Kimberly fue becaria Borlaug de la Asociación Nacional de Fitomejoradores.

Su trabajo e investigación también han incluido proyectos en ICRISAT en Hyderabad, India y el Centro de Educación Ambiental de la Península Yucateca en Mérida, México.

Dra. Regina L. Ferreira

Nacionalidad Brasileña. Graduada en Ingeniería Agronómica en la Universidad Estatal del Marañao, con una maestría en Genética y Mejoramiento por la Universidad Federal de Viçosa, un doctorado en Genética y Mejoramiento de Plantas por la Escuela Superior de Agricultura Luiz de Queiroz de la Universidad de Sao Paulo, un posdoctorado en Genética y Mejoramiento de Plantas en la Universidad de California, campus Davis. Actualmente es profesora Titular de la Universidad Federal de PiauÍ y becaria de productividad del Consejo Nacional de Desarrollo Científico y Tecnológico de Brasil (CNPq), nivel 1C. También, es profesora titular del Programa de Posgrado en Agronomía (maestría y doctorado), en el área de concentración en Genética y Mejoramiento. Desarrolla investigaciones sobre recursos fitogenéticos y fitomejoramiento, principalmente frijol Lima (*Phaseolus lunatus* L.) y diferentes especies del género Capsicum, además de especies nativas de la región Nordeste de Brasil.

Ing. Eudaldo F. Jadán

Nacionalidad Ecuatoriano. Profesor de la Universidad de Machala, Machala, Ecuador. Es un experto en control integrado de plagas en diversos cultivos, con estudios sustentados por la FAO y posteriormente la biotecnología vegetal. Se graduó en la Universidad de Chile en el campo de la fisiología y la postcosecha. Desde desde 1990, ha trabajado en la colección, protección y manejo de materiales germoplasmicos de frejol en especial de vinas y Lanatus. Es profesor titular de bioquímica vegetal en la Universidad Técnica de Machala y se desempeña en la investigación sobre protección de la biodiversidad y desarrollo de componentes orgánicos para la protección de cultivos. Forma parte del equipo de investigación multidisciplinar con los científicos Pablo Acosta de la Universidad Técnica Particular de Loja- Ecuador y Mario X. Ruiz-Gonzalez del COMAV - Universidad Politécnica de Valencia respectivamente. Las relaciones de investigación de este equipo de investigadores fue producto del programa Prometeo de Ecuador en el año 2012.

Dr. Jorge Duitama

Nacionalidad Colombiana. Es ingeniero de sistemas de la Universidad de los Andes (Colombia), con doctorado en Ciencias de Computación de la Universidad de Connecticut (Estados Unidos de América). Cuenta con más de 10 años de experiencia en construcción de herramientas y análisis de datos en bioinformática en una gran variedad de especies y aplicaciones. Esta experiencia la ha adquirido trabajando como asistente de investigación en el Instituto Max Planck de Genética Molecular, como asistente postdoctoral en la Universidad Católica de Lovaina y como investigador en bioinformática en el Centro Internacional de Agricultura Tropical (CIAT). Actualmente, tiene una posición como profesor asociado en el departamento de Ingeniería de Sistemas y Computación de la Universidad de los Andes. Ha liderado el desarrollo de diferentes herramientas bioinformáticas para análisis de información genómica; también, ha liderado proyectos de análisis de datos de secuenciación de alto rendimiento en una gran variedad de cultivos, incluyendo la construcción del

genoma de referencia del frijol Lima y el desarrollo de bases de datos de variabilidad genómica en frijol común y frijol Lima.