

Variabilidad genética y heredabilidad en colectas de habas del centro mexiquense

María Teresa Oliveros-González¹
Delfina de Jesús Pérez-López^{2*}
Andrés González-Huerta²
José Francisco Ramírez-Dávila²
Laura Stephanie Flores-Carrera²

1 Programa de Doctorado en Ciencias Agropecuarias y Recursos Naturales-Facultad de Ciencias Agrícolas-Universidad Autónoma del Estado de México. Campus Universitario 'El Cerrillo', Toluca de Lerdo, Estado de México, México. Tel. 722 2965552, ext. 117. (pcarn@uaemex.mx; moliverosg001@alumno.uaemex.mx).

2 Centro de Investigación y Estudios Avanzados en Fitomejoramiento-Facultad de Ciencias Agrícolas-Universidad Autónoma del Estado de México. Campus Universitario 'El Cerrillo', Toluca de Lerdo, Estado de México. México.AP. 435. Tel. 722 2965518, ext. 148. (agonzalezh@uaemex.mx; framirezd@uaemex.mx; lphaniefc@hotmail.com).

Autora para correspondencia: djperezl@uaemex.mx

Resumen

Este trabajo se realizó con el objetivo de estimar componentes de varianza y heredabilidades (H^2) en sentido amplio en caracteres cuantitativos y cualitativos en 25 cultivares de haba usando un diseño experimental de bloques completos al azar con cuatro repeticiones en serie de ensayos. Las diferencias entre los dos ambientes (A), los 25 genotipos (G) y su interacción fueron significativas para la mayoría de los caracteres evaluados. Las mayores H^2 variaron de 51.73 a 96.68%. El análisis de componentes principales explicó 63.62% de la variación total original, el rendimiento se correlacionó positiva y significativamente con EFI, NVP, DV, LV, PP y REND. La predicción con la GAM indicó que con NVP, DV, PP y REND se tendría mayor avance genético por selección. Dentro de cada uno de los caracteres cualitativos hubo poca variabilidad fenotípica.

Palabras clave:

Vicia faba L., análisis de componentes principales, producción en verde.



Introducción

El haba (*Vicia faba* L.) es cultivada en 64 países y su grano se consume en fresco y en seco. Por su alto valor proteico (23 a 43%) es de gran importancia para la población de escasos recursos (Pérez *et al.*, 2009; FAOSTAT, 2022). Ésta es una especie diploide ($2n=12$) parcialmente alógama con entrecruzamiento de 4 a 60% (Susó y Maalouf, 2010) lo que ha generado amplia variabilidad genética pero también ha dificultado el mantenimiento de diversas colectas (Duc *et al.*, 2010; Tadele *et al.*, 2022).

El estudio de la variabilidad genética con base en caracteres agromorfológicos conduce a identificar variedades con mayor rendimiento y resistencia al estrés biótico y abiótico (Arab *et al.*, 2018; Tadele *et al.*, 2021). El rendimiento está influenciado por factores genéticos, ambientales y por interacciones entre estos (Annicchiarico y Iannicci, 2008) y presenta heredabilidad baja (Chaudhary *et al.*, 2020).

Así, se busca identificar componentes del rendimiento con mayor heredabilidad, como vainas por planta (79.84%), semillas por planta (77.88%), peso de semilla por planta (87.61%) (Abo-Hegazy, 2022; Amjad y Alghamdi, 2023) y longitud de vaina (84.32%) (Kosev y Georgieva, 2023), para mejorar su respuesta a la selección.

En México existen pocos trabajos sobre este tema. Pérez *et al.* (2015) y Bagink *et al.* (2013) consideraron relevantes el tamaño, sanidad y color de semilla, características que los agricultores de los Valles Altos de México usan para su mejoramiento genético (Rojas *et al.*, 2012). El Estado de México es el principal productor en haba verde y en el municipio de Calimaya de Díaz González se producen 120 t ha⁻¹ (SIAP, 2022). El objetivo del presente trabajo fue estimar variabilidad genética y heredabilidad en sentido amplio en caracteres cuantitativos y cualitativos de habas colectas en el centro del Estado de México, México.

Materiales y métodos

Características del sitio experimental

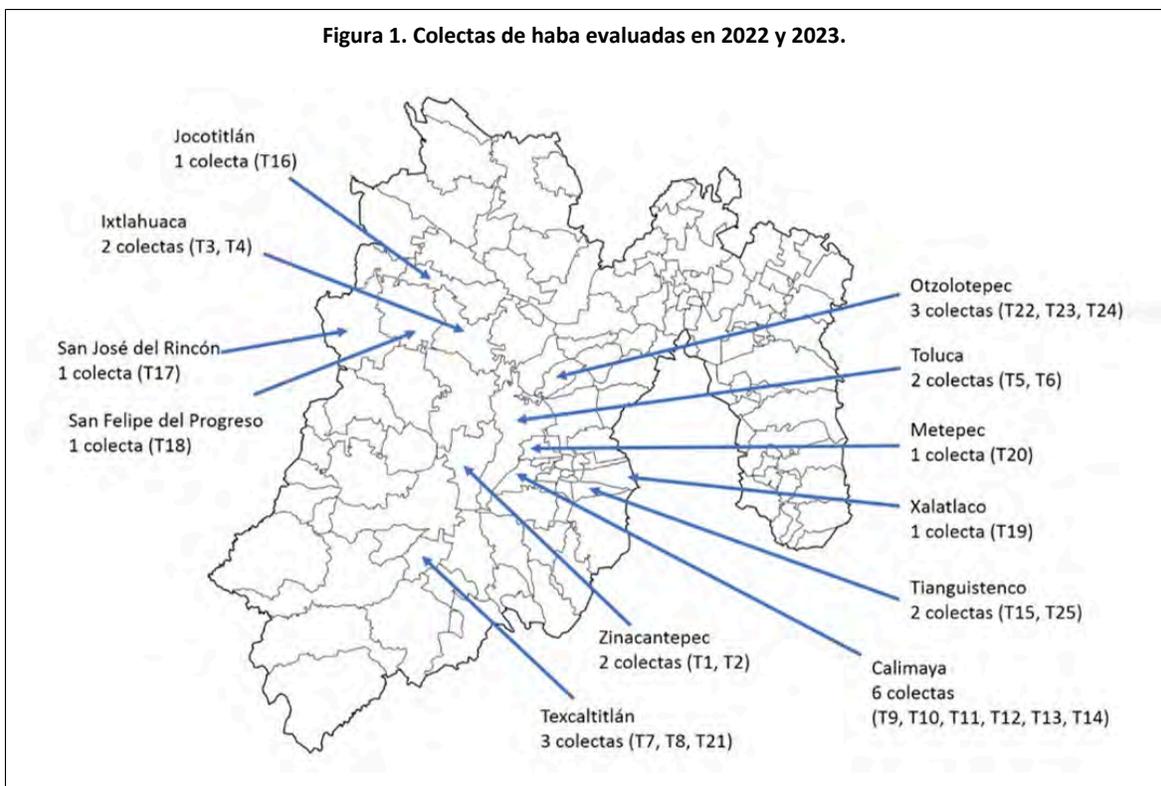
Este estudio se realizó en 2022 y 2023 durante los ciclos agrícolas primavera verano y otoño invierno en San Nicolás Guadalupe (SNG; L1) y en San Francisco Oxtotilpan (SFO; L2), pertenecientes a los municipios de San Felipe del Progreso y Temascaltepec, respectivamente. SNG se ubica a 19° 36' 30" de latitud norte y 100° 01' 44" de longitud oeste, a una altitud de 2 740 m, su temperatura media anual es de 15 °C y su precipitación media anual es de 891.8 mm, el tipo de suelo predominante es andosol y en este sitio no existe infraestructura para riego. SFO se localiza a 19° 17' 36.5" de latitud norte y 99° 89' 95.6" de longitud oeste, a una altitud de 2 648 m, su temperatura media anual es de 12 °C y su precipitación media anual es de 1 200 mm, el tipo de suelo que predomina es andosol y en este sitio se aplicó riego de auxilio (CONAGUA, 2014).

Material genético

Se consideraron 25 colectas provenientes de los municipios mexiquenses: Zinacantepec, Ixtlahuaca, Toluca, Texcaltitlán, Calimaya, Santiago Tianguistenco, Jocotitlán, San José del Rincón, San Felipe del Progreso, Xalatlaco y Otzolotepec (Figura 1).



Figura 1. Colectas de haba evaluadas en 2022 y 2023.



Diseño experimental y tamaño de la parcela

Se utilizó un diseño experimental de bloques completos al azar con cuatro repeticiones por localidad en serie de experimentos. La parcela constó de tres surcos de 4 x 0.8 m pero el surco central fue la parcela útil. La distancia entre plantas fue 30 cm, colocando 2 semillas por mata, realizando un aclareo en plántula.

Manejo agronómico de los experimentos

En SNG (L1) la preparación del terreno se realizó mecánicamente, pero en SFO (L2) esta actividad se hizo con tracción animal. La siembra se efectuó el 22 de abril (L1) y el 16 de diciembre de 2022 (L2). En SFO se aplicaron dos riegos (6 de marzo y 20 de abril de 2023); se aplicaron 60N-60P-30K más estiércol de vacuno (240 kg en L1; 400 kg de este más 500 kg de fósforo en L2). En L1 las escardas se realizaron el 7 de junio y el 7 de julio del 2022, y en L2 éstas se efectuaron el 25 de abril y el 21 de marzo de 2023.

El control de maleza fue manual en SNG, pero en SFO se aplicó metribuzin 1 L ha⁻¹ el 29 de diciembre del 2022. El control fitosanitario preventivo a mancha chocolate (*Botrytis fabae*) en ambas localidades se hizo aplicando Mancozeb (1 kg ha⁻¹). La cosecha en SNG se realizó el 10 de septiembre de 2022 y en SFO fue el 20 de mayo de 2023.

Variables evaluadas

Se consideraron 10 plantas con competencia completa en cada parcela útil y se registraron 13 caracteres cuantitativos y 10 cualitativos aplicando la Guía Técnica de la Descripción Varietal para haba del Servicio Nacional de Inspección y Certificación de Semillas (SNICS, 2001), en altura de planta (AP, cm), altura a primera vaina (APV, cm), ramas totales (NRT), ramas con vaina (NRP), eficiencia (EFI, cociente NRP/NRT, foliolos por hoja (NFH), vainas por planta (NVP); semillas por vaina (NSV), longitud de vaina (LV, cm) diámetro de vaina (DV, cm), espesor de vaina (EV, cm), peso de vaina por planta (PP, g) y rendimiento (REND; el peso de vaina verde por parcela se extrapólo a t ha⁻¹).

Los caracteres cualitativos fueron: hábito de crecimiento (HC), porte de planta (PP), coloración de antocianinas en tallo (CAT), intensidad del color verde en follaje (IV), mancha de melanina en el estandarte (MME), pigmentación de antocianina en el estandarte (PAE), extensión de la pigmentación de antocianina en el estandarte (EPA), color de la mancha de melanina en las alas (CME), porte de la vaina (PV) y época de desarrollo completo de la vaina (EDV).

Análisis estadístico

Se realizó un análisis de varianza individual y combinado (Anava), asumiendo que las localidades (A), los cultivares (G) y su interacción son factores aleatorios. La heredabilidad por ambiente se estimó cómo: $H^2 = ((\sigma^2_G / (\sigma^2_G + \sigma^2_{GA} / a) + (\sigma^2_E / ra))$, pero a través de éstos se calculó cómo: $H^2 = 100 \{ \sigma^2_G / [\sigma^2_G + (\sigma^2_{GA} / a) + (\sigma^2_E / ra)]$. Donde: σ^2_G es la varianza genética entre cultivares; σ^2_F es la varianza fenotípica, σ^2_{GA} es la varianza de la interacción cultivares por ambientes; σ^2_E es la varianza del error combinado, a y r son el número de ambientes y de repeticiones (Holland *et al.*, 2003; Pérez *et al.*, 2007).

Se utilizó el paquete estadístico InfoStat versión 2017 (Di Rienzo *et al.*, 2008). El análisis de componentes principales (Sánchez, 1995), se realizó con el paquete estadístico Statistical Analysis System, (SAS, 1988) pero el biplot se elaboró con Microsoft Excel. Se calculó el avance genético en unidad absoluta (GA) y la ganancia genética como porcentaje de la gran media (GAM) aplicando una presión de selección del 5% a partir de: $GA = (i H^2_{(f/mediana)} / 100)$. Donde: i es la intensidad de la selección al 5% y f es la desviación estándar fenotípica (Johnson *et al.*, 1955).

Resultados y discusión

Análisis de varianza

Para ambientes (A) y cultivares (G) los valores de F fueron significativos ($p \leq 0.01$) en todas las variables, excepto en folíolos por hoja (NFH). En contra parte, en la interacción GxA no hubo diferencias significativas ($p < 0.05$) en ramas totales (NRT), folíolos por hoja (NFH), semillas por vaina (NSV), longitud de vaina (LV), diámetro de vaina (DV) y espesor de vaina (EV).

Los resultados mostrados en el Cuadro 1 indican que hubo heterogeneidad ambiental en ambas localidades, hay variabilidad genética entre cultivares y existe una clasificación diferente de las habas en ambos sitios, como lo reportaron Pérez *et al.* (2015); Tekalign *et al.* (2020); Ton *et al.* (2021); Abo-Hegazy (2022); Kosev y Georgieva (2023), quienes encontraron diferencias significativas en las tres fuentes de variación previamente indicadas para altura de planta (AP), ramas totales (NRT), vainas por planta (NVP), semillas por vaina (NSV), peso de vaina por planta (PP) y rendimiento ha^{-1} (REND). Baginsky *et al.* (2013), por su parte, reportaron diferencias significativas sólo para REND y peso de vainas por planta.

Carácter	Ambiente (A)	Rep (A)	G	G x A	Error	X	CV (%)
AP	0.12 [*]	0.13	0.06 ^{**}	0.03 [*]	0.02	1.39	10.36
APV	3757.84 ^{**}	140.66	172.39 ^{**}	61.92 ^{**}	20.27	35.86	12.55
NRP	345.58 ^{**}	4.01	3.69 ^{**}	1.2 ^{**}	0.58	5.56	13.66
NRT	173.72 ^{**}	5.55	3.82 ^{**}	0.77ns	0.7	6.38	13.15
EFI	0.88 ^{**}	0.01	0.03 ^{**}	0.03 ^{**}	0.01	0.87	8.85
NFH	0.27ns	0.22	0.11ns	0.09ns	0.07	6.41	4.16
NVP	21201.94 ^{**}	867.96	313.96 ^{**}	141.39 ^{**}	48.72	28.2	24.75
NSV	0.68 ^{**}	0.22	0.15 ^{**}	0.07ns	0.06	2.04	11.67

Carácter	Ambiente (A)	Rep (A)	G	G x A	Error	X	CV (%)
LV	3.73 [*]	5.73	7.39 ^{**}	0.77ns	0.63	10.25	7.76
DV	0.93 ^{**}	0.02	0.57 ^{**}	0.01ns	0.02	2.39	5.94
EV	0.39 ^{**}	0.02	0.19 ^{**}	0.01ns	0.01	1.74	6.32
PP	13297324.5 ^{**}	212521.17	79596.88 ^{**}	36935.96 ^{**}	9369.08	457.25	21.17
REN	11976.57 ^{**}	235.87	78.95 ^{**}	28.99 ^{**}	8.87	13.63	21.84

Rep= repetición; G= genotipo; A= ambiente; GxA= interacción genotipo ambiente; **= significativo al 0.01; *= significativo al 0.05; ns= no significativo.

Los componentes de varianza (CV) y heredabilidad (H^2)

Los CV se evalúan en términos de respuestas a la selección y el empleo del método de momentos, calculado con sus funciones lineales, permite estimar la variabilidad genética (H^2) que existe entre cultivares cuando se emplean los cuadrados medios del análisis de varianza (Holland *et al.*, 2003; Pérez *et al.*, 2007; Shimelis y Shringani, 2010).

En la mayoría de los caracteres cuantitativos H^2 varió de 53.84 a 92.59% en SNG y de 37.5 a 90.9 en SFO (Cuadro 2), estos resultados fueron similares a los de Kumar *et al.* (2020) que utilizó líneas endogámicas (40.01% para LV, 88.43% para NVP y 56.59% para DV).

Cuadro 2. Media aritmética (X), coeficiente de variación y heredabilidad (H^2) en 13 caracteres evaluados en 25 cultivares de haba.

Variable	X		CV (%)		H^2	
	SNG	SFO	SNG	SFO	SNG	SFO
AP	1.41 a	1.36 a	8.55	12	75	40
APV	40.2 a	31.53 b	10.34	15.29	87.58	75.55
NRP	4.25 b	6.87 a	17.94	11.02	74.44	78.24
NRT	5.45 b	7.31 a	14.95	11.8	64.51	72.52
EFI	0.8 b	0.93 a	11.57	6.07	80	68
NFH	6.44 a	6.37 a	3.73	4.56	0	38.46
NVP	17.91 b	38.5 a	28.18	22.04	72.41	80.17
NSV	2.1 a	1.99 b	11.61	11.73	53.84	37.5
LV	10.12 a	10.39 a	7.36	8.13	80.82	86.45
DV	2.32 b	2.46 a	5.54	6.28	92.59	0
EV	1.7 b	1.78 a	6.09	6.52	87.5	90.9
PP	199.4 b	715.1 a	27.44	17.55	78.29	84.67
REN	5.89 b	21.37 a	27.58	18.18	83.24	83.63

Los códigos para identificar la significancia estadística de los valores de F, así como los correspondientes a las variables registradas fueron descritas previamente.

En el análisis combinado se observó que la varianza de la IGA fue ligeramente mayor o igual que la varianza entre genotipos (G): estimaciones similares fueron observadas por Pérez *et al.* (2015); Tadele *et al.* (2021).

En el presente estudio se observó que en la mayoría de los caracteres H^2 varió de 41.39 a 96.69% (Cuadro 3). Estos resultados indican que existe amplia variabilidad genética entre cultivares de haba pero que ésta también puede ser enmascarada por la IGA. Una estrategia importante para contrarrestar los efectos negativos de la IGA sería estratificar la heterogeneidad que causan las localidades contratantes formando grupos con aquellas que sean similares.

Cuadro 3. Componentes de varianza (CV) y heredabilidad (H^2) en la serie de experimentos

Variables	Combinado						
	σ^2_g	σ^2_f	σ^2_{gxa}	σ^2_e	H^2	GA	GAM
AP	0.002	0.007	0.003	0.02	41.39	0.07	5.3
APV	13.808	21.549	10.414	20.265	64.08	6.13	17.09
NRP	0.31	0.460	0.156	0.576	67.32	0.94	16.93
NRT	0.381	0.477	0.015	0.704	79.93	1.14	17.84
EFI	0	0.003	0.005	0.01	0	0	0
NFH	0.003	0.013	0.005	0.07	18.18	0.04	0.68
NVP	21.57	39.244	23.16	48.72	54.96	7.09	25.15
NSV	0.009	0.018	0.003	0.056	51.73	0.14	7.05
LV	0.827	0.923	0.033	0.633	89.58	1.77	17.3
DV	0.068	0.071	0.009	0.018	96.68	0.53	22.24
EV	0.022	0.023	0	0.011	94.06	0.3	17.14
PP	5332.615	9949.61	6891.717	9369.08	53.59	110.12	24.08
REN	6.244	9.868	5.031	8.866	63.27	4.09	30.04

Los códigos que son reportados en este Cuadro fueron descritos previamente.

También sería de gran ayuda practicar selección familiar para ampliar la adaptabilidad en los mejores cultivares, especialmente considerando componentes primarios del rendimiento que muestren altas correlaciones positivas entre ellos y con la productividad, tanto en fresco como en grano seco.

No obstante, lo anterior, estos resultados contrastan con los publicados por Abo-Hegazy (2022) quienes al utilizar líneas y variedades registraron en vainas por planta, semillas por planta y peso de semilla por planta valores de 79.8, 80.9, y 87.6%, respectivamente. Por otra parte, Chaudhary *et al.* (2020) trabajaron líneas, donde obtuvieron para NRT 62.8%, para NVP 70.3% y para rendimiento 82.9%.

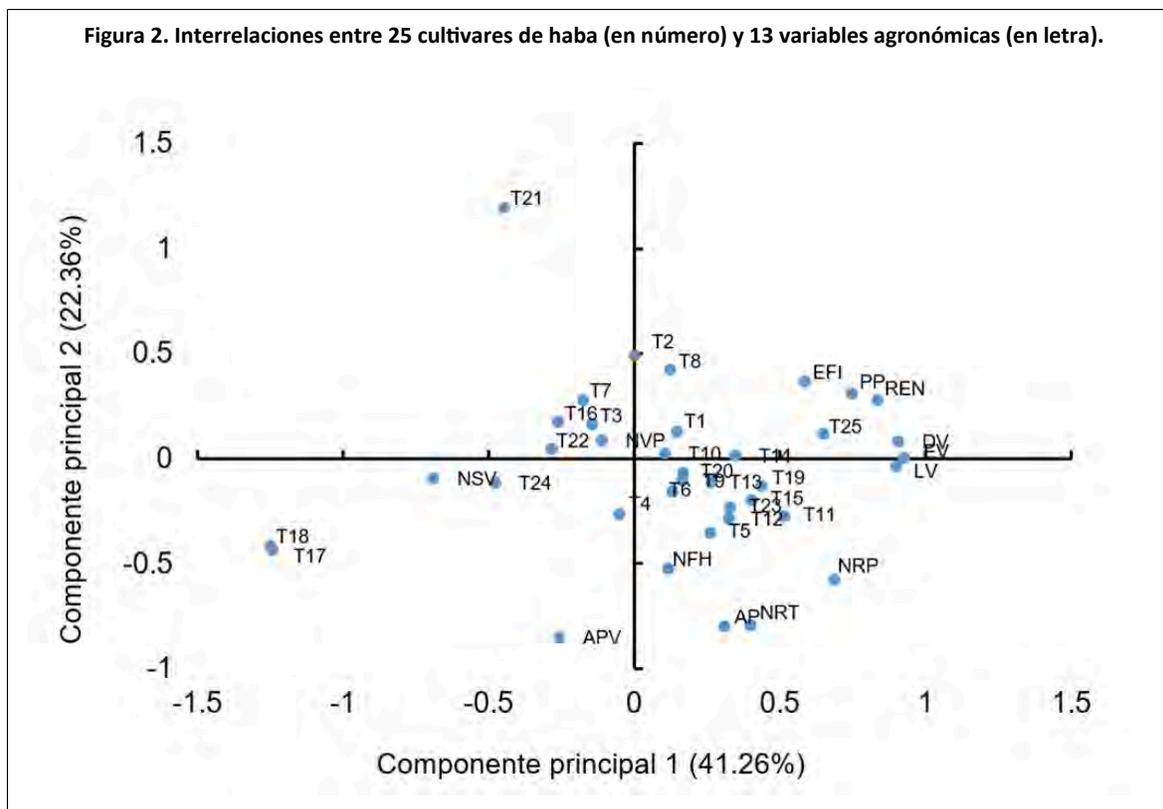
Avance genético esperado

La ganancia genética, expresada como porcentaje de la gran media (GAM) y aplicando una presión de selección del 5% para determinar la respuesta a la selección, se presenta en el Cuadro 3; en este GAM presentó los valores más bajos en AP (5.3%), NFH (0.68%) y NSV (7.05%) y sus H^2 fueron menores al 50%. También se observó una moderada ganancia genética ($G\Delta$) para NRT (17.8%), REND (30.04%), NVP (25.15%), PP (24.08%) y DV (22.24%) y sus estimaciones de H^2 fueron mayores al 50%; Chaudhary *et al.* (2020) reportaron valores de 25.11% para NRT, 23.20% para NVP y de 27.43% para REND. Tadele *et al.* (2021); Ton *et al.* (2021); Abo-Hegazy (2022); Kosev y Georgieva (2023) concluyeron similarmente. Estos resultados implican que, a mayor heredabilidad, habrá mayor ganancia genética y por lo tanto estos caracteres son un criterio para seleccionar genotipos sobresalientes.

Análisis de componentes principales (CP)

Los componentes principales 1 (41.26%) y 2 (22.36%) explicaron el 63.62% de la variación total (Figura 2), porcentajes deseables para interpretar confiablemente las correlaciones aproximadas que se observan en el biplot, como lo sugirieron Sánchez (1995); Pérez *et al.* (2009). En el cuadrante 1 se observó alta correlación positiva entre rendimiento (REN) con eficiencia (EFI), peso de vaina por planta (PP), diámetro de vaina (DV), espesor de vaina (EV) y longitud de vaina (LV). Estas características servirán como criterio de selección indirecta para incrementar la producción en vaina verde o en grano seco.

Figura 2. Interrelaciones entre 25 cultivares de haba (en número) y 13 variables agronómicas (en letra).



La dispersión de los 25 cultivares en los cuatro cuadrantes del biplot confirma la existencia de amplia variabilidad genética entre cultivares de haba, la cual está disponible para iniciar un nuevo y mejor programa de mejoramiento en la región central de México. La variabilidad fenotípica que se detectó en las 25 colectas de haba fue mayor en AP, APV, NRP, NRT, NVP, LV, DV, EV y PP. Por otro lado, Arab *et al.* (2018) al realizar una evaluación durante dos ciclos y trabajar 42 colectas locales y dos variedades comerciales en Egipto reportaron mayor variabilidad en NVP, NSP y AP.

La colecta más sobresaliente fue la identificada como T25, proveniente de San Bartolo Apostol municipio de Santiago Tianguistenco, que fue la que obtuvo los mayores valores en AP (1.48 cm), LV (11.26 cm), DV (2.65 cm), EV (1.89 cm) y PP (656.25 g), seguido de T11 (Zaragoza de Guadalupe), los genotipos T22 y T24 sobresalieron por su mayor número de vainas por planta.

Estos resultados son similares a los reportados por Pérez *et al.* (2015); Kumar *et al.* (2020) quienes sugirieron como componentes principales del rendimiento en haba verde el diámetro, espesor y longitud de vaina (Kosev y Georgieva., 2023) y número de semillas por planta (Arab *et al.*, 2018; Abo-Hegazy, 2022).

Por otra parte, Kumar *et al.* (2020); Chaudhary *et al.* (2020) indicaron una situación similar para número de vainas por planta y peso de vainas verdes por planta (Yahia *et al.*, 2012; Mohammed *et al.*, 2013; Baginsky *et al.*, 2013). En este estudio, se observaron los mayores rendimientos en T25 (20.18 t ha⁻¹) y T19 (17.56 t ha⁻¹), debido al mayor diámetro de vaina (2.65 y 2.59 cm, respectivamente) y al peso de vaina por planta (656.25 y 602.5 g, respectivamente).

Caracteres cualitativos

La identificación de variabilidad genética (VG) entre y dentro de cultivares permite seleccionar variedades con características agronómicas deseables (Salazar *et al.*, 2019) y contribuye al aumento parcial de la producción y de la calidad de semilla en haba (Díaz *et al.*, 2008). La descripción varietal permite una discriminación rápida y fácil entre fenotipos (SNICS, 2001), en características altamente heredables fácilmente detectadas a simple vista y con poca o nula variación con los ambientes (Yahia *et al.*, 2012; Pérez *et al.*, 2015).

En este estudio se observaron diferencias fenotípicas en las 25 colectas (Cuadro 4) en hábito de crecimiento determinado (HC); en porte de planta dos fueron bajas, 17 intermedias y seis altas, la coloración de antocianina en tallo (CAT) estuvo presente (P), para intensidad del color verde en follaje (IV) tres cultivares fueron claro y 22 medio, la mancha de melanina en el estandarte (MME) se manifestó en todas las colectas; la pigmentación de antocianina en el estandarte (PAE).

Cuadro 4. Características de planta, follaje, flor y vaina en 25 cultivares de haba en dos ambientes del Estado de México.

Cultivar	Planta			Follaje			Flor			Vaina verde	
	HC	PP	CAT	IV	MME	PAE	EPA	CME	PV	EDV	
T1	D	M	P	M	P	P	G	N	S	T	
T2	D	B	P	M	P	P	G	N	S	M	
T3	D	M	P	M	P	P	G	N	S	M	
T4	D	M	P	M	P	P	G	M	S	T	
T5	D	A	P	M	P	P	G	N	S	M	
T6	D	M	P	M	P	P	G	M	S	M	
T7	D	M	P	M	P	P	G	N	S	M	
T8	D	M	P	M	P	P	G	N	S	T	
T9	D	M	P	M	P	P	G	N	E	T	
T10	D	M	P	M	P	P	G	M	S	M	
T11	D	A	P	M	P	P	G	N	S	M	
T12	D	A	P	C	P	P	G	N	S	T	
T13	D	M	P	M	P	P	G	N	S	M	
T14	D	M	P	M	P	P	G	N	S	M	
T15	D	A	P	M	P	P	G	M	E	M	
T16	D	M	P	M	P	P	G	N	E	T	
T17	D	M	P	M	P	P	G	N	E	T	
T18	D	M	P	M	P	P	G	M	S	T	
T19	D	M	P	C	P	P	G	N	S	T	
T20	D	M	P	M	P	P	G	N	E	M	
T21	D	B	P	C	P	P	G	M	S	M	
T22	D	M	P	M	P	P	G	N	E	M	
T23	D	A	P	M	P	P	G	N	S	T	
T24	D	M	P	M	P	P	G	M	S	M	
T25	D	A	P	M	P	P	G	N	S	M	

Colecta (T); HC= hábito de crecimiento; D= determinado; I= indeterminado; PP= porte de planta; B= baja; M= media; A= alta; CAT= coloración de antocianinas en tallo; P= presente; A= ausente; IV= intensidad del color verde en follaje; C= claro; M= medio, O= oscuro; MME= mancha de melanina en el estandarte; P= presente; A= ausente; PAE= pigmentación de antocianina en el estandarte; P= presente; A= ausente; EPA= extensión de la pigmentación antocianina en el estandarte; P= pequeña; M= media; G= grande; CME= color de la mancha de melanina en las alas; AV= amarillo verdoso; M= marrón; N= negro; PV= porte de la vaina; E= erecto; S= semierecto; H= horizontal; SC= semi colgante; C= colgante; EDV= época de desarrollo completo de la vaina (primeras vainas completamente desarrolladas); T= temprana; M= media; T= tardía.

Estuvo presente, la extensión de la pigmentación antocianina en el estandarte (EPE) fue grande, para color de la mancha de la melanina en las alas (CMA) siete cultivares fueron marrón y 18 negro, para porte de la vaina (PV) seis colectas fueron erectas, 16 semierectas, para la época de desarrollo completo de vaina (ED) 15 fueron registradas con desarrollo medio y 10 como tardíos. Estos resultados contrastan con los reportados por Arab *et al.* (2018); Amjad y Alghamdj (2023) quienes estimaron amplia variabilidad fenotípica en caracteres cuantitativos y cualitativos durante dos ciclos de evaluación. En este estudio, se reportó poca variabilidad fenotípica.

Conclusiones

Los valores de heredabilidad mayores al 50% indicaron que existe variabilidad fenotípica en la mayoría de los caracteres evaluados. El análisis de componentes principales explicó un 63.62% de la variación total original y en éste se observó que la colecta identificada como T25 se correlacionó positiva y significativamente con EFI, NVP, DV, LV, PVP y REND, por lo que es posible practicar selección para incrementar el rendimiento con base en estos componentes del rendimiento.

Con base en la GAM también puede predecirse que considerando NVP, DV, PVP y REND se tendrá mayor avance genético a través de la selección. En los caracteres cualitativos hubo poca variabilidad fenotípica y por lo tanto también genética, pero estos caracteres de herencia simple podrían utilizarse confiablemente para uniformizar la homogeneidad dentro de los cultivares de haba evaluados en la presente investigación.

Bibliografía

- 1 Abo-Hegazy, H. S. R. E. 2022. Genetic variability, heritability and path coefficient analyses of some agronomic traits in faba bean (*Vicia faba* L.). *Asian Journal of Plant Sciences*. 21(1):469-474.
- 2 Amjad, Z. and Alghamdi, S. S. 2023. Agro-morphological characterization of *Vicia faba* L. accessions in the kingdom of Saudi Arabia. *International Journal of Agricultural and Biosystems Engineering*. 17(11):105-114.
- 3 Annicchiarico, P. and Iannucci, A. 2008. Breeding strategy for faba bean in Southern Europe based on cultivar responses across climatically contrasting environments. *Crop Science*. 48(3):983-991.
- 4 Arab, S. A.; Azza, F. S. and Marwa, K. A. M. 2018. Genetic diversity in some faba bean landraces using morphological characters and yield components. *Journal of Plant Production*. 9(12):975-980.
- 5 Baginsky, C.; Silva, P.; Auza, J. and Acevedo, E. 2013. Evaluation for fresh consumption of new broad bean genotypes with a determinate growth habit in central Chile. *Chilean Journal of Agricultural Research*. 73(3):225-232.
- 6 Chaudhary, A. K.; Nath, S.; Hitaishi, S. K. and Dutt, A. 2020. Assessing genetic variability, heritability and genetic advance in faba bean (*Vicia faba* L.) under sodic soil. *Journal of Pharmacognosy and Phytochemistry*. 9(5):966-970.
- 7 CONAGUA. 2014. Comisión Nacional del Agua. Servicio Meteorológico Nacional, Normales climatológicas. <https://smn.conagua.gob.mx/es/climatologia/informacion-climatologica/normales-climatologicas-por-estado>.
- 8 Díaz, B. M.; Herrera, C. B. E.; Ramírez, J. J.; Aliphath, F. M. y Delgado, A. A. 2008. Conocimiento campesino en la selección de variedades de haba (*Vicia faba* L.) en la sierra norte de Puebla México. *Interciencia*. 33(8):610-615.
- 9 Di Rienzo, J. A.; Casanoves, F.; Balzarini, M. G.; Gonzalez, L.; Cuadro, M. y Robledo, C. W. 2008. InfoStat, versión 2008. Grupo InfoStat, FCA. Universidad Nacional de Córdoba, Argentina. 336 p.
- 10 Duc, G.; Bao, S. B.; Baum, M.; Redden, B.; Sadiki, M.; Suso, M. J.; Vishniakova, M. and Zong, X. 2010. Diversity maintenance and use of *Vicia faba* L. genetic resources. *Field Crops Research*. 115(3):270-278.
- 11 FAOSTAT. 2022. Food and Agriculture Organization of the United Nations. <https://www.fao.org/faostat/es/#data/QCL>.

- 12 Holland, J. B.; Nyquist, W. E. and Cervantes, M. C. T. 2003. Estimating and interpreting heritability for plant breeding: an update. *Plant Breeding Reviews*. 22(1):9-112.
- 13 Johnson, H. W.; Robinson, H. F. and Comstock, R. F. 1955. Genotypic and phenotypic correlation in soybean and their implication in selection. *Agronomy Journal*. 47(10):477-483.
- 14 Kosev, V. and Georgieva, N. 2023. Evaluation of the genetic diversity in broad bean (*Vicia faba* L.) accessions. *Bulgarian Journal of Agricultural Science*. 29(4):682-689.
- 15 Kumar, S.; Layek, S.; Upadhyay, A.; Pandit, M. K.; Nath, R. and Sarker, A. 2020. Genetic characterization for quantitative and qualitative traits and its relationship in faba bean (*Vicia Faba* L.). *Indian Journal of Agricultural Research*. 54(3):336-342.
- 16 Mohammed, O. A. A.; Hamid, A. A. and Bakheit, G. M. 2013. Correlation between seed yield components in faba bean (*Vicia faba* L.). *Av. Environ. Biol*. 7(1):82-85.
- 17 Pérez, L. D. J.; González, H. A.; Rubí, A. M.; Franco, M. O.; Franco, M. J. R. P. y Padilla, L. A. 2015. Análisis de 35 cultivares de haba por su producción de vaina verde y otros componentes del rendimiento. *Revista Mexicana de Ciencias Agrícolas*. 6(7):1601-1613.
- 18 Pérez, D. J.; González, A.; Sahagún, J.; Vázquez, L. M.; Franco, O. and Domínguez, A. 2009. The identification of outstanding potato cultivars using multivariate methods. *Ciencia e Investigación Agraria. J. Agric. Nat. Res*. 36(3):391-400.
- 19 Pérez, L. D. J.; Vázquez, G. L. M.; Sahagún, C. J. y Rivera, P. A. 2007. Variabilidad y caracterización de diez variedades de papa en tres localidades del Estado de México. *Revista Chapingo Serie Horticultura*. 13(1):13-19.
- 20 Rojas, T. J.; Díaz, R. R.; Álvarez, G. F.; Ocampo, M. J. y Escalante, E. A. 2012. Tecnología de producción de haba y características socioeconómicas de productores de Puebla y Tlaxcala. *Revista Mexicana de Ciencias Agrícolas*. 3(1):35-49.
- 21 Salazar, L. M. E.; Pérez, L. D. J.; González, H. A. y Vázquez, G. L. M. 2019. Variabilidad fenotípica en colectas de haba provenientes del Valle Toluca-Atlacomulco, México. *Revista Mexicana de Ciencias Agrícolas*. 10(3):713-727.
- 22 Sánchez, G. J. J. 1995. El análisis biplot en clasificación. *Revista Fitotecnia Mexicana*. 18(2):188-203.
- 23 SAS. 1988. *Statistical Analysis System. SAS/STAT 9.1 User's guide-release 9.01 edition* Cary, NC. SAS Institute Inc. 1861 p.
- 24 SIAP. 2022. Servicio de Información Agroalimentaria y Pesquera. <https://nube.siap.gob.mx/cierreagricola/>.
- 25 Shimelis, H. and Shiringani, R. 2010. Variance components and heritabilities of yield and agronomic traits among cowpea genotypes. *Euphytica*. 176(1):383-389.
- 26 SNICS. 2001. Servicio Nacional de Inspección y Certificación de Semillas. Guía técnica para la descripción varietal de haba (*Vicia faba* L.). 12 p.
- 27 Suso, M. J. and Maalouf, F. 2010. Direct and correlated responses to upward and downward selection for outcrossing in *Vicia faba*. *Field Crops Research*. 116(1):116-126.
- 28 Tadele, M.; Mohammed, W. and Jarso, M. 2021. Variation in genetic variability and heritability of agronomic traits in Faba bean (*Vicia faba* L.) genotypes under soil acidity stress evaluated with and without lime in Ethiopia. *African Journal of Agricultural Research*. 17(2):355-364.
- 29 Tekalign, A.; Derera, J. and Sibiya, J. 2020. Phenotypic diversity among faba bean (*Vicia faba* L.) landraces from the Ethiopian Highlands. *Ethiopian Journal of Agricultural Sciences*. 30(1):17-34.

- 30 Ton, A.; Karaköy, T.; Anlarsal, A. E. and Türkeri, M. 2021. Genetic diversity for agromorphological characters and nutritional compositions of some local faba bean (*Vicia faba* L.) genotypes. Turkish Journal of Agriculture and Forestry. 45(3):301-312.
- 31 Yahia, Y.; Guetat, A.; Elfalleh, W.; Ferchichi, A.; Yahia, H. and Loumerem, M. 2012. Analysis of agromorphological diversity of southern Tunisia faba bean (*Vicia faba* L.) germplasm. Afr. J. Biotechnol. 11(56):11913-11924.



Variabilidad genética y heredabilidad en colectas de habas del centro mexiquense

Journal Information
Journal ID (publisher-id): remexca
Title: Revista mexicana de ciencias agrícolas
Abbreviated Title: Rev. Mex. Cienc. Agríc
ISSN (print): 2007-0934
Publisher: Instituto Nacional de Investigaciones Forestales, Agrícolas y Pecuarias

Article/Issue Information
Date received: 01 May 2025
Date accepted: 01 August 2025
Publication date: 05 October 2025
Publication date: Aug-Sep 2025
Volume: 16
Issue: 6
Electronic Location Identifier: e3856
DOI: 10.29312/remexca.v16i6.3856

Categories

Subject: Artículo

Palabras clave:

Palabras clave:

Vicia faba L.

análisis de componentes principales

producción en verde.

Counts

Figures: 2

Tables: 4

Equations: 0

References: 31

Pages: 0