



# Habilidad combinatoria de los caracteres relacionados con la producción de habichuela (*Phaseolus vulgaris* L.)

## Combining ability of traits related to snap beans production (*Phaseolus vulgaris* L.)

Mayra Contreras-Rojas<sup>1\*</sup> ; Franco Alirio Vallejo-Cabrera<sup>1</sup> ; Sanín Ortiz-Grisales<sup>1</sup> 

<sup>1</sup>Universidad Nacional de Colombia. Palmira - Valle del Cauca, Colombia; e-mail: mcontreras@unal.edu.co; fvallejo@unal.edu.co; sortizg@unal.edu.co

\*autor de correspondencia: mcontreras@unal.edu.co

**Cómo citar:** Contreras-Rojas, M.; Vallejo-Cabrera, F.A.; Ortiz-Grisales, S. 2023. Habilidad combinatoria de los caracteres relacionados con la producción de habichuela (*Phaseolus vulgaris* L.). Rev. U.D.C.A Act. & Div. Cient. 26(1):e2217. <http://doi.org/10.31910/rudca.v26.n1.2023.2217>

Artículo de acceso abierto publicado por Revista U.D.C.A Actualidad & Divulgación Científica, bajo una Licencia Creative Commons CC BY-NC 4.0

Publicación oficial de la Universidad de Ciencias Aplicadas y Ambientales U.D.C.A, Institución de Educación Superior Acreditada de Alta Calidad por el Ministerio de Educación Nacional.

**Recibido:** marzo 3 de 2022

**Aceptado:** junio 14 de 2023

**Editado por:** Helber Adrián Arévalo Maldonado

### RESUMEN

Las variedades de habichuela cultivadas en Colombia presentan un bajo potencial de producción, por lo que se hace necesario adelantar programas de mejoramiento, cuya ejecución depende del conocimiento de la habilidad combinatoria de los cultivares disponibles. Con el objetivo de evaluar la acción génica predominante en caracteres de importancia económica, se evaluaron 15 híbridos directos y seis progenitores. Las habilidades combinatorias general (HCG) y específica (HCE), se estimaron con el Método 2 modelo 1 de Griffing, que considera a los progenitores y sus cruzamientos directos. Se midieron los caracteres: número de vainas y producción por planta, peso promedio y longitud de la vaina. Los resultados indicaron efectos genéticos aditivos para longitud de la vaina; por el contrario, el número de vainas y producción por planta, se vieron influenciados por efectos genéticos no aditivos, mientras que el peso promedio de la vaina fue controlado por efectos genéticos, tanto aditivos como no aditivos. Los progenitores 1 y 6 mostraron efectos positivos más altos de HCG, para el peso promedio y longitud de la vaina, mientras los progenitores 5 y 6, lo fueron para la producción de vainas por planta y los progenitores 4 y 5, para el número de vainas por planta. La estimación de HCE más alta para todos los caracteres, se presentó en el híbrido 1x2, siendo la más adecuada para mejorar la producción de la habichuela.

Palabras clave: Acción génica; Análisis dialélico; Hibridación; Mejoramiento de hortalizas; Variabilidad genética.

### ABSTRACT

Green bean varieties grown in Colombia have low production potential, therefore it is necessary to carry out plant breeding programs, which execution depends on the knowledge of the combinatorial ability of the available cultivars. To evaluate the predominant gene action in economically important traits 15 direct hybrids and six parents were evaluated. General combining ability (GCA) and specific combining ability (SCA) were estimated with Griffing's Method 2 model 1, which considers parents and their direct crosses. The characters: number of pods and yield per plant, average weight and pod length were measured. The results indicated additive genetic effects for pod length. In contrast, pod number and yield per plant were influenced by non-additive genetic effects, while average pod weight was controlled by both additive and non-additive genetic effects. Parents 1 and 6 showed higher positive effects of HCG for average pod weight and pod length, while parents 5 and 6 for pod yield per plant and parents 4 and 5 for number of pods per plant. The highest ECGH estimation for all traits was found in the 1x2 hybrid, being the most suitable for improving bean production.

Keywords: Diallel analysis; Gene action; Genetic variation; Hybridization; Vegetable breeding.

## INTRODUCCIÓN

La habichuela es la legumbre inmadura del frijol común *Phaseolus vulgaris* L y una de las hortalizas más importante en la dieta humana (Reis Figueira, 2013). Se consume de manera integral (legumbre con semillas vestigiales a mediano desarrollo) y es fuente importante de vitaminas, minerales y otros compuestos vegetales secundarios; en Colombia, el uso de la habichuela va en ascenso, con demanda en los mercados locales y en la gastronomía vernácula colombiana (Barraza-Alvarez, 2021). A nivel mundial, se producen, aproximadamente, 27 millones de toneladas de habichuelas (FAO, 2021).

Por otro lado, Estados Unidos tiene el 71 % de la producción mundial de habichuelas y el consumo per cápita al año es de 3 kg (USDA, 2019).

En el 2019, la producción de habichuela en Colombia fue de 45.806 ton y los departamentos de Cundinamarca, Valle del Cauca, Santander, Huila y Tolima son los principales productores (MADR, 2021); sin embargo, la producción por hectárea de este cultivo ha venido decreciendo por diversas causas, entre las que se pueden enumerar: el uso de un único cultivar, el Blue Lake y la escasa rotación de cultivos o problemas fitosanitarios del cultivo. La baja productividad hace que su producción no sea rentable para el horticultor. En este sentido, la obtención de cultivares con mayor producción constituye una prioridad para los programas de mejoramiento genético en esta especie; sin embargo, el desarrollo de un programa de mejoramiento necesita información sobre la naturaleza de las acciones de los genes, que controlan los caracteres relacionados con la producción de habichuela.

Los cruzamientos dialélicos son los sistemas de apareamiento más utilizados, que permiten identificar progenitores e híbridos prometedores, además permiten obtener información sobre el control genético de los caracteres de interés, lo que hace más eficientes los procesos de mejoramiento (Cruz *et al.* 2004). A partir del análisis dialélico, se recopila información sobre los efectos, debido a la habilidad combinatoria general (HCG) y la habilidad combinatoria específica (HCE) de los progenitores en los cruzamientos (Yanchuk, 1996; Glover *et al.* 2005). La estimación de los efectos de la HCG y la HCE permiten estimar la acción de genes aditivos y no aditivos (Griffing, 1956). El efecto de la HCG ayuda a identificar progenitores superiores, mientras que el efecto de la HCE estima el rendimiento de los híbridos (Cruz *et al.* 2004).

El objetivo de la presente investigación fue conocer la acción génica que controla la producción de habichuela y los caracteres relacionados a su calidad.

## MATERIALES Y MÉTODOS

**Material genético.** Material genético de la primera etapa: se formó la población dialélica. Se emplearon seis genotipos, dos cultivares comerciales: (1) G17723 (Blue Lake de la compañía Ferry-Morse Estados Unidos) y (6) G51158 (UNAPAL-Milenio de la

Universidad Nacional de Colombia Sede Palmira) y cuatro líneas: (2) G23956, (3) G20400, (4) G18212 y (5) G16806, de la colección mundial de frijol de la Unidad de Recursos Genéticos del Centro Internacional de Agricultura Tropical (URG-CIAT), previamente seleccionadas por el Programa de Hortalizas de la Universidad Nacional de Colombia- Sede Palmira. Material genético de la segunda etapa: se evaluaron los 21 genotipos que conformaron el dialélico. Seis progenitores: (1) G17723; (2) G23956; (3) G20400; (4) G18212; (5) G16806 y (6) G51158 y 15 híbridos directos sin recíprocos: 1x2, 1x3, 1x4, 1x5, 1x6, 2x3, 2x4, 2x5, 2x6, 3x4, 3x5, 3x6, 4x5, 4x6 y 5x6.

**Localización.** El trabajo se realizó en dos etapas. La primera etapa consistió en la obtención de los híbridos F1, la cual, se llevó a cabo durante el segundo semestre del 2018, en la granja Mario González Aranda (MGA), de la Universidad Nacional de Colombia -sede Palmira, departamento de Valle del Cauca, ubicada a 3°30'26,8" N 76°18'47,6" O, a una altura de 1.000 m s.n.m., con temperatura media anual de 24 °C, precipitación anual de 1.020 mm y humedad relativa del 72 %. La segunda etapa estuvo relacionada con la evaluación de los progenitores y sus respectivos híbridos F1, que se desarrolló en el segundo semestre del 2019 (Ambiente1) y primer semestre del 2020 (Ambiente 2), en el Centro Experimental de la Universidad Nacional de Colombia -sede Palmira (CEUNP), localizado en la vereda el Carmelo del municipio de Candelaria, Valle del Cauca, a 3°25'34" N 76°25'53" O, a una altura de 1.000 m s.n.m., con temperatura media anual de 26 °C, precipitación anual de 1.028 mm y humedad relativa del 75 % (Ortiz Grisales *et al.* 2020).

**Variables de respuesta evaluadas.** Número de vainas por planta (NVP): al momento de la cosecha, manualmente, se determinaron las vainas que tenían, por lo menos, una semilla viable y se realizó el conteo de estas en cada planta muestreada. Producción de vainas por planta (PPP): se tomó la totalidad de las vainas por planta y se pesaron en una balanza digital; los resultados se expresaron en kilogramos. Peso promedio de la vaina (PPV): cociente entre producción de vainas por planta sobre el número de vainas por planta y se expresó en gramos. Longitud de vaina (LDV): se tomaron diez vainas por unidad experimental, se midió en centímetros, desde su inserción en el pedicelo hasta el extremo libre del ápice.

**Diseño experimental.** Se utilizó el diseño experimental de bloques completos al azar (Baena, 2012) con cuatro repeticiones. La unidad experimental consistió en ocho plantas, en surcos de 8 m de largo, con una distancia entre surco de 1,50 m y 1,0 m entre plantas, donde se evaluaron las cuatro plantas centrales.

**Análisis estadístico-genético.** La comparación de medias se realizó con la prueba de diferencia mínima significativa (DMS), con un nivel de significancia de  $p \leq 0,05$ . Se realizaron los análisis de varianza por ambiente para la obtención de los cuadrados medios residuales, a objeto de realizar el análisis de homogeneidad, verificada tal condición, se realizó el análisis de varianza combinado para cada carácter, empleando el software Genes (Cruz, 2020). El análisis de la habilidad combinatoria se realizó según el

Método 2 modelo 1, de Griffing (1956), teniendo en cuenta las combinaciones  $p(p+1)/2$ , correspondientes a los progenitores y sus cruzamientos directos (Ortiz Grisales *et al.* 2020). Para las pruebas de significancia y ajuste de medias, se consideraron los genotipos y los ambientes con efectos fijos en el análisis de varianza combinado. El análisis genético se llevó a cabo con la ayuda del software Genes (Cruz, 2020).

## RESULTADOS Y DISCUSIÓN

**Análisis de los valores promedios.** En la tabla 1, se presenta el comportamiento promedio de los seis progenitores y quince

híbridos F1. En el carácter número de vainas por plantas (NVP), se presentaron variaciones en el material genético evaluado. Los valores promedios de los progenitores oscilaron entre 80,66 y 130,81 vainas por planta. Los progenitores 5 (G16806) y 6 (G51158) presentaron los mayores promedios. La mayoría de los cruzamientos superaron el promedio de los mejores progenitores, destacándose los híbridos (1x2) y (4x5), por la mayor cantidad de vainas por planta, lo que indicó la presencia de efectos heteróticos en los cruzamientos evaluados, en concordancia con lo expuesto por Whankate *et al.* (2021), quienes obtuvieron en habichuela promedios, entre las 59,40 y 162,40 vainas.

Tabla 1. Comparación de medias para número de vainas por planta (NVP), peso promedio de vainas por planta (PPV), longitud de la vaina (LDV) y producción por planta (PPP), en progenitores y cruzamientos de habichuela (*Phaseolus vulgaris* L), evaluados en dos ambientes. Centro Experimental de la Universidad Nacional de Colombia -sede Palmira (CEUNP) 2019 – 2020.

a. Progenitores	Promedios			
	NVP	LDV (cm)	PPV (g)	PPP (kg)
1. G17723	80,66	14,83	5,55	0,47
2. G23956	108,53	13,92	4,72	0,55
3. G20400	85,34	13,75	5,23	0,47
4. G18212	100,56	13,11	4,61	0,48
5. G16806	130,81	13,01	4,96	0,69
6. G51158	111,50	15,73	5,90	0,70
Media progenitores	102,90	14,06	5,16	0,56
<b>b. Híbridos F1</b>				
7. (1 x 2)	191,56	15,13	6,15	1,22
8. (1 x 3)	146,41	14,34	5,54	0,86
9. (1 x 4)	177,66	12,99	4,50	0,84
10. (1 x 5)	178,56	14,03	5,59	1,05
11. (1 x 6)	154,03	15,93	6,19	0,98
12. (2 x 3)	145,34	14,31	5,12	0,77
13. (2 x 4)	174,56	12,41	4,43	0,83
14. (2 x 5)	154,91	14,17	5,36	0,84
15. (2 x 6)	145,78	15,38	6,04	0,94
16. (3 x 4)	158,13	12,54	4,38	0,69
17. (3 x 5)	120,03	13,24	5,06	0,64
18. (3 x 6)	134,06	14,40	5,58	0,78
19. (4 x 5)	192,25	13,01	4,87	0,91
20. (4 x 6)	163,84	13,13	4,31	0,70
21. (5 x 6)	148,97	15,25	5,87	0,91
Media híbridos F1	159,07	14,02	5,27	0,86
Media general	143,14	14,00	5,24	0,80
DMS (5 %)	43,19	1,28	0,72	0,27

Los progenitores 5 (G16806) y 6 (G51158) presentaron la mayor PPP (Tabla 1). La mayoría de los híbridos se destacaron por su alto promedio en producción por planta en comparación con los mejores progenitores, indicando la presencia de heterosis. Lo anterior, indicó que los progenitores que estuvieron involucrados

en la formación de estos híbridos podrían ser empleados en futuros programas de mejoramiento, para el carácter considerado.

Para el carácter peso promedio de vainas por planta (PPV), los progenitores con altos promedios fueron 1(G17723) y 6(G51158).

Los cruzamientos que superaron en promedio al mejor progenitor fueron 1×2, 1×6 y 2×6, corroborando la existencia de heterosis en los genotipos evaluados, resultados que difieren en magnitud, de acuerdo con los genotipos empleados por Alves Francelino *et al.* (2011), quienes obtuvieron valores de 2,27 a 3,81 gramos por vaina y a los de Cordeiro de Araújo *et al.* (2012), quienes reportaron pesos promedio de 2,51 gramos por vaina. El cultivar 1×2 fue el que obtuvo un mayor peso promedio de vaina por planta, debido a que es un genotipo que se caracteriza por ser altamente productivo y presentar una mayor longitud. Estos resultados brindan una ventaja al agricultor, en donde el incremento en peso del fruto de habichuela cosechado aporta una mayor rentabilidad al cultivo, lo que incrementa los ingresos obtenidos.

Para el carácter longitud de la vaina (LDV), los promedios de mayor valor se encontraron en los progenitores 1 (G17723) y 6 (G51158). Ningún híbrido superó al mejor progenitor, aunque los híbridos 1×2, 1×6, 2×6 y 5×6, con promedios entre 15,93 y 15,13 cm, presentaron diferencias significativas, lo que indica que,

probablemente, el progenitor 6 (G51158) está siendo heterótico, con tres progenitores diferentes. Alves Francelino *et al.* (2011) reportaron valores de 9,31 a 18,79 cm por vaina; Sánchez del Castillo *et al.* (2017), al evaluar genotipos de crecimiento indeterminado encontraron valores entre 9,3 a 14,5 cm de longitud, en las vainas de habichuela; Vidyacar *et al.* (2017) obtuvieron valores entre 8,0 a 14,8 cm por vaina; Gomes *et al.* (2019) encontraron valores de 10,60 a 19,57 cm y Pereira Da Silva *et al.* (2020) reportaron valores entre los 9,47 a 11,38 cm por vaina. La longitud de las vainas es un carácter importante en la aceptación comercial de los cultivares de habichuela arbustiva y se considera que los valores deben ser superiores a 13 cm (Pandey *et al.* 2011), por lo que, con base en los resultados obtenidos, es posible seleccionar cultivares que cuenten con este atributo.

**Análisis de Varianza Combinado.** Los cuadrados medios del ANDEVA combinado presentaron diferencias altamente significativas ( $P < 0,01$ ), para Ambientes (A), en todas las variables evaluadas (Tabla 2). Los genotipos (G) mostraron diferencias

Tabla 2. Suma de cuadrados expresado en porcentaje de la suma de cuadrado total, significancia de los cuadrados medios del análisis de varianza combinado y componentes de varianza de la habilidad combinatoria general (HCG) y la habilidad combinatoria específica (HCE).

FV	GL	Suma de Cuadrados (% SC)			
		NVP	LDV	PPV	PPP
Ambiente	1	55**	2**	4**	52**
Bloque/Amb	6	5**	19**	5**	6**
Genotipo	20	14**	56**	64**	15**
H.C.G	5	15*	80**	69**	20**
H.C.E	15	85**	20**	32**	80**
Gen x Amb	20	6	4	6*	6*
H.C.G x Amb	5	28	38	39*	20
H.C.E x Amb	15	72	62	61	80*
Error Comb	120	21	18	20	22
$\frac{1}{5} \sum gi^2$	-	377,69	3,50	1,00	0,02
$\frac{1}{15} \sum sij^2$	-	7580,99	1,96	1,09	0,25
Media	-	143,14	14,03	5,24	0,78
CV (%)	-	31,35	4,98	7,55	35,53

\*,\*\* significativo para el test F ( $P < 0,05$ ) y ( $P < 0,01$ ), respectivamente; NVP= número de vainas por planta; LDV= longitud de la vaina; PPV= peso promedio de vainas por planta y PPP= producción por planta.

altamente significativas ( $P < 0,01$ ), para todos los caracteres, lo que sugiere la presencia de una amplia variabilidad genética, entre los genotipos estudiados. Al descomponer la fuente de variación genotipos (G), se encontró que tanto la HCG como la HCE, presentaron diferencias significativas ( $P < 0,01$ ), para NVP, LDV, PPV y PPP (Tabla 2). Estas diferencias indicaron que en la expresión de dichos caracteres intervinieron de manera significativa, tanto la HCG (acción génica aditiva) como la HCE (acción génica no aditiva), lo que genera la posibilidad de obtener nuevas líneas o híbridos (Da Silva *et al.* 2004). Resultados similares fueron reportados en habichuela, por Arunga *et al.* (2010), para las características número de vainas por planta, peso promedio de vainas y longitud de las vainas y Cunha Dias *et al.* (2016), para número de vainas por planta y longitud de las vainas en Caupí, indicando la posibilidad de ganancias con la selección.

La interacción G x A fue significativa ( $P < 0,05$ ), para PPV y PPP, lo que explica el comportamiento diferencial de los genotipos al someterlos a ambientes. Algunos estudios, como los de Getachew *et al.* (2015), Mounir *et al.* (2015), Fayaz Ahmad *et al.* (2016) y Taha (2019), encontraron interacciones significativas entre los genotipos de *Phaseolus vulgaris*, en uno o más caracteres de interés. La interacción HCG x A fue significativa ( $P < 0,05$ ), solo para el carácter PPV, indicando que los efectos de HCG cambian según el ambiente, lo que sugiere la necesidad de seleccionar progenitores, con efectos de HCG significativos, a través de los ambientes. En cuanto a la interacción HCE x A fue significativa ( $P < 0,05$ ), solo para el carácter PPP, lo que indica que las combinaciones híbridas no mantienen sus efectos de HCE, a través de los ambientes.

En la participación de las fuentes de variación en la suma de cuadrados, para el carácter NVP (Tabla 2), se observó que la variación fenotípica fue explicada por el ambiente (A), con 55 %, seguido por el genotipo (G), con 14 % y en menor proporción la interacción G x A, con 6 %; para el carácter PPP, la variación fenotípica fue explicada por el ambiente (A), con 52 %, seguido por el genotipo (G), con 15 % y, en menor proporción, la interacción G x A, con 6 %. La fuente de variación ambiente (A) muestra que gran parte de la variación fenotípica fue debido a las variaciones ambientales que se presentaron. La mayor magnitud de la suma de cuadrados de los genotipos (G), en comparación con la interacción G x A, muestra la respuesta promedio diferente de los genotipos, por la divergencia genética y como su comportamiento se vio afectado por la oferta ambiental. Para los caracteres LDV y PPV, la mayor contribución a la suma de cuadrados fue dada por el genotipo (G), con 56 % y 64, respectivamente, seguido de la interacción GxA, con 4 y 6 %, respectivamente y, en menor proporción, el ambiente (A), con 2 y 4 %, respectivamente; estos resultados, se deben a la divergencia genética presente en los genotipos empleados, además de la oferta ambiental que favorece la expresión. La manifestación de estas diferencias supone la presencia de variabilidad genética entre los genotipos y se espera que sea de fundamental importancia para trabajos de esta naturaleza, como enfatizan Krause *et al.* (2012), Da Rocha *et al.* (2014), Machado (2014) y Pereira Leite *et al.* (2019).

La suma de cuadrados de los efectos genéticos de HCG fueron de mayor expresión en LDV (80 %) y PPV (69 %) y los efectos de HCE, lo fueron en NVP (85 %) y PPP (80 %). Estos resultados concuerdan con los reportados por Iqbal *et al.* (2011), Rodrigues *et al.* (2018) y Owusu *et al.* (2020), quienes encontraron que la acción genética no aditiva constituye el componente genético más importante del carácter número de vainas por planta (NVP), en Caupí y habichuela, pero difieren de los reportados por Arunga *et al.* (2010), Da Rocha *et al.* (2014) y Cunha Dias *et al.* (2016), quienes afirman que en el NVP los efectos de HCG son el componente más importante en Caupí y *Phaseolus*.

En el análisis de los componentes de varianza (Tabla 2), se confirmó que en el control genético de los caracteres NVP y PPP hubo predominio de los efectos no aditivos ( $\frac{1}{15}\sum sij^2 = 7580,99$  y 0,25, respectivamente), sobre los aditivos ( $\frac{1}{5}\sum gi^2 = 377,69$  y 0,02, respectivamente), por lo que se recomienda mejorar estos caracteres por hibridación. Por el contrario, para el carácter LDV, el componente de varianza, debido a la HCG ( $\frac{1}{5}\sum gi^2$ ), contribuyó más a la variación genética, con un valor de 3,50, con relación al componente de varianza, debido a la HCE ( $\frac{1}{15}\sum sij^2$ ), con 1,96; por lo tanto, se recomienda mejorar este carácter por selección, para así seguir acumulando genes deseables. Para PPV, los componentes de varianza, debidos a la HCG ( $\frac{1}{5}\sum gi^2$ ) y HCE ( $\frac{1}{15}\sum sij^2$ ) fueron igualmente importantes, ya que los componentes de varianza son prácticamente equivalentes con la ocurrencia de valores 1,00 y 1,09, respectivamente. Resultados similares obtuvieron Das *et al.* (2014) y Nayak *et al.* (2018), para este carácter; esto muestra que los progenitores se pueden utilizar en programas de mejoramiento, ya sea dentro de poblaciones, como entre poblaciones.

**Efectos de la habilidad combinatoria general ( $\hat{G}_i$ ).** Las estimaciones de los efectos de habilidad combinatoria general se presentan en la tabla 3. Estos efectos determinan el desempeño promedio de cada progenitor en las combinaciones híbridas en las que participa y es una estimación de su valor genético (Vallejo & Estrada, 2013). Así, los progenitores con estimaciones de  $\hat{G}_i$  altas y positivas son los que más contribuyen al aumento de la expresión de la característica heredada genéticamente, mientras que aquellos con valores  $\hat{G}_i$  altos y negativos, contribuyen a la reducción de su manifestación. El conocimiento de la habilidad combinatoria, junto con el desempeño *per se*, es de gran utilidad para la mejora de cualquier carácter (Priya *et al.* 2018). Por lo tanto, los progenitores con los valores más altos de  $\hat{G}_i$  y buen desempeño *per se*, se podrían incluir en programas de mejoramiento genético, para cumplir con los objetivos de selección de nuevos cultivares y así lograr una mejora sustancial en el rendimiento y los componentes del rendimiento. Para el carácter número de vainas por planta (NVP), los progenitores 4 (G18212) y 5 (G16806) presentaron valores positivos y altos. El progenitor 5 (G16806) presentó el mayor valor promedio número de vainas por planta (130,81 vainas por planta), lo que indica que este progenitor es el más prometedor, para mejorar este carácter en habichuela.

Tabla 3. Estimativas de los efectos de habilidad combinatoria general ( $\hat{g}_i$ ), en seis progenitores y efectos de habilidad combinatoria específica ( $\hat{S}_{ij}$ ), en 15 híbridos de habichuela (*Phaseolus vulgaris* L). Centro Experimental de la Universidad Nacional de Colombia -sede Palmira (CEUNP). 2019 – 2020.

Progenitores	Efectos $\hat{g}_i$			
	NVP	LDV	PPV	PPP
1. G17723	1,05	0,49	0,30	0,06
2. G23956	3,51	0,13	-0,01	0,03
3. G20400	-15,81	-0,23	-0,07	-0,09
4. G18212	8,30	-0,99	-0,62	-0,06
5. G16806	6,90	-0,31	0,00	0,04
6. G51158	-3,94	0,92	0,40	0,03
<b>ES (<math>\hat{g}_i</math>)</b>	14,47	0,06	0,03	0,02
Híbridos F1	Efectos $\hat{S}_{ij}$			
7. (1×2)	43,99	0,49	0,63	0,36
8. (1×3)	-41,51	0,06	-0,03	0,12
9. (1×4)	18,15	-0,54	-0,41	0,07
10. (1×5)	14,63	-0,17	0,06	0,18
11. (1×6)	-26,05	0,50	0,27	0,11
12. (2×3)	19,73	0,39	-0,03	0,06
13. (2×4)	22,62	-0,76	-0,18	0,08
14. (2×5)	-59,06	0,32	0,14	-0,01
15. (2×6)	27,60	0,30	0,42	0,10
16. (3×4)	-14,08	-0,27	-0,16	0,07
17. (3×5)	34,03	-0,25	-0,10	-0,08
18. (3×6)	-26,01	-0,31	0,03	0,07
19. (4×5)	3,19	0,28	0,25	0,16
20. (4×6)	10,79	-0,83	-0,71	-0,05
21. (5×6)	2,98	0,61	0,23	0,07
<b>ES (<math>\hat{S}_{ij}</math>)</b>	43,99	0,22	0,12	0,09

NVP= número de vainas por planta; LDV= longitud de la vaina; PPV= peso promedio de vainas por planta y PPP= producción por planta; ES= Error estándar.

Los progenitores 5 (G16806) y 6 (G51158) mostraron efectos positivos para el carácter producción por planta (PPP) e, igualmente, exhibieron los mayores valores en producción *per se*. En ese sentido, la contribución de estos progenitores es significativamente superior al resto de progenitores. Dichos progenitores realizan una contribución genética positiva para aumentar el carácter producción por planta. En el caso de la habichuela, que es una planta autógama, esta importancia es aún mayor porque lo único que el mejorador puede aprovechar al final del proceso de mejora es la acción genética aditiva.

Para el carácter peso promedio de la vaina (PPV), los progenitores 1 (G17723) y 6 (G51158), tuvieron estimaciones altas y positivas de  $\hat{g}_i$ , además de promedios *per se* altos, lo que indica que estos progenitores podrían contribuir en el incremento del peso promedio de las vainas, ya que estas líneas tienen el potencial para transferir genes favorables a sus descendientes.

Para la longitud de la vaina (LDV), los progenitores 1 (G17723) y 6 (G51158) presentaron las estimaciones más altas y positivas de  $\hat{g}_i$  y un mayor valor promedio *per se*, aunque el progenitor 6 (G51158), se destacó por su alto promedio. Estas altas y positivas estimaciones de  $\hat{g}_i$  y promedio *per se* muestran una alta varianza aditiva, lo que convierte a estos progenitores en fuertes candidatos para producir buenas progenies. Estos resultados son similares a los encontrados por Gomes *et al.* (2019), quienes afirmaron que los efectos  $\hat{g}_i$  positivos son indicadores útiles para el carácter LDV y, posteriormente, sugirieron que estos podrían ser explotados para la obtención de líneas superiores de habichuela.

De forma general, se pudo observar que para los caracteres PPV y LDV, los progenitores 1 (G17723) y 6 (G51158), manifestaron efectos positivos y altos de HCG (acción de genes aditivos), mientras para el carácter NVP, fueron los progenitores 4 (G18212)

y 5 (G16806) y para el carácter PPP, lo fueron los progenitores 5 (G16806) y 6 (G51158), por tanto, se pueden utilizar como progenitores en un programa de hibridación, para obtener recombinantes superiores en la progenie.

**Efectos de la habilidad combinatoria específica ( $\hat{S}_{ij}$ ).** En la tabla 3, se muestran las estimaciones de los efectos de HCE ( $\hat{S}_{ij}$ ). Los efectos de  $\hat{S}_{ij}$  permiten identificar progenitores con buena complementariedad, teniendo en cuenta la frecuencia de genes con efectos no aditivos (Benin *et al.* 2009). Cruz *et al.* (2012) afirman que los híbridos más prometedores serán aquellos que muestren efectos elevados de HCE y que provienen del cruzamiento de progenitores divergentes, donde al menos uno de ellos tiene una HCG alta. De este modo, los híbridos 1×2 y 3×5 tuvieron los mayores efectos positivos de  $\hat{S}_{ij}$  y alto rendimiento *per se*, para el carácter número de vainas por planta (NVP), lo que confirma aún más la superioridad de la acción génica no aditiva en la herencia de este carácter. Los altos efectos de HCE, derivados de progenitores con HCG bajo × bajo y bajo × alto, pueden ser debidos a la complementación de loci, con valores altos y bajos de reducida combinación (Raut *et al.* 2017). De manera similar, la participación de dos combinadores pobres y un combinador pobre por uno alto también produjo cruzamientos potenciales, como se informó por Ayo-Vaughan *et al.* (2013) y Owusu *et al.* (2018), en Caupí, para el carácter número de vainas por planta.

Para el carácter producción por planta (PPP), las estimaciones positivas de  $\hat{S}_{ij}$  y rendimientos *per se* más altos pertenecen a los híbridos 1×2; 1×5; 1×6; 2×6; 4×5 y 5×6. Estos mismos híbridos mostraron, más allá de un valor de  $\hat{S}_{ij}$  alto, al menos, un progenitor con un valor de HCG alto, lo cual, es deseable. Estos resultados sugieren el importante papel de acción génica no aditiva en la herencia del carácter producción por planta. La HCE es principalmente una función de las varianzas de dominancia, que ayuda a identificar las combinaciones híbridas superiores para la explotación comercial de la heterosis. Resultados similares fueron reportados por Owusu *et al.* (2018), Nayak *et al.* (2018) y Priya *et al.* (2018).

Los resultados de la HCE, para el peso promedio de las vainas (PPV), mostraron que los híbridos 1×2, 1×6 y 2×6, registraron los valores más altos de  $\hat{S}_{ij}$  y rendimiento *per se*, en el que, al menos, uno o ambos progenitores tuvieron un valor positivo y alto de HCG, lo que indica que estas combinaciones híbridas tienen un alto potencial para avanzar a la homocigosidad, con una posterior selección de líneas fijas para este carácter. Estos resultados coinciden con los presentados por Rodrigues *et al.* (2016) y Nayak *et al.* (2018), quienes mostraron altos rendimientos en el carácter peso promedio de la vaina, a partir de progenitores con altas y bajas estimaciones de HCG y la posterior obtención de combinaciones híbridas sobresalientes.

En cuanto al carácter de longitud de vaina (LDV), los híbridos 1×2, 1×6 y 5×6 presentaron las estimaciones más altas de  $\hat{S}_{ij}$  y rendimientos *per se*. En estos cruzamientos intervienen, tanto líneas con alta HCG como con valores bajos y negativos. En este sentido,

los híbridos de mayor longitud fueron el resultado de cruzar dos líneas de altos efectos positivos de HCG (progenitores 1 y 6) y, al menos, una línea de alta HCG; combinaciones híbridas similares fueron obtenidas por Rodrigues *et al.* (2016), Owusu *et al.* (2018) y Priya *et al.* (2018). Por lo tanto, se establece que las combinaciones híbridas con valores altos de HCE se pueden considerar en un programa de mejoramiento genético por hibridación.

El análisis de la HCE mostró que el híbrido 1×2 fue el que presentó los valores más altos y positivos para todas las variables estudiadas. La combinación híbrida entre los progenitores 1 (G17723) y 2 (G23956) puede ser explotada en el futuro en un programa de mejoramiento, debido a su potencial para generar líneas superiores para producción y sus componentes.

**Agradecimientos.** Los autores expresan su especial agradecimiento a los Doctores Fredy A. Salazar Villareal y Myriam del Carmen Salazar Villareal. **Conflictos de intereses:** El manuscrito fue preparado y revisado con la participación de todos los autores, quienes declaramos que no existe ningún conflicto de intereses que ponga en riesgo la validez de los resultados presentados. **Contribución de los autores:** Mayra Contreras Rojas, Franco Alirio Vallejo y Sanin Ortiz diseñaron los experimentos y revisaron el artículo. Mayra Contreras Rojas realizó el trabajo de campo, análisis de los datos y redacción del artículo. **Financiación:** Este estudio fue financiado por la División de investigación y extensión de la Universidad Nacional de Colombia -sede Palmira.

## REFERENCIAS

1. ALVES FRANCELINO, F.M.; DE AMARAL GRAVINA, G.; COIMBRA MANHÃES, C.M.; RIBEIRO CARDOSO, P.M.; CORDEIRO DE ARAÚJO, L. 2011. Evaluation of promising of snap bean to the North and Northwest Fluminense. *Revista Ciência Agronômica*. 42(2):554-562. <https://doi.org/10.1590/S1806-66902011000200039>
2. ARUNGA, E.E.; VAN RHEENEN, H.A.; OWUOCHE, J.O. 2010. Diallel analysis of Snap bean (*Phaseolus vulgaris* L.) varieties for important traits. *African Journal of Agricultural Research*. 5(15):1951-1957.
3. AYO-VAUGHAN, M.A.; ARIYO, O.J.; ALAKE, C.O. 2013. Combining ability and genetic components for pod and seed traits in cowpea lines. *Italian Journal of Agronomy*. 8(2):73-78. <https://doi.org/10.4081/ija.2013.e10>
4. BAENA GARCÍA, D. 2012. Diseño de experimentos en investigación agropecuaria: Planeación, análisis e interpretación de resultados. Universidad Nacional de Colombia (Colombia).
5. BARRAZA-ALVAREZ, F.V. 2021. La horticultura y su relación con las expresiones socioculturales que unen a los pueblos del mundo. *Hombre, Ciencia y Tecnología*. 25(3):1-7.

6. BENIN, G.; DA SILVA, G.O.; PAGLIOSA, E.S.; LEMES, C.; SIGNORINI, A.; BECHE, E.; CAPELIN, M.A. 2009. Capacidade de combinação em genótipos de trigo estimada por meio de análise multivariada. Pesquisa Agropecuária Brasileira. 44(9):1145-1151. <https://doi.org/10.1590/S0100-204X2009000900012>
7. CORDEIRO DE ARAÚJO, L.; DE AMARAL GRAVINA, G.; MARINHO, C.D.; COSTA DE ALMEIDA, S.N.; FIGUEIREDO DAHER, R.; TEIXEIRA DO AMARAL JÚNIOR, A. 2012. Contribution of components of production on snap bean yield. Crop Breeding and Applied Biotechnology. 12(3):206-210. <https://doi.org/10.1590/S1984-70332012000300007>
8. CRUZ, C.D. 2020. Programa genes. aplicativo computacional em genética e estatística. Universidade Federal de Viçosa. Disponível desde Internet en: [www.ufv.br/dbg/genes/genes.htm](http://www.ufv.br/dbg/genes/genes.htm) (con acceso 05/02/2021).
9. CRUZ, C.D.; REGAZZI, A.J.; CARNEIRO, P.C.S. 2004. Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético. Volumen 1, tercera edición. Editora Universidade Federal de Viçosa. (Brasil). 480p.
10. CRUZ, C.D.; REGAZZI, A.J.; CARNEIRO, P.C.S. 2012. Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético. Volumen 1, cuarta edición. Editora Universidade Federal de Viçosa (Brasil). 514p.
11. CUNHA DIAS, F.T.; CAMPOS DE MAGALHÃES BERTINI, C.H.; RODRIGUES FREIRE FILHO, F. 2016. Genetic effects and potential parents in cowpea. Crop Breeding and Applied Biotechnology. 16(4):315-320. <https://doi.org/10.1590/1984-70332016v16n4a47>
12. DA ROCHA, F.; STINGHEN, J.C.; GEMELI, M.S.; COIMBRA, J.L.M.; GUIDOLIN, A.F. 2014. Diallel analysis as a tool when selecting parents for beans. Revista Ciência Agronômica. 45(1):74-81. <https://doi.org/10.1590/S1806-66902014000100010>
13. DA SILVA, M.P.; AMARAL JÚNIOR, A.T.; RODRIGUES, R.; DAHER, R.F.; LEAL, N.R.; SCHUELTER, A.R. 2004. Análise dialélica da capacidade combinatória em feijão-de-vagem. Horticultura Brasileira. 22(2):277-280. <https://doi.org/10.1590/S0102-05362004000200022>
14. DAS, I.; SETH, T.; DURWAS, S.V.; DUTTA, S.; CHATTOPADHYAY, A.; SINGH, B. 2014. Gene action and combining ability for yield and yield component traits in Dolichos bean (*Dolichos lablab* var. *typicus*). Sabrao Journal of Breeding and Genetics. 46(2):293-304.
15. FAYAZ AHMAD, S.; PARVAIZ AHMAD, S.; SHABIR HUSSAIN, W.; MOHAMMAD NISAR, K.; ZAHOOR AHMED, D.; JAVEED AHMED, L. 2016. Stability analysis in bush type Rajmash (*Phaseolus vulgaris* L.) under temperate Kashmir conditions. International Journal of Agriculture, Environment and Biotechnology. 9(5):745. <https://doi.org/10.5958/2230-732X.2016.00097.8>
16. FOOD AND AGRICULTURE ORGANIZATION OF THE UNITED NATIONS - FAO. 2021. FAOFAOSTAT. Base de datos, cultivos (producción). Disponible desde Internet en: <https://www.fao.org/faostat/es/#data/QCL> (con acceso el 09/12/21).
17. GETACHEW, E.A.; MOHAMMED, A.; TESFAYE, A. 2015. Impact of sowing date and plant spacing on yield, quality and disease incidence of snap bean (*Phaseolus vulgaris* L.) varieties at Jimma Southwestern, Ethiopia. Global Advanced Research Journal of Educational Research and Review. 4(5):81-89.
18. GLOVER, M.A.; WILLMOT, D.B.; DARRAH, L.L.; HIBBARD, B.E.; ZHU, X. 2005. Diallel analyses of agronomic traits using Chinese and US maize germplasm. Crop Science. 45(3):1096-1102. <https://doi.org/10.2135/cropsci2004.0493>
19. GOMES, A.B.S.; OLIVEIRA, T.R.A.; GRAVINA, G.A.; CRUZ, D.P.; SANT'ANNA, C.Q.S.S.; DAHER, R.F.; ARAÚJO, L.C.; ARAÚJO, K.C.; OLIVEIRA, G.H.F.; ROCHA, R.S.; PEREIRA, I.M. 2019. Combining ability in snap bean lines in Brazil. Genetics and Molecular Research. 18(2):1-9. <https://doi.org/10.4238/gmr18214>
20. GRIFFING, B. 1956. Concept of general and specific combining ability in relation to diallel crossing systems. Australian Journal of Biological Sciences. 9(4):463-493. <https://doi.org/10.1071/BI9560463>
21. IQBAL, A.M.; NEHVI, F.A.; WANI, S.A.; HENNA, Q.; DAR, Z.A.; LONE, A.A. 2011. Genetic studies in relation to yield and quality traits in rajmash (*Phaseolus vulgaris* L.). Journal of Plant Breeding and Crop Science. 3(1):8-13.
22. KRAUSE, W.; RODRIGUES, R.; LEAL, N.R. 2012. Capacidade combinatória para características agronômicas em feijão-de-vagem. Revista Ciência Agronômica. 43(3):522-531. <https://doi.org/10.1590/S1806-66902012000300015>
23. MACHADO, A.T. 2014. Construção histórica do melhoramento genético de plantas: do convencional ao participativo. Revista Brasileira de Agroecologia. 9(1):35-50.
24. MINISTERIO DE AGRICULTURA Y DESARROLLO RURAL - MADR. 2021. Agronet. Obtenido de Área,

- producción y rendimiento nacional por cultivo. Disponible desde internet en:  
<https://www.agronet.gov.co/estadistica/Paginas/home.aspx?c od=1> (con acceso 08/12/21).
25. MOUNIR, A.M.; EL-YAZID, A.A.; ORABI, I.O.A.; ZAHARAN, A.A.; EL-OKSH, I.I. 2015. Effect of sowing date, gamma irradiation and intracultivar differences on growth, pod characteristics and some endogenous plant growth regulators in snap Beans. *World Journal of Agricultural Sciences*. 11(6):380-390.  
<https://doi.org/10.5829/idosi.wjas.2015.11.6.1891>
  26. NAYAK, N.J.; MAURYA, P.K.; MAJI, A.; MANDAL, A.R.; CHATTOPADHYAY, A. 2018. Combining ability and genetic control of pod yield and component traits in dolichos bean. *International Journal of Vegetable Science*. 24(4):390-403.  
<https://doi.org/10.1080/19315260.2018.1423598>
  27. ORTIZ GRISALES, S.; VALDÉS RESTREPO, M.P.; VALLEJO CABRERA, F.A. 2020. Efecto de la endocrina sobre habilidad combinatoria del rendimiento y calidad en zapallo (*Cucurbita moschata* Duchesne). *Revista U.D.C.A Actualidad & Divulgación Científica*. 23(1):e1176.  
<https://doi.org/10.31910/rudca.v23.n1.2020.1176>
  28. OWUSU, E.Y.; AMEGBOR, I.K.; DARKWA, K.; OTENG-FRIMPONG, R.; SIE, E.K. 2018. Gene action and combining ability studies for grain yield and its related traits in cowpea (*Vigna unguiculata*). *Cogent Food & Agriculture*. 4(1):1519973.  
<https://doi.org/10.1080/23311932.2018.1519973>
  29. OWUSU, E.Y.; MOHAMMED, H.; MANIGBEN, K.A.; ADJEBENG-DANQUAH, J.; KUSI, F.; KARIKARI, B.; SIE, E.K. 2020. Diallel analysis and heritability of grain yield, yield components, and maturity traits in cowpea (*Vigna unguiculata* (L.) Walp.). *The Scientific World Journal*. 2020:9390287.  
<https://doi.org/10.1155/2020/9390287>
  30. PANDEY, Y.R.; GAUTAM, D.M.; THAPA, R.B.; SHARMA, M.D.; PAUDYAH, K.P. 2011. Variability of French bean in the western mid hills of Nepal. *Kasetsart Journal Natural Science*. 45:780-792.
  31. PEREIRA DA SILVA, V.P.; APARECIDO BARELLI, M.A.A.; FELIPIN-AZEVEDO, R.; PARISOTTO POLETINE, J.P.; SANTOS BERNINI, C. 2020. Agronomic Performance and Heterosis in Common Bean Genotypes. *Journal of Agricultural Studies*. 8(4):387-399.  
<https://doi.org/10.5296/jas.v8i4.17329>
  32. PEREIRA LEITE, P.H.M.; PEREIRA DA SILVA, V.; SANTANA GILIO, T.A.; AZEVEDO, R.F.; CARVALHO DE OLIVEIRA, T.C.; APARECIDO BARELLI, M.A.A. 2019. Diversidade genética em cultivares e linhagens de feijão comum (*Phaseolus vulgaris* L.) utilizando análises multivariadas. *Revista Cultura Agronômica*. 28(3):268-279.  
<https://doi.org/10.32929/2446-8355.2019v28n3p268-279>
  33. PRIYA, R.D.; THANGARAJ, K.; GNANAMALAR, R.P.; SENTHIL, N. 2018. Combining ability studies for grain yield and its component traits in cowpea (*Vigna unguiculata* (L.) Walp). *Electronic Journal of Plant Breeding*. 9(3):941-947.  
<https://doi.org/10.5958/0975-928X.2018.00117.5>
  34. RAUT, D.M.; TAMNAR, A.B.; BURUNGAL, S.V.; BADHE, P.L. 2017. Half diallel analysis in cowpea [*Vigna unguiculata* (L.) Walp.]. *International Journal of Current Microbiology and Applied Sciences*. 6(7):1807-1819.  
<https://doi.org/10.20546/ijcmas.2017.607.218>
  35. REIS FILGUEIRA, F.A. 2013. Parte II-Olericultura especial. Novo manual de olericultura: agrotecnologia moderna na produção e comercialização de hortaliças. Tercera edição. Editora Universidade Federal de Viçosa (Brasil). 421p.
  36. RODRIGUES, E.V.; DAMASCENO-SILVA, K.A.; DE MOURA ROCHA, M.; ALVES BASTOS, E.; DOS SANTOS, A. 2018. Diallel analysis of tolerance to drought in Cowpea genotypes. *Revista Caatinga Mossoró*. 31(1):40-47.  
<https://doi.org/10.1590/1983-21252018v31n105rc>
  37. RODRIGUES, E.V.; DAMASCENO-SILVA, K.J.; ROCHA, M.M.; BASTOS, E.A. 2016. Diallelic analysis to obtain cowpea (*Vigna unguiculata* L. Walp.) populations tolerant to water deficit. *Genetics and Molecular Research*. 15(2).  
<https://doi.org/10.4238/gmr.15027996>
  38. SÁNCHEZ DEL CASTILLO, F.; DURÁN PAREDES, M.G.; MORENO PÉREZ, E.D.C.; MAGDALENO VILLAR, J.J. 2017. Variedades y densidades de población de frijol ejotero cultivado bajo invernadero e hidroponía. *Revista Mexicana de Ciencias Agrícolas*. 8(5):1187-1193.  
<https://doi.org/10.29312/remexca.v8i5.117>
  39. TAHA, N.M. 2019. Genotype × environment interaction and stability analysis for some economic characters in snap bean. *Arab Universities Journal of Agricultural Sciences*. 27(2):1541-1558.  
<https://doi.org/10.21608/AJS.2019.11880.1016>
  40. UNITED STATES DEPARTMENT OF AGRICULTURE - USDA. 2019. Disponibilidad y consumo de alimentos del USDA. Disponible desde internet en:  
<https://www.ers.usda.gov/data-products/ag-and-food-statistics-charting-the-essentials/food-availability-and-consumption/> (con acceso 12/07/2021).

41. VALLEJO, F.A.; ESTRADA, E.I. 2013. Mejoramiento genético de plantas. Segunda edición. Universidad Nacional de Colombia (Colombia). 456p.
42. VIDYAKAR, V.; LAL, G.M.; SINGH, M.K.; KUMAR, A. 2017. Study on genetic diversity in French bean (*Phaseolus vulgaris* L.). Journal of Pharmacognosy and Phytochemistry, New Delhi. 6(6):184-187.
43. WHANKATE, R.A.; GARANDE, V.K.; SHINDE, U.S.; DHUMAL, S.S.; SONAWANE, P.N.; SARVADE, S.A.; AMBAD, S.N. 2021. Growth and yield performance of french bean (*Phaseolus vulgaris* L.) germplasm under sub-montane zone of Maharashtra. Legume Research: An International Journal. 44(2):138-144. <https://doi.org/10.18805/LR-4249>
44. YANCHUK, A.D. 1996. General and specific combining ability from disconnected partial diallels of coastal douglas-fir. Silvae Genetica. 45(1):37-45.