

### INTRODUCCIÓN

El frijol común (*Phaseolus vulgaris* L.) es un cultivo importante para la seguridad alimentaria y económica de la República Dominicana. En los últimos años la productividad de las variedades locales se ha reducido debido a factores bióticos como plagas y enfermedades, especialmente el virus del Mosaico Dorado Amarillo del Frijol (MDAF) Begomovirus (Geminiviridae), transmitido por la mosca blanca *Bemisia tabaci* Gennadius biotipo B (Homoptera: Aleyrodidae), otros virus Mosaico Común (MC) y Mosaico Necrótico Común (MNCF) (Potyvirus, Potyviridae), transmitidos por diversas especies de áfidos y la bacteriosis común (BC) (*Xanthomonas axonopodis* pv. *phaseoli* (Smith) Vauterin et al. (Godoy et al. En el proyecto "Amplitud de la base genética del frijol común (*Phaseolus vulgaris* L.) para su adaptación a limitantes bióticas y abióticas provocadas por el cambio climático utilizamos la plataforma de genotipificación como KASP (Kompetitive Allele Specific PCR) para el análisis de polimorfismo del nucleótido único (SNP, por sus siglas en inglés) (Raatz et al. 2019) para identificar regiones genómicas asociadas al MDAF, y demás enfermedades, lo que facilita la ampliación de la base genética del cultivo y la introgresión de genes deseables en el programa de mejoramiento local.

### MATERIALES Y MÉTODOS

Se seleccionaron 20 semillas de 63 líneas (cruces con germoplasma local e introducido de Honduras y Puerto Rico) y 14 variedades testigo que mostraron mayor tolerancia a las enfermedades importantes como el MDAF, MCF, MNCF y la bacteriosis común en 5 localidades en San Juan (Fig.1). Las muestras de semillas fueron germinadas para extraer ADN (Ácido desoxirribonucleico) de cada línea/ variedad con un kit comercial DNeasy Plant Pro (Qiagen, Valencia, CA, USA), luego el ADN de cada línea/variedad fue secuenciado en un ABI PRISM 3700 DNA analizador en la plataforma Intertek (para un análisis automatizado con un panel de 20 marcadores KASP (Kompetitive Allele Specific PCR) para validar la presencia/ausencia o mutaciones de un nucleótido a nivel de los alelos asociados con resistencia a enfermedades. Los marcadores usados para el genotipado fueron: bc-3, PvelF4E1/3,4\_PvelF4E2/I gene/ 02.48.2799bc-1/ 03.04.0573 bc-ud/ 05.34.7830, ALSChr04\_GC\_43800347, CBB\_06\_TC\_9138316/SAP6\_CBB\_801/SU91, CB\_00005, BGM-1\_03\_2446460/ BGY8.1 QTL/ BGY4.1 QTL, Ur-3, C11\_50646133/Ur-11, C11\_51904022, Ur-4, ss135/Ur-7, C11\_51719056Co-1/ y Co-3\_ANT\_ss715640025 WMS.4 QTL, (SD\_07\_TC\_28765329 y SW12. Los datos obtenidos con las variables binarias de caracteres cualitativos se transfirieron a una tabla de contingencia y se analizó la estructura o diversidad en la colección por medio del análisis de coordenadas principales con el programa PAST 4.17 (Hammer and Harper 2024)



Fig 1. Ensayos para evaluar reacción de los genotipos del frijol común a dos enfermedades importantes: Bacteriosis Común y el Mosaico Dorado amarillo del Frijol, respectivamente. EEAR, San Juan 2021

### RESULTADOS Y DISCUSIONES

En base a un análisis los gráficos bidimensionales de coordenadas obtenidos en función de los marcadores KASP asociados a resistencia al MDAF y las demás enfermedades se observa una estructura poblacional de 3 grupos mayores para los genotipos negro/blanco (Mesoamericanos) y rojo/yacomelo (Andinos) cada uno. Las dos principales coordenadas explican el 61.4% de la varianza para los genotipos rojo/yacomelo y un 55.1% para los genotipos negro/blanco respectivamente. Los genotipos en los grupos II en ambos gráficos amplificaron para los marcadores para alelos asociados con resistencia a las enfermedades MDAF, MC, MNCF y BC.

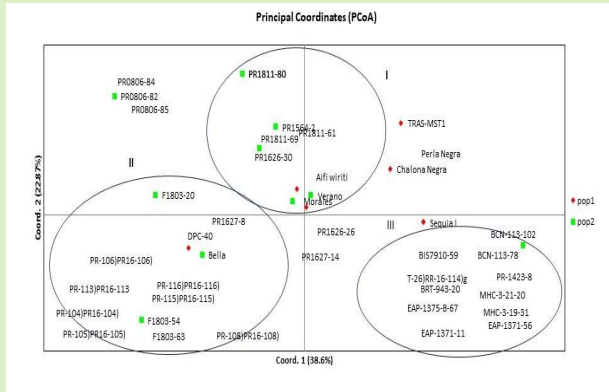


Fig 2. Gráfico bi-dimensional del análisis de coordenadas principales en función de los marcadores KASP asociados a la resistencia de siete enfermedades del frijol común. En el gráfico se distinguen la estructura genética con cuatro grupos de genotipos de coloración negro/blanco de la colección de frijol común de la República Dominicana. Pop 1: Variedades comerciales. Pop 2: Genotipos de diferentes linajes evaluados en este proyecto.

Todas las variedades locales tipo rojo-yacomelo y negro/blanco (excepto DPC-40) poseen uno o ningún alelo asociado con las enfermedades de importancia económica antes descritas. De los grupos II se seleccionaron doce genotipos, en base a otras características relacionadas con los componentes de la producción y valor mercadeable de los granos. Estos genotipos, con valor comercial similar a las variedades comerciales locales, son candidatos para registro y liberación como variedades o como fuente de resistencia para mejoramiento del cultivo en la República Dominicana.

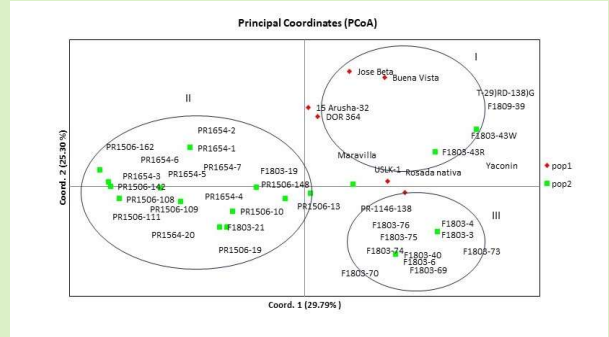


Fig 3. Gráfico bi-dimensional del análisis de coordenadas principales en función de los marcadores KASP asociados a la resistencia de siete enfermedades del frijol común. En el gráfico se distinguen la estructura genética con tres grupos de genotipos de coloración rojo/yacomelo de la colección de frijol común de la República Dominicana. Pop 1: Variedades comerciales. Pop 2: Genotipos de diferentes linajes evaluados en este proyecto.



Fig 4. Características y coloración de granos de 9 de 12 genotipos seleccionados con altos niveles de resistencia al MDAF, MCF, MNCF y BC.

### CONCLUSIÓN

Por medio de ensayos de campo tradicionales y el análisis KASP (Kompetitive Allele Specific PCR) se identificaron 12 genotipos de variada coloración con altos niveles de resistencia a las principales enfermedades del frijol común. La aplicación de estas nuevas tecnologías acorta el tiempo de desarrollo de variedades resistentes en más de un 40% y con menor uso de recursos en comparación con los métodos tradicionales que dependen de la evaluación fenotípica. También permite indirectamente bajo condiciones en la que muchas veces, en algunos años, la enfermedad está ausente y no realizar las evaluaciones fenotípicas.

### RECOMENDACIONES

Acelerar el registro y liberación de nuevas variedades con múltiples alelos o loci de resistencia a enfermedades que contribuyan a ampliar el acervo genético del cultivo. El uso de nuevas tecnologías como KASP asegura el desarrollo de variedades con resistencia más estable y duradera.

### AGRADECIMIENTO

Al Ministerio de Educación Superior Ciencia y Tecnología (MESCyT) por el financiamiento del proyecto IDIAF "Amplitud de la base genética del frijol común (*Phaseolus vulgaris* L.) para su adaptación a limitantes bióticas y abióticas provocadas por el cambio climático" (MESCyT-IDIAF-2016-2017-044 No. 042-2018), dentro del cual se realizó esta investigación, a través del Fondo Nacional de Innovación y Desarrollo Científico y Tecnológico (FONDOCYT).

### BIBLIOGRAFÍA

- Hammer, Ø. & Harper, D.A.T. 2024. *Paleontological Data Analysis*, 2nd ed. Elsevier
- Godoy Lutz, G., Y. Segura y J. Arias. 2013. *Principales enfermedades y plagas del cultivo. In: Compendio para el manejo integrado del cultivo de habichuela en la República Dominicana. F. Oviedo (2013) Instituto Dominicano de Investigaciones Agropecuarias y Forestales (IDIAF). Santo Domingo, DO. 118p*
- Raatz, B., Mukankusi, C., Lobaton, J.D. et al. *Analyses of African common bean (Phaseolus vulgaris L.) germplasm using a SNP fingerprinting platform: diversity, quality control and molecular breeding. Genet Resour Crop Evol* **66**, 707–722 (2019). <https://doi.org/10.1007/s10722-019-00746-0>