

## Selección individual en genotipos nativos de frijol común (*Phaseolus vulgaris* L.) usando parámetros genéticos derivados de los componentes del rendimiento

### Individual selection in native common bean (*Phaseolus vulgaris* L.) genotypes using genetic parameters derived from yield components

Donald Juárez Gámez<sup>1</sup>, Roberto Carlos Larios González<sup>2</sup>, Ronaldo Alfredo Calderón Matey<sup>3</sup>, José Adán Huete Pérez<sup>4</sup>, Marcos Gabriel Rivera González<sup>5</sup>

<sup>1</sup> MSc. Plant Production Biology, Profesor Titular, ORCID: <https://orcid.org/0009-0004-6141-4730> / [donald.juarez@ci.una.edu.ni](mailto:donald.juarez@ci.una.edu.ni)

<sup>2</sup> MSc. Agroecología y Desarrollo Sostenible, Profesor Titular, ORCID: <https://orcid.org/0000-0003-4290-2216> / [roberto.larios@ci.una.edu.ni](mailto:roberto.larios@ci.una.edu.ni)

<sup>3</sup> MSc. Mejoramiento genético, Profesor Titular, ORCID: <https://orcid.org/0009-0007-2497-4909> / [ronaldo.calderon@ci.una.edu.ni](mailto:ronaldo.calderon@ci.una.edu.ni)

<sup>4</sup> Ingeniero Agrónomo, graduado Universidad Nacional Agraria, ORCID: <https://orcid.org/0009-0002-2936-2702> / [adan19huete@gmail.com](mailto:adan19huete@gmail.com)

<sup>5</sup> Ingeniero Agrónomo, graduado Universidad Nacional Agraria, ORCID: <https://orcid.org/0009-0008-8065-6953> / [marcosgabir@gmail.com](mailto:marcosgabir@gmail.com)  
Dirección de Ciencias Agrícolas, Universidad Nacional Agraria



#### RESUMEN

La selección individual es una estrategia en el mejoramiento genético vegetal que permite identificar individuos con características agronómicas deseables. El objetivo de esta investigación fue determinar parámetros genéticos a partir de componentes del rendimiento para la selección de plantas promisorias en genotipos nativos de frijol común, estudio que se realizó en el Centro Nacional de Desarrollo Tecnológico de Frijol La Compañía, en el municipio de San Marcos, departamento de Carazo, Nicaragua (11°54'30.07" de latitud Norte y 86°10'44.55" de longitud Oeste), a una altura sobre el nivel del mar de 480 metros, precipitación anual entre 1 200 mm y 1 500 mm, temperatura media anual de 24 °C y humedad relativa de 85 %. Se estableció un Diseño de Bloques Aumentados, en el que se consideraron como unidades experimentales las plantas individuales de seis genotipos de frijol rojo nativo (Parcela, Rojo Seda, INTA Rodeo, Seda Rojo, INTA Rojo Acriollado, Rojo Seda Carrizal), considerados como el tratamiento no común, y la variedad INTA Rojo como comparador (tratamiento común), replicados en cuatro bloques. Las variables estuvieron centradas en parámetros agronómicos y genéticos como vainas por planta,

#### ABSTRACT

Individual selection is a strategy in plant breeding that enables the identification of individuals with desirable agronomic traits. The objective of this research was to determine genetic parameters based on yield components for the selection of promising plants in native common bean genotypes. The study was conducted at the Centro Nacional de Desarrollo Tecnológico de Frijol "La Compañía," in the municipality of San Marcos, department of Carazo, Nicaragua (11°54'30.07" North latitude and 86°10'44.55" West longitude), at an altitude of 480 meters above sea level, with an annual rainfall between 1 200 mm and 1 500 mm, a mean annual temperature of 24 °C, and a relative humidity of 85%. An augmented block design was established, where individual plants of six native red bean genotypes (Parcela, Rojo Seda, INTA Rodeo, Seda Rojo, INTA Rojo Acriollado, Rojo Seda Carrizal) were considered as the experimental units and treated as the non-common treatments, while the INTA Rojo variety served as the check (common treatment), replicated across four blocks. The variables focused on agronomic and genetic parameters, including pods per plant, number of seeds per pod, 100-seed weight, yield per plant, genotypic variance, phenotypic

Recibido: 4 de diciembre del 2025  
Aceptado: 15 de junio del 2026



Los artículos de la revista La Calera de la Universidad Nacional Agraria, Nicaragua, se comparten bajo términos de la licencia Creative Commons: Reconocimiento, No Comercial, Compartir Igual. Las autorizaciones adicionales a las aquí delimitadas se pueden obtener en el correo [donald.juarez@ci.una.edu.ni](mailto:donald.juarez@ci.una.edu.ni)

© Copyright 2026. Universidad Nacional Agraria (UNA).

## CIENCIA DE LAS PLANTAS

número de semillas por vaina, peso de 100 semillas, rendimiento por planta, varianza genotípica, varianza fenotípica, heredabilidad, ganancia genética y correlación genética en función de los componentes del rendimiento. Los parámetros genéticos y selección de plantas superiores se estimaron conforme a los componentes del rendimiento, utilizando el modelo lineal mixto 74 del software SELEGEN REML-BLUP (Máxima Verosimilitud Restringida-Mejor Predicción Lineal Inssegada). De los componentes del rendimiento, el número de semillas por vaina es el carácter que más aporta al rendimiento por planta, por lo que se considera el más relevante para la selección de individuos superiores.

**Palabras clave:** mejoramiento genético, carácter, plantas promisorias, plantas individuales, parámetros agronómicos, parámetros genéticos.

variance, heritability, genetic gain, and genetic correlation based on the yield components. Genetic parameters and the selection of superior plants were estimated on the basis of the yield components using the mixed linear model 74 of the SELEGEN REML-BLUP software (Restricted Maximum Likelihood/Best Linear Unbiased Prediction). Among the yield components, the number of seeds per pod is the trait that contributes the most to yield per plant; therefore, it is considered the most relevant criterion for the selection of superior individuals.

**Keywords:** Plant breeding, trait, promising plants, individual plants, agronomic parameters, genetic parameters.

**L**a selección individual constituye una herramienta fundamental en los programas de mejoramiento genético, permitiendo identificar y preservar individuos con características morfológicas, fenológicas y productivas superiores dentro de poblaciones heterogéneas.

En Nicaragua el frijol común (*Phaseolus vulgaris* L.) es un cultivo de importancia para la seguridad alimentaria y la economía, e involucra a miles de familias productoras que depende estrechamente de este cultivo, en su mayoría pequeños productores.

Según el Instituto Nacional de Información de Desarrollo y el Ministerio Agropecuario y Forestal (INIDE y MAGFOR, 2011), del 100 % de las Explotaciones Agropecuarias en Nicaragua, 88.45 % utilizan semilla criolla.

El material genético criollo o nativo representa, un acervo de adaptación local invaluable para la resiliencia de los sistemas de producción.

La caracterización y el mejoramiento de los materiales nativos son estrategias indispensables para enfrentar el cambio climático; la inestabilidad en el rendimiento del frijol se atribuye significativamente a la falta de resiliencia ante estreses bióticos (como plagas y enfermedades) y abióticos (sequías y altas temperaturas), factores de mayor desafío para la productividad (Peralta, 2018).

El mejoramiento genético enfocado en la utilización de los recursos fitogenéticos locales no es solo una necesidad técnica, sino un imperativo socioproductivo, contemplado en El Plan Nacional de Producción, Consumo y Comercio 2025-2026 de Nicaragua, que dicta acciones que forman parte de una estrategia integral para incrementar la productividad, resiliencia y sostenibilidad del sector agropecuario (Gobierno de Reconciliación y Unidad Nacional [GRUN], 2025).

La estimación de parámetros genéticos derivados de los componentes del rendimiento se utiliza para optimizar la eficiencia en la selección de plantas superiores, lo que permite

identificar con mayor precisión genotipos promisorios entre las poblaciones nativas. La precisión en la identificación de estos genotipos se incrementa significativamente al evaluar parámetros como la heredabilidad y la ganancia genética esperada (Oliveira *et al.*, 2021). Estos indicadores permiten generar ganancias genéticas totales superiores al 40 %, permitiendo una selección más equilibrada de múltiples caracteres agronómicos simultáneamente (Val *et al.*, 2017; Oliveira *et al.*, 2021). Para maximizar la eficiencia en estas etapas, el uso de modelos mixtos permite predecir valores genotípicos con mayor exactitud, facilitando la toma de decisiones incluso en poblaciones grandes con efectos genéticos complejos (Machado *et al.*, 2023).

Esta investigación tiene como objetivo determinar parámetros genéticos a partir de componentes del rendimiento para la selección de plantas promisorias en genotipos nativos de frijol común.

### MATERIALES Y MÉTODOS

**Ubicación y condiciones del área de estudio.** Esta investigación se desarrolló en el Centro Nacional de Desarrollo Tecnológico de Frijol “La Compañía”, localizada en el municipio de San Marcos, departamento de Carazo, en las coordenadas 11°54'30.07" de latitud Norte y 86°10'44.55" de longitud Oeste, a una altura sobre el nivel del mar de 480 metros, con precipitación anual entre 1 200 mm y 1 500 mm, temperatura media anual de 24 °C y humedad relativa de 85 % (Instituto Nicaragüense de Estudios Territoriales [INETER], 2016).

**Diseño experimental.** Se estableció un Diseño de Bloques Aumentados. Se consideraron como unidades experimentales a las plantas individuales. Los seis genotipos de frijol rojo nativo (Parcela, Rojo Seda, INTA Rodeo, Seda Rojo, INTA Rojo Acriollado, Rojo Seda Carrizal) y la variedad INTA Rojo (comparador), se replicaron en cuatro bloques, cada uno

**CIENCIA DE LAS PLANTAS**

con siete parcelas de 12 m<sup>2</sup> (3 m x 4 m) conformados por tres surcos de 25 plantas distanciados a 0.6 metros y a 0.2 metros entre plantas. El material nativo proviene de distintos departamentos del país, conservados en el Banco Nacional de Germoplasma del Instituto Nicaragüense de Tecnología Agropecuaria (INTA) y el comparador clasificado como semilla genética del INTA. Se consideraron dos tipos de tratamientos, uno común constituido por la variedad INTA Rojo, que sirvió en este proceso como un comparador para corregir varianza y ajustar medias y el tratamiento no común, conformado por los seis genotipos nativos de frijol rojo.

La siembra se realizó el 23 de mayo del 2022, usando labranza mínima (chapoda y rayado mecanizado). La fertilización edáfica se realizó al momento de la siembra con la fórmula 18-46-0 y dosis de 52 kg ha<sup>-1</sup>; a los 20 días después de la germinación se aplicó urea al 46 % a razón de 52 kg ha<sup>-1</sup>; se utilizaron estas dosis debido a que mayores cantidades de fertilizantes, promueven en genotipos nativos un exceso en el desarrollo vegetativo y reducción en el rendimiento. También se realizaron fertilizaciones complementarias de manera foliar: durante el desarrollo vegetativo se aplicó 1 kg ha<sup>-1</sup> de 20-20-20, en la floración 1.5 L ha<sup>-1</sup> de 10-11-7 y en la fase de llenado del grano, 1 kg ha<sup>-1</sup> a base de potasio (53.5 %), fósforo (20 %) y micronutrientes. El manejo de arvenses se efectuó cinco días antes de la siembra con la aplicación de 2 L ha<sup>-1</sup> de Glifosato, y de forma mecánica durante los primeros 15 días después de la siembra; también se utilizaron herbicidas selectivos (Fomesafem 25 SL y Fluasifop butill 12.5 EC), ambos con dosis de 1 L ha<sup>-1</sup> a los 22 días después de la siembra. Las enfermedades fungosas se manejaron de manera preventiva mediante el uso de metilbenzimidazol-2-iltarbamato (0.5 L ha<sup>-1</sup>) y sulfato de cobre pentahidratado (1 L ha<sup>-1</sup>).

**Variables evaluadas**

**Componentes del rendimiento.** Se consideró el número de vainas por planta en la fase reproductiva (R<sub>9</sub>), el número de semillas por vaina considerando semillas con buen desarrollo, peso de 100 semillas por planta, en el caso de las plantas que presentaron menos de 100 semillas, sus datos fueron extrapolados, determinando así el peso supuesto de las 100 semillas, y el rendimiento por planta, obtenido del total de semillas por planta, expresados en kg ha<sup>-1</sup>.

**Parámetros genéticos.** Se estimaron los parámetros de varianza genotípica, varianza fenotípica, heredabilidad, ganancia genética y correlación genética en función de los componentes del rendimiento.

**Análisis de información.** Los datos se ordenaron en hojas electrónicas de Microsoft Excel (2023). Los parámetros genéticos y selección de plantas superiores se estimaron conforme a los componentes del rendimiento, utilizando el modelo lineal mixto 74 del software SELEGEN REML-BLUP (Máxima Verosimilitud Restringida-Mejor Predicción Lineal Insesgada) (Resende, 2002).

**RESULTADOS Y DISCUSIÓN**

**Parámetros genéticos.** La heredabilidad indica la proporción en que la influencia de los genes y los factores ambientales contribuyen en la expresión del fenotipo (característica observable) en una población; Stansfield (1984) considera que la heredabilidad es alta cuando el valor supera a 0.5, media entre 0.2 y 0.5 y baja cuando es menor a 0.2. Vencovsky y Barriga (1992), afirman que la heredabilidad puede ser útil en la comparación de caracteres e importante para considerar expectativas de selección.

Se observaron valores bajos de heredabilidad para el número vainas por planta, número de semillas por vaina y rendimiento por planta, lo que sugiere que su variación fenotípica responde principalmente a factores ambientales.

La baja heredabilidad observada para el rendimiento sugiere que el componente ambiental contribuye con la mayor proporción de la varianza fenotípica, lo que dificulta la ganancia genética por selección directa, como lo afirma Maldonado *et al.* (2021); en cambio, el peso de 100 semillas presentó un valor alto, indicando que su variación fenotípica está mayormente influenciada por la estructura genética, esto evidencia la existencia de diferencias genéticas aditivas en los genotipos y permite mayor eficiencia en la selección individual (Cuadro 1). En este contexto, la superioridad de la variación genética se manifiesta cuando los efectos ambientales son menos influyentes en la medición de los valores fenotípicos, permitiendo así una mayor eficiencia en la selección de líneas (Castro-Torres *et al.*, 2021).

**Cuadro 1.** Parámetros genéticos en función de los componentes del rendimiento

Parámetro	Número de vainas por planta	Número de semillas por vaina	Rendimiento por planta (kg ha <sup>-1</sup> )	Peso de 100 semillas (g)
Varianza genotípica	3.344	70.052	3.674	61.841
Varianza fenotípica	87.903	1 680.511	66.683	81.683
Heredabilidad en sentido estricto	0.038	0.041	0.055	0.757
Media	12.024	50.435	9.454	18.221

Valores similares reportaron Anunda *et al.* (2019) y Bagheri *et al.* (2017), quienes obtuvieron datos altos de heredabilidad para el componente peso de 100 semillas (0.86 y 0.89 respectivamente), ambos evaluando variedades de frijol común; al igual que Checa *et al.* (2011), en líneas de frijol arbustivo (0.86). Estudios de variabilidad genética de Araméndiz-Tatis *et al.* (2021) y Cardona-Ayala *et al.* (2013) en líneas de frijol Caupí, respaldan estos resultados (0.94 y

## CIENCIA DE LAS PLANTAS

0.97), demostrando que el peso de 100 semillas destaca como el componente de rendimiento más sobresaliente.

Los componentes de rendimiento se clasifican como caracteres cuantitativos debido a que exhiben una variación continua en la población y están influenciados por múltiples genes y factores ambientales, en este sentido, Klug *et al.* (2006) señalan que, por lo general, pocos de estos caracteres presentan valores altos de heredabilidad. No obstante, la identificación de caracteres con heredabilidad alta, como el peso de 100 semillas, facilita estrategias de mejoramiento mediante selección indirecta cuando los rasgos de interés principal, como el rendimiento, muestran una fuerte interacción con el entorno (Román-Avilés y Beaver, 2003; Valencia Ramírez *et al.*, 2022).

Acqaah (2007) afirma que, en el caso de frijol, los caracteres relacionados a la robustez reproductiva tienden a presentar una heredabilidad estimada baja, destacando el peso de 100 semillas como el carácter con mayor heredabilidad. Esta diferencia en la magnitud de las heredabilidades corrobora que la selección basada en el comportamiento fenotípico puede resultar ineficaz para caracteres con alta influencia ambiental, como el número de vainas por planta (Ejara *et al.*, 2018). Por lo tanto, la selección en etapas tempranas debería priorizar componentes con mayor estabilidad genética, dado que las variaciones climáticas y de manejo inciden significativamente en la expresión de rasgos cuantitativos ligados al rendimiento (Ambrósio *et al.*, 2024; Oliveros-González *et al.*, 2025).

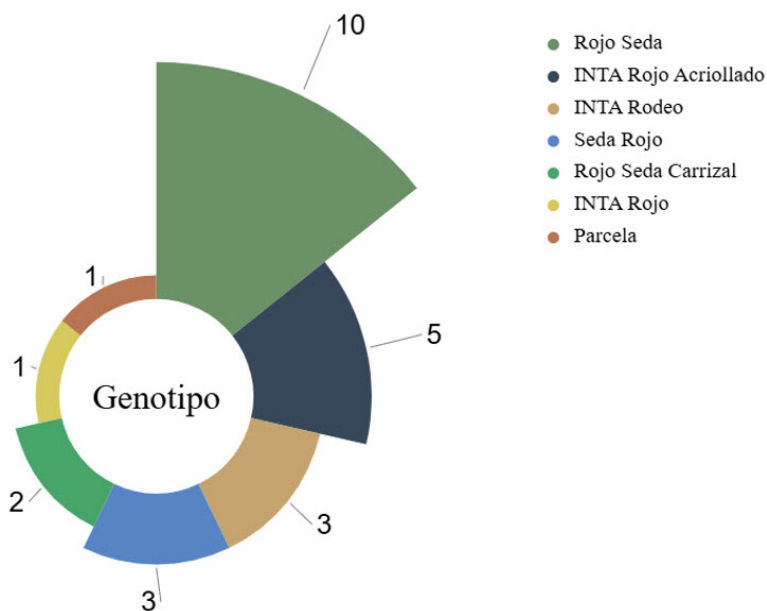
**Selección de plantas superiores.** La cantidad inicial de plantas fue de 2 100; por exceso de lluvias durante la fase vegetativa, se redujo a 1 710 plantas; consideradas como las mejores ante condiciones de excesos de humedad y promisorias para generar variedades tolerantes a este tipo de estrés. Ambrósio *et al.* (2024); Rosas (2006), indican que una reducción en el tamaño poblacional permite priorizar la evaluación de genotipos con mayor resiliencia ante condiciones ambientales adversas, preservando la variabilidad genética necesaria para avanzar en el proceso de selección.

De las 1 710 plantas, se seleccionaron a través del programa SELEGEN, los 80 mejores individuos por cada componente de rendimiento (320 individuos), que representan el 18.7 % de la población. La selección individual se fundamentó en los mayores valores de ganancia genética para cada componente del rendimiento, considerando solo aquellos genotipos que superaron la media poblacional.

Al comparar la media (Cuadro 1) con la ganancia obtenida en cada uno de los 80 genotipos (individuo con la menor y mayor ganancia genética), la variación porcentual en

los componentes osciló entre 8.31 % y 25.78 % para el número de vainas por planta, entre 8.72 % y 39.06 % para el número de semillas por vaina, de 12.69 % a 24.32 %, para el rendimiento por planta y entre 63.11 % y 1 080.62 %, para el peso de 100 semillas.

De los individuos seleccionados, 25 presentaron valores genéticos aditivos superiores a la media poblacional en tres de los cuatro componentes de rendimiento (Figura 1).



**Figura 1.** Aporte varietal de individuos con valores genéticos aditivos superiores en relación con el número de vainas por planta, número de semillas por vaina y rendimiento.

Cuando se estudian poblaciones muy similares entre sí (con poca variabilidad), la selección de individuos superiores resulta compleja; en tales casos, la selección individual se posiciona como una de las metodologías más eficientes para la evaluación de estos genotipos.

Este enfoque es particularmente efectivo para caracteres con baja heredabilidad, usualmente rasgos cuantitativos como los componentes del rendimiento, los que están influenciados por múltiples genes y factores ambientales (Biasutti, 2020). Por consiguiente, el análisis de la variabilidad genotípica y fenotípica permite identificar con mayor precisión el potencial productivo de líneas, distinguiendo entre la respuesta adaptativa y el efecto intrínseco del genotipo (Wahome *et al.*, 2023), factores que considera el programa SELEGEN. La estimación de parámetros genéticos como la heredabilidad y el progreso genético esperado resulta fundamental para predecir la respuesta a la selección y optimizar la ganancia en los rasgos de interés (Ejara *et al.*, 2018; Gomes Alvino *et al.*, 2023).

La identificación de líneas sobresalientes mediante el análisis de heredabilidad y ganancia genética permite una

**CIENCIA DE LAS PLANTAS**

discriminación más precisa de los caracteres determinantes del rendimiento en condiciones de campo (Kuruvadi y Escobar, 1987; Valencia Ramírez *et al.*, 2022).

**Aporte varietal en el proceso de selección individual.** De los 80 mejores individuos, se estimó el aporte individual de cada genotipo a través del proceso de selección para cada uno de los componentes de rendimiento; el genotipo que aportó mayor número de individuos para el número de vainas fue INTA Rodeo, Rojo Seda Carrizal para el peso de 100 semillas y Rojo Seda en el número de semillas por vaina y rendimiento por planta (Cuadro 2).

El aporte de INTA Rojo (comparador) en la selección individual, no fue para obtener sus mejores plantas, sino, para corregir la variabilidad generada por factores ambientales en los componentes de rendimiento de las plantas individuales y ajustar sus medias. Esta metodología, basada en el uso de modelos lineales mixtos, permite una mayor fiabilidad al predecir el valor genético del individuo en comparación con la selección basada únicamente en el valor fenotípico (Gonçalves de Paula *et al.*, 2019); los que están directamente relacionados al ambiente (suelo, condiciones climáticas, manejo agronómico). Esta precisión estadística resulta fundamental para mitigar el desequilibrio genético derivado de ensayos secuenciales (ciclos de siembra) y condiciones ambientales variables, optimizando así la ganancia genética promedio entre generaciones (Gonçalves *et al.*, 2025).

La implementación de modelos que consideran estructuras de varianza heterogénea permite capturar con mayor fidelidad la interacción genotipo por ambiente, superando las limitaciones de los procedimientos analíticos convencionales (Andrade *et al.*, 2016; Gonçalves *et al.*, 2025).

Esta precisión resulta fundamental en programas de mejoramiento genético, ya que facilita la estimación de componentes de varianza (genotípica, fenotípica y heredabilidad) y la predicción de valores genotípicos libres de efectos ambientales no controlados (Carvalho *et al.*, 2019).

**Cuadro 2.** Aporte de los genotipos en el proceso de selección individual

Genotipo	Número de vainas planta	Número de semillas por vaina	Rendimiento por planta	Peso de 100 semillas
	Individuos (%)	Individuos (%)	Individuos (%)	Individuos (%)
Rojo Seda Carrizal	12.50	13.75	21.25	21.25
INTA Rojo Acriollado	11.25	13.75	17.50	17.50
Seda Rojo	11.25	13.75	16.25	13.75
INTA Rodeo	30.00	16.25	7.50	11.25
Rojo Seda	23.75	31.25	25.00	18.75
Parcela	10.00	10.00	11.25	17.50

**Correlación genética.** La correlación, entendida como la relación mutua entre caracteres, es fundamental para

determinar la efectividad en los procedimientos de selección de genotipos superiores.

Cuando existe una correlación positiva entre los principales componentes del rendimiento, las estrategias de mejoramiento son efectivas; no obstante, lo contrario complica la selección (Agrawal *et al.*, 2018). Asimismo, Resende y Duarte (2007), mencionan que estas correlaciones son de importancia para detectar posibles ligamientos entre caracteres, lo que permite mejorar de manera simultánea múltiples rasgos de interés en la selección de variedades o líneas. Además, la clasificación de estas magnitudes permite categorizar la interacción genotipo por ambiente; valores bajos de correlación indican una interacción compleja que incrementa la dificultad para identificar individuos superiores (Resende y Alves, 2020). Para mitigar este problema, el uso de modelos mixtos y la metodología REML BLUP resulta esencial, ya que permite modelar estructuras complejas de varianzas y covarianzas, minimizando el impacto del desbalance genético y ambiental en la estimación de parámetros (Andrade *et al.*, 2016); (Assunção Neto, 2024).

En este estudio se detectó una correlación genética alta y significativa entre el número de semillas por vaina y el rendimiento por planta (Cuadro 3), lo que indica que un mayor número de semillas por vaina favorece el incremento del rendimiento por planta. En contraste, Gonçalves *et al.* (2017) y Bagheri *et al.* (2017) reportaron correlaciones poco significativas para estos mismos componentes (0.38 y 0.43 respectivamente), mientras que Ghobary y Allah (2010), observaron una correlación negativa en genotipos de frijol común (-0.23).

La variabilidad en los resultados sugiere que el comportamiento de tales asociaciones está fuertemente influenciado por el material genético empleado y las condiciones ambientales particulares de cada investigación (Argaw *et al.*, 2024). Integrar el análisis de índices de selección aditivos mediante REML-BLUP se vuelve una estrategia robusta, ya que permite priorizar individuos con valores genotípicos superiores considerando múltiples variables de forma simultánea (Gonçalves de Paula *et al.*, 2019).

Asimismo, la correlación entre el número de vainas por planta y el número de semillas por vaina (0.811) resultó ser significativa. Este hallazgo es consistente con lo reportado por Kamaluddin y Ahmed (2011), quienes observaron una correlación altamente significativa (0.94) entre estos mismos componentes en su

análisis genético de diez líneas de frijol común.

## CIENCIA DE LAS PLANTAS

**Cuadro 3.** Correlaciones genéticas entre los componentes de rendimiento

Variables	Número de vainas por planta	Número de semillas por vaina	Rendimiento por planta (kg ha <sup>-1</sup> )	Peso de 100 semillas (g)
Número de vaina por planta	1	0.811	0.720	0.021
Número de semillas por vaina	--	1	0.924	0.067
Rendimiento por planta (kg ha <sup>-1</sup> )	--	--	1	0.278
Peso de 100 semillas (g)	--	--	--	1

Las variables número de vainas por planta y rendimiento por planta presentaron un comportamiento similar. Este hallazgo es consistente con lo reportado por López y Ligarreto (2006), quienes encontraron una correlación significativa de 0.80 al evaluar el potencial productivo de 12 genotipos promisorios de frijol. Garcés Fiallos et al. (2014) determinaron que el peso de granos por planta y el rendimiento total exhiben una correlación estadística relevante, consolidándose como indicadores clave para incrementar la productividad en programas de mejora genética.

El peso de 100 semillas fue el que menos contribuyó al rendimiento por planta. Bagheri et al. (2017) estudiaron nueve variedades de frijol común y reportaron una correlación altamente significativa entre estos mismos componentes; esta discrepancia en los coeficientes de correlación resalta la influencia predominante de la base genética del material

evaluado sobre la heredabilidad de los componentes del rendimiento (Delgado et al., 2013), lo que sugiere que la influencia del peso del grano sobre

la productividad total puede variar drásticamente según el acervo genético y el diseño del experimento, como lo plantea Kuruvadi y Escobar (1987).

### CONCLUSIONES

De los componentes del rendimiento, el número de semillas por vaina es el carácter que más aporta al rendimiento por planta, por lo que se considera el carácter de mayor importancia para la selección de individuos superiores, mientras que el peso de 100 semillas es el componente con mayor heredabilidad en los seis genotipos, pero con poca variabilidad.

Se identificó el aporte varietal de los materiales nativos, en el que INTA Rodeo sobresalió en la producción de vainas por planta, Rojo Seda Carrizal en el peso de 100 semillas y Rojo Seda para el número de semillas por vaina y el rendimiento por planta.

### REFERENCIAS BIBLIOGRÁFICAS

- Acqaah, G. (2007). *Principles of Plant Genetics and Breeding*. Blackwell Publishing.
- Agrawal, T., Kumar, A., Kumar, S., Kumar, A., Kumar, R. R., Kumar, S., & Singh, P. K. (2018). Correlation and path coefficient analysis for grain yield and yield components in chickpea (*Cicer arietinum* L.) under normal and late sown conditions of Bihar, India. *International Journal of Current Microbiology and Applied Sciences*, 7(2), 1633-1642. <https://doi.org/10.20546/ijcmas.2018.702.197>
- Ambrósio, M., Daher, R. F., Santos, R. M., Silva Santana, J. G., Faria Vidal, A. K., Rodrigues Nascimento, M., Lopes Leite, C., Gomes de Souza, A., Souza Freitas, R., Stida, W. F., Calaça Farias, J. E., De Souza Filho, B. F., Cunha Melo, L., & Dos Santos, P. R. (2024). Multi-trait index: selection and recommendation of superior black bean genotypes as new improved varieties. *BMC Plant Biology*, 24(1), 1-12. <https://doi.org/10.1186/s12870-024-05248-5>
- Andrade, A. C. B., da Silva, A. J., Ferraudo, A. S., Uñeda-Trevisoli, S. H., & Di Mauro, A. O. (2016). Strategies for selecting soybean genotypes using mixed models and multivariate approach. *African Journal of Agricultural Research*, 11(1), 23–31. <https://doi.org/10.5897/ajar2015.9715>
- Anunda, H. N., Nyaboga, E. N., & Amugune, N. O. (2019). Evaluation of genetic variability, heritability, genetic advance and correlation for agronomic and yield components in common bean landraces from Southwestern Kenya. *Journal of Plant Breeding and Crop Science*, 11(5), 144-157. <https://doi.org/10.5897/JPBCS2018.0800>
- Araméndiz-Tatis, H., Cardona-Ayala, C., & Espitia-Camacho, M. (2021). Heritability, genetic gain, and correlations in cowpea beans (*Vigna unguiculata* [L.] (Walp.)). *Revista Colombiana de Ciencias Hortícolas*, 15(2), 1-9. <https://doi.org/10.17584/rcch.2021v15i2.12321>
- Argaw, T., Fenta, B. A., & Assefa, E. (2024). Application of factor analytic and spatial mixed models for the analysis of multi-environment trials in common bean (*Phaseolus vulgaris* L.) in Ethiopia. *Plos One*, 19(4). <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0301534>
- Assunção Neto, W. V. (2024). Associação entre caracteres e modelagem de (co)variâncias na seleção de progênies de feijão [Tesis de doctorado, Universidade Federal de Viçosa]. <https://doi.org/10.47328/ufvbbt.2024.110>
- Bagheri, M., Kahrizi, D., & Zebarjadi, A. (2017). Study on genetic variation and morpho-phenologic traits in Common bean (*Phaseolus vulgaris* L.). *Biharean Biologist*, 11(1), 43-47. [https://biozoojournals.ro/bihbiol/cont/v11n1/bb\\_e151414\\_Kahrizi.pdf](https://biozoojournals.ro/bihbiol/cont/v11n1/bb_e151414_Kahrizi.pdf)
- Biasutti, C. A. (2 de septiembre del 2020). *Selección masal e individuos en plantas autógamias* [Video]. YouTube. [https://www.youtube.com/watch?v=hTA1Cq\\_CQCI&list=LL&index=2&t=14s](https://www.youtube.com/watch?v=hTA1Cq_CQCI&list=LL&index=2&t=14s)
- Cardona-Ayala, C., Araméndiz-Tatis, H., y Jarma-Orozco, A. (2013). Variabilidad genética en líneas de frijol caupí (*Vigna unguiculata* L. WALP). *Agronomía*, 21(2), 7-18. <https://www.cabidigitallibrary.org/doi/pdf/10.5555/20143359173>

## CIENCIA DE LAS PLANTAS

- Carvalho, I. R., Szareski, V. J., Ferreira, L. L., Demari, G. H., Barbosa, M. H., Rosa, T. C. da, Lautenchleger, F., Netto, J. F., Boeno, D., Fachi, S. M., Mendonça, M. T., Boscaini, R., Mambrin, R. B., Sausen, D., & de Souza Queiroz, V. (2019). Additive genetic prediction for F3 families of common black beans (*Phaseolus vulgaris* L.) using linear mixed models. *Australian Journal of Crop Science*, 13(12), 1950–1958. <https://doi.org/10.21475/ajcs.19.13.12.p1523>
- Castro-Torres, L. J., Blanco-Fuentes, R. D., Espitia-Camacho, M. M., Cardona-Ayala, C., y Araméndiz-Tatis, H. (2021). Parámetros genéticos de características biométricas del fruto y semilla en *Caesalpinia ebano* (Fabaceae). *Acta Biológica Colombiana*, 26(3), 327–334. <https://doi.org/10.15446/abc.v26n3.85718>
- Checa Coral, O. E., Yama Escobar, V. M. y Fuel Tobar, S. M. (2011). Evaluación por componentes de rendimiento de nueve genotipos y un testigo de frijol arbustivo *Phaseolus vulgaris* L. *Revista de Ciencias Agrícolas*, 28(1), 73-90. <https://dialnet.unirioja.es/servlet/articulo?codigo=5104122>
- Delgado, H., Pinzón, E. H., Blair, M. e Izquierdo, P. C. (2013). Evaluación de líneas de frijol (*Phaseolus vulgaris* L.) de retrocruce avanzado entre una accesión silvestre y radical cerinza. *Revista UDCA Actualidad & Divulgación Científica*, 16(1). <https://doi.org/10.31910/udca.v16.n1.2013.861>
- Ejara, E., Mohammed, W., & Amsalu, B. (2018). Genetic variability, heritability and expected genetic advance of yield and yield related traits in common bean genotypes (*Phaseolus vulgaris* L.) at Abaya and Yabello, Southern Ethiopia. *African Journal of Biotechnology*, 17(31), 973–980. <https://doi.org/10.5897/ajb2016.15701>
- Garcés Fiallos, F. R., Aguirre Calderón, Á. J., Díaz-Ocampo, E., Sánchez Mora, F. D., Prieto Benavides, O., & Garcés-Estrella, R. (2014). Enfermedades y componentes de rendimiento en dieciséis genotipos de fréjol en Quevedo, Ecuador. *Ciencia y Tecnología*, 6(2), 31-39. <https://doi.org/10.18779/cyt.v6i2.130>
- Ghobary, H., & Abd Allah, S. (2010). Correlation and path-coefficient studies in common bean (*Phaseolus vulgaris* L.). *Journal of Plant Production*, 1(9), 1233-1239. [10.21608/jpp.2010.86576](https://doi.org/10.21608/jpp.2010.86576)
- Gobierno de Reconciliación y Unidad Nacional. (2025). *Plan Nacional de Producción, Consumo y Comercio 2025-2026 de Nicaragua*. [https://bcn.gob.ni/sites/default/files/noticias/notas\\_prensa/2025/PNPCC\\_2025-2026\\_version\\_final.pdf](https://bcn.gob.ni/sites/default/files/noticias/notas_prensa/2025/PNPCC_2025-2026_version_final.pdf)
- Gomes Alvino, F. C., de Almeida Lacerda, R. R., de Sousa Alves, L., Souto, L. S., de Luna, R. G., de Castro Silva, M. C., Silva Dantas, J., Souto, J. S., Neder, D. G., Dutra Filho, J. de A., & Souza, A. dos S. (2023). Biometric genetics in cowpea beans (*Vigna unguiculata* (L.) Walp) I: phenotypic and genotypic relations among production components. *Revista de la Facultad de Ciencias Agrarias Uncuyo*, 55(1), 126-139. <https://doi.org/10.48162/rev.39.102>
- Gonçalves de Paula, R., Gonçalves de Paula, I., Nicomedes Carneiro, A. L., Vicentino Salvador, F., De Souza Carneiro, J. E., & Souza Careiro, P. C. (2019). Selecting common bean breeding populations via mixed models. *Bioscience Journal*, 35(2), 409-418. <https://doi.org/10.14393/bj-v35n2a20198-41909>
- Gonçalves, D. de L., Barelli, M. A. A., Oliveira, T. C. de, Santos, P. R. J. dos, Silva, C. R. da, Poletine, J. P., & Neves, L. G. (2017). Genetic correlation and path analysis of common bean collected from Caceres Mato Grosso State, Brazil. *Ciência Rural*, 47(8). <https://doi.org/10.1590/0103-8478cr20160815>
- Gonçalves, D. H., Pereira, J. D., de Oliveira, L. M. C., Nunes, N. X., Bender, L., de Souza Carneiro, J. E., das Graças Dias, K. O., & Souza Carneiro, P. C. (2025). Application of linear mixed models to overcome challenges of unbalanced data in common bean breeding. *Agronomy Journal*, 117(2), e70042. <https://acess.onlinelibrary.wiley.com/doi/10.1002/agj2.70042>
- Instituto Nacional de Información de Desarrollo y Ministerio Agropecuario y Forestal. (2011). *Informe final IV censo nacional agropecuario*. <https://www.inide.gob.ni/docs/Cenagro/INFIVCENAGRO/IVCENAGROINFORME/assets/common/downloads/Informe%20Final%20IV%20CENAGRO.pdf>
- Instituto Nicaragüense de Estudios Territoriales. (2016). *Datos meteorológicos y geográficos*. INETER.
- Kamaluddin & Ahmed, S. (2011). Variability, correlation, and path analysis for seed yield and yield related traits in common beans. *Indian Journal of Horticulture*, 68(1), 61-65. <https://journal.iahs.org.in/index.php/ijh/article/view/1853>
- Klug, W., Cummings, M., y Spencer, C. (2006). *Genetics concept*. Pearson Education Inc. Prentice Hall.
- Kuruvadi, S. y Cortinas Escobar, H. M. (1987). Papel de componentes del rendimiento, coprelaciones y sus implicaciones en el mejoramiento genético del frijol (*Phaseolus vulgaris*, L.). *Agraria*, 3(1), 1-15. <https://doi.org/10.59741/agraria.v3i1.383>
- López, A. (2017). *Análisis de la medición de productividad de granos básicos, en Nicaragua, periodo 1961-2013* [Tesis de Doctorado]. Universidad Nacional Autónoma de Nicaragua.
- López, J. E. y Ligarreto, G. A. (2006). Evaluación por rendimiento de 12 genotipos promisorios de frijol voluble (*Phaseolus vulgaris* L.) tipo Bola roja y Reventón para las zonas frías de Colombia. *Agronomía Colombiana*, 24(2), 238-246. <http://www.redalyc.org/articulo.oa?id=180316239005>
- Machado e Silva, C., Caletti Mezzomo, H., Silva Alves, R., Vilela de Resende, M. D., & Nardino, M. (2023). Optimizing selection of wheat genotypes through simulated individual BLUP and modified simulated individual BLUP. *Agronomy Journal*, 115 (3), 1237–1247. <https://doi.org/10.1002/agj2.21289>
- Maldonado Moreno, N., Alcalá Rico, J. S. G. J., Luciano, G. A. y García Rodríguez, J. C. (2021). Rendimiento y estabilidad de genotipos de soya para el trópico de México. *Revista Mexicana de Ciencias Agrícolas*, 12(8), 1351-1362. <https://dialnet.unirioja.es/servlet/articulo?codigo=8262620>

## CIENCIA DE LAS PLANTAS

- Oliveira Silva, C., Toshiyuki Hamawaki, O., Oliveira Nogueira, A. P., Campos de Almeida, M. R., Goulart Castro, D., Marques, F. S., Lemes Hamawaki, R., Lemes Hamawaki, C. D., Marques Cardoso, G., & Rodrigues Diniz, V. H. (2021). Genetic parameters and selection indexes in F2 and F2:3 soybean populations. *Agronomy Journal*, 114(3), 2991–3004. <https://doi.org/10.1002/agj2.20692>
- Oliveros-González, M. T., Pérez-López, D. de J., González-Huerta, A., Ramírez-Dávila, J. F. y Flores-Carrera, L. S. (2025). Variabilidad genética y heredabilidad en colectas de habas del centro mexicano. *Revista Mexicana de Ciencias Agrícolas*, 16(6). <https://doi.org/10.29312/remexca.v16i6.3856>
- Peralta Peralta, M. D. (2018). Comportamiento agronómico de 14 poblaciones criollas de frijol rojo (*Phaseolus vulgaris* L.) en los departamentos de Estelí y Nueva Segovia [Tesis de Ingeniería, Universidad Nacional Agraria]. Repositorio Institucional. <https://repositorio.una.edu.ni/3802/>
- Resende, M. D. (2002). *Software Selegen - REML/BLUP*. <https://www.infoteca.cnptia.embrapa.br/infoteca/bitstream/doc/307175/1/DC0077.pdf>
- Resende, M. D., & Alves Silva, R. (2020). Linear, generalized, hierarchical, bayesian and random regression mixed models in genetics/genomics in plant breeding. *Functional Plant Breeding Journal*, 3(2), 121-152. <https://doi.org/10.35418/2526-4117/v2n2a1>
- Resende, M. D., & Duarte, J. (2007). Precisão e controle de qualidade em experimentos de avaliação de cultivares. *Pesquisa Agropecuária Tropical*, 37(3), 182-194. <https://www.alice.cnptia.embrapa.br/alice/bitstream/doc/313450/1/Pecisaoecontroledequalidadeemexperimentos.pdf>
- Román-Avilés, B., & Beaver, J. S. (2003). Inheritance of heat tolerance in common bean of Andean origin. *The Journal of Agriculture of the University of Puerto Rico*, 87, 113–121. <https://doi.org/10.46429/jaupr.v87i3-4.1103>
- Rosas, J. C. (2006). Aplicación de metodologías participativas para el mejoramiento genético de frijol en Honduras. *Agronomía Mesoamericana*, 12(2), 219-228. <https://doi.org/10.15517/am.v12i2.17238>
- Stansfield, W. (1984). *Genética. Teoría y 400 problemas resueltos*. McGraw Hill.
- Val, B. H. P., da Silva, F. M., Bizari, E. H., Leite, W. de S., Grolí, E. L., Pereira, E. de M., Unãda-Trevisoli, S. H., & Mauro, A. O. D. (2017). Identification of superior soybean lines by assessing genetic parameters and path analysis of grain yield components. *African Journal of Biotechnology*, 16(8), 328–336. <https://doi.org/10.5897/ajb2016.15766>
- Valencia Ramírez, A. V., Caicedo, S., Reyes, J. C., Flores-Gómez, D. L., Tibocha, Y. (2022). Parámetros genéticos de rasgos agronómicos y componentes de rendimiento de genotipos de soja en la Altillanura colombiana. *UDCA Actualidad & Divulgación Científica*, 25(1), e1901. <https://doi.org/10.31910/rudca.v25.n1.2022.1901>
- Vencovsky, R., & Barriga, P. (1992). *Genética biométrica no fitomelhoramento*. Sociedade Brasileira de Genética.
- Wahome, W., Githiri, M., Kinyanjui, P. K., Toili, M. E. M., & Angenon, G. (2023). Screening for yield-related agronomic traits in a panel of locally conserved common bean (*Phaseolus vulgaris* L.) accessions. *Journal of Plant Breeding and Crop Science*, 15(1), 14-31. <https://doi.org/10.5897/jpbcs2022.1004>