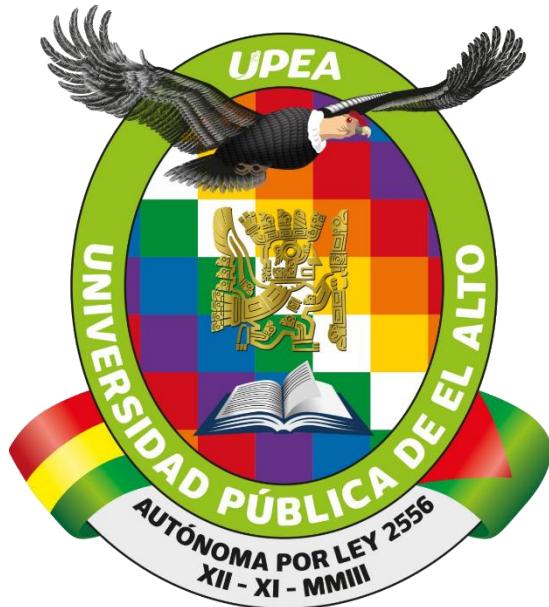


**UNIVERSIDAD PÚBLICA DE EL ALTO
ÁREA DE CIENCIAS AGRÍCOLAS, PECUARIAS
Y RECURSOS NATURALES
CARRERA DE INGENIERÍA AGRONÓMICA**



TESIS DE GRADO

VARIABILIDAD FENOTÍPICA DE 40 GENOTIPOS DE HABA (*Vicia faba* L.) EN EL CENTRO EXPERIMENTAL DE KALLUTACA

Por:

Luis Daniel Plata Huanca

EL ALTO – BOLIVIA

Noviembre, 2025

**UNIVERSIDAD PÚBLICA DE EL ALTO
ÁREA DE CIENCIAS AGRÍCOLAS, PECUARIAS
Y RECURSOS NATURALES
CARRERA DE INGENIERÍA AGRONÓMICA**

**VARIABILIDAD FENOTÍPICA DE 40 GENOTIPOS DE HABA (*Vicia faba L.*) EN EL
CENTRO EXPERIMENTAL DE KALLUTACA**

*Tesis de Grado presentada como requisito
para optar el Título de Ingeniero en
Ingeniería Agronómica*

Luis Daniel Plata Huanca

Asesores:

Lic. Ing. Félix Marza Mamani

Lic. Ing. Gonzalo Quispe Choque

Lic. Ing. Nancy Huanca Alanoca

Tribunal Revisor:

Lic. Ing. Félix Wilfredo Rojas

Lic. Ing. Paulino Bruno Condori Ali

Lic. Ing. Soledad Chávez Vino

Aprobada

Presidente Tribunal Examinador

DEDICATORIA:

A mi padre Belarmino Plata, por su esfuerzo incansable, sus enseñanzas llenas de sabiduría y por ser un ejemplo de fortaleza y dedicación en mi vida.

A mi madre Mercedes Huanca, por su apoyo incondicional, su amor infinito, y por enseñarme con el ejemplo, la humildad y la perseverancia.

La fuerza silenciosa de ambos y su entrega diaria han sido un pilar fundamental e inspiración diaria para alcanzar mis metas y no rendirme ante las dificultades de la vida.

A mis queridas hermanas y hermanito, cuyo apoyo, cariño y comprensión han sido un apoyo invaluable a lo largo de esta travesía.

AGRADECIMIENTOS

A mi familia, por ser el pilar fundamental en mi vida. A mis padres, por su amor, sacrificio y enseñanzas; y a mis hermanas y hermanito, por su cariño y apoyo constante. Su presencia, aunque a veces silenciosa, ha sido una fuente constante de fortaleza, inspiración y esperanza. Este logro también es de ustedes.

A la Universidad Pública de El Alto y a la Carrera de Ingeniería Agronómica, por brindarme los espacios y ambientes adecuados para desarrollar mis actividades académicas y de investigación.

A mis asesores, Ing. Gonzalo Quispe Choque, Ing. Nancy Huanca Alanoca y Ph.D. Félix Marza, por su valioso apoyo, orientación y acompañamiento durante el proceso de redacción e investigación. Su guía fue fundamental para la realización de este trabajo.

A los miembros del tribunal revisor, Ph.D. Paulino Bruno Condori Ali e Ing. Soledad Chávez Vino, por sus observaciones, sugerencias y recomendaciones que contribuyeron significativamente a mejorar la calidad del presente trabajo. En especial, expreso mi profundo agradecimiento al M.Sc. Félix Wilfredo Rojas por su compromiso, paciencia y dedicación en mejorar la redacción de la investigación.

A Ruth Noemi Huanca Sosa, una persona especial y compañera incansable, por su colaboración en las actividades de campo, su apoyo moral incondicional, y por estar presente en los momentos más importantes. Su compromiso, entrega y generosidad fueron fundamentales para superar los desafíos. Este logro no habría sido posible sin su ayuda constante y sincera.

A mis amigos Omar Rondo Coaquira y Nikita Paco Yanapa, por su apoyo incondicional, su compañerismo y su valiosa colaboración durante las jornadas de trabajo en campo. Su presencia no solo hizo más llevaderas las tareas, sino que también convirtió cada día en una experiencia llena de aprendizaje y risas.

A todos los que de una u otra manera formaron parte de este camino, ¡muchas gracias!

CONTENIDO

ÍNDICE DE TEMAS	i
ÍNDICE DE CUADROS	v
ÍNDICE DE FIGURAS	vi
ÍNDICE DE ANEXOS	viii
ABREVIATURAS	ix
RESUMEN	x
ABSTRACT	xi

ÍNDICE DE TEMAS

1. INTRODUCCIÓN.....	1
1.1. Planteamiento del problema	2
1.2. Justificación	3
1.3. Objetivos.....	4
1.3.1. Objetivo general	4
1.3.2. Objetivos específicos	4
1.4. Hipótesis	4
2. REVISIÓN BIBLIOGRÁFICA	5
2.1. Origen del haba	5
2.2. Áreas de producción en Bolivia.....	5
2.3. Importancia del haba	6
2.4. Clasificación taxonómica.....	7
2.5. Descripción botánica.....	8
2.6. Variabilidad fenotípica.....	10
2.6.1. Manifestación de la variabilidad fenotípica	11
2.7. Variabilidad genética.....	12

2.7.1.	Fuentes de variabilidad genética.....	14
2.7.1.1.	Evolutiva	14
2.7.1.2.	Geográfica.....	14
2.7.1.3.	Domesticación.....	14
2.7.2.	La variabilidad genética en el proceso de mejoramiento genético	15
2.8.	Variabilidad genética del haba	15
2.9.	Mejoramiento genético de haba en Bolivia.....	16
2.10.	Colección de germoplasma de haba.....	17
2.11.	Caracterización morfológica.....	18
2.11.1.	Objetivos de la caracterización morfológica	19
2.11.2.	Caracterización y evaluación de germoplasma de haba en Bolivia	19
2.12.	Herramientas para el análisis de la variabilidad	20
2.12.1.	Marcadores genéticos	20
2.12.1.1.	Marcadores clásicos.....	21
a)	Marcadores morfológicos	21
b)	Marcadores citológicos.....	22
c)	Marcadores bioquímicos	22
d)	Marcadores moleculares o de ADN.....	22
2.12.2.	Análisis estadístico y correlacional	23
b)	Análisis de correlación	23
2.12.3.	Análisis multivariado	24
a)	Análisis de correspondencias.....	24
b)	Análisis de componentes principales (ACP)	25
c)	Análisis de Conglomerados o Clúster.....	25
c1)	Método de Agrupamiento UPGMA (Unweighted Pair Group Method with Arithmetic Mean).....	26
c2)	Medidas de distancia y de similitud.	26

c3) Índice de similitud.....	27
3. MATERIALES Y MÉTODOS	28
3.1. Localización.....	28
3.1.1. Ubicación geográfica.....	28
3.2. Materiales	28
3.2.1. Material genético.....	28
3.2.2. Material de campo.....	30
3.2.3. Material de escritorio.....	30
3.3. Metodología	30
3.3.1. Desarrollo del ensayo.....	30
3.3.1.1. Siembra.....	30
3.3.1.2. Riego.....	31
3.3.1.3. Labores culturales.....	32
3.3.1.4. Cosecha y post-cosecha	33
3.3.2. Caracterización y evaluación morfológica	35
3.3.3. Factores de estudio.....	36
3.3.4. Variables de respuesta.....	36
3.3.4.1. Variables cuantitativas.....	37
3.3.4.2. Variables cualitativas.....	38
3.3.5. Análisis estadístico.....	39
4. RESULTADOS Y DISCUSIÓN	41
4.1. Condición ambiental	41
4.2. Análisis estadístico descriptivo.....	42
4.2.1. Análisis descriptivo para variables cuantitativas	42
4.2.2. Análisis de la variabilidad fenotípica mediante diagrama boxplot	44
4.2.3. Análisis de frecuencia para variables cualitativas.....	49

4.3.	Correlación	51
4.3.1.	Análisis de correlación entre variables de respuesta cuantitativas según origen geográfico.....	54
4.4.	Análisis multivariado	57
4.4.1.	Análisis de componentes principales (ACP)	57
4.4.2.	Análisis de correspondencia múltiple (ACM) para variables categóricas... ..	62
4.4.3.	Análisis de agrupamiento en 40 genotipos de haba	64
4.4.3.1.	Análisis de agrupamiento jerárquico con distancia de Gower y método UPGMA para la evaluación de la variabilidad fenotípica	64
4.4.3.2.	Comparación entre grupos de genotipos definidos por el dendrograma de agrupamiento jerárquico	66
5.	CONCLUSIONES	70
6.	RECOMENDACIONES:.....	72
7.	REFERENCIAS BIBLIOGRÁFICAS.....	73
8.	ANEXOS	89

ÍNDICE DE CUADROS

Cuadro 1. Datos de pasaporte del material genético	28
Cuadro 2. Variables de respuesta cuantitativas	37
Cuadro 3. Variables de respuesta cualitativas	38
Cuadro 4. Análisis estadístico descriptivo de 18 variables cuantitativas mediante tendencia central y dispersión	42
Cuadro 5. Matriz de valores propios y vectores propios.....	58
Cuadro 6. Variables transformadas de correlaciones derivadas del Análisis de Correspondencia Múltiple.....	62

ÍNDICE DE FIGURAS

Figura 1.	Siembra de 40 genotipos de haba (<i>Vicia faba L.</i>) en el Centro Experimental de Kallutaca de la Universidad Pública de El Alto.....	31
Figura 2.	Aplicación de riego manual mediante regaderas para favorecer la humedad localizada y promover el uso eficiente del agua.....	32
Figura 3.	Labores culturales y prácticas de manejo fitosanitario implementadas durante las fases de desarrollo del cultivo de haba (<i>Vicia faba L.</i>)	33
Figura 4.	Labores de cosecha y poscosecha del cultivo de haba realizadas en los ambientes del Centro Experimental de Kallutaca.....	34
Figura 5.	Caracterización y evaluación de variables cuantitativas y cualitativas utilizando descriptor de haba elaborado por IBPGR-ICARDA.....	36
Figura 6.	Climograma correspondiente a la campaña agrícola 2023–2024 en el Centro Experimental de Kallutaca.....	41
Figura 7.	Dispersión de los datos en variables de planta mediante Boxplot.....	45
Figura 8.	Dispersión de los datos en variables de flor mediante Boxplot.....	46
Figura 9.	Dispersión de los datos en variables de vaina mediante Boxplot.....	47
Figura 10.	Dispersión de los datos en variables de semilla mediante Boxplot.....	48
Figura 11.	Distribución de frecuencias de variables cualitativas de 40 genotipos de haba.....	50
Figura 12.	Ánalisis de correlación y dispersión de 18 variables cuantitativas en genotipos de haba.....	52
Figura 13.	Matriz de correlación y dispersión de los genotipos de haba, diferenciada por departamento.....	55
Figura 14.	Grafica de sedimentación.....	57
Figura 15.	Biplot del Análisis de Componentes Principales (ACP) basado en variables cuantitativas de genotipos de haba, mostrando la distribución de genotipos y su relación con las variables evaluadas.....	60
Figura 16.	Representación bidimensional del Análisis de Correspondencia Múltiples (ACM) para variables cualitativas.....	63

Figura 17. Dendrograma de agrupamiento jerárquico de 40 genotipos de haba en base a 30 variables (cuantitativas y cualitativas)	65
Figura 18. Distribución de datos clave en clústeres y magnitudes cuantitativas.....	67
Figura 19. Distribución de datos clave de los subgrupos del clúster 1 y magnitudes cuantitativas	68

ÍNDICE DE ANEXOS

Anexo 1.	Croquis del experimento de 40 genotipos de haba sembrados en el Centro Experimental de Kallutaca.....	90
Anexo 2.	Sitio del ensayo donde se sembraron los 40 genotipos de haba y los surcos de avena para evitar cruces no deseados.....	90
Anexo 3.	Riego y etiquetado de los genotipos en campo	91
Anexo 4.	Cuadro de promedios generados en base a las medias correspondiente cada clúster de los grupos principales	92
Anexo 5.	Cuadro de promedios generados en base a las medias correspondiente a subgrupos del primer clúster	92

ABREVIATURAS

INIAF	Instituto Nacional de Innovación Agropecuaria y Forestal
cm	Centímetro
IPGRI	Instituto Internacional de Recursos Fitogenéticos
ACM	Análisis de correspondencia múltiple
PCA	Análisis de componentes principales
UPOV	Unión Internacional para la protección de las obtenciones vegetales
UPGMA	Método de grupos de pares no ponderados utilizando medias aritméticas
km	Kilómetro
msnm	Metros sobre el nivel del mar
mm	Milímetro

RESUMEN

El haba es una de las leguminosas más antiguas cultivadas desde el 3000 a.C., presenta una amplia distribución geográfica y una notable diversidad genética. En este estudio se evaluaron 40 genotipos de haba (*Vicia faba* L.) en el Centro Experimental de Kallutaca, incluyendo accesiones, líneas de premejora y cultivares comerciales. Se caracterizaron 31 variables, analizadas mediante estadística descriptiva, correlación, análisis de correspondencia múltiple (ACM), componentes principales (ACP) y agrupamiento jerárquico (UPGMA). El análisis descriptivo mostró alta variabilidad en variables agronómicas fundamentales: número de vainas por planta (CV = 43.60 %), peso de vainas (39.49 %), inflorescencias (36.78 %), rendimiento en vaina verde (40.82 %) y peso de semillas por planta (41.30 %). El peso de biomasa fresca (38.59 %) también reveló contrastes en vigor vegetativo. Los boxplots confirmaron arquitectura de planta heterogénea: en La Paz y Cochabamba predominaron genotipos de menor altura, mientras que Potosí presentó mayor variabilidad en número de vainas. Las correlaciones fenotípicas identificaron al número de vainas por planta (NVP) como descriptor clave, correlacionado con peso de semillas ($r=0.884$), peso de vainas ($r=0.896$) y rendimiento ($r=0.789$). La altura de planta, número de tallos y nudos mostraron asociación con biomasa, destacando materiales de Cochabamba, Azoquez y Potosí por su desarrollo vegetativo. El ACM clasificó los genotipos en dos grupos: uno con hábito indeterminado, pigmentación y diversidad floral; y otro con hábito determinado, sin pigmentación y porte de vaina horizontal. El ACP explicó 51.9 % de la variabilidad total en dos componentes. Se identificaron genotipos sobresalientes en vigor y biomasa (12266, 12263, 12262) y otros con alto rendimiento (11899-0-4-5, 12317-0, 12408-0-5, 12007-15). Valluna y Gigante de Copacabana destacaron por tamaño y peso de semilla. El análisis de agrupamiento jerárquico de 40 genotipos de *Vicia faba* L. se realizó mediante la distancia de Gower y el método UPGMA, considerando variables cuantitativas y cualitativas. Se identificaron dos clústeres principales: el Clúster 1, con 36 genotipos del Altiplano boliviano, combina accesiones promisorias y materiales en premejoramiento, mostrando subestructuración interna con diferencias en vigor vegetativo, biomasa y eficiencia reproductiva; y el Clúster 2, con cuatro genotipos comerciales, destaca por semillas grandes, eficiencia reproductiva y características de cultivares avanzados. Dentro del Clúster 1 se diferenciaron cuatro subgrupos, reflejando estrategias diversas de crecimiento y rendimiento entre los materiales evaluados.

ABSTRACT

The broad bean is one of the oldest legumes cultivated since 3000 BC, with a wide geographical distribution and remarkable genetic diversity. In this study, 40 broad bean (*Vicia faba* L.) genotypes were evaluated at the Kallutaca Experimental Center, including accessions, pre-breeding lines, and commercial cultivars. Thirty-one variables were characterized and analyzed using descriptive statistics, correlation, multiple correspondence analysis (MCA), principal components (PCA), and hierarchical clustering (UPGMA). Descriptive analysis showed high variability in key agronomic variables: number of pods per plant (CV = 43.60%), pod weight (39.49%), inflorescences (36.78%), green pod yield (40.82%), and seed weight per plant (41.30%). Fresh biomass weight (38.59%) also revealed contrasts in vegetative vigor. Boxplots confirmed heterogeneous plant architecture: in La Paz and Cochabamba, shorter genotypes predominated, while Potosí showed greater variability in pod number. Phenotypic correlations identified the number of pods per plant (NPP) as a key descriptor, correlated with seed weight ($r=0.884$), pod weight ($r=0.896$), and yield ($r=0.789$). Plant height, number of stems, and nodes were associated with biomass, with materials from Cochabamba, Azoquez, and Potosí standing out for their vegetative development. ACM classified the genotypes into two groups: one with indeterminate habit, pigmentation, and floral diversity; and another with determinate habit, no pigmentation, and horizontal pod position. ACP explained 51.9% of the total variability in two components. Genotypes were identified that were outstanding in vigor and biomass (12266, 12263, 12262) and others with high yield (11899-0-4-5, 12317-0, 12408-0-5, 12007-15). Valluna and Gigante de Copacabana stood out for seed size and weight. Hierarchical cluster analysis of 40 genotypes of *Vicia faba* L. was performed using Gower's distance and the UPGMA method, considering quantitative and qualitative variables. Two main clusters were identified: Cluster 1, with 36 genotypes from the Bolivian Altiplano, combines promising accessions and pre-breeding materials, showing internal substructuring with differences in vegetative vigor, biomass, and reproductive efficiency; and Cluster 2, with four commercial genotypes, stands out for its large seeds, reproductive efficiency, and advanced cultivar characteristics. Within Cluster 1, four subgroups were differentiated, reflecting diverse growth and yield strategies among the materials evaluated.

1. INTRODUCCIÓN

La diversidad genética intraespecífica es un prerequisito crucial para el éxito del fitomejoramiento (Avramidou *et al.*, 2023). El conocimiento de la variabilidad genética permitirá el desarrollo de programas orientados a la conservación de germoplasma, programas de certificación y proporción de una amplia selección de plantas para el mejoramiento genético (Nascimento *et al.*, 2008). La diversidad de los recursos fitogenéticos brinda a los fitomejoradores la oportunidad de desarrollar cultivares nuevos y mejorados con características deseables para el ser humano. Desde el comienzo de la agricultura, la variabilidad genética natural ha sido explotada para satisfacer las necesidades alimentarias de la humanidad (Begna, 2021). En este contexto, la caracterización morfológica desempeña un papel fundamental en el mejoramiento y la conservación, ya que permite analizar la diversidad fenotípica. Sin embargo, a pesar de su importancia, los marcadores morfológicos presentan limitaciones: son procesos lentos, complejos y subjetivos, además de estar influenciados por factores ambientales. Asimismo, resultan costosos y requieren evaluar el cultivo en estados específicos de su desarrollo (Yasmin *et al.*, 2006).

El haba (*Vicia faba* L.), es una de las legumbres cultivadas más antiguas cuyo cultivo se remonta al 3000 a.c. (Mekky *et al.*, 2020). Originaria del Cercano Oriente, se extendió por todo el mundo y actualmente se cultiva en casi 70 países de todo el mundo (Carrillo-Perdomo *et al.*, 2020). Constituye un recurso importante para la sostenibilidad del agroecosistema, debido a su capacidad de adaptarse a diversas condiciones edafoclimáticas y su alta capacidad de fijación biológica de nitrógeno, se estimó que la cantidad de nitrógeno atmosférico (N_2) fijada sola era comparable a la cantidad de N_2 fijada por soja y guisantes combinados (Baddeley, 2014).

En Bolivia, su cultivo se encuentra ampliamente distribuido en distintas zonas agroecológicas, donde se ha desarrollado una diversidad de genotipos locales adaptados a condiciones agroecológicas específicas, en distintos pisos altitudinales, diferenciando ecotipos de grano grande (altiplano, entre 2900 y 4000 msnm) y grano mediano (valles interandinos, entre 2000 y 2800 msnm), lo que indica una diversidad adaptativa (CPB, 2004). La diversidad genética del haba en Bolivia se conserva tanto *ex situ*, en bancos de germoplasma, como *in situ*, en las parcelas de los agricultores que mantienen variedades locales a través de sistemas tradicionales de cultivo. Las investigaciones orientadas a la

conservación *ex situ* se iniciaron con el entonces Instituto Boliviano de Tecnología Agropecuaria (IBTA), mediante el Programa Nacional de Leguminosas de Grano (PNLG), continuaron en el Centro de Investigaciones Fitoecogenéticas de Pairumani (CIFP) (Mamani, 2007) y el Banco Nacional de Germoplasma de Cereales y Leguminosas (BNGCyL) que actualmente conserva las accesiones de haba a nivel nacional, constituyéndose en una valiosa reserva de diversidad genética que ofrece beneficios presentes y potenciales para la agricultura y la seguridad alimentaria del país. La introducción de variedades foráneas y los efectos del cambio climático han generado una presión creciente sobre los recursos genéticos locales, lo que amenaza con reducir la variabilidad genética del cultivo. En este contexto, la caracterización fenotípica se convierte en una herramienta esencial, ya que permite identificar y describir los rasgos morfológicos y agronómicos de los genotipos, sentando bases sólidas para programas de conservación, mejoramiento genético y uso sostenible (Álvarez *et al.*, 2023).

Para satisfacer las demandas de una población en crecimiento, es crucial desarrollar variedades agrícolas más productivas, tolerantes al estrés abiótico y biótico. La selección e introducción de nuevo germoplasma en los programas de mejoramiento podría mejorar los rasgos agronómicos deseados y la diversidad genética, resultando en el desarrollo de nuevas variedades de alto rendimiento (Abid *et al.*, 2015). La evaluación de la variabilidad genética de los recursos genéticos mantenidos en los bancos de genes es esencial para contribuir a mejorar aún más la tolerancia de los cultivos al estrés abiótico y biótico (El-Esawi, 2017).

1.1. Planteamiento del problema

La variabilidad fenotípica del haba no solo influye en su productividad y resistencia a enfermedades, sino que también cumple un papel crucial en la selección de variedades capaces de enfrentar los desafíos cambiantes del entorno, como el estrés biótico y abiótico. El haba es una especie parcialmente alógama, lo que favorece el flujo de genes y mantiene elevados niveles de diversidad genética. Sin embargo, esta diversidad está fuertemente condicionada por el ambiente, lo que puede dar lugar a genotipos con similitud morfológica pero con diferencias en sus características agronómicas.

La comprensión de la variabilidad fenotípica del haba en Bolivia a nivel morfológico sigue siendo limitada. En el Banco Nacional de Germoplasma de Cereales y Leguminosas del Instituto Nacional de Innovación Agropecuaria y Forestal (INIAF) se conservan

actualmente 719 accesiones de haba, además de las colecciones mantenidas en el Centro de Investigaciones Fitoecogenéticas de Pairumani (CIFP), universidades y colecciones de trabajo. Si bien se ha realizado la caracterización y evaluación, aún se desconoce el comportamiento agromorfológico de muchos genotipos bajo las condiciones del altiplano, y se presenta una escasez de información actualizada. Esta situación restringe la capacidad de investigadores, agrónomos y productores para diseñar e implementar estrategias de adaptación y mitigación efectivas.

A ello se suma la pérdida progresiva de diversidad genética y la erosión de recursos fitogenéticos, ocasionadas por la sustitución de variedades locales, la presión ejercida por sistemas de cultivo intensivos y la introducción de variedades foráneas. Se ve agravado por la falta de información sistematizada para el diseño de estrategias de conservación, lo que limita el resguardo y aprovechamiento sostenible del germoplasma. Asimismo, las limitadas investigaciones que integren la caracterización morfológica impiden comprender de manera integral la variabilidad fenotípica del cultivo, restringiendo la toma de decisiones informada en programas de mejoramiento, conservación y uso de recursos fitogenéticos.

1.2. Justificación

El haba, al ser un cultivo importante para la alimentación humana y animal, así como para la mejora de la calidad del suelo por su capacidad de fijación de nitrógeno atmosférico, desempeña un papel importante en la seguridad alimentaria y la sostenibilidad agrícola. Dado que el cambio climático y la presión sobre los recursos naturales plantean desafíos, comprender y aprovechar la variabilidad fenotípica se ha vuelto imperativo. La identificación y caracterización de la variabilidad fenotípica puede llevar al desarrollo de estrategias más eficientes de mejora genética del haba en Bolivia, desarrollando de esta manera variedades mejoradas que aumenten el rendimiento y la calidad de los cultivos para diferentes regiones y en especial para el altiplano, beneficiando a los agricultores y contribuyendo a la seguridad alimentaria.

Los datos obtenidos de la identificación y caracterización de la variabilidad fenotípica favorecerán a la selección e introducción de nuevos genotipos promisorios en los programas de mejoramiento para mejorar los rasgos agronómicos deseados y la diversidad genética de los cultivos, lo que daría como resultado el desarrollo de nuevas variedades de alto rendimiento adaptadas a condiciones de altiplano. También serán

importantes para la conservación de la diversidad genética, que es crucial para la adaptación de las plantas a nuevas condiciones ambientales y resistencia a factores adversos bióticos y abióticos.

El análisis de la variabilidad genética del haba mediante la evaluación de variables morfológicas permite una comprensión más profunda de sus características fenotípicas. La información generada constituye una base sólida para futuros estudios en genética y fitomejoramiento, y contribuye al desarrollo de estrategias más eficaces para el mejoramiento genético, conservación y uso del germoplasma.

1.3. Objetivos

1.3.1. Objetivo general

- Determinar la variabilidad fenotípica de 40 genotipos de haba (*Vicia faba* L.) mediante el análisis de caracteres agromorfológicos en el Centro Experimental de Kallutaca.

1.3.2. Objetivos específicos

- Describir la variabilidad fenotípica de genotipos de habas utilizando descriptores cualitativos y cuantitativos.
- Determinar el grado de correlación y patrones de variación entre los caracteres agromorfológicos de los genotipos de haba.
- Identificar grupos disimiles basados en las características agromorfológicas de los genotipos de haba.

1.4. Hipótesis

H_0 = No existe variabilidad fenotípica entre los 40 genotipos de haba (*Vicia faba* L.) evaluados agromorfológicamente en el Centro Experimental de Kallutaca.

2. REVISIÓN BIBLIOGRÁFICA

2.1. Origen del haba

El haba es una de las plantas cultivadas más antiguas que data del 3000 a.C. en el Antiguo Egipto (Mekky *et al.*, 2020). Fue una de las primeras leguminosas domesticadas por el hombre, tiene su origen en la región mediterránea y en el suroeste de Asia, aunque se extendió rápidamente a Europa, el Norte de África, Etiopia a lo largo del Nilo, India, China y México (Salazar, 2014).

Según el destacado genetista y botánico ruso Nicolai Vavilov (1994), el centro primario de origen del haba se encuentra en el noroeste de la India, específicamente en la región del Punjab, Afganistán, Tadzhikistán y Uzbekistán, debido a la alta diversidad genética presente en estas áreas. Además, Vavilov identificó un subcentro de origen en la cuenca del Mediterráneo, lo que refuerza la relevancia histórica de esta región en la domesticación y dispersión de la especie. Esta adaptación geográfica permitió que el haba se cultivara en diversas regiones del mundo.

Sin embargo, el origen exacto del haba aún es objeto de debate. No se ha encontrado ningún progenitor silvestre y existen diferencias importantes entre *Vicia faba* y otras especies pertenecientes al complejo Narbonensis (Duc, 1997). La evolución de la especie acompañó la expansión de su cultivo con selección de diferentes tamaños y formas de semillas, varios niveles de alogamia y tolerancia diferencial al invierno (Cubero, 1974). El haba es un cultivo antiguo que en las colecciones actuales está representado únicamente por formas cultivadas. Los datos botánicos y moleculares sugieren que el ancestro salvaje de esta especie aún no ha sido descubierto o se ha extinguido. Este hecho hace que las colecciones *ex situ* sean más cruciales para las actividades de mejoramiento presentes y futuras (Duc *et al.*, 2010).

2.2. Áreas de producción en Bolivia

El cultivo de haba se desarrolla predominantemente en zonas altoandinas, cabeceras de valle y valles interandinos. Se trata de una de las pocas especies de leguminosas que, debido a su notable tolerancia a bajas temperaturas, presenta una alta capacidad de adaptación a ambientes caracterizados por la ocurrencia frecuente de heladas (Moreira, 1994). En Bolivia, las principales áreas de cultivo de haba se concentran en los

departamentos de Potosí, Oruro, La Paz, Cochabamba y Chuquisaca, donde las condiciones agroecológicas de la región altiplánica y de los valles altos resultan favorables para la producción de esta leguminosa. En el departamento de Potosí destacan las zonas de Puna y la provincia Chayanta; en Chuquisaca, las zonas de Culpina, Incahuasi y Potolo; en La Paz, la región de Copacabana; y en Tarija, las áreas de Iscayachi y la parte alta del municipio de Yunchará. En menor medida, también se reporta producción en los departamentos de Tarija y Santa Cruz, aunque en estas regiones las condiciones climáticas y altitudinales difieren de las del altiplano y los valles altos (Balderrama *et al.*, 2001; Villar, 2013).

2.3. Importancia del haba

Las semillas de haba contienen niveles relativamente altos de proteínas, carbohidratos, vitaminas B, antioxidantes y minerales. El contenido de proteínas en las diferentes variedades varía entre el 26% y el 41%. El contenido de carbohidratos varía entre el 51% y el 68%, de los cuales la mayor parte corresponde al almidón (41-53 %) (Ammar *et al.*, 2015). El haba presenta importantes actividades antioxidantes, como flavonoides, polifenoles y fenoles. Las propiedades antioxidantes de los compuestos fenólicos pueden proporcionar una excelente fuente dietética de antioxidantes naturales para la prevención de enfermedades crónicas y la promoción de la salud (Oomah *et al.*, 2006).

Esta leguminosa se caracteriza por su alto contenido proteico y su elevado potencial de rendimiento, lo que le confiere un papel relevante tanto en la alimentación humana y animal. Además, cuando se incorpora en esquemas de rotación de cultivos como especie de diversificación, contribuye a la fertilidad del suelo mediante la fijación biológica de nitrógeno. Sin embargo, el limitado conocimiento sobre la secuencia completa de su genoma ha restringido el desarrollo y aplicación de herramientas moleculares avanzadas, dificultando la identificación de genes candidatos asociados a rasgos agronómicos de interés en los programas de mejoramiento (Aguilar-Benítez *et al.*, 2022).

La producción mundial de habas para el 2020 alcanzó 5,7 millones de toneladas, lo que representa un incremento aproximado del 55 % respecto al año 2000 (FAOSTAT, 2022). No obstante, la producción de haba aún es superada por otras legumbres como el frijol (*Phaseolus vulgaris* L.), el garbanzo (*Cicer arietinum* L.), el guisante (*Pisum sativum* L.), el caupí (*Vigna unguiculata* L.) y la lenteja (*Lens culinaris* Medik.) (Adhikari *et al.*, 2021).

La producción de haba en Bolivia desde 1983 muestra una tendencia de crecimiento, pasando de 27.093 toneladas en 1983-1984 a 39.479 toneladas en 2023-2024, con un máximo histórico de 41.042 toneladas en 2020-2021. Este incremento está estrechamente relacionado con la expansión de la superficie cultivada, que aumentó de 19.012 hectáreas a 26.801 hectáreas en el mismo periodo, alcanzando su punto más alto en 2018-2019 con 27.002 hectáreas. Sin embargo, el rendimiento presenta un comportamiento diferente: aunque se elevó de 1.425 kg/ha en 1983-1984 a 1.588 kg/ha en 2003-2004, en 2024 se sitúa en 1.473 kg/ha. En 1983-1984, los valores más bajos se registraban en Chuquisaca (894 kg/ha) y Tarija (1.188 kg/ha), mientras que los más altos correspondían a Santa Cruz (2.281 kg/ha) y Cochabamba (1.900 kg/ha). Para 2019-2020, se observó un incremento significativo en varios departamentos, destacando Chuquisaca que pasó a 1.573 kg/ha y Tarija con 2.020 kg/ha. Cochabamba consolidó su liderazgo con 2.552 kg/ha, seguido de Santa Cruz con 2.211 kg/ha. Sin embargo, Potosí muestra una tendencia contraria: de 1.425 kg/ha en 1983-1984 descendió a 987 kg/ha en 2023-2024, reflejando una caída del rendimiento. Hasta el 2024, los mayores rendimientos se concentran en Cochabamba (2.587 kg/ha), Santa Cruz (2.260 kg/ha) y Tarija (2.011 kg/ha), valores medios en La Paz (1.631 kg/ha), mientras que Oruro y Potosí presentan valores por debajo del promedio nacional (INE, 2024).

2.4. Clasificación taxonómica

Hay aproximadamente 150 especies en el género *Vicia*, que se clasifica en los subgéneros *Vicia* y *Vicilla*. El subgénero *Vicia* se compone de cinco secciones, una de las cuales es la sección *Faba*. Por su parte, *Vicilla* consta de 18 secciones. La sección *Faba* abarca un pequeño número de especies, como *V. faba*, *V. bithynica*, *V. narbonensis* L. y cuatro formas similares que se reconocen como especies distintas. Algunos taxónomos sostienen que *Vicia faba* debe considerarse un género monotípico, ya que se distingue por poseer una vaina inflada con tabiques esponjosos entre las semillas y por la ausencia de zarcillos (Birch *et al.*, 1985).

El haba pertenece al reino de las plantas fanerógamas, dentro de la subdivisión de las angiospermas. Se clasifica en la clase de las dicotiledóneas y en el orden Rosales. Forma parte de la familia *Leguminosae*, subfamilia *Papilionoideae*, y de la tribu *Vicieae*. Su género es *Vicia* y la especie corresponde a *Vicia faba* L. (Horque, 2004).

2.5. Descripción botánica

El haba es una leguminosa anual que requiere condiciones frescas para su óptimo desarrollo. Se suele plantar en primavera o, en regiones templadas y subtropicales, durante el invierno; también se cultiva en zonas de mayor altitud. El crecimiento del tallo es indeterminado, desarrollando hojas hasta el quinto o décimo nudo, tras lo cual produce racimos de flores axilares en cada hoja (Duc, 1997).

Según Horque (2004) y Singh *et al.* (2013), el haba es una planta anual de consistencia herbácea, de porte variable, generalmente erecta, frondosa y con abundante follaje. Presenta, en la mayoría de los casos, un hábito de crecimiento indeterminado, aunque se han identificado algunos mutantes con crecimiento determinado.

- **Raíz.** El sistema radicular es pivotante, vigoroso y profundo, con marcada significación en la raíz principal. De las raíces secundarias se desarrollan nódulos donde se alojan bacterias fijadoras de nitrógeno atmosférico (*Rhizobium leguminosarum*), fundamentales para la fertilidad del suelo.
- **Tallo.** Los tallos son erguidos, fistulosos, glabros y de sección cuadrangular, con consistencia herbácea en los primeros estadios y leñosa al final del ciclo. Su altura oscila entre 0,5 y 1,8 m, influenciada por la variedad, la densidad de siembra y las condiciones agroecológicas. La planta puede formar entre 4 y 6 macollos en promedio, aunque en condiciones óptimas puede superar este número.
- **Hojas.** Las hojas son alternas, compuestas y pinnadas, con 2 a 7 foliolos glabros de borde entero, anchos y de hasta 8 cm de longitud. Carecen de zarcillos o solo presentan rudimentos. El raquis actúa como eje central; los foliolos se insertan casi directamente, pues carecen de peciolo, mientras que las estípulas basales, de forma semisagitada, cumplen una función protectora de las yemas.
- **Inflorescencia.** Se presenta en racimos axilares que se originan en un pedúnculo corto, del cual parte el raquis donde se insertan las flores mediante pedicelos muy reducidos, generalmente entre el quinto y décimo nudo del tallo. Cada racimo está formado por 1 a 12 flores dispuestas unilateralmente en el raquis.
- **Flor.** Son de simetría bilateral (zigomorfas), grandes y vistosas, con corolas blancas o cremosas, frecuentemente con manchas púrpuras u oscuras en alas y estandarte. La corola está compuesta por un estandarte superior, dos alas laterales y una quilla inferior que protege los órganos reproductivos. El cáliz es

tubular, formado por cinco sépalos soldados. El androceo está constituido por 10 estambres diadelfos (nueve soldados y uno libre), mientras que el gineceo es unicarpelar, con ovario unilocular, estilo filiforme y estigma convexo con pelos en forma de cepillo.

- **Fruto.** Es una vaina gruesa, carnosa y alargada, de 5 a 30 cm de longitud, con semillas dispuestas en una sola hilera ventral. Inicialmente verde, al madurar se torna coriácea y oscura, abriéndose por dehiscencia a lo largo de las suturas dorsal y ventral, con longitudes entre 5 y 30 cm. Cada vaina contiene de 2 a 6 semillas de diferente tamaño y color. A pesar de su profusa floración, produce un pequeño porcentaje de vainas.
- **Semilla.** Las semillas son grandes, de forma ovalada, superficie lisa u opaca y gran variabilidad en tamaño (1,6–3,5 cm) y color (blanco-cremoso, verde, pardo, morado, negro o jaspeado). El tegumento externo es duro e impermeable, con un hilio visible de color oscuro, lo que favorece su conservación; sin embargo, la capacidad germinativa disminuye de manera significativa después de 5 a 6 años. La germinación es hipógea, manteniendo bajo tierra la testa y los cotiledones.

La autofertilidad se define como la fecundación que ocurre en ausencia de insectos (Lawes *et al.*, 1983). *Vicia faba* L. es una planta de polinización cruzada con una alta tasa natural de cruzamiento de entre el 19 % y el 49 %, es la única especie cultivada de *Vicia* L. con una alta tasa de cruzamiento lo cual dificulta enormemente el cultivo de variedades de haba. Las tasas de cruzamiento del haba se ven afectadas por muchos factores bióticos y abióticos, y se considera que las abejas son uno de los polinizadores más importantes. Este porcentaje depende de la localización geográfica, así como de la especie y la actividad de los insectos polinizadores durante la floración (Bond y Poulsen, 1983b; Zhang *et al.*, 2023).

Las clasificaciones botánicas sustentadas en rasgos fenotípicos pueden verse afectadas por las condiciones ambientales. En consecuencia, materiales que en una región se agrupan dentro de la variedad *major* podrían presentar características distintas en otro entorno, lo que llevaría a su reasignación a una categoría diferente (Orozco, 2013). En Bolivia existen diferencias en la nominación de los ecotipos. Según la zona de cultivo; los de grano grande se denominan habillas, estos corresponden a la variedad botánica *major* y los de grano mediano (cultivadas en los valles interandinos) pertenecen a la variedad botánica *equina* (Crespo, 1996).

A continuación se presenta una descripción de cada una de ellas que se diferencian fundamentalmente en el tamaño de sus semillas (PUC, 2022):

- ***Var. minor (Harz) Beck.*** Semilla pequeña, de forma elipsoidal y peso promedio entre 0,3 y 0,7 g cada una. Sus vainas son cilíndricas, miden entre 8 y 15 cm de largo y contienen tres a cuatro semillas. Estas últimas miden entre 0,7 y 1,3 cm de largo.
- ***Var. equina Pers.*** Semilla de tamaño mediano, de forma aplastada y el peso promedio de cada una varía entre 0,7 y 1,1 g. Las vainas, que son de tamaño intermedio, presentan una dehiscencia moderada y contienen tres a cuatro semillas. Estas últimas miden entre 1,3 y 1,7 cm de largo.
- ***Var. major (Harz) Beck.*** Es la más usada para consumo en verde, sus semillas son de tamaño grande, alcanzando un peso promedio por semilla de entre 1,2 y 1,8 g. Sus vainas son indehiscentes, miden entre 12 y 35 cm de largo y contienen cuatro a cinco semillas, que miden entre 2 y 3 cm de largo. Los cultivares más utilizados en Chile, que corresponden al tipo Aguadulce, pertenecen a esta variedad botánica.

2.6. Variabilidad fenotípica

La variabilidad fenotípica se refiere a las diferencias observables en las características físicas, morfológicas o de comportamiento entre los individuos de una misma población (ACNefi, 2004). Estas diferencias, conocidas como fenotipo, pueden ser el resultado de la influencia de factores genéticos, ambientales o de la interacción entre ambos. Aunque el genotipo representa la información producida por la variabilidad genética, es el ambiente el que puede modificar o modular su expresión, dando lugar a una amplia gama de manifestaciones fenotípicas (Willmore et al., 2007). Así, individuos con genotipos similares pueden mostrar fenotipos distintos en función del entorno (González et al., 2008).

Los rasgos fenotípicos pueden clasificarse en dos grandes categorías: cualitativos y cuantitativos. Los rasgos cualitativos, como los que estudió Mendel, se expresan en categorías bien definidas (por ejemplo, semillas lisas o arrugadas, flores blancas o violetas) y suelen estar controlados por pocos genes. En cambio, los rasgos cuantitativos son características que se miden en lugar de contarse, como la altura de la planta, el peso de la semilla, el número de vainas o el rendimiento. Estos rasgos presentan una variación

continua entre individuos y, a diferencia de los rasgos cualitativos, suelen estar controlados por múltiples genes con efectos pequeños y acumulativos. Estos rasgos muestran una variación continua entre individuos, es decir, no se agrupan fácilmente en categorías fenotípicas distintas, sino que se distribuyen a lo largo de un gradiente. La variación continua que presentan los rasgos cuantitativos en una población se debe a la acción combinada de factores ambientales y a la segregación simultánea de múltiples alelos en diferentes loci, lo que da lugar a una distribución normal de dichos rasgos. Para estudiar esta variación, se analiza la varianza fenotípica, que se compone de la varianza genética, la varianza ambiental y la covarianza entre el genotipo y el ambiente. Sin embargo, en la mayoría de los estudios se asume que los efectos genéticos y ambientales son independientes, por lo que la covarianza se considera nula. La varianza genética es el componente de mayor interés en los programas de mejoramiento, ya que representa el potencial para modificar la estructura genética de una población y mejorar su productividad (Gállego-Cobos y Araneda-Tolosa, 2018).

La descripción varietal permite una discriminación fácil y rápida entre genotipos (Franco y Hidalgo, 2003), generalmente son consideradas características altamente heredables, fácilmente detectadas a simple vista y con poca o nula variación a través de los ambientes (Pérez *et al.*, 2009).

2.6.1. Manifestación de la variabilidad fenotípica

Según Franco e Hidalgo (2003) toda la variabilidad producida se almacena en el genoma, es decir, entre los miembros de la población que conforman la especie, y puede o no expresarse en características que permitan ser identificadas. Por tanto, desde el punto de vista de su expresión, la variabilidad contenida en el genoma de una especie puede ser agrupada en dos grandes clases: (1) la que se expresa en características visibles y que conforman el fenotipo, y (2) la que no se expresa en características visibles y que en general se refiere a los procesos o productos internos de la planta. Es importante destacar que muchos procesos de esta segunda categoría están siendo identificados gracias a técnicas avanzadas de biología molecular. El fenotipo está compuesto principalmente por caracteres que describen la morfología y la arquitectura de la planta. Estos caracteres, conocidos como descriptores morfológicos, pueden clasificarse en diferentes categorías:

- **Botánicos-taxonómicos.** Corresponden a los caracteres morfológicos que describen e identifican la especie y son comunes a todos los individuos de esa

especie. En su gran mayoría estos caracteres tienen una alta heredabilidad y presentan poca variabilidad, aunque en las especies cultivadas con frecuencia se pueden encontrar unos pocos que muestran diferentes grados de variabilidad, especialmente en aquellos de interés particular para el hombre.

- **Morfoagronómicos.** Características morfológicas importantes para la utilización de especies cultivadas. Pueden ser cualitativos o cuantitativos, incluyendo tanto caracteres botánico-taxonómicos como otros no esenciales para identificar la especie, pero relevantes en agronomía, mejoramiento genético, mercado y consumo. Ejemplos de estos caracteres incluyen forma de hojas; pigmentación en raíces, tallos, hojas y flores; color, forma y brillo de semillas; tamaño, forma y color de frutos; y la arquitectura de la planta, expresada en hábito de crecimiento y tipos de ramificación. Además, se pueden incorporar descriptores relacionados con componentes de rendimiento, facilitando a los fitomejoradores la evaluación del potencial genético. Estos descriptores tienen aceptable heredabilidad local pero son mayormente afectados por las condiciones ambientales.
- **Evaluativos.** Son la porción de la variabilidad que se manifiesta únicamente como respuesta a estímulos ambientales, ya sean bióticos (plagas y enfermedades) o abióticos (estrés por temperatura, agua, nutrientes). Por lo general, estas respuestas se expresan en características cualitativas. El estudio de la variabilidad no visible en la planta se centra en la identificación de marcadores moleculares.

2.7. Variabilidad genética

La variabilidad genética se refiere al conjunto de diferencias heredables que existen entre individuos de una población o entre poblaciones de una misma especie, manifestadas en sus características morfológicas, agronómicas, fisiológicas o moleculares. Esta variabilidad constituye la base para la adaptación de las especies a los cambios ambientales y es un recurso indispensable en los programas de mejoramiento genético. En dicho contexto, la variabilidad utilizada proviene principalmente de poblaciones o genotipos previamente adaptados y conservados en bancos de germoplasma, ya que la variabilidad presente en especies silvestres, aunque amplia, no siempre puede emplearse directamente. Durante los procesos de selección y mejoramiento, solo una fracción de la variabilidad disponible es aprovechada, lo que conduce a una reducción progresiva de la diversidad genética inicial. Así, la variabilidad genética no solo asegura la conservación de

la especie frente a factores bióticos y abióticos, sino que también permite el desarrollo de nuevos cultivares con características agronómicas deseables (Rimieri, 2017).

La recolección, conservación y estudio de los recursos fitogenéticos son fundamentales para garantizar la preservación de la diversidad genética. Así mismo, esta diversidad enfrenta múltiples amenazas, como las exigencias del mercado, la sustitución de variedades locales por cultivares extranjeros, el uso intensivo de productos químicos y la degradación de los ecosistemas, lo cual contribuye significativamente a la erosión genética. Frente a este desafío, los estudios de variabilidad genética en bancos de germoplasma son herramientas clave para un control más eficiente de la erosión genética y para la implementación de estrategias de conservación a largo plazo (Duc *et al.*, 2010).

Los estudios de variabilidad genética constituyen una herramienta fundamental para la selección de individuos con características de interés, así como para la incorporación de genes en programas de mejoramiento. La evaluación de la variabilidad genética requiere la caracterización agronómica, morfológica y genéticamente de los individuos, lo que permite identificar los rasgos característicos de la especie y de diferenciar aquellos que varían entre y dentro de las especies (Salazar, 2014).

Como ocurre con todos los organismos vivos que se desarrollan en condiciones naturales, las poblaciones de individuos que constituyen una especie vegetal están sujetas a una continua interacción dinámica de adaptación con los factores presentes en su entorno. Estos factores pueden ser bióticos, como microorganismos, otras especies vegetales, y animales inferiores o superiores, o abióticos, como el clima y el suelo. Cada especie adapta la información contenida en su genoma según las necesidades de supervivencia en su entorno. El resultado de esta interacción adaptativa se refleja en la acumulación de información genética, que se manifiesta en forma de variantes que cada especie conserva entre los miembros de su población. Estas variantes se transmiten a las generaciones subsiguientes a lo largo del tiempo. Así, aunque los individuos de una población comparten características comunes y son capaces de cruzarse entre ellos, también poseen múltiples variantes individuales. La suma de todos estos individuos, con sus respectivas variantes, constituye lo que se conoce como la variabilidad genética de una especie. Esta variabilidad es fundamental para que la especie se adapte a los cambios que puedan presentarse en su entorno (Hidalgo, 2003).

2.7.1. Fuentes de variabilidad genética

2.7.1.1. Evolutiva

Los patrones de diversidad genética en las plantas cultivadas son el resultado de la interacción de varios factores principales: mutación, migración, recombinación, selección (natural y artificial) y deriva genética. Mientras que los tres primeros favorecen la generación de nueva variabilidad, la selección y la deriva genética tienden a reducirla, modificando las frecuencias genéticas y genotípicas de las poblaciones. La biología reproductiva de cada especie influye directamente en el nivel de variabilidad genética. Se espera una mayor diversidad en especies alógamas, en comparación con las autógamas (Ford-Lloyd y Jackson, 1986). A lo largo del tiempo, la selección ha desempeñado un papel fundamental en la elección y propagación de genotipos superiores, en concordancia con la teoría evolutiva de Darwin, que explica cómo los genotipos deseados son transmitidos a las generaciones posteriores (Salgotra y Chauhan, 2023).

2.7.1.2. Geográfica

Esta fuente de variabilidad genética es crucial para muchas especies cultivadas con amplio rango de distribución geográfica. Estas han sido dispersadas tanto de forma natural como artificial por el ser humano. En cada nuevo nicho ecológico, las especies inician procesos evolutivos que generan variantes genéticas adaptativas en respuesta a los cambios ambientales. En general, un mayor rango de distribución geográfica se asocia con una mayor variabilidad genética (Hidalgo, 2003).

2.7.1.3. Domesticación

Durante la domesticación de especies cultivadas, el ser humano ejerció una fuerte presión de selección que permitió conservar variantes que, en condiciones naturales, se habrían perdido, e incluso generar nuevas para mejorar el manejo agronómico y la producción. Este fenómeno se observa en todas las especies cultivadas, especialmente en las más domesticadas como cereales (trigo, maíz, arroz), papa y frijol. El proceso comprende dos etapas: (1) La domesticación tradicional, basada en la selección empírica de variantes útiles para cubrir necesidades básicas de alimentación, vestido, salud e industria durante más de 10 000 años, y (2) El descubrimiento de la genética, que desde el siglo XX proporcionó herramientas para ampliar la variabilidad en un tiempo reducido. En los

últimos 100 años, genetistas y mejoradores han generado nuevas variantes genéticas mediante cruzamientos, buscando resolver problemas de producción y enfrentar plagas y enfermedades (Hidalgo, 2003).

La domesticación de genotipos es el resultado de la selección de genotipos superiores por parte de agricultores y criadores, lo que descuida otros genotipos indeseables. Esto conduce a una reducción de los alelos inferiores a lo largo de las generaciones. Se producen diversos cambios morfológicos, fisiológicos y bioquímicos en las especies vegetales, que pueden tomar diferentes direcciones bajo domesticación, dependiendo de la parte de la planta que se utilice. Algunas especies vegetales pierden su reproducción sexual durante la selección de tubérculos o raíces de gran tamaño, lo que se asocia con la selección de tipos poliploides, lo que da lugar a la esterilidad (Ray *et al.*, 2015).

2.7.2. La variabilidad genética en el proceso de mejoramiento genético

Desde los inicios de la agricultura hasta las prácticas modernas de mejoramiento genético, la selección realizada por el ser humano ha contribuido a una progresiva reducción de la variabilidad genética. Este fenómeno ocurre tanto en procesos de selección simples como en esquemas más complejos. Los cultivares avanzados como los híbridos F1, líneas puras o clones concentran combinaciones superiores de alelos favorables o interacciones génicas, lo que permite optimizar el potencial productivo. El mejoramiento genético consiste en un proceso dirigido a concentrar genes o combinaciones genéticas favorables en cultivares, considerando las particularidades de los sistemas reproductivos y la estructura genética de cada especie. Mediante el aprovechamiento de la variabilidad genética disponible, los fitomejoradores pueden identificar y combinar genes asociados a características deseables, como la resistencia a plagas y enfermedades, la tolerancia a factores abióticos adversos, y el incremento del rendimiento y la calidad de los cultivos (Rimieri, 2017).

2.8. Variabilidad genética del haba

La diversidad genética entre las habas se refleja desde el círculo polar ártico hasta el ecuador (Torres *et al.*, 2010). Basándose en estudios de rasgos, el haba se dividió en tres grupos. Se han descrito habas con semillas pequeñas, intermedias y semillas más grandes. La región de Oriente Medio es el centro de domesticación de la haba (Caracuta *et al.*, 2015).

Las variedades cultivadas pueden variar de una región a otra, mientras que las especies silvestres crecen como maleza. *Vicia rigidula*, *Vicia anugustifolia*, *Vicia hirsuta*, *Vicia tetrasperma* y *Vicia tenuifolia* son especies silvestres (Joshi et al., 2017). Se identificaron numerosos parientes silvestres primarios y terciarios de *Vicia faba*, aunque no se encontró ningún pariente silvestre secundario; el cultivo está estrechamente relacionado con la especie *Vicia narbonensis* (Yadav et al., 2017).

2.9. Mejoramiento genético de haba en Bolivia

El desarrollo tecnológico y la investigación en el cultivo de haba en Bolivia han respondido históricamente a la segmentación agroecológica de las zonas productoras. En este contexto, el Centro de Investigaciones Fitogenéticas Pairumani (CIFP) asumió la responsabilidad de estudiar el cultivo de haba en los valles, mientras que el Instituto Boliviano de Tecnología Agropecuaria (IBTA) se encargó de la investigación enfocada en el haba cultivada en zonas de altura. El CIFP concentró sus actividades en los valles de Cochabamba, mientras que el IBTA, cuya sede central estaba ubicada en San Benito (Cochabamba), extendió sus investigaciones a los departamentos de La Paz, Tarija y Potosí. Aunque los procesos de investigación y desarrollo tecnológico deberían caracterizarse por su continuidad, el IBTA concluyó sus actividades como institución en 1998, dejando como legado importantes avances en la caracterización y selección de materiales genéticos de haba adaptados a condiciones de altura. Por su parte, el CIFP ha mantenido sus líneas de investigación activa, contribuyendo a la conservación y mejoramiento del germoplasma de haba en Bolivia (Balderrama et al., 2001).

Los cultivos donde se ha invertido y se ha hecho los mayores esfuerzos son trigo, soya, maní, papa, maíz, frijol, haba y quinua. Sin embargo se observa que las prioridades de las instituciones han ido cambiando a partir del año 2000 debido posiblemente a la desaparición del IBTA. Se observó que del 100% del germoplasma utilizado por los programas de fitomejoramiento, en promedio, el 15% proviene de germoplasma local, 13% del germoplasma nacional, 14% de introducción a través de acuerdos bilaterales o multilaterales, 16% de introducción a través de la participación en redes de evaluación de germoplasma, 13% de bancos de germoplasma del CGIAR, 13% de organizaciones públicas en países industrializados y el 16% del sector privado (Gabriel, 2010).

El Centro de Investigaciones Fitogenéticas Pairumani perteneciente a la Fundación Patiño lidera un programa de mejoramiento genético de haba con objetivos específicos. Este

programa se enfoca en el mejoramiento de variedades adaptadas a condiciones altoandinas por encima de los 3.300 msnm, así como en la creación de variedades invernales adecuadas para los valles templados. Además, se dedica a la producción de semilla básica y registrada con el propósito de difundir entre agricultores las variedades mejoradas (CIFP, 2020).

2.10. Colección de germoplasma de haba

El germoplasma de *Vicia faba* ha sido recolectado y conservado en bancos genéticos nacionales y centros de investigación de diversos países. Entre los principales se destacan el AARI en Turquía, el NGB en Egipto, el INRA en Marruecos, el CGSAR en Siria, el NARC en Pakistán y el MOA en Túnez, considerados como los más relevantes. La región de Medio Oriente y el norte de África concentra la mayor colección mundial de este cultivo, resguardada en el Centro Internacional de Investigación Agrícola en Zonas Áridas (ICARDA), con sede en Siria. El germoplasma de haba se conserva en más de 30.500 accesiones distribuidas en diferentes bancos genéticos alrededor del mundo. La colección más grande se encuentra precisamente en el ICARDA, con más de 15.000 accesiones procedentes de 71 países (Fouad *et al.*, 2013; Genesys, 2025).

Los centros de recolección y conservación de recursos genéticos de *Vicia faba* se encuentran distribuidos en diversas regiones del mundo, lo que refleja la importancia global de este cultivo. En Asia, destacan el Institute of Crop Science (CAAS) en Beijing, China, con 5.900 accesiones, y el National Agriculture Genetic Resource Center (NAGRC) en Khumaltar, Nepal, con 60 accesiones. También en esta región se encuentran el ICARDA en Alepo, Siria, que resguarda 10.045 accesiones, el PGRC de Addis Ababa, Etiopía, con 1.118 accesiones, y el Biodiversity Conservation and Research Institute (BCRI) del mismo país, con 1.208 accesiones. A estos se suman la National Bureau of Plant Genetic Resources (NBPGR) en India, con 554 accesiones, y el Aegean Agricultural Research Institute (AARI) en Turquía, con 351 accesiones. En Pakistán, el Plant Genetic Resource Institute (PGRI) conserva 181 accesiones. En Oceanía, el Australian Temperate Field Crops Collection en Victoria resguarda 2.665 accesiones. En Europa, los bancos de germoplasma más representativos incluyen el Gene Bank IPK en Gatersleben, Alemania, con 1.920 accesiones; el INRA en Dijon, Francia, con 1.900 accesiones; y el Instituto de Ciencias Naturales de la Universidad Central del Ecuador (ICN) con 1.650 accesiones). España aporta 1.091 accesiones conservadas en el IFAPA de Córdoba, mientras que en

los Países Bajos el Centre for Genetic Resources (CGN) resguarda 728 accesiones y el DLO-Wageningen 726 accesiones. Otros centros europeos relevantes son el John Innes Centre (JIC) en Norwich, Reino Unido, con 156 accesiones; el IOPG-PAS en Polonia, con 1.258 accesiones; y el INRB-IP en Portugal, con 1646 accesiones. En Rusia, Instituto Panruso de Recursos Fitogenéticos NI Vavilov (VIR) conserva 1.882 accesiones. En el norte de África, Marruecos contribuye con 1715 accesiones conservadas en el Rabat INRA, mientras que Egipto, mediante el Field Crops Research Institute del Agricultural Research Center (NGB), mantiene 125 accesiones (CGIAR, 2009; Fouad *et al.*, 2013; Duc *et al.*, 2015; Paudel y Joshi, 2018; Genesys, 2025).

En América, Estados Unidos conserva 750 accesiones en el USDA-Pullman, mientras que Canadá, a través del Plant Gene Resources of Canada (PGRC), resguarda 274 accesiones. En Bolivia, se conserva 719 accesiones de haba en el Banco Nacional de Germoplasma de Cereales y Leguminosas del Instituto Nacional de Innovación Agropecuaria y Forestal (CGIAR, 2009; Duc *et al.*, 2015; INIAF, 2025).

2.11. Caracterización morfológica

La caracterización morfológica de los recursos fitogenéticos consiste en identificar un conjunto de rasgos utilizando descriptores previamente definidos, los cuales permiten distinguir taxonómicamente a las plantas. Algunos de estos rasgos son altamente heredables, de fácil observación y se expresan de manera consistente en distintos ambientes. Las características morfológicas se emplean en el estudio de la variabilidad genética, en la identificación de variedades y en la conservación de recursos genéticos. En este sentido, la caracterización representa una etapa fundamental tanto para el mejoramiento genético de cultivos como para los programas de conservación (Hernández-Villarreal, 2015).

Un descriptor es una característica o atributo cuya expresión es fácil de medir, registrar o evaluar y que hace referencia a la forma, estructura o comportamiento de un genotipo (Laguna *et al.*, 2006). Los descriptores indican en forma práctica y fácil a cada genotipo. Los más utilizados en las plantas son: de pasaporte, de manejo, del sitio y del medio ambiente, de caracterización y de evaluación (Querol, 1988). Los descriptores de caracterización permiten la discriminación fácil entre fenotipos. Generalmente son caracteres altamente heredables que pueden ser fácilmente detectados a simple vista y se expresan igualmente en todos los ambientes (Franco e Hidalgo, 2003).

La variabilidad que no es perceptible a simple vista se analiza mediante herramientas de biología molecular, las cuales permiten identificar funciones internas de la célula o productos derivados de la expresión genética. Este tipo de análisis se realiza mediante el uso de marcadores moleculares, que permiten detectar diferencias genéticas entre individuos a nivel de ADN (Franco e Hidalgo, 2003). Para llevar a cabo una caracterización efectiva, es fundamental utilizar variables morfológicas confiables que permitan discriminar adecuadamente entre diferentes grupos (UPOV, 2002).

2.11.1. Objetivos de la caracterización morfológica

En el proceso de caracterización de una colección, independientemente de su tamaño, pueden plantearse los siguientes objetivos principales: (1) Medir la variabilidad genética del grupo en estudio, considerando uno, varios o todos los niveles posibles de variabilidad fenotípica, evaluativa y molecular mediante el uso de descriptores previamente definidos; (2) Determinar la representatividad de la colección y su relación con la variabilidad de la especie, ya sea a nivel regional o en el conjunto total de la especie; (3) Analizar la estructura genética de la colección, es decir, la manera en que se organiza en función de las variantes o combinaciones de estas que conforman grupos o poblaciones identificables, lo cual está influenciado por factores demográficos *in situ*, como el tamaño poblacional, la biología reproductiva y los procesos de migración; (4) Identificar posibles duplicidades entre accesiones dentro de la misma colección o en comparación con otras colecciones de la misma especie; y (5) Detectar genes especiales o alelos particulares, ya sea de forma individual o en combinaciones únicas, que se expresen en caracteres visibles morfológicos o evaluativos en distintos estados o combinaciones de estos (Franco y Hidalgo, 2003).

2.11.2. Caracterización y evaluación de germoplasma de haba en Bolivia

Se evaluaron 180 accesiones de haba (*Vicia faba* L.) conservadas en el Banco Nacional de Germoplasma de Bolivia en la comunidad de Cullucachi (provincia Los Andes, La Paz). Se analizaron 31 variables agromorfológicas (19 cuantitativas y 12 cualitativas) mediante estadística descriptiva y multivariada. La mayor variabilidad se observó en peso y número de semillas por planta, número de vainas, ramas basales, altura a la primera vaina y peso de cien semillas. El análisis permitió diferenciar accesiones de ciclo corto, intermedio y largo, así como genotipos de porte alto y productivo frente a otros de menor porte y rendimiento. El análisis de componentes principales identificó cuatro componentes

significativos, que explicaron más del 72 % de la varianza total, destacando asociaciones entre arquitectura y fenología, y relaciones negativas entre longitud de vaina y número de semillas por vaina (Mamani, 2007).

2.12. Herramientas para el análisis de la variabilidad

2.12.1. Marcadores genéticos

Rieger *et al.* (1982) lo definen como cualquier diferencia fenotípica controlada genéticamente utilizada en el análisis genético. Gale (1994) lo define como cualquier medio para identificar cualquier locus específico en un cromosoma. Se puede usar como marcador el efecto de un gen fácilmente observable en los individuos (genéticamente conocidos como caracteres morfológicos), metabolitos característicos de bajo peso molecular, proteínas que puedan extraerse y observarse con facilidad (isoenzimas, proteínas de reserva, proteínas del suero) generalmente es un fraccionamiento mediante electroforesis, o segmentos de ADN que puede obtenerse e identificarse por toda una serie de técnicas moleculares (Pérez de la Vega, 1993).

En general, un marcador genético puede definirse como una etiqueta o alelo cromosómico que permite rastrear una región específica de ADN; un fragmento específico de ADN con una posición conocida en el genoma; y un gen cuya expresión fenotípica suele ser fácilmente distinguible y puede utilizarse para identificar a un individuo o célula (tejido, órgano) que lo porta, o como sonda para etiquetar orgánulos celulares (núcleo, mitocondrias y cloroplastos) o cromosomas (Chesnokov *et al.*, 2020).

Según Collard *et al.* (2005) el marcador genético es un gen o secuencia de ADN con una ubicación cromosómica conocida que controla un gen o rasgo particular. Los marcadores genéticos están estrechamente relacionados con el gen diana y actúan como señales o banderas. Los marcadores genéticos se podrían agrupar ampliamente en dos categorías: marcadores clásicos y marcadores de ADN/moleculares. Los marcadores morfológicos, citológicos y bioquímicos son tipos de marcadores clásicos y algunos ejemplos de marcadores de ADN son el polimorfismo de longitud de fragmentos de restricción (RFLP), polimorfismo de longitud de fragmentos amplificados (AFLP), Repeticiones de Secuencia Simple (SSR) polimorfismo de un solo nucleótido (SNP).) y marcadores de tecnología de matrices de diversidad (DArT) (Jiang, 2013).

Los marcadores genéticos suelen dividirse en tres clases principales: marcadores morfológicos o fenotípicos (detectables a nivel del fenotipo de un organismo), marcadores moleculares (detectables a nivel del ácido nucleico) y marcadores bioquímicos (diversas proteínas, incluidas enzimas y metabolitos). Lamentablemente, este último término no está claramente definido, ya que en algunos contextos designa moléculas cuya presencia marca (etiqueta) diversas fases de diferenciación o una determinada fase fisiológica. Los marcadores citogenéticos también pueden clasificarse como marcadores genéticos. Son un caso especial, ya que poseen simultáneamente las propiedades de los marcadores bioquímicos y moleculares (Chesnokov *et al.*, 2020).

2.12.1.1. Marcadores clásicos

a) Marcadores morfológicos

Los marcadores morfológicos pueden distinguir visualmente cualidades como la estructura de la semilla, color de la flor, hábito de crecimiento y otros rasgos agronómicos importantes. Son fáciles de usar y no requieren instrumentos específicos. No requieren ninguna técnica bioquímica y molecular especializada. Los fitomejoradores han utilizado con éxito este tipo de marcadores en los programas de mejoramiento de cultivos. Las principales desventajas que tiene son: su número es limitado, están influenciados por las etapas de crecimiento de las plantas y diversos factores ambientales (Eagles *et al.*, 2001).

El descubrimiento de los marcadores morfológico-genéticos a principios del siglo XXI desempeñó un papel verdaderamente revolucionario en el desarrollo de la genética y la mejora vegetal. Los marcadores fenotípicos son los más fáciles de utilizar y los más accesibles. No requieren equipos ni reactivos especiales para su detección. Sus principales desventajas están asociadas al hecho de que son poco numerosos y están sujetos a la influencia de factores ambientales o dependen de la fase de desarrollo de la planta en el que se encuentran (Winter y Kahl, 1995). Sin embargo, a pesar de estas excepciones, los marcadores morfológicos siguen siendo una herramienta científica actual y muy útil en la práctica del fitomejoramiento. Estos marcadores están vinculados genéticamente a rasgos agronómicos y de importancia económica (Eagles *et al.*, 2001).

Un marcador morfológico fenotípico suele ser una manifestación visual de la actividad de un gen en su forma normal o mutante. El tipo silvestre del gen rara vez se puede utilizar como marcador genético, salvo en el caso de la forma dominante de dicho gen. En la

mayoría de los casos, los marcadores morfológicos son formas recesivas mutantes de varios genes o sus alelos (la mayoría de las veces se trata de mutaciones puntuales a nivel de nucleótidos individuales) (Chesnokov *et al.*, 2020).

b) Marcadores citológicos

Los marcadores que están relacionados con las variaciones presentes en los números, patrones de bandas, tamaño, forma, orden y posición de los cromosomas se conocen como marcadores citológicos. Estas variaciones revelan diferencias en las distribuciones de la eucromatina y la heterocromatina. Las bandas G son producidas por la tinción de Giemsa, las bandas Q son producidas por el clorhidrato de quinacrina y las bandas R son las bandas G invertidas. Estos puntos de referencia cromosómicos se pueden utilizar en la diferenciación de cromosomas normales y mutados (Jiang, 2013).

c) Marcadores bioquímicos

Los marcadores bioquímicos, o isoenzimas, son formas multimoleculares de enzimas que están codificadas por varios genes, pero tienen las mismas funciones. Son variaciones alélicas de enzimas y por lo tanto las frecuencias génicas y genotípicas pueden estimarse con marcadores bioquímicos. Se han aplicado con éxito en la detección de diversidad genética, estructura de poblaciones, flujo genético y subdivisión de poblaciones. Son codominantes, fáciles de usar y rentables. Sin embargo, son menos numerosos, detectan menos polimorfismo y se ven afectados por diversas metodologías de extracción, tejidos vegetales y diferentes etapas de crecimiento de las plantas (Muhammad *et al.*, 2017).

d) Marcadores moleculares o de ADN

Los marcadores moleculares son secuencias de ADN utilizadas para detectar diferencias genéticas entre individuos, basadas en el polimorfismo presente en sus secuencias nucleotídicas. Estos polimorfismos pueden originarse por diversos mecanismos, como inserciones, delecciones, mutaciones puntuales, duplicaciones o translocaciones. Un marcador molecular ideal debe cumplir con ciertos criterios fundamentales: debe ser codominante (permitiendo distinguir entre homocigotos y heterocigotos), estar uniformemente distribuido a lo largo del genoma, ser altamente reproducible y poseer la capacidad de detectar un alto nivel de polimorfismo, facilitando así una discriminación genética precisa entre genotipos (Mondini *et al.*, 2009).

2.12.2. Análisis estadístico y correlacional

a) Estadística descriptiva

La estadística, estudia los métodos empleados en la recolección, organización, resumen, análisis e interpretación de datos, con el fin de obtener validez en las conclusiones y tomar decisiones de manera razonable y efectiva (Spiegel y Stephens, 2012). La estadística descriptiva está orientada a la presentación de datos mediante tablas y gráficas que permiten resumir o describir el comportamiento de los mismos, sin realizar inferencias debido a que son obtenidos de una parte de la población (Posada, 2016).

La Estadística Descriptiva o Análisis Exploratorio de Datos permite presentar la información de forma que resalten sus principales características. A través de gráficos y medidas numéricas es posible identificar patrones, valores atípicos y errores. Resumir los datos con la menor pérdida de información posible facilita su interpretación. Esta etapa debe ser la primera en cualquier análisis. Implica la aplicación de medidas de tendencia central, como la media y la mediana, así como medidas de dispersión, como la desviación estándar, para caracterizar la variabilidad morfológica. Además, técnicas estadísticas, como la correlación, que permiten evaluar y explorar relaciones entre los resultados de la caracterización y evaluación morfológica (Orellana, 2001).

b) Análisis de correlación

La correlación es una medida estadística que indica el grado de relación lineal entre dos variables cuantitativas continuas (x , y). Para identificar si existe correlación entre ellas, se observa si ambas varían conjuntamente, es decir, si un cambio en una variable se asocia con un cambio en la otra. Sin embargo, es fundamental destacar que una correlación no implica necesariamente una relación de causa y efecto; la asociación puede ser casual o producto de otros factores no considerados (Vinuesa, 2016).

El coeficiente de correlación es un número que mide la fuerza y la dirección de la relación entre dos variables. El coeficiente de correlación puede variar entre -1 y 1. Un coeficiente de correlación de 1 indica una relación lineal perfecta positiva, es decir, que las dos variables aumentan o disminuyen juntas. Un coeficiente de correlación de -1 indica una relación lineal perfecta negativa, es decir, que las dos variables aumentan o disminuyen

en direcciones opuestas. Un coeficiente de correlación de 0 indica que no existe una relación lineal entre las dos variables (Alquicira, 2017).

2.12.3. Análisis multivariado

El análisis multivariado tiene sus orígenes a inicios del siglo XX con los trabajos de Pearson y Spearman, y se consolidó entre las décadas de 1930 y 1940 gracias a aportes de Hotelling, Wilks, Fisher, Mahalanobis y Bartlett (Bramardi, 2002). El análisis multivariado es un conjunto de métodos estadísticos que permiten examinar simultáneamente múltiples variables medidas. Constituye una extensión de los análisis univariados y bivariados, y se aplica cuando las variables son aleatorias y están interrelacionadas. En la caracterización, estos métodos permiten describir accesiones considerando varias características a la vez y sus interacciones. Se dividen en dos grandes grupos: (1) métodos de dependencia, donde algunas variables se explican a partir de otras; y (2) métodos de interdependencia, que analizan el conjunto completo de variables sin distinguir entre dependientes e independientes (Hair *et al.*, 2022).

a) Análisis de correspondencias

El análisis de correspondencias es una técnica exploratoria que permite reducir la dimensionalidad de grandes conjuntos de datos categóricos, con la mínima pérdida de información posible. Se aplica específicamente a variables categóricas u ordinales. El análisis de correspondencias simples (ACS) se utiliza principalmente en el estudio de tablas de contingencia formadas por dos variables cualitativas (nominales u ordinales), representadas en filas y columnas. Este análisis resume la información de la tabla y proyecta los perfiles fila y columna en un espacio reducido, permitiendo visualizar las relaciones entre las categorías de ambas variables. Cuando se extiende a más de dos variables cualitativas, se denomina Análisis de Correspondencias Múltiples (ACM), y sigue los mismos principios (de la Fuente, 2011).

Las variables categóricas serán analizadas usando el análisis de correspondencia múltiple (ACM) que es una extensión del análisis de correspondencia simple para resumir y visualizar una tabla de datos que contiene más de dos variables categóricas. También puede verse como una generalización del análisis de componentes principales cuando las variables a analizar son cualitativas en lugar de cuantitativas (Hair *et al.*, 2022).

b) Análisis de componentes principales (ACP)

El ACP es una técnica estadística multivariante de simplificación, que permite transformar un conjunto de variables originales correlacionadas entre sí, en un conjunto sintético de variables no correlacionados denominados factores o componentes principales (Jolliffe, 1986), que tiene como punto de partida una matriz de datos con una serie de individuos, a los que se les ha medido varias variables. Por eso se la clasifica como una técnica multivariante, parte de una matriz de datos conformada por n individuos (filas) y m variables cuantitativas (columnas). Su objetivo principal es reducir la dimensionalidad del conjunto de datos, proyectando la información contenida en múltiples variables sobre un nuevo sistema de ejes (componentes principales), preservando la mayor varianza posible. Esto permite representar la estructura de los datos en dos o tres dimensiones, facilitando su visualización y análisis. Cuando el número de variables supera tres, resulta imposible graficar directamente en un espacio de m dimensiones. El ACP soluciona esta limitación proyectando la nube de puntos multidimensional en un espacio de menor dimensión, manteniendo la máxima información posible. De este modo, se logra visualizar relaciones, patrones y agrupamientos entre las muestras considerando simultáneamente todas las variables, sin excluir ninguna del análisis (Ruiz-Aranibar, 2009).

El ACP combina la información de varias variables observadas en los mismos sujetos en un número reducido de variables, llamadas componentes principales (PC). La "información" se mide mediante la varianza total de las variables originales, y los PC explican de manera óptima la mayor parte de esa varianza. El ACP permitirá reducir las dimensiones, condensando la información en un conjunto más de componentes principales que explican la mayor parte de la variabilidad. El ACP nos ayudará a identificar las variables morfológicas que están más correlacionadas, como también los genotipos que están relacionados con estas variables de respuesta (Greenacre *et al.*, 2022).

c) Análisis de Conglomerados o Clúster

El análisis de conglomerados es un método que tiene la finalidad de identificar grupos homogéneos de objetos, pacientes u observaciones (unidades de análisis), los cuales se denominarán conglomerados, grupos o clusters. Dentro de cada conglomerado los objetos tienen características similares entre ellos; pero diferentes a las de los objetos de otros conglomerados (Vega-Dienstmaier y Arévalo-Flores, 2014). El propósito del análisis

de conglomerados es agrupar objetos, o conglomerados, sugeridos por los datos, no definidos de antemano, de manera que los objetos en un mismo conglomerado tiendan a ser similares entre sí en algún sentido, mientras que los objetos en diferentes conglomerados tienden a ser diferentes (Everitt, 1980). Agrupa muestras en clústeres basados en similitudes morfológicas, lo que facilita la identificación de patrones y relaciones entre las muestras. Esto puede revelar grupos naturales de genotipos que comparten características similares. Además, ayuda en la selección de genotipos prometedores con características deseables, ya sea para la mejora genética, la conservación del germoplasma o la producción agrícola (Ruiz-Aranibar, 2019).

c1) Método de Agrupamiento UPGMA (Unweighted Pair Group Method with Arithmetic Mean)

El método UPGMA (agrupamiento por pares no ponderados con media aritmética) es una técnica de agrupamiento jerárquico aglomerativo que construye un dendrograma para representar las relaciones entre elementos según su similitud. Parte de cada elemento como un grupo individual y, en cada etapa, fusiona los dos grupos más cercanos usando la media aritmética de las distancias. Asume que todos los linajes evolucionan a un ritmo constante, por lo que es común en estudios de sistemática molecular. Su simplicidad y eficiencia lo hacen ideal para representar visualmente procesos de agrupamiento en análisis multivariado (FasterCapital, 2025).

c2) Medidas de distancia y de similitud.

Estos métodos permiten evaluar el grado de asociación entre los individuos o variables, utilizando índices de similitud, coeficientes de correlación y medidas de distancia. Cada enfoque ofrece una perspectiva distinta según el tipo de datos y accesiones analizadas. Las medidas de similitud, acotadas entre 0 y 1, indican mayor semejanza con valores más altos, y siempre valen 1 para una accesión consigo misma. Las distancias, en cambio, disminuyen con el aumento de similitud, son siempre positivas y valen 0 cuando se comparan elementos idénticos. Ambas matrices, de similitud o distancia, son simétricas. Para aplicar índices de diversidad funcional, clasificación u ordenación, es fundamental considerar tanto la escala de los rasgos (binarios, cualitativos o cuantitativos) como las propiedades de las medidas de semejanza empleadas (Demey *et al.*, 2011).

c3) Índice de similitud

Expresan el grado en el que dos muestras son semejantes por las especies presentes en ellas, por lo que son una medida inversa de la diversidad beta, que se refiere al cambio de especies entre dos muestras (Baev y Penev, 1995). Se usa para comparar materiales cuyas características son evaluadas en una escala nominal, o binomial (doble estado: presencia o ausencia). A partir de la matriz básica de datos se calcula los coeficientes, y con ello, se construye una matriz de similitud (Crisci, 1983). Sus valores varían entre cero y uno, siendo el valor cero el de máxima similitud, y el valor uno, el mínimo. Los índices más usados son: Simple Matching (Sokal y Sneath, 1963), Jaccard (Jaccard, 1908), Dice (Dice, 1945); Nei (Nei y Li, 1979), Gower (Gower, 1971), entre otros.

Uno de los coeficientes más versátiles en este tipo de análisis es el índice de Gower (Gower, 1971), especialmente útil cuando se trabaja con datos de distinta naturaleza, como variables nominales, binarias (presencia/ausencia), ordinales y cuantitativas. A diferencia de otros índices más restringidos en cuanto al tipo de variables, el coeficiente de Gower permite integrar diferentes tipos de variables en un solo análisis, calculando la similitud entre pares de muestras a partir de una matriz de datos mixta.

3. MATERIALES Y MÉTODOS

3.1. Localización

3.1.1. Ubicación geográfica

La caracterización y evaluación agromorfológica se realizó en la campaña 2023-2024 en el Centro Experimental de Kallutaca, dependiente de la Universidad Pública de El Alto, ubicada en la provincia Los Andes, segunda sección municipal de Laja del departamento de La Paz, a 20 km de la Sede de Gobierno. Geográficamente se encuentra situada a 16° 26' 19.00" longitud Oeste y 68° 29' 49.18" latitud Sur y a una altura de 3900 msnm (Condori *et al.*, 2017).

3.2. Materiales

3.2.1. Material genético

El material genético evaluado estuvo conformado por un total de 40 genotipos, distribuidos en 16 accesiones y 20 líneas en fase de premejora, provenientes del Banco de Germoplasma Nacional de Cereales y Leguminosas del Instituto Nacional de Innovación Agropecuaria y Forestal, así como 4 cultivares comerciales registrados por el Centro de Investigaciones Fitoecogenéticas Pairumani (CIFP), la Asociación de Productores de Semillas de Haba de Chulumani (APSHA-CH) y el Instituto Nacional de Tecnología Agropecuaria (INTA) (Cuadro 1).

Cuadro 1. Datos de pasaporte del material genético

Id	Nombre del material genético	País	Departamento	Provincia	Localidad
1	12436-0-2	Bolivia	La Paz	Camacho	Escoma
2	11772-0-2	Bolivia	Cochabamba	Capinota	Santibañez
3	12281-0-5	Bolivia	Potosí	José María Linares	Cruz Pampa
4	11755-0	Bolivia	Cochabamba	Chapare	Candelaria
5	12234-0-1-3-5	Bolivia	La Paz	Murillo	Mellucatu
6	12145-0-3-5	Bolivia	La Paz	Omasuyos	Pocoata
7	12145-0-1-4	Bolivia	La Paz	Omasuyos	Pocoata
8	11925-1	Bolivia	Potosí	José María Linares	Florida

9	12007-15	Ecuador	Tulcán	Carchi	San Gabriel
10	12317-0	Bolivia	Potosí	Chayanta	Centro Esquena
11	12243	Bolivia	La Paz	Murillo	Milluciato Chañar
12	12408-0	Bolivia	Potosí	Nor Lipez	Vila Vila
13	12151-0-4	Ecuador	Azoquez	Cañar	Ingapirca
14	11899-0-4-5	Bolivia	Potosí	Sur Chichas	Hornillos
15	11921-0	Bolivia	Cochabamba	Carrasco	Pojo
16	11744-4	Bolivia	Potosí	Sur Chichas	Hornillos
17	11921-2	Bolivia	Potosí	Nor Lipez	Vila Vila
18	12000-0	Bolivia	Cochabamba	Chapare	Aguirre
19	11899-0	Bolivia	La Paz	Murillo	Milluciato Chañar
20	12408-0-5	Bolivia	Chuquisaca	Sud Cinti	Sultaca
21	12230	Bolivia	La Paz	Camacho	Quilima
22	12240	Bolivia	Potosí	José María Linares	Mojon Chilcari
23	12262	Bolivia	La Paz	Omasuyos	Chicata
24	12245	Bolivia	Potosí	Cornelio Saavedra	Chaqi-Huaca ca
25	12247	Bolivia	La Paz	Los Andes	Santa Ana
26	12263	Bolivia	La Paz	Omasuyos	Tari Grande
27	12252	Bolivia	La Paz	Camacho	Chochachique
28	12251	Bolivia	Cochabamba	Mizque	Alalay
29	12266	Bolivia	Potosí	José María Linares	Macacoyo
30	12236	Bolivia	Potosí	Tomas Frias	Totora Pampa
31	12362	Bolivia	La Paz	Manco Kapac	Yanpupata
32	12432	Bolivia	Potosí	José María Linares	Huay Koro
33	12375	Bolivia	Potosí	José María Linares	Puna
34	12335	Bolivia	Potosí	Chayanta	Hancorani
35	12386	Bolivia	La Paz	Camacho	Oyasantiya
36	12379	Bolivia	La Paz	Camacho	Escoma
37	Valluna	Bolivia	La Paz	Manco Kapac	APSHA-CH
38	Pairumani	Bolivia	Cochabamba	Cochabamba	CIFP
39	Gigante de Copacabana	Bolivia	La Paz	Manco Kapac	APSHA-CH
40	Haba agua dulce	Argentina	Buenos Aires		INTA

3.2.2. Material de campo

Para dimensionar el área experimental, se empleó cinta métrica, estacas e hilo, que permitieron delimitar con precisión el espacio destinado al experimento. En el registro de los descriptores cuantitativos, se utilizaron diversos instrumentos: reglas, calibradores o vernier, cintas métricas y balanzas, asegurando la exactitud en las mediciones de las muestras. Para documentar las características morfológicas de cada material genético en estudio, se usó un teléfono móvil para capturar fotografías, lo cual facilitó el seguimiento visual observado durante la caracterización y evaluación.

El área experimental se mantuvo bajo condiciones controladas respecto a la instalación de un sistema de riego por nebulización, utilizando sistemas como el Golden Spray o también llamadas cintas de lluvia, que aseguraron que el área experimental permaneciera en capacidad de campo, garantizando la humedad adecuada para el desarrollo de las plantas.

Para proteger las plantas de daños causados por animales (como aves y mamíferos) y por factores abióticos (como la insolación excesiva o vientos de alta velocidad), se desplegaron mallas semi-sombra, proporcionando una barrera efectiva y minimizando el riesgo de estrés en las plantas. Se empleó el descriptor del Consejo Internacional de Recursos Fitogenéticos (IBPGR) y del Centro Internacional de Investigaciones Agrícolas en Zonas Áridas (ICARDA, 1985) (IBPGR y ICARDA, 1985) y un libro de campo para tomar notas detalladas sobre las muestras, condiciones ambientales y cualquier observación relevante durante la ejecución de la investigación.

3.2.3. Material de escritorio

Libreta de campo, documentos bibliográficos, equipo de computación e impresora.

3.3. Metodología

3.3.1. Desarrollo del ensayo

3.3.1.1. Siembra

La siembra del material genético se realizó en septiembre de 2023, después de la preparación del suelo con arado y rastrillado, labores que fueron realizadas con la ayuda de un tractor de la universidad, para mullir el suelo y sacar el exceso de piedras del

terreno donde se implementaría el ensayo. Se estableció una distancia de 0,5 m entre surcos y 0,3 m entre plantas, con una profundidad de siembra de 5 a 7 cm. Cada genotipo se dispuso en un surco de 3 m de longitud y 0,30 m de ancho, constituyendo la unidad experimental, con un máximo de 11 plantas por surco. No se establecieron repeticiones, debido a que se trató de una caracterización y evaluación preliminar.

El haba es una especie diploide con un número cromosómico de $2n=12$ (seis pares homólogos) y es parcialmente alógama. Se ha observado que la polinización cruzada en esta especie varía ampliamente, oscilando entre un 8% y un 84%, con un promedio del 35% (Bond y Poulsen, 1983a). Conscientes de estos datos sobre el porcentaje de alogamia en el haba, se decidió sembrarlo en asociación con avena. Esta última se plantó entre los surcos de los diferentes genotipos de haba para mitigar la polinización cruzada no deseada entre ellos, reduciendo así el riesgo de cruces indeseados.



Figura 1. Siembra de 40 genotipos de haba (*Vicia faba L.*) en el Centro Experimental de Kallutaca de la Universidad Pública de El Alto.

3.3.1.2. Riego

El riego en el área experimental se realizó mediante un sistema de riego por nebulización (Golden Spray, también conocido como cinta de lluvia), aplicando el riego cada dos días durante 30 minutos en las primeras etapas de establecimiento del cultivo, hasta su emergencia. Posteriormente, se optó por el uso de regaderas para aplicar un riego más localizado, debido al déficit hídrico que se presentaba en el Centro Experimental de

Kallutaca. Estas medidas fueron necesarias ante la ausencia de precipitaciones durante el periodo seco registrado en los meses de octubre, noviembre y diciembre. Con el inicio de la temporada de lluvias, el riego se redujo gradualmente hasta su completa suspensión.



Figura 2. Aplicación de riego manual mediante regaderas para favorecer la humedad localizada y promover el uso eficiente del agua.

3.3.1.3. Labores culturales

El desmalezado se realizó manualmente, de acuerdo con el grado de proliferación de malezas en el cultivo. Entre las principales especies registradas se encontraron nabo silvestre (*Brassica campestris*), diente de león (*Taraxacum officinale*), pasto de invierno (*Bromus catharticus*), muni-muni (*Bidens andicola*), bolsa de pastor (*Capsella bursapastoris*), con el objetivo de reducir la competencia por nutrientes, agua y radiación solar. El control de plagas se efectuó mediante la aplicación de insecticidas comerciales, empleando AcariTop®, producto eficaz contra insectos fitófagos como los pulgones (*Aphididae*) que afectan al cultivo de haba. En cuanto al manejo de enfermedades, se utilizaron fungicidas de acción preventiva y curativa, como Almistar Top® y Tilt®, con el propósito de controlar enfermedades fúngicas frecuentes en el cultivo, tales como la roya (*Uromyces fabae*) y la botritis (*Botrytis fabae*) también llamada mancha de chocolate. Durante el desarrollo vegetativo se llevaron a cabo otras labores culturales como la fertilización con fosfato diamónico con una cantidad de 50 g por unidad experimental, orientada a suplir las necesidades nutricionales del cultivo, y el aporque, realizado para mejorar la aireación del suelo, favorecer el anclaje de las plantas y prevenir el encamado.

Ambas prácticas fueron programadas y ejecutadas en el mes de diciembre, coincidiendo con la etapa de mayor crecimiento vegetativo.



Figura 3. Labores culturales y prácticas de manejo fitosanitario implementadas durante las fases de desarrollo del cultivo de haba (*Vicia faba L.*).

3.3.1.4. Cosecha y post-cosecha

La cosecha se realizó en estado de vaina verde, considerado el momento óptimo de desarrollo fenológico. En esta etapa se realizó la cosecha de las vainas de 10 plantas por genotipo, caracterizadas por un completo llenado del grano, una coloración verde intensa y una textura tierna, apropiadas para el consumo en fresco. Dicho proceso tuvo lugar en abril de 2024, tomando en cuenta las condiciones agroclimáticas específicas de la región y el ciclo fenológico del cultivo, este fue característico por la aproximación de las bajas temperaturas correspondientes al invierno. Posteriormente, se efectuaron las labores de poscosecha, que incluyeron el secado de las vainas. Estas actividades fueron seguidas de la limpieza manual de las semillas para eliminar impurezas, la clasificación por tamaño

y el almacenamiento en condiciones frescas con baja humedad relativa, con el propósito de preservar la viabilidad y frescura del grano. Finalmente, se llevó a cabo la caracterización y evaluación de las semillas. Las tareas de poscosecha concluyeron en mayo de 2024 con el almacenamiento de las semillas en ambientes secos y con baja humedad relativa.



Figura 4. Labores de cosecha y poscosecha del cultivo de haba realizadas en los ambientes del Centro Experimental de Kallutaca.

3.3.2. Caracterización y evaluación morfológica

Los 40 genotipos fueron caracterizados y evaluados en campo con base en sus rasgos morfológicos y agronómicos. A lo largo de las fases de desarrollo vegetativo, floración y maduración, la caracterización y evaluación se realizó principalmente mediante descriptores convencionales relacionados con la arquitectura de la planta, la flor, el fruto y la semilla. Estos descriptores son ampliamente utilizados por mejoradores y bancos de germoplasma para la caracterización y evaluación de habas (IBPGR y ICARDA, 1985).

Se registraron las características morfológicas de cinco plantas y diez frutos cosechados por genotipo, utilizando un total de 31 descriptores. Estos incluyeron tanto caracteres cualitativos como rasgos cuantitativos de las plantas muestreadas. Para la evaluación de los caracteres cualitativos se evaluaron visualmente las 11 plantas correspondientes a cada genotipo. En estudios preliminares, donde la diversidad genética es alta y se busca identificar patrones generales de variación, un número reducido de muestras puede ser suficiente para detectar diferencias fenotípicas, además de facilitar un análisis más detallado y eficiente en tiempo y recurso (SAG, 2018; INIAF, 2022). La caracterización de recursos genéticos en fases tempranas con número reducido de muestras, enfatiza la importancia de utilizar muestras representativas en las evaluaciones iniciales, que posteriormente pueden ampliarse para caracterizar mejor al genotipo y tomar decisiones de descarte o avance (Flores-Sánchez *et al.*, 2025).

La unidad básica de caracterización (UBC) puede estar constituida por un solo individuo cuando éste presenta características particulares, como en el caso de materiales provenientes de un programa de mejoramiento o de una colecta específica o de una accesión de un banco de germoplasma. Sin embargo, también puede estar formada por un conjunto de individuos que comparten ciertos rasgos comunes, por ejemplo: individuos de una población silvestre, una variedad cultivada o incluso una especie completa, si esta es la unidad de análisis. En todos los casos, la definición de la UBC debe responder al objetivo específico de la caracterización y al interés del investigador (Núñez-Colín y Escobedo-López, 2015).

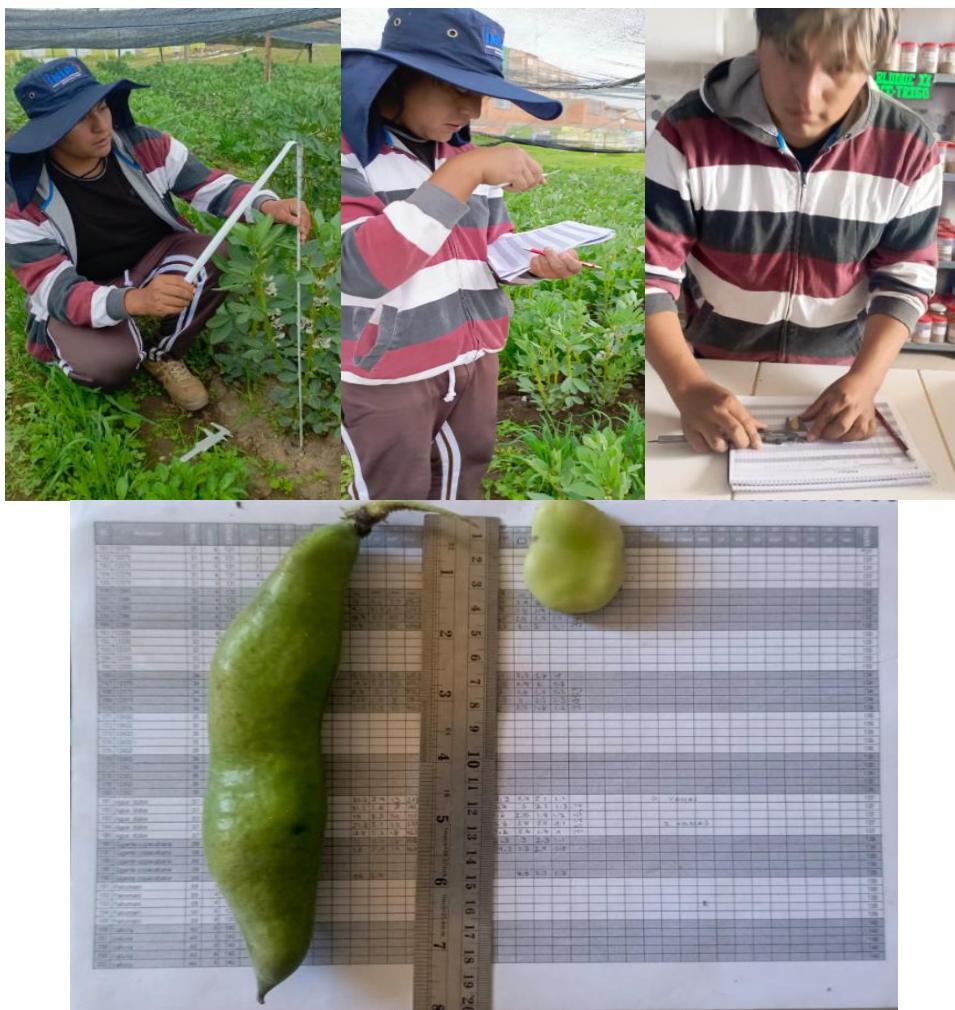


Figura 5. Caracterización y evaluación de variables cuantitativas y cualitativas utilizando descriptor de haba elaborado por IBPGR-ICARDA.

3.3.3. Factores de estudio

Los factores en estudio estaban constituidos por 40 genotipos de haba que a su vez estaba compuesto por 16 accesiones, 20 líneas de premejora y 4 cultivares comerciales.

3.3.4. Variables de respuesta

El registro de las variables de respuesta fue efectuado bajo los criterios de evaluación establecidos por la guía del Servicio Nacional de Inspección y Certificación de Semillas (SNICS, 2001) para la descripción de caracteres de haba, derivada del Consejo Internacional de Recursos Fitogenéticos y del Centro Internacional de Investigaciones Agrícolas en Zonas Áridas (IBPGR y ICARDA, 1985).

3.3.4.1. Variables cuantitativas

Las variables de respuesta cuantitativas consideradas en la presente investigación se detallan en el Cuadro 2. Estas variables fueron seleccionadas en función de su relevancia para la evaluación del cultivo. Su definición y delimitación responden a criterios técnicos previamente establecidos, lo que facilita su análisis estadístico y la comparación entre los genotipos:

Cuadro 2. Variables de respuesta cuantitativas

Nº	Variable de respuesta	Símbolo	Unidad	Descripción
Variables de arquitectura de planta				
1	Altura planta	AP	cm	Se registró desde el cuello del tallo principal hasta el ápice de la planta utilizando un flexómetro. La medición se realizó en centímetros durante la etapa de madurez fisiológica.
Variables de Inflorescencia y flor				
4	Numero de inflorescencias	NI	Unid.	Registro del número de inflorescencias que se presenta en su primera etapa de floración del cultivo.
5	Número de Flores por Planta	NFP	Unid.	Se cuantificó el número total de flores por planta cuando la planta entró en su primera etapa de floración.
6	Longitud de Flor (estandarte)	LF	mm	Se midió la longitud del el estandarte de 5 flores con la ayuda de un vernier el promedio fue registrado.
Variables de vaina y semilla				
7	Longitud de la vaina	LV	cm	Se registró con un vernier y se midió la longitud de vaina, cuando la planta llegó a la etapa de maduración de fruto.
8	Anchura de la vaina	AV	cm	Se registró con un vernier y se midió la anchura de vaina, cuando la planta llegó a la etapa de maduración de fruto.
9	Número Vainas por Planta	NVP	Unid.	Se cuantificó el número total de vainas por planta. Cuando la planta se encontraba en etapa de fructificación.

10	Peso de vainas por Planta	PVP	g	Se registró el peso de 10 vainas por planta cuando se encuentra en madurez fisiológica.
11	Número Semillas por Vaina	NSV	Unid.	Se registró el número de semillas por vaina. Este dato se registró en la etapa de cosecha.
Variables de semilla				
12	Peso de 100 Semillas	P100S	g	Se evaluó el peso de las semillas con una balanza electrónica después de la cosecha en seco.
13	Ancho de semilla	AS	cm	La Medición de esta variable se realizó con la ayuda de un vernier, se midió un total de 5 semillas de las cuales se registró el promedio.
14	Largo de semilla	LS	cm	La Medición de esta variable se realizó con la ayuda de un vernier, se midió un total de 5 semillas de las cuales se registró el promedio.
15	Grosor de semilla	GS	cm	Se realizó utilizando un vernier de precisión, se seleccionaron cinco semilla, y se calculó el valor promedio a partir de las mediciones individuales registradas
16	Peso de semillas por planta	PSP	g	Se registró el peso de las semillas con una balanza. Este dato se registró en la etapa de pos cosecha.
Variables relacionadas con el rendimiento y biomasa				
17	Rendimiento en verde	RDTO	t/ha	Se obtuvo con el peso de vainas por planta, registrado en el área cosechada de cada genotipo, a una escala por superficie. Se consideró la densidad de siembra y el rendimiento por planta, expresando los resultados en toneladas por hectárea ($t^{*}ha^{-1}$).
18	Peso de biomasa fresca	PBF	g	Se determinó el peso de la parte aérea de la planta junto con la cosecha de vainas.

3.3.4.2. Variables cualitativas

Las variables de respuesta cualitativas consideradas en el presente estudio se describen detalladamente en el Cuadro 3, incluyendo su simbología y criterios de caracterización:

Cuadro 3. Variables de respuesta cualitativas

Nº	Variable de respuesta	Símbolo	Descripción
1	Habito de crecimiento	HC	Se caracterizó en la madurez fisiológica a todas las plantas del genotipo. Fueron registradas como: Determinada e Indeterminada.

2	Coloración de antocianinas en follaje	CAF	Se registró con la observación detallada del follaje, se registró de la siguiente manera: Ausente y Presente.
3	Extensión del Color antocianinas en flor	ECAF	Se registró en etapa de floración de los siguientes estados: pequeño, mediano y grande.
4	Presencia de Mancha de Melanina en el Ala	PMMA	Se caracterizó observando la flor, donde las formas se registraron de los siguientes estados: Ausente y Presente.
5	Color de la Mancha de Melanina en el Ala	CMMA	Fue caracterizada observando la flor, se registró de los siguientes estados: Café, Negra y Amarilla verdosa.
6	Mancha de Melanina en el Estandarte	MME	Se caracterizó observando la parte interna de la flor, donde se registró de los siguientes estados: Ausente y Presente.
7	Color de la Flor	CF	Color predominante de pétalos o estandarte, donde las formas se registraron de los siguientes estados: Blanco, Violeta, Marrón oscuro, Marrón claro, Rosa, Rojo, Amarillo y Mixto.
8	Porte de Vaina	PV	Se realizó la caracterización en la cosecha, las formas se registraron de los siguientes estados: Semierecto, Erecto y Horizontal.
9	Grado de Curvatura de la Vaina	CV	Se registró después de la cosecha. Las formas se registraron de los siguientes estados: Ausente, Débil, Media y Fuerte.
10	Intensidad de Color Verde de Vaina	ICVV	Se registró la intensidad del color verde de las vainas de los siguientes estados: Claro; Media; Fuerte.
11	Forma de la Semilla	FS	Las formas de la semilla se registraron de los siguientes estados: Oblonga, Elíptica y Ovada.
12	Color de la Semilla	CS	Se caracterizó justo después de la cosecha, donde los colores se registraron de los siguientes estados: Café claro, Jaspeado, Verde, Rojo, Violeta y Negro.

3.3.5. Análisis estadístico

El análisis estadístico de la investigación se orientó a comprender la variabilidad fenotípica de 40 genotipos de haba (*Vicia faba L.*) mediante el uso del software R Studio, ejecutado en su versión en línea a través de Posit Cloud. Para el procesamiento y visualización de los datos se emplearon los paquetes *ggplot2* (Wickham *et al.*, 2023), *FactoMineR* (Lê y Husson, 2008), *Factoextra* (Kassambara y Mundt, 2020), *missMDA* (Josse y Husson, 2016) y *corrplot* (Wei y Simko, 2024), los cuales permitieron desarrollar

análisis descriptivos, correlacionales y multivariados de manera eficiente, en concordancia con los objetivos planteados en el estudio. Se aplicó estadística descriptiva para caracterizar la diversidad de los genotipos a partir de sus variables cuantitativas, lo que permitió describir la amplitud de la variación. Posteriormente, se realizó un análisis de correlación, que posibilitó identificar asociaciones lineales entre los caracteres agromorfológicos. Asimismo, se implementaron técnicas de análisis multivariado, específicamente el Análisis de Componentes Principales (ACP) y el Análisis de Correspondencias Múltiples (ACM), que facilitaron la reducción de la dimensionalidad de los datos, resaltando los caracteres con mayor aporte a la variabilidad y revelando patrones de diferenciación entre genotipos. Finalmente, se llevó a cabo un análisis de agrupamiento, que permitió clasificar a los genotipos en grupos disímiles de acuerdo con sus características fenotípicas.

4. RESULTADOS Y DISCUSIÓN

4.1. Condición ambiental

En la Figura 6 se presentan las curvas de temperatura y precipitación registradas durante la campaña agrícola 2023 - 2024. La temperatura máxima varió entre 16.73 °C y 19.62 °C, mientras que la mínima fluctuó entre -1.41 °C y 6.23 °C. Aunque las condiciones térmicas fueron en general adecuadas para el desarrollo del cultivo, los descensos hacia valores negativos podrían haber provocado episodios de estrés en las plantas, especialmente durante las etapas tempranas.

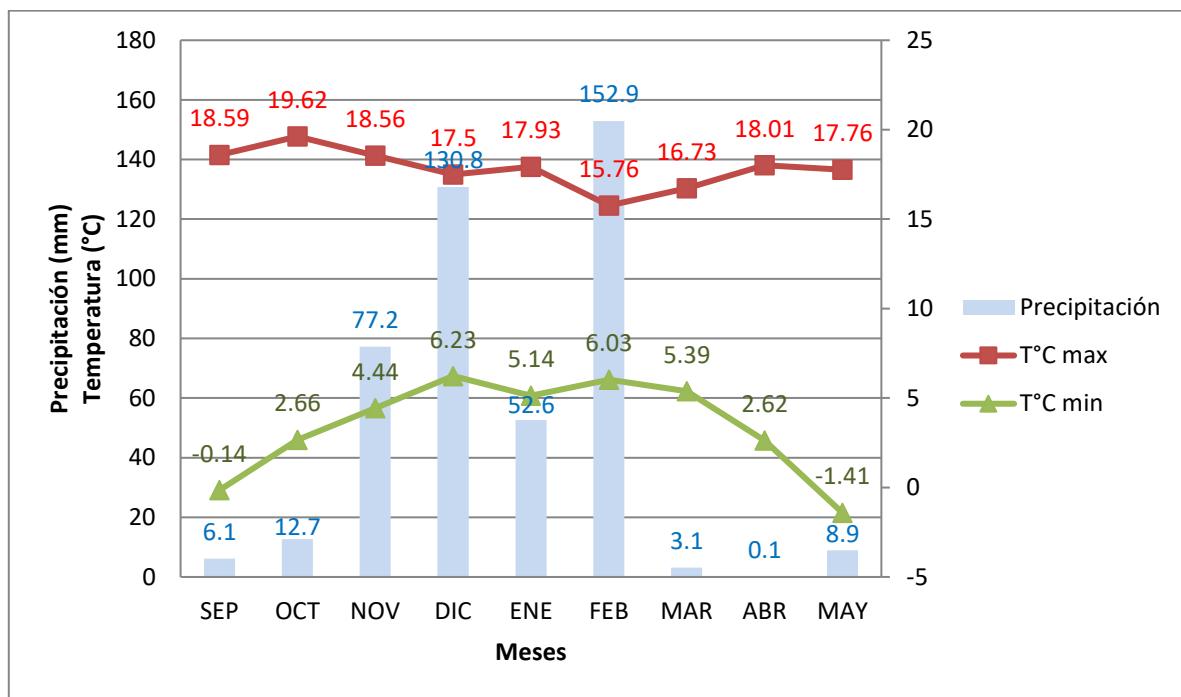


Figura 6. Climograma correspondiente a la campaña agrícola 2023–2024 en el Centro Experimental de Kallutaca.

La precipitación presentó un patrón claramente estacional, con picos de acumulación en diciembre (130.8 mm) y febrero (152.9 mm), los cuales coincidieron con las fases de mayor demanda hídrica del cultivo. En contraste, los meses iniciales y finales del ciclo registraron precipitaciones escasas, lo que dificultó la gestión de la humedad, especialmente durante las etapas críticas de germinación y desarrollo inicial de la planta de haba en los meses de septiembre y octubre.

4.2. Análisis estadístico descriptivo

4.2.1. Análisis descriptivo para variables cuantitativas

Según Franco e Hidalgo (2003), un coeficiente de variación (CV) superior al 50 % indica una alta variabilidad en los caracteres analizados, mientras que un CV inferior al 20 % sugiere una baja variabilidad en la especie. Los resultados presentados en el Cuadro 4 reflejan el comportamiento estadístico de tendencia central y dispersión para las variables cuantitativas estudiadas. De estas, 10 variables registraron un CV mayor al 20 %, evidenciando una variabilidad media. Para facilitar su identificación, dichas variables fueron representadas con el símbolo (*).

Cuadro 4. Análisis estadístico descriptivo de 18 variables cuantitativas mediante tendencia central y dispersión

Variables de planta	Cod	Rango	Media	D.E.	Min	Max	CV
Altura de Planta (cm)	AP	92.8	197.98	23.45	149.20	242.00	11.84
Numero de tallos	NT	8.60	8.06	1.99	5.20	13.80	24.70*
Numero de Nudos	NN	5.40	14.04	1.53	11.00	16.40	10.89
Variables de Inflorescencia y flor							
Numero de Inflorescencia	NI	27.80	18.69	6.87	3.80	31.60	36.78*
Numero de Flores por Planta	NFP	92.60	60.42	21.05	20.00	112.60	34.85*
Longitud de flor (mm)	LF	1.10	3.27	0.24	2.70	3.80	7.42
Variables de vaina y semilla							
Longitud de Vaina (mm)	LV	11.50	12.09	2.11	9.90	21.40	17.48
Ancho de Vainas (mm)	AV	1.40	2.27	0.27	1.80	3.20	12.04
Numero de Vainas por Planta	NVP	60.90	30.50	13.30	5.30	66.20	43.60*
Peso de Vainas por planta (g)	PVP	678.80	407.32	160.87	47.50	726.30	39.49*
Numero de semillas por vaina	NSV	1.50	1.78	0.38	1.10	2.60	21.18*
Variables de semilla							
Peso de 100 semillas (g)	P100S	145.60	151.66	31.36	102.00	247.60	20.68*
Ancho de semilla (mm)	AS	1.80	1.95	0.38	1.40	3.20	19.52
Longitud de semillas (mm)	LS	1.40	2.61	0.34	1.90	3.30	13.07
Grosor de semilla (mm)	GS	0.40	1.11	0.11	0.90	1.30	9.80
Peso de semilla por planta (g/Planta)	PSP	99.98	61.58	25.43	6.62	106.60	41.30*
Variables de Rendimiento y Biomasa							
Rendimiento en verde (t/ha)	RDTO	46.43	24.62	10.05	2.05	48.48	40.82*
Peso de biomasa fresca (g)	PBF	2029.10	1357.81	523.93	313.20	2342.30	38.59*

Fuente: Elaboración propia, 2025; Cod: Código; D.E.: Desviación estándar; Min: Mínimo; Max: Máximo; CV: Coeficiente de variación.

El conjunto de variables cuantitativas evaluadas mostró un mediano rango de variación, especialmente en aquellas relacionadas con el rendimiento y morfología. Se observaron altos coeficientes de variación (CV), cercanos o superiores al 40%, en: número de vainas por planta ($CV = 43.60^*$; media = 30.5; el genotipo Valluna presentó el mínimo de 5.3 vainas, mientras que el genotipo 11925-1 alcanzó el máximo de 66.2 vainas), peso de vainas por planta ($CV = 39.49^*$; media = 407.3 g; con un mínimo de 47.5 g en el genotipo Valluna y un máximo de 726.3 g en el genotipo 11925-1), número de inflorescencias ($CV = 36.78^*$; media = 18.7; el genotipo 12007-15 tuvo el mínimo de 3.8 inflorescencias y el genotipo 11899-0-4-5 el máximo de 31.6), número de flores por planta ($CV = 34.85^*$; media = 60.4; el genotipo 12251 registró el mínimo con 20 flores, mientras que el genotipo 12145-0-3-5 alcanzó el máximo con 112.6 flores), peso de semilla por planta ($CV = 41.30^*$; media = 61.6 g; mínimo de 6.62 g en el genotipo 11921-2 y máximo de 106.6 g en el genotipo 12408-0-5), rendimiento en vaina verde ($CV = 40.82^*$; media = 24.6 t·ha⁻¹; el genotipo Valluna obtuvo el mínimo de 2.05 t·ha⁻¹ y el genotipo 12408-0-5 alcanzó el máximo con 48.48 t·ha⁻¹) y peso de biomasa fresca ($CV = 38.59^*$; media = 1357.8 g; con un mínimo de 313.2 g en el genotipo Valluna y un máximo de 2342.3 g en el genotipo 12408-0-5).

La forma y posición de las inflorescencias en una planta afectan directamente su producción de flores, frutos y semillas, los cuales tienen un profundo impacto en aspectos agronómicos clave como el manejo del cultivo y el rendimiento (Tian *et al.*, 2010). Estas variables, al mostrar altos coeficientes de variación y cercanos a 50%, reflejan una gran variabilidad en la producción y arquitectura de las plantas, aspectos que son fundamentales para su potencial de rendimiento. De manera similar Salazar *et al.* (2019) también reportaron alta variabilidad en variables asociadas al rendimiento y la reproducción, como número de nudos (NN), número de flores por planta (NFP), número de vainas por planta (NVP), número de semillas por vaina (NSV), peso de vainas por planta (PVP), peso de 100 semillas (P100S) y rendimiento total (RDTO), destacando el potencial de mejora a través de la selección de genotipos superiores.

Dentro de las características de planta, el número de tallos ($CV = 24.70^*$; media = 8.1; el genotipo 11772-0-2 tuvo el mínimo con 5.2 tallos, mientras que el genotipo 12236 alcanzó el máximo con 13.8 tallos) mostró una variabilidad considerable, lo que indica diferencias en la ramificación, un aspecto que puede influir tanto en la producción de biomasa como en la eficiencia del cultivo. En cuanto a las características de la semilla, se observaron

niveles medios con tendencia a bajos de variabilidad en el número de semillas por vaina ($CV = 21.18^*$; media = 1.78; el genotipo Gigante de Copacabana tuvo el mínimo de 1.1 semillas y los genotipos Agua Dulce y 12408-0 alcanzaron el máximo con 2.6 semillas) y en el peso de 100 semillas ($CV = 20.68^*$; media = 151.7 g; el genotipo 12245 registró el mínimo de 102 g y el genotipo Gigante de Copacabana el máximo con 247.6 g), atributos directamente vinculados con la eficiencia reproductiva y el potencial de rendimiento.

El peso de biomasa fresca ($CV = 38.59^*$; media = 1357.8 g) mostró una variabilidad considerable, reflejando diferencias en la acumulación de materia vegetal entre los genotipos evaluados. Este comportamiento se explica por el crecimiento indeterminado, que favorece la producción de mayor biomasa al mantener el desarrollo de hojas, tallos y ramas durante todo el ciclo, sin una floración y maduración sincronizadas. Dicho crecimiento prolongado maximiza la captación de luz y la fotosíntesis, lo que incrementa la acumulación de materia vegetal (Prasojo *et al.*, 2021). Estas variaciones reflejan la influencia conjunta de factores genéticos y ambientales sobre las características agromorfológicas.

4.2.2. Análisis de la variabilidad fenotípica mediante diagrama boxplot

En las Figuras 7, 8, 9 y 10 se presenta el análisis mediante diagramas de boxplot, construidos a partir de datos estandarizados con el método Z-score. Esta estandarización resulta adecuada porque permite comparar variables que originalmente se expresan en diferentes unidades de medida, manteniendo al mismo tiempo la estructura de la distribución de los datos. Se evaluaron 16 variables cuantitativas asociadas a los descriptores de planta, flor, vaina y semilla. Los boxplots facilitan la visualización de la dispersión de los valores en cada variable, mostrando la distribución dentro de los cuartiles: Q1 (25%), Q2 o mediana (50%) y Q3 (75%). Esto no solo refleja el grado de variabilidad presente en los caracteres analizados, sino que también permite identificar patrones de comportamiento, valores atípicos y diferencias entre las regiones de origen de los genotipos, aportando información clave para comprender la variabilidad fenotípica.

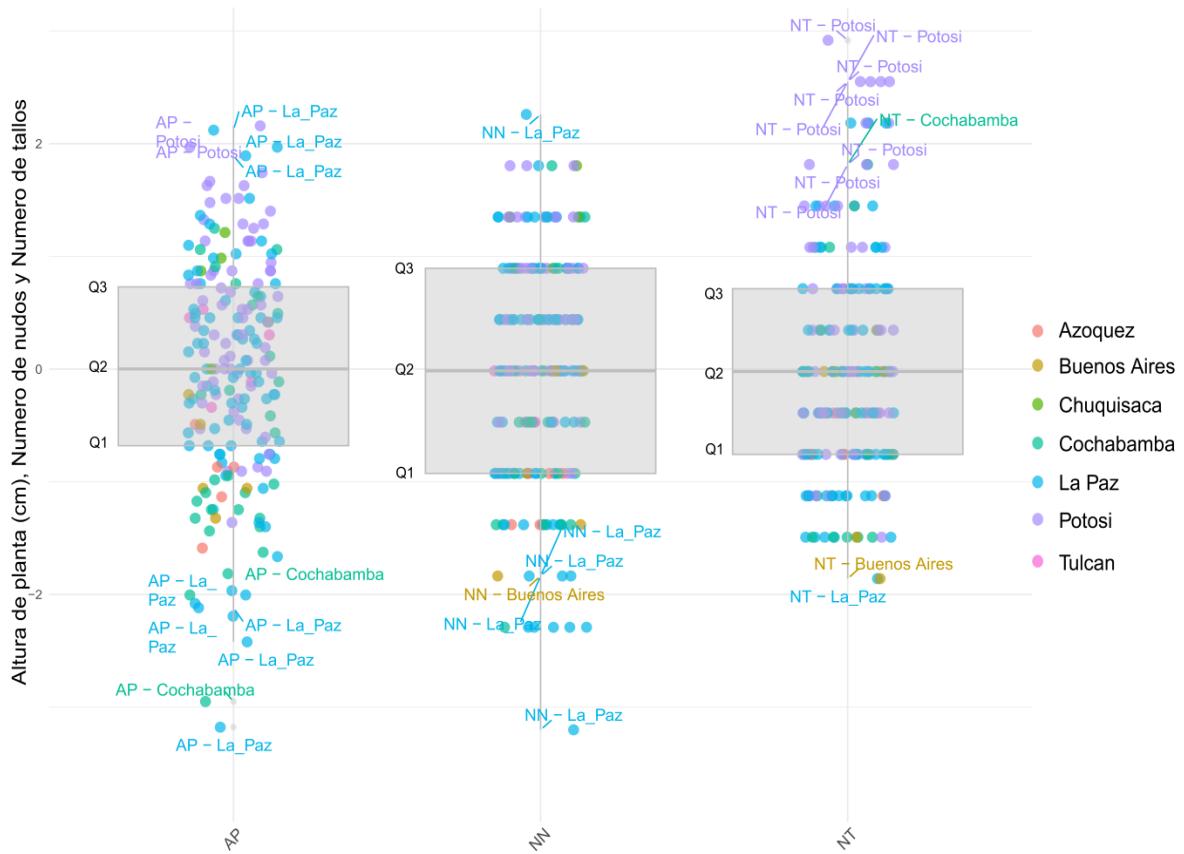


Figura 7. Dispersión de los datos en variables de planta mediante Boxplot.

En la Figura 7, el diagrama de caja para altura de planta (AP) muestra una distribución más o menos equilibrada, con datos concentrados en el cuartil inferior (Q1), que sugiere una mayor variabilidad en genotipos de menor altura. Esta variabilidad podría estar influenciada por factores genéticos y adaptativos específicos de los departamentos de La Paz y Cochabamba, que muestran dispersión hacia valores inferiores. En el número de nudos (NN), la distribución muestra una tendencia hacia concentrarse en valores menores, con la mayoría de los datos concentrados en los cuartiles medios, lo que indica una dispersión relativamente homogénea en este carácter. Los genotipos pertenecientes a La Paz y Buenos Aires presentan valores extremos hacia el rango inferior. En el caso del número de tallos (NT), se aprecia una mayor dispersión, especialmente en el cuartil superior (Q3), donde destacan accesiones del departamento de Potosí, caracterizadas por un mayor número de tallos por planta. De acuerdo a los resultados obtenidos por Kou *et al.* (2021) en su estudio analiza cómo la variabilidad genética influye en la altura de planta y el número de nudos y el número de tallos en soja, lo que puede ser relevante para entender patrones similares en otras leguminosas.

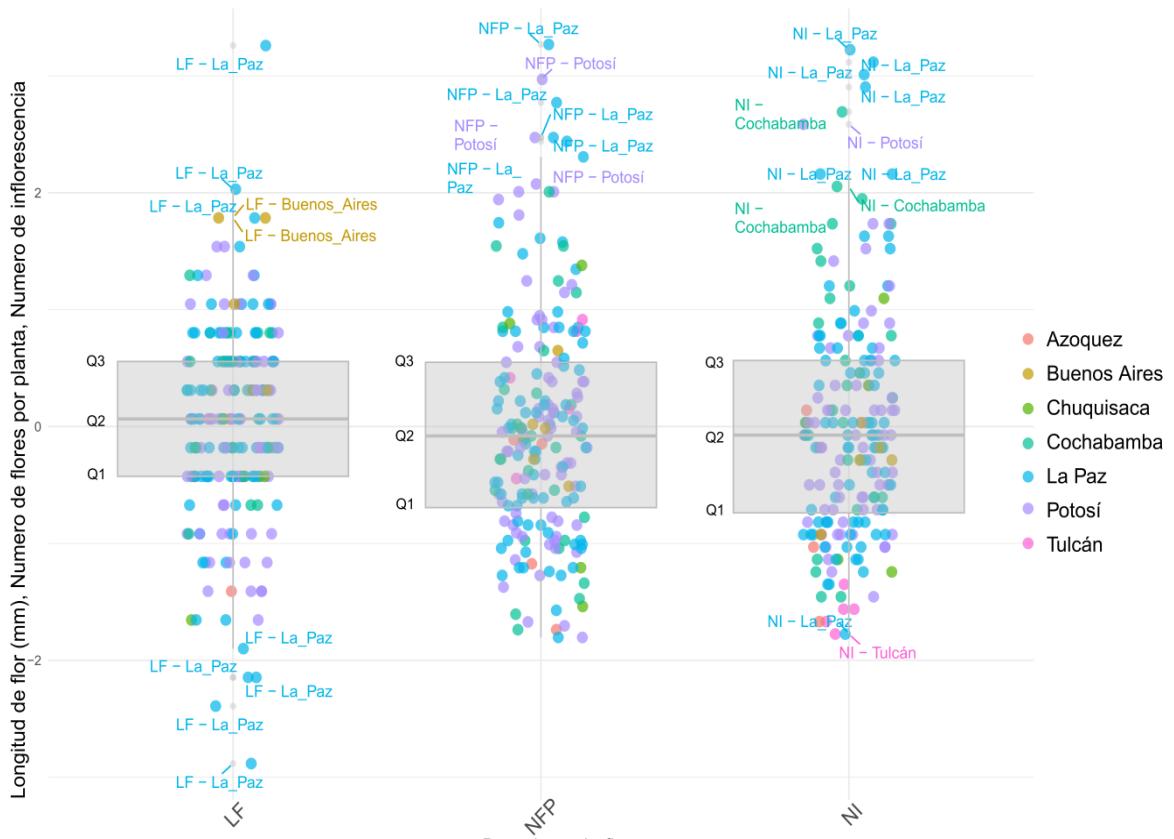


Figura 8. Dispersión de los datos en variables de flor mediante Boxplot.

En la Figura 8, el diagrama de caja para la longitud de flor (LF), presenta una dispersión de datos con una ligera tendencia hacia el lado negativo, con una mayor concentración en el cuartil inferior (Q1), lo que indica que la mayoría de los genotipos poseen flores de menor longitud. Esta tendencia es particularmente evidente en genotipos provenientes del departamento de La Paz, cuyas observaciones tienden a agruparse en la parte baja, también se observa un genotipo de del mismo departamento que sobresale en el tercer cuartil. En cuanto al número de flores por planta (NFP), se observa una distribución más equilibrada, con datos concentrados en los cuartiles centrales (Q2), lo que sugiere una relativa dispersión homogénea en este carácter. No obstante, se identifican valores atípicos hacia el extremo superior, asociados principalmente a genotipos de La Paz y Potosí, que evidencian una mayor cantidad de flores. Por su parte, el número de inflorescencias (NI) muestra una mayor dispersión, especialmente en el cuartil superior, lo que refleja una amplia variabilidad. En este descriptor destacan genotipos del departamento de La Paz y Cochabamba, que presentan un mayor número de inflorescencias por planta. Estos hallazgos apoyan los resultados encontrados por Parker

et al. (2022) quien reportó mayor variabilidad en descriptores asociados a la flor. En general, esta variabilidad sugiere diferencias significativas en el potencial de floración, atribuibles a la diversidad genética y a las condiciones agroecológicas de origen.

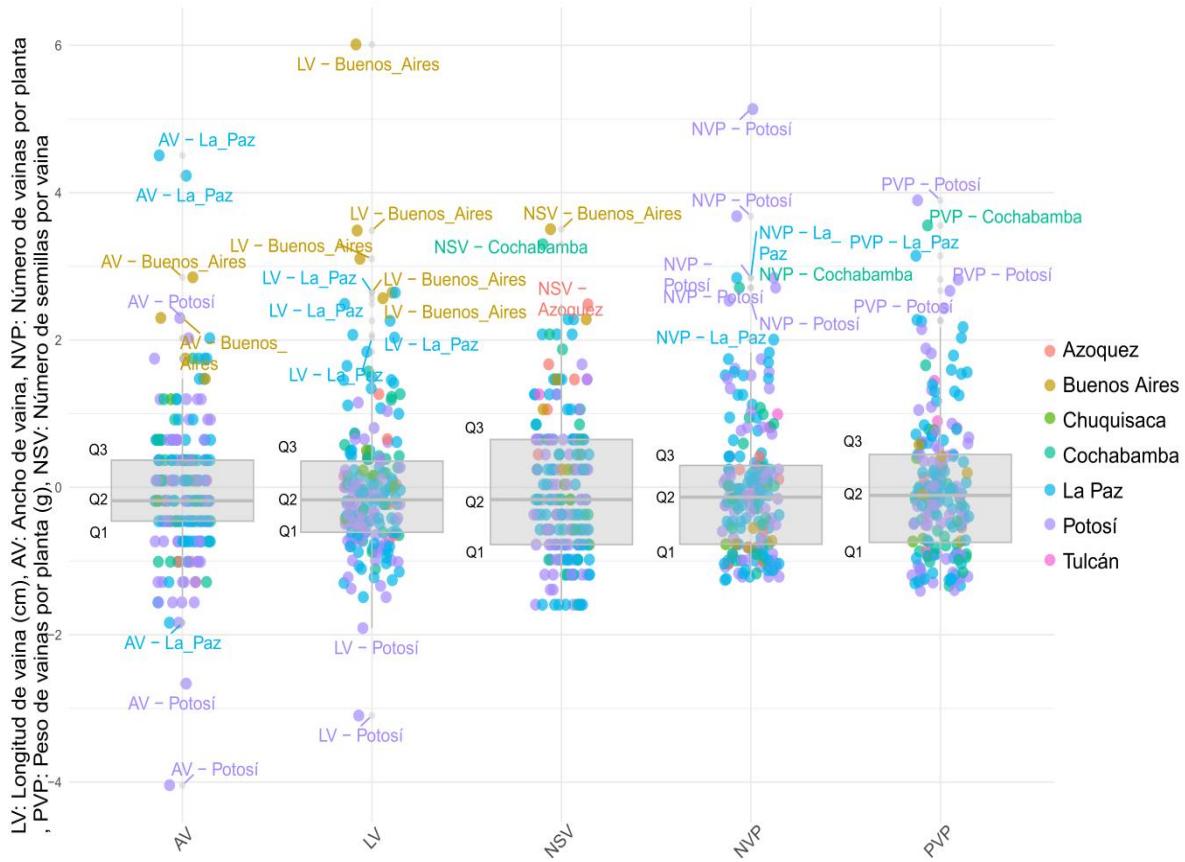


Figura 9. Dispersion de los datos en variables de vaina mediante Boxplot.

En la Figura 9, el diagrama de caja para el ancho de vaina (AV), se observa una concentración de datos del lado negativo, con una ligera concentración de datos en los cuartiles centrales (Q2 y Q3), lo que indica una variabilidad moderada en este carácter. Destacan genotipos provenientes de La Paz y Buenos Aires con valores elevados, lo que podría asociarse a estructuras de vaina más robustas. Asimismo, se identificaron valores atípicos bajos en Potosí, lo que puede reflejar un menor desarrollo estructural del fruto. En cuanto a la longitud de vaina (LV), se evidencia la presencia de valores extremos hacia el cuartil superior (Q3), especialmente en genotipos de Buenos Aires, que alcanzan longitudes significativamente mayores. No obstante, también se registran valores bajos en genotipos de Potosí, lo que indica una amplia variabilidad fenotípica para este carácter. Respecto al número de semillas por vaina (NSV), aunque se presentan algunos valores

extremos en genotipos de Buenos Aires y Cochabamba. Este descriptor muestra una menor variabilidad, en comparación con otros caracteres. En el caso del número de vainas por planta (NVP), se aprecia una alta variabilidad, con valores atípicos elevados en genotipos de Potosí, lo que sugiere una alta productividad en términos de vainas. Finalmente, el peso de vainas por planta (PVP) presenta una mayor variabilidad, con valores elevados en genotipos de Potosí, La Paz y Cochabamba, lo que sugiere que estas regiones albergan materiales con mayor rendimiento en cuanto a vainas. Estos resultados coinciden con lo reportado por Kumar (2019), quien encontró una mayor variabilidad en descriptores relacionados a vaina donde el coeficiente de variación fenotípico y genotípico fue más alto para el rendimiento de vainas por planta.

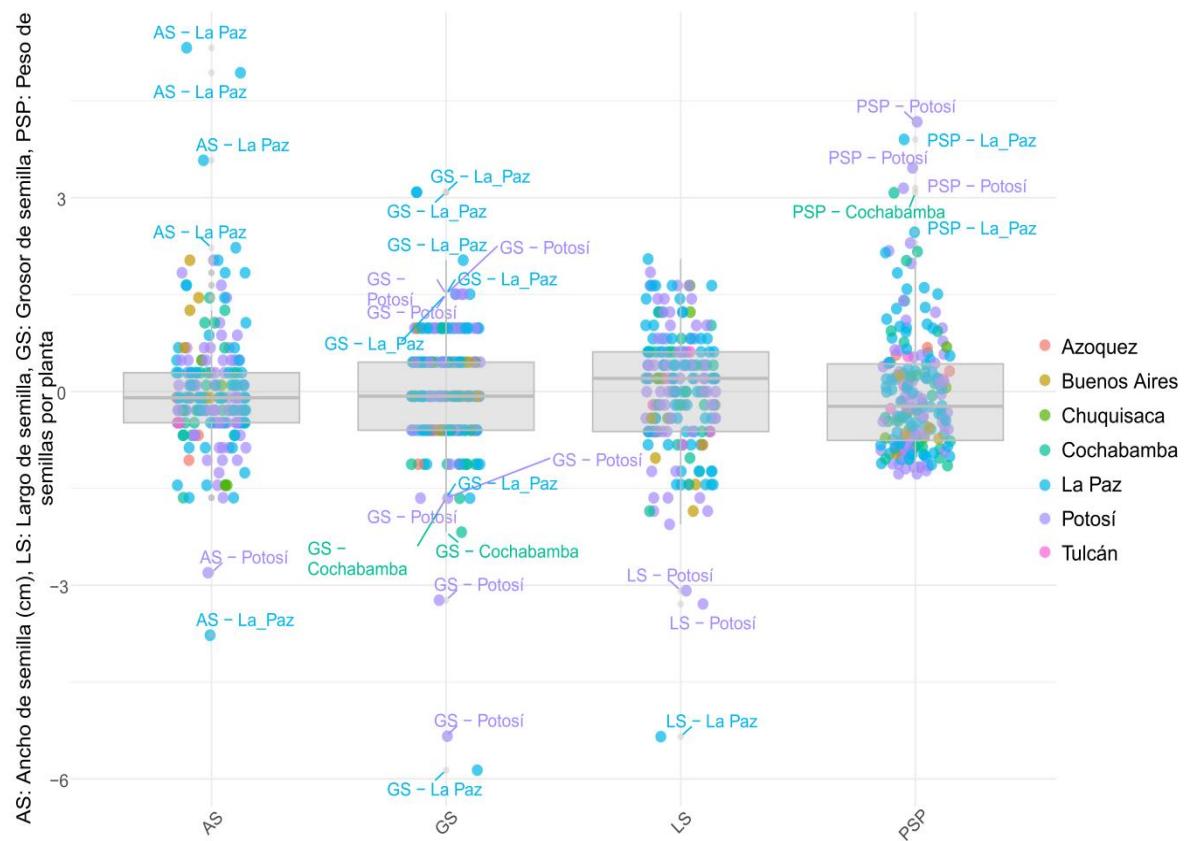


Figura 10. Dispersion de los datos en variables de semilla mediante Boxplot.

En la Figura 10, el diagrama de caja para el ancho de semilla (AS) presenta una distribución uniforme en general. Sin embargo, al observar los puntos individuales por departamento, notamos que la variabilidad podría ser ligeramente mayor en algunos departamentos como La Paz y Potosí, con algunos valores atípicos hacia valores más bajos. En cuanto al grosor de semilla (GS) se aprecia una mayor dispersión,

especialmente hacia valores más bajos, como lo indican los puntos que se extienden considerablemente por debajo del Q1, particularmente en los departamentos de La Paz y Potosí. Esto podría indicar la presencia de accesiones con semillas más delgadas. La asimetría del largo de semilla (LS) tiende a ser positiva, aunque con una variabilidad notable, especialmente hacia valores bajos. Observamos una dispersión considerable de puntos por debajo del Q1, y nuevamente con una presencia marcada de valores bajos en La Paz y Potosí. El Peso de semillas por planta (PSP) muestra una distribución que podría sugerir una ligera asimetría negativa, con una mayor concentración de puntos hacia valores más bajos. La variabilidad parece ser considerable en todos los departamentos, aunque Cochabamba podría presentar una dispersión ligeramente mayor hacia los valores más altos. Según los resultados encontrados por Cuapantecatl (2019) el análisis de varianza reveló diferencias significativas en el grosor de semilla (GS) y en la proporción de superficie por peso (PSP) entre las ocho variedades mexicanas de haba evaluadas. Ambas variables mostraron una alta variabilidad, lo que indica una dispersión considerable en las características físicas del grano.

4.2.3. Análisis de frecuencia para variables cualitativas

Se realizó la representación gráfica de las frecuencias de todas las categorías presentes en las distintas variables: hábito de crecimiento (HC), coloración de antocianinas en follaje (CAF), extensión del color de antocianinas en flor (ECAF), presencia de mancha de melanina en el ala (PMMA), color de la mancha de melanina en el ala (CMMA), mancha de melanina en el estandarte (MME), color de la flor (CF), porte de vaina (PV), grado de curvatura de la vaina (CV), intensidad de color verde de la vaina (ICVV), forma de la semilla (FS) y color de la semilla (CS). En el gráfico, cada punto simboliza la frecuencia correspondiente a una categoría específica, facilitando su interpretación visual.

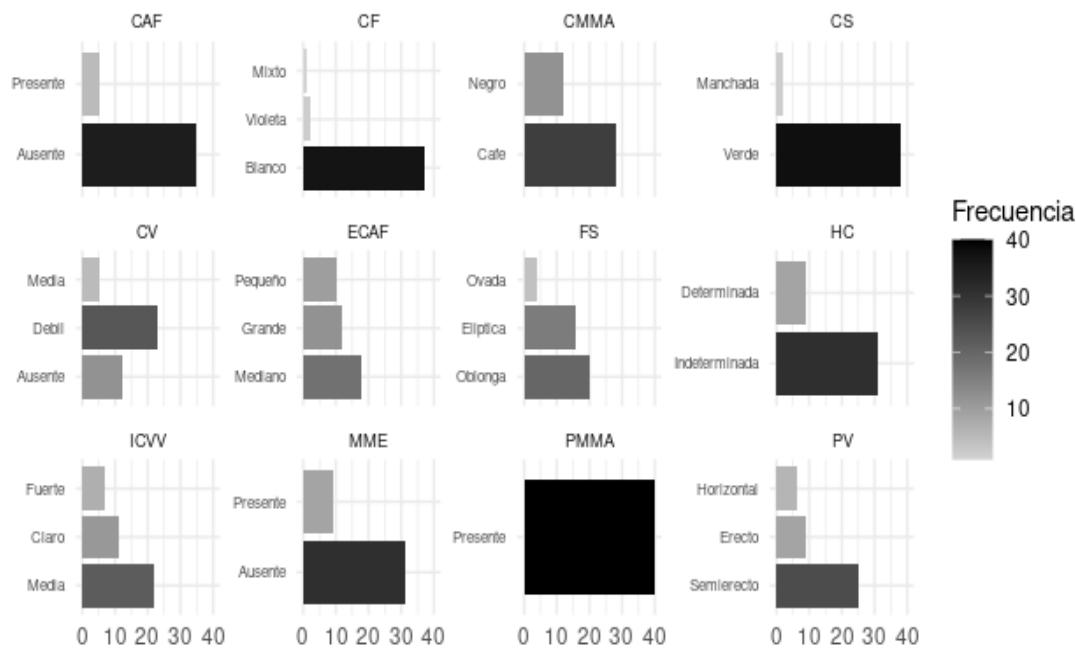


Figura 11. Distribución de frecuencias de variables cualitativas de 40 genotipos de haba.

La Figura 11 muestra la distribución de frecuencias de las categorías de las variables morfológicas caracterizadas en los 40 genotipos de haba. Se observa que ciertos caracteres presentan una marcada predominancia de una sola categoría, lo que refleja baja variabilidad. Por ejemplo, en la coloración de antocianinas en follaje (CAF) predomina la ausencia de pigmentación, mientras que en el color de la flor (CF) la mayoría de los genotipos presentan flores blancas. Respecto a la presencia de mancha de melanina en el ala (PMMA) todos los genotipos han expresado este carácter, y en el hábito de crecimiento (HC) prevalece el tipo indeterminado, con más de 30 genotipos del total caracterizados en cada caso. Por otro lado, algunos caracteres muestran variabilidad. En la forma de la semilla (FS), aunque existe variabilidad entre las categorías ovada, elíptica y oblonga, predominan las semillas oblongas. En el grado de curvatura de la vaina (CV) la mayoría de los genotipos se concentra en la categoría “débil”, aunque también se registran plantas con vainas medianamente curvadas y sin curvatura. En cuanto a la intensidad del color verde de la vaina (ICVV), la categoría “media” resulta la más frecuente, seguida por “claro” y “fuerte”. Otros caracteres presentan predominancias específicas con cierta variabilidad adicional. En el color de la semilla (CS) se destaca el predominio de semillas verdes, mientras que en la extensión del color de antocianinas en la flor (ECAF) la categoría “mediano” es la más representada. El porte de la vaina (PV)

muestra mayor frecuencia en el tipo semierecto, seguido por el erecto y, en menor medida, el horizontal. En la mancha de melanina en el estandarte (MME) prevalece la ausencia, mientras que en el color de la mancha de melanina en el ala (CMMA) la categoría café es la predominante. Según Rimieri (2017), la presencia de rasgos homogéneos en algunas variables, junto con la variabilidad observada en otras, refleja la fase de transición en la que se encuentran los genotipos. La consolidación de caracteres agronómicos estables dependerá de la aplicación de estrategias de selección que permitan fijar aquellos atributos deseables, optimizando así el material genético para su aprovechamiento en programas de mejoramiento de cultivares.

4.3. Correlación

De acuerdo con Franco e Hidalgo (2003), el coeficiente de correlación constituye una medida estadística que cuantifica el grado de asociación entre dos descriptores. En la Figura 11 se presenta la matriz de dispersión acompañada de los coeficientes de correlación de Pearson, los cuales permiten identificar la dirección y magnitud de la relación entre cada par de variables numéricas, ya sea positiva (1), negativa (-1) o nula (0). En este análisis, se obtuvo un total de 100 correlaciones no significativas y 53 correlaciones significativas.

Con el propósito de facilitar la interpretación de los resultados, se aplicó un esquema de codificación por colores en función de la magnitud y significancia de las correlaciones. En las correlaciones positivas, el color verde se asignó a aquellas altamente significativas (**), el azul a las medianamente significativas (*) y el amarillo a las de baja significancia (*). En el caso de las correlaciones negativas no se evidenciaron correlaciones altamente significativas; sin embargo, se destacaron en rojo las correlaciones de mediana significancia (**) y en púrpura las de baja significancia (*).

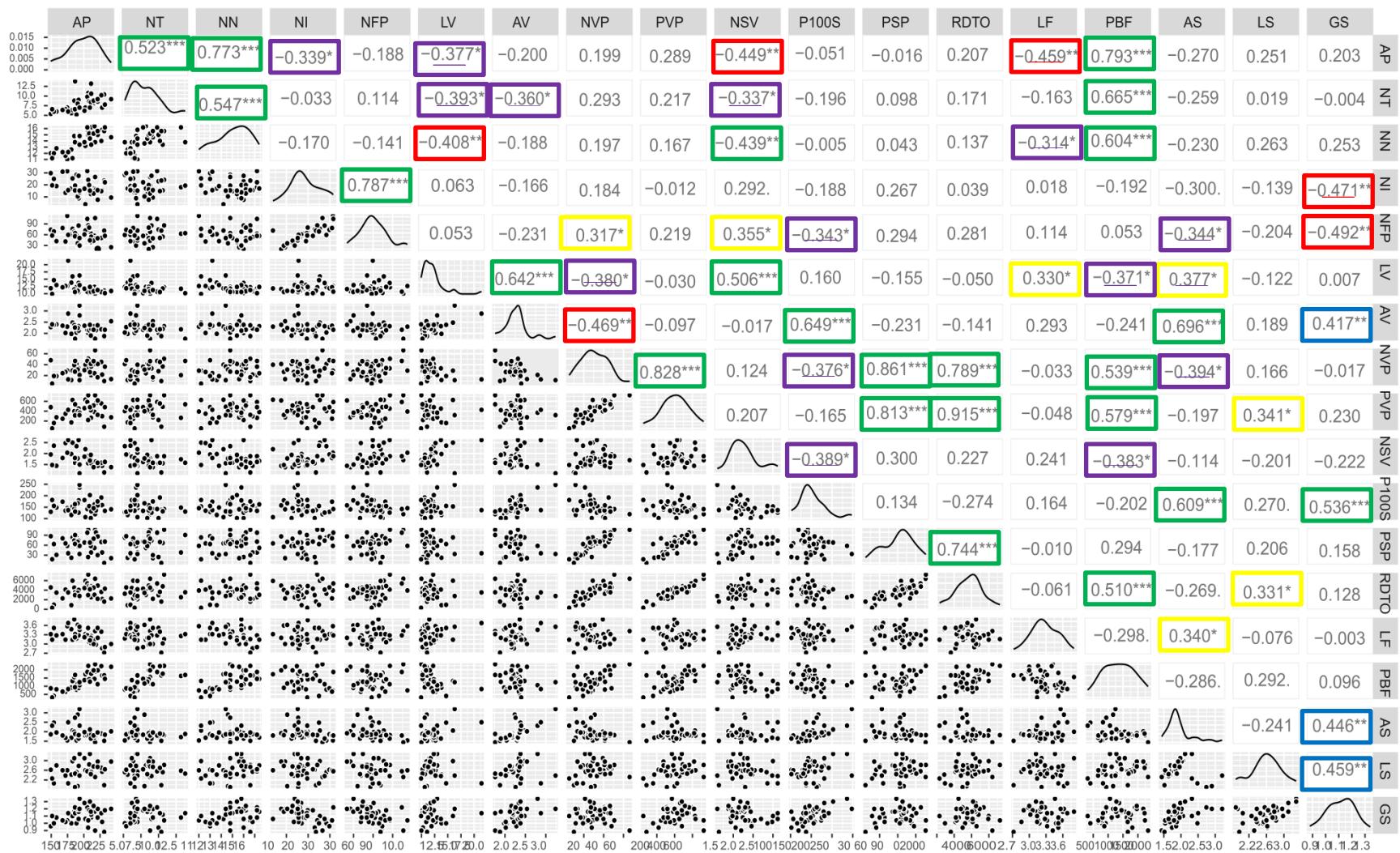


Figura 12. Análisis de correlación y dispersión de 18 variables cuantitativas en genotipos de haba.

La altura de planta (AP) presentó correlaciones positivas altamente significativas con el número de tallos (NT) (0.523***), el número de nudos (NN) (0.773***) y el peso de biomasa fresca (PBF) (0.793***). Esto indica que los genotipos con mayor altura tienden a desarrollar más tallos, un mayor número de nudos y, en consecuencia, una mayor producción de biomasa fresca. Sin embargo, la altura de planta también mostró correlaciones negativas con el número de semillas por vaina (NSV) (-0.449**) y con la longitud de vaina (LV) (-0.337*), lo que sugiere que los genotipos con un mayor porte de planta está asociado a vainas más cortas y con menor número de semillas, en contraste con genotipos de menor altura que presentan características opuestas. El estudio realizado por Digrado *et al.* (2022) encontró que la altura de planta se correlaciona de forma significativa con el número de nudos en el tallo y la biomasa aérea.

El número de inflorescencias (NI) mostró una correlación altamente significativa con el número de flores por planta (NFP) (0.787***), lo que indica que un mayor número de inflorescencias está asociado a una mayor cantidad de flores por planta. A su vez, el NFP presentó correlaciones positivas significativas con el número de vainas por planta (NVP) (0.317*) y con el número de semillas por vaina (NSV) (0.355*), evidenciando que un incremento en el número de flores favorece la formación de un mayor número de vainas y semillas por vaina, lo que se traduce en un mayor potencial productivo. No obstante, también se observaron correlaciones negativas significativas entre el NFP y el peso de 100 semillas (P100S) (-0.343*), el ancho de semilla (AS) (-0.244*) y el grosor de semilla (GS) (-0.492**). Esto sugiere que un aumento en la floración podría estar asociado con una reducción en el peso y el tamaño individual de las semillas, tanto en ancho como en grosor, lo cual reflejaría una posible redistribución de nutrientes en plantas con alta carga reproductiva. González-Calderón (2023) describe cómo el número de flores por racimo y la tasa de aborto floral afectan directamente la formación de vainas y semillas, con una eficiencia de cuaja promedio del 10–15%.

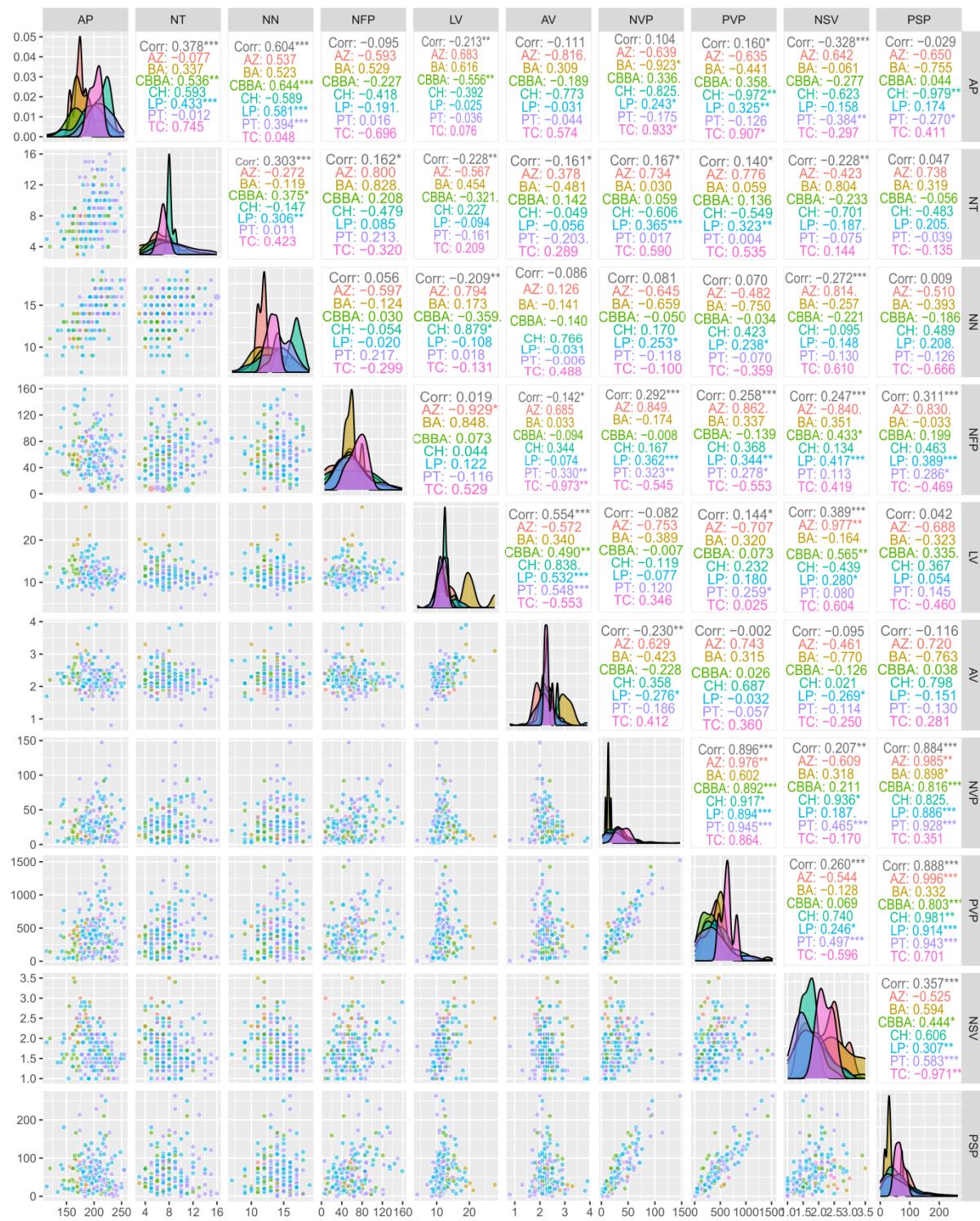
Asimismo, la longitud de vaina (LV) mostró correlaciones positivas significativas con el ancho de vaina (AV) (0.642***) y con el número de semillas por vaina (NSV) (0.506***), lo que indica que vainas más largas y anchas tienden a contener un mayor número de semillas, contribuyendo así al incremento del rendimiento. Por su parte, el ancho de vaina (AV) presentó correlaciones positivas con el ancho de semilla (AS) (0.696***), el peso de 100 semillas (P100S) (0.649***) y el grosor de semilla (GS) (0.417**), lo cual sugiere que el mayor desarrollo del tamaño de las vainas se relaciona con semillas más grandes y

pesadas. Álvarez-Sánchez *et al.* (2021) reportan correlaciones altas entre longitud de vaina, número de semillas por vaina y tamaño de semilla (longitud, grosor y peso), lo que respalda las observaciones. No obstante, también se identificó una correlación negativa significativa entre el AV y el número de vainas por planta (NVP) (-0.469**), lo que quiere decir que a mayor ancho de vainas se tendrán menor número de vainas por planta, lo que podría evidenciar una compensación entre el tamaño y la cantidad de vainas.

El número de vainas por planta (NVP) mostró correlaciones positivas altamente significativas con varias variables productivas: peso de vainas por planta (PVP) (0.828***), peso de semillas por planta (PSP) (0.861***), peso de biomasa fresca (PBF) (0.539***) y rendimiento por planta (RDTO) (0.789***). Esto indica que un mayor número de vainas se traduce en un incremento tanto en el peso de vainas y semillas como en la biomasa fresca y el rendimiento. En este sentido, el NVP se consolida como una variable clave para la selección de genotipos con alto potencial productivo, dado su efecto directo sobre la acumulación de biomasa y la generación de semillas. Según Araujo-Díaz *et al.* (2023) el número de vainas por planta se correlaciona fuertemente con el peso de semillas, biomasa y rendimiento total, siendo una variable clave en la selección de genotipos.

4.3.1. Análisis de correlación entre variables de respuesta cuantitativas según origen geográfico

El análisis de correlación entre variables agromorfológicas, seleccionadas a partir del análisis de correlación bajo el criterio de correlaciones altamente significativas, permitió identificar asociaciones estadísticas relevantes que reflejan patrones agronómicos consistentes. Se utilizaron los datos de pasaporte de los genotipos, considerando el “departamento de origen”, lo que permitió desagregar la información y examinar la variabilidad según cada departamento. Incluso en aquellas variables que presentan correlaciones generales significativas, existen genotipos procedentes de determinados departamentos cuyo aporte es negativo, reducido o nulo dentro del valor global de la correlación. Esto sugiere que la expresión de algunos caracteres agromorfológicos puede estar influenciada por el origen geográfico o por condiciones agroecológicas particulares. La importancia de este análisis radica en que permite identificar no solo las variables clave que inciden directamente en el en la características evaluadas, sino también las diferencias agromorfológicas entre regiones, lo que contribuye a una caracterización más precisa de la variabilidad fenotípica.



AZ: Azoquez; BA: Buenos Aires; CBBA: Cochabamba; CH: Chuquisaca; LP: La Paz; PT: Potosí; TC: Tulcan.

Figura 13. Matriz de correlación y dispersión de los genotipos de haba, diferenciada por departamento.

En la Figura 13, la altura de planta (AP) presentó correlaciones positivas significativas con el número de tallos (NT) (0.378**) y el número de nudos (NN) (0.604***), siendo estas asociaciones particularmente destacadas en los departamentos de Cochabamba (NT–NN: 0.536**; 0.644**), La Paz (NT–NN: 0.433**; 0.581**) y Potosí (NN: 0.394***). Esto sugiere, los genotipos con mayor altura de planta y número de ramas tienden a generar una mayor acumulación de biomasa. En estudios realizados por PROINPA (2001) en zonas altoandinas de Bolivia, se ha observado que la altura de planta presenta correlaciones positivas con el número de tallos y el número de nudos, lo cual se asocia con una mayor acumulación de biomasa. Este patrón se repite en regiones como Cochabamba, La Paz y Potosí, donde el desarrollo vegetativo robusto se vincula con un mayor rendimiento.

Por otro lado, el número de flores por planta (NFP) mostró correlaciones positivas con el número de vainas por planta (NVP) (0.292***), el peso de vainas por planta (PVP) (0.258***), el número de semillas por vaina (NSV) (0.269**) y el peso de semillas por planta (PSP) (0.311***). Estas relaciones fueron más notorias en La Paz (NVP–PVP–NSV–PSP: 0.362***; 0.344***; 0.416***; 0.389***), Azoquez (NVP: 0.849***) y Potosí (NVP: 0.323**). Asimismo, la longitud de vaina (LV) presentó una correlación altamente significativa con el ancho de vaina (AV) (0.554***) y con el número de semillas por vaina (NSV) (0.389***), con mayores valores registrados en Potosí (AV: 0.548***), La Paz (0.532***) y Cochabamba (0.490***). Estos resultados sugieren que las vainas más largas también tienden a contener más semillas, especialmente en genotipos provenientes de Azoquez (NSV: 0.977***) y Cochabamba (NSV: 0.565***). Los presentes resultados son consistentes con los hallazgos de Portero Núñez (2021), quien analizó las correlaciones entre el número de flores por planta, el número de vainas por planta y el rendimiento en contextos agroecológicos andinos.

El número de vainas por planta (NVP) fue una de las variables de mayor relevancia productiva, al presentar correlaciones altamente significativas con el peso de vainas por planta (PVP) (0.896***), el peso de semillas por planta (PSP) (0.884***) y el número de semillas por vaina (NSV) (0.207***). Estas asociaciones se manifestaron con fuerza en la mayoría de los departamentos, excepto en Buenos Aires y Tulcán, donde se registraron correlaciones más bajas con la variable PVP, y en Chuquisaca, donde el valor de correlación con PSP fue menor en comparación con el resto. Estos resultados también fueron encontrados por Confalone *et al.* (2013) que analizan el número de vainas por planta, biomasa y rendimiento.

Los genotipos provenientes de Cochabamba, Potosí y Azoquez presentan las correlaciones más elevadas entre variables reproductivas y de rendimiento, posicionándose como genotipos con origen geográfico con mayor potencial agronómico. Tucán y La Paz también mostraron aportes, en variables relacionadas con el rendimiento.

4.4. Análisis multivariado

4.4.1. Análisis de componentes principales (ACP)

El ACP permitió resumir las variables correlacionadas en componentes que conservan la mayor parte de la información y facilitar la visualización de las relaciones entre los genotipos y las variables agromorfológicas evaluadas: altura de planta (AP), número de tallos (NT), número de nudos (NN), número de inflorescencias (NI), número de flores por planta (NFP), longitud de flor (LF), longitud de vaina (LV), ancho de vaina (AV), número de vainas por planta (NVP), peso de vainas por planta (PVP), número de semillas por vaina (NSV), peso de 100 semillas (P100S), ancho de semilla (AS), longitud de semilla (LS), peso de semilla por planta (PSP), rendimiento en verde (RDTO) y peso de biomasa fresca (PBF).

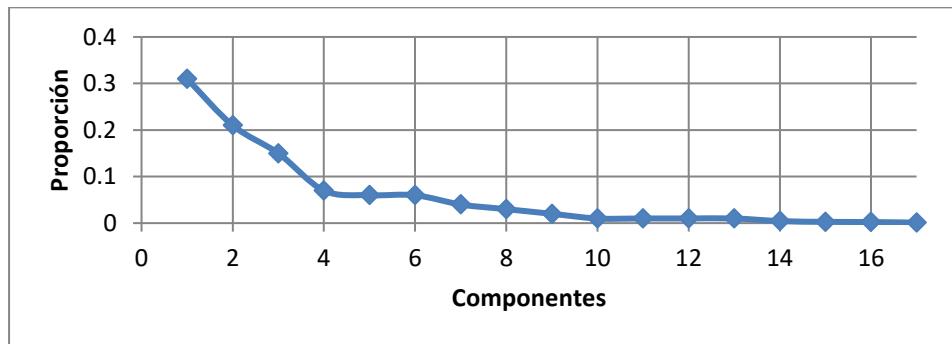


Figura 14. Grafica de sedimentación

En la Figura 14 se observa el gráfico de sedimentación (*scree plot*) que permite identificar el punto de inflexión en el que la varianza explicada por los componentes comienza a disminuir de manera considerable. A partir de este punto, los componentes adicionales aportan una variabilidad marginal, lo que justifica la selección de los cuatro primeros para resumir de manera eficiente la estructura de los datos. Los primeros cuatro componentes concentran el 73% de la varianza total, lo que evidencia su relevancia en la representación de la información.

Cuadro 5. Matriz de valores propios y vectores propios

Valores propios				
	Comp. 1	Comp. 2	Comp. 3	Comp. 4
Valor	5.28	3.53	2.47	1.2
Proporción	0.31	0.21	0.15	0.07
Proporción acumulada	0.31	0.52	0.66	0.73
Vectores propios				
Altura de planta (cm)	AP	0.27	-0.34	0.03
Numero de tallos	NT	0.26	-0.18	-0.10
Numero de nudos	NN	0.24	-0.31	0.002
Numero de inflorescencia	NI	0.03	0.32	-0.23
Numero de flores por planta	NFP	0.11	0.35	-0.18
Longitud de vaina(mm)	LV	-0.24	0.20	0.23
Ancho de vaina (mm)	AV	-0.25	-0.05	0.43
Numero de vainas por planta	NVP	0.36	0.20	0.12
Peso de vainas por planta (g)	PVP	0.32	0.17	0.36
Numero de semillas por vaina	NSV	-0.05	0.42	0.01
Peso de 100 semillas (g)	P100S	-0.19	-0.19	0.35
Peso de semillas por planta (g)	PSP	0.27	0.28	0.24
Rendimiento (t/ha)	RDTO	0.31	0.20	0.30
Longitud de flor (estandarte) (mm)	LF	-0.15	0.17	0.19
Peso de biomasa fresca (g)	PBF	0.35	-0.19	0.12
Ancho de semilla (mm)	AS	-0.27	-0.08	0.32
Longitud de semilla (mm)	LS	0.12	-0.11	0.32
				-0.03

En el Cuadro 5, el Análisis de Componentes Principales (ACP) permitió resumir la variabilidad de las 18 variables cuantitativas en cuatro componentes principales, que en conjunto explicaron el 73 % de la variación total. El primer componente (CP1), con un valor propio de 5.28 y que explicó el 31 % de la variabilidad, estuvo determinado principalmente por las variables número de vainas por planta (NVP = 0.36), peso de biomasa fresca (PBF = 0.35), peso de vainas por planta (PVP = 0.32), rendimiento (RDTO = 0.31), altura de planta (AP = 0.27), peso de semillas por planta (PSP = 0.27), número de tallos (NT = 0.26) y número de nudos (NN = 0.24). Este componente representa a genotipos con un mayor desarrollo estructural, producción de biomasa y rendimiento en vaina fresco. En sentido opuesto, las variables ancho de semilla (AS = -0.27), ancho de vaina (AV = -0.25), longitud de vaina (LV = -0.24) y peso de 100 semillas (P100S = -0.19) presentaron cargas negativas, lo que sugiere una relación inversa entre el crecimiento vegetativo y las estructuras reproductivas. Este patrón indica que los genotipos con mayor desarrollo vegetativo tienden a producir más biomasa y número de vainas, mientras que aquellos con menor crecimiento concentran sus recursos en la formación de vainas y semillas de mayor tamaño.

El segundo componente (CP2), con un valor propio de 3.53 y que explicó el 21 % de la variación total, estuvo definido por las variables número de semillas por vaina (NSV = 0.42), número de flores por planta (NFP = 0.35), número de inflorescencias (NI = 0.32), peso de semillas por planta (PSP = 0.28) y longitud de vaina (LV = 0.20). Este componente representa la eficiencia reproductiva y productividad de semillas, donde los genotipos con mayor número de flores e inflorescencias muestran una mayor formación de semillas por vaina. En contraste, las variables altura de planta (AP = -0.34), número de nudos (NN = -0.31), peso de biomasa fresca (PBF = -0.19) y peso de 100 semillas (P100S = -0.19) presentaron cargas negativas, indicando que los genotipos de menor tamaño canalizan más eficientemente sus recursos hacia la formación y maduración de estructuras reproductivas, optimizando su rendimiento en número y peso de semillas.

El tercer componente (CP3) explicó el 15 % de la variación total y agrupó variables asociadas al tamaño y peso de las estructuras reproductivas, como ancho de vaina (AV = 0.43), peso de vainas por planta (PVP = 0.36), peso de 100 semillas (P100S = 0.35), ancho de semilla (AS = 0.32), longitud de semilla (LS = 0.32) y longitud de vaina (LV = 0.23). Este componente refleja un eje morfológico reproductivo, que destaca a genotipos con vainas y semillas de mayor tamaño y peso. En sentido contrario, las variables número de inflorescencias (NI = -0.23) y número de flores por planta (NFP = -0.18) mostraron cargas negativas, evidenciando una relación inversa entre el tamaño, peso y la cantidad de estructuras reproductivas. Esto sugiere que los genotipos con más flores o inflorescencias tienden a producir frutos más pequeños, mientras que aquellos con menos flores concentran sus recursos en la formación de vainas y semillas más grandes.

El cuarto componente (CP4) explicó un 7 % adicional de la variación total y estuvo determinado principalmente por las variables número de inflorescencias (NI = 0.51), número de flores por planta (NFP = 0.51), número de tallos (NT = 0.35) y longitud de flor (LF = 0.24). Este componente se asocia con la arquitectura floral y la ramificación, diferenciando genotipos con mayor producción de flores e inflorescencias, acompañada de una estructura más ramificada. En contraposición, la variable número de semillas por vaina (NSV = -0.21) presentó una carga negativa, lo que indica una relación inversa entre la abundancia floral y el número de semillas por vaina. Este comportamiento sugiere que los genotipos con más flores o inflorescencias tienden a formar vainas con menor número de semillas.

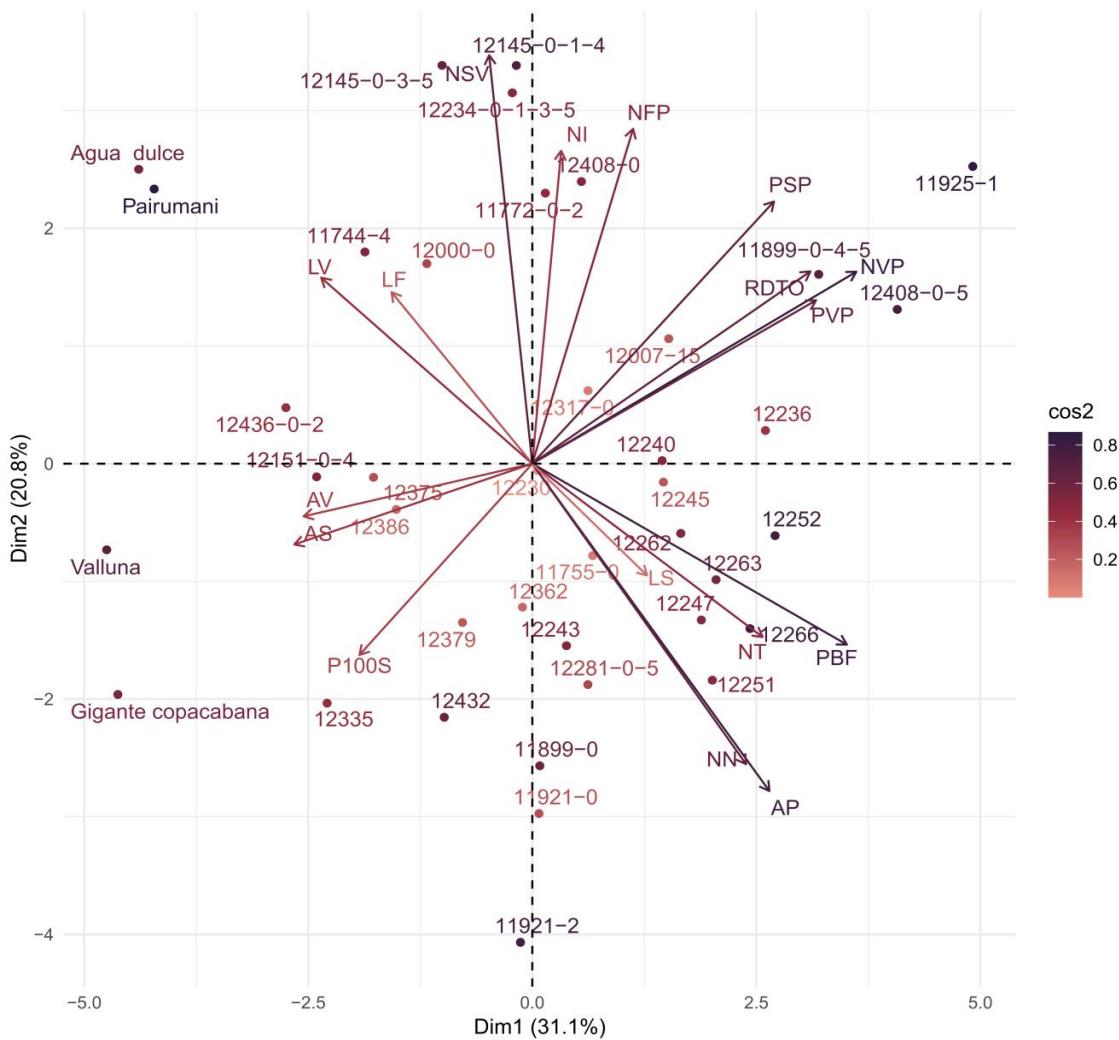


Figura 15. Biplot del Análisis de Componentes Principales (ACP) basado en variables cuantitativas de genotipos de haba, mostrando la distribución de genotipos y su relación con las variables evaluadas.

En la Figura 15 se presenta el Biplot del ACP, que permitió representar la variabilidad fenotípica de los genotipos de haba en un espacio bidimensional. Los dos primeros componentes explicaron conjuntamente el 51.9 % de la variación total (31.1 % del CP1 y 20.8 % del CP2). El CP1 representó un eje asociado al crecimiento vegetativo, definido por las variables altura de planta (AP), número de nudos (NN), número de tallos (NT) y peso de biomasa fresca (PBF), las cuales mostraron vectores largos y próximos entre sí, reflejando una fuerte correlación positiva. Los genotipos 12266, 12263, 12262, 12245, 12247 y 12251 se ubicaron cercanos a estas variables, caracterizándose por su vigor y desarrollo estructural, lo que sugiere su potencial a la producción forrajera o aporte de

materia orgánica al suelo. En este mismo eje, se agruparon las variables peso de vainas por planta (PVP), número de vainas por planta (NVP) y rendimiento (RDTO), formando un grupo de rasgos relacionados. Los genotipos 12408-0-5, 11925-1, 11899-0-4-5, 12236 y 12007-15 destacaron en esta dirección, con un potencial en rendimiento de vainas y biomasa. En sentido contrario a este componente, las variables ancho de semilla (AS), peso de 100 semillas (P100S), ancho de vaina (AV), longitud de vaina (LV) y longitud de flor (LF) presentaron una relación inversa entre el vigor vegetativo y el tamaño de las vainas. Los genotipos con menor porte concentran la energía en la formación de vainas y semillas de mayor tamaño, como ocurre en los genotipos Valluna, Gigante Copacabana, Agua Dulce, Pairumani, 12335, 12379, 12386, 12000-0, 12375, 11744-4 y 12432.

El CP2 agrupó variables relacionadas con la eficiencia reproductiva y la productividad, destacando el número de flores por planta (NFP), número de inflorescencias (NI), número de semillas por vaina (NSV) y peso de semillas por planta (PSP), las cuales mostraron vectores largos y orientados en una misma dirección, reflejando correlaciones positivas entre sí. Los genotipos 12334-0-1-3, 12145-0-1-4, 12145-0-3-5, 12408-0 y 11772-0-2 se ubicaron próximos a este grupo, caracterizándose por un mayor potencial floral y productivo en semillas, lo que los posiciona como materiales promisorios en rendimiento de semilla. En sentido opuesto al CP2, se ubicaron las variables altura de planta (AP), número de nudos (NN) y peso de 100 semillas (P100S), que mostraron una relación inversa con las variables reproductivas. Esto indica que los genotipos de menor porte vegetativo tienden a incrementar el número de estructuras florales y de vainas.

El CP3, según la matriz de valores propios, estuvo relacionado con la longitud de vaina (LV) y longitud de flor (LF), variables con las que se asociaron genotipos como Agua Dulce, Pairumani, 11744-4 y 12000-0. En este mismo componente se identificó un grupo de variables conformado por ancho de vaina (AV), ancho de semilla (AS) y peso de 100 semillas (P100S), relacionadas con el tamaño y peso de la semilla. Los genotipos más relacionados fueron Valluna, Gigante de Copacabana, 12335, 12151-0-4, 12375 y 12379. El ACP permitió resaltar los genotipos Valluna y Gigante Copacabana asociados a semillas de mayor tamaño y peso, pero con bajo desarrollo vegetativo. En cambio, genotipos como 12266, 12247, 12263 y 12262 se alinearon con variables vegetativas, lo que los posiciona como materiales con potencial forrajero. Genotipos como 11925-1, 11899-0-4-5 y 12408-0-5 destacaron por combinar variables vegetativas y productivas, constituyéndose en genotipos de interés para maximizar rendimiento y biomasa.

4.4.2. Análisis de correspondencia múltiple (ACM) para variables categóricas.

En el Cuadro 6 se presentan las asociaciones entre las variables cualitativas incluidas en el Análisis de Correspondencia Múltiple (ACM), las cuales permiten comprender con mayor precisión las asociaciones que posteriormente se reflejan en el gráfico biplot. En general, se observa que las correlaciones entre variables son bajas a moderadas, lo que evidencia la naturaleza complementaria de los descriptores empleados y justifica el uso del ACM como técnica de reducción de dimensiones.

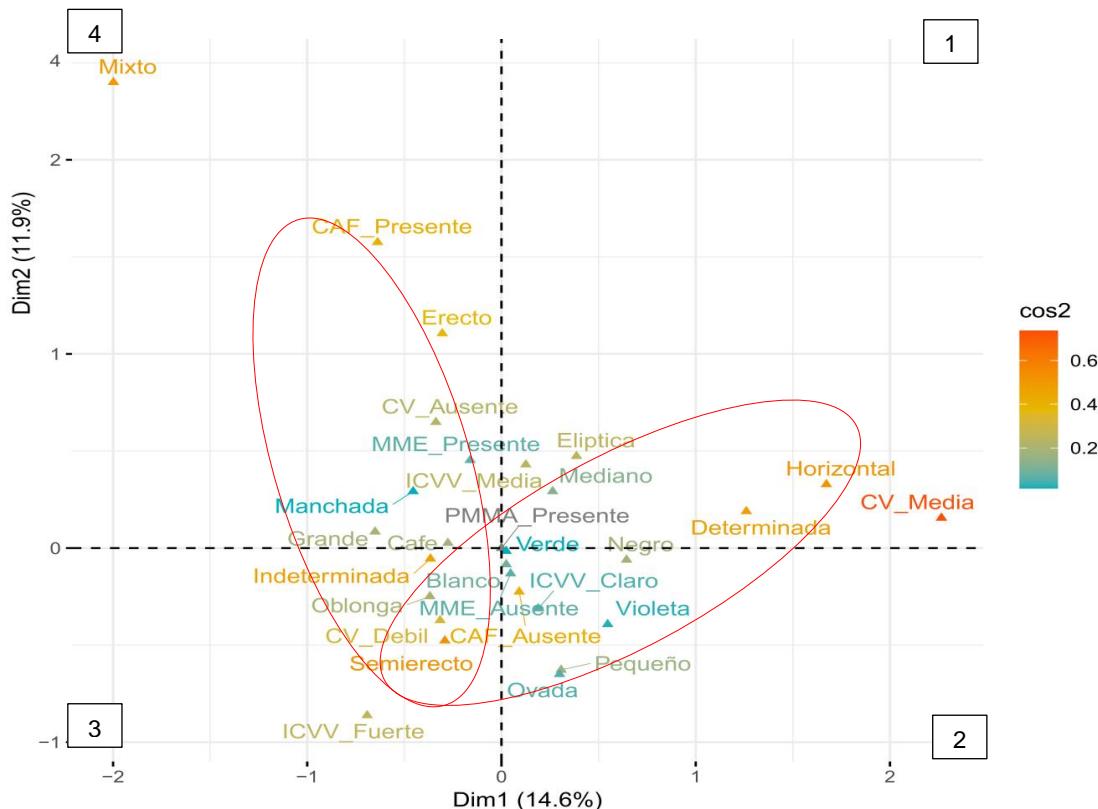
Cuadro 6. Variables transformadas de correlaciones derivadas del Análisis de Correspondencia Múltiple

Variables	HC	CAF	ECAF	MME	PV	CV	ICVV	FS	CS	CF	CMMA
HC	1.00										
CAF	0.02	1.00									
ECAF	0.09	0.25	1.00								
MME	0.00	-0.02	0.17	1.00							
PV	0.28*	-0.05	0.12	0.06	1.00						
CV	0.52**	0.15	0.24*	-0.16	0.69**	1.00					
ICVV	0.09	0.03	0.12	0.07	0.19	0.18	1.00				
FS	0.30*	-0.10	0.00	0.05	0.17	0.23	0.20	1.00			
CS	0.12	-0.09	0.10	-0.12	0.10	0.09	-0.11	-0.01	1.00		
CF	0.13	0.42**	0.19	0.22*	0.03	0.15	-0.03	0.14	-0.02	1.00	
CMMA	0.30*	0.08	0.19	0.09	0.18	0.25	0.01	-0.10	-0.10	0.05	1.00

Destaca una asociación positiva y significativa entre el hábito de crecimiento (HC) y la curvatura de vaina (CV) ($r = 0.52$), así como con el porte de vaina (PV) ($r = 0.28$), la forma de semilla (FS) ($r = 0.30$) y el color de la mancha de melanina (CMMA) ($r = 0.30$). Estas relaciones sugieren que los genotipos de porte más erecto o indeterminado tienden a presentar vainas con mayor curvatura, posición semi-erecta y semillas oblongas, además de exhibir pigmentación café en la mancha de melanina.

Asimismo, la fuerte asociación entre la curvatura de vaina (CV) y el porte de vaina (PV) ($r = 0.69$) confirma que ambos descriptores responden a una misma tendencia estructural, vinculada con la posición del fruto y la morfología general de la planta. Por otro lado, las variables pigmentarias muestran asociaciones relevantes: el color de flor (CF) presentó una correlación positiva con la coloración de antocianinas en follaje (CAF) ($r = 0.42$), indicando que los genotipos con mayor presencia de antocianinas en el follaje tienden también a desarrollar flores más intensamente coloreadas.

El ACM permitió identificar patrones de asociación entre las variables cualitativas evaluadas. Los dos primeros ejes factoriales explicaron en conjunto el 26.5 % de la variabilidad total (Dim1 = 14.6 % y Dim2 = 11.9 %). Dado que la primera dimensión concentra la mayor proporción de la variabilidad, la interpretación principal del gráfico debe realizarse a lo largo del eje horizontal (Dim1) de manera de observar la cercanía de las variables de manera horizontal, donde se representan las asociaciones más relevantes entre las variables y sus categorías.



*Color de flor (CF), curvatura de vaina (CV), forma de semilla (FS), hábito de crecimiento (HC), longitud de vaina (LV), número de tallos (NT) y porte de vaina (PV).

Figura 16. Representación bidimensional del Análisis de Correspondencia Múltiples (ACM) para variables cualitativas.

La distribución categórica en la Figura 16 revela agrupamientos definidos entre combinaciones de variables cualitativas. En los cuadrantes 3 y 4 se agrupan categorías como hábito de crecimiento indeterminado (HC-Indeterminado), presencia de antocianinas en el follaje (CAF-Presente), presencia de mancha de melanina en el ala (PMMA-Presente) y en el estandarte (MME-Presente), intensidad de color verde fuerte en la vaina (ICVV-Fuerte), color de mancha de melanina café (CMMA-Café), extensión grande de antocianinas en la flor (ECAF-Grande), curvatura de vaina ausente o débil (CV-

Ausente/Débil), porte de vaina semierecto (PV-Semierecto) y forma de semilla oblonga (FS-Oblonga). Dicha variabilidad puede estar relacionada con su procedencia geográfica diversa, procesos de selección o menor presión de uniformización genética en su manejo. Estudios como el de Cancho Cuba (2021) y Salazar Laureles *et al.* (2020) han reportado agrupamientos similares en genotipos de haba, donde caracteres pigmentarios y de forma de semilla se asocian con materiales de origen tradicional o de conservación *in situ*.

En los cuadrantes 1 y 2 se observan agrupamientos de categorías como hábito de crecimiento determinado (HC-Determinado), ausencia de antocianinas en el follaje (CAF-Ausente) y de mancha de melanina en el estandarte (MME-Ausente), porte de vaina horizontal (PV-Horizontal), curvatura de vaina media (CV-Media), forma de semilla elíptica (FS-Elíptica), color de flor violeta o blanca (CF-Violeta/CF-Blanca), color de semilla verde (CS-Verde) e intensidad de color verde clara en la vaina (ICVV-Claro). Estas características, asociadas al hábito de crecimiento determinado, sugieren procesos de selección más dirigidos, posiblemente orientados a la obtención de porte bajo, mayor uniformidad de semilla y estabilidad agronómica. Estas cualidades son típicas de sistemas de producción más tecnificados o dirigidos a mercados locales, donde se prioriza la homogeneidad del producto final. (Díaz Bautista y Herrera Cabrera (2004)) destacan que estas características son comunes en variedades seleccionadas por agricultores para consumo directo o comercialización, especialmente en regiones con mayor acceso a insumos y mercados.

4.4.3. Análisis de agrupamiento en 40 genotipos de haba

4.4.3.1. Análisis de agrupamiento jerárquico con distancia de Gower y método UPGMA para la evaluación de la variabilidad fenotípica

El análisis de agrupamiento jerárquico se realizó con la distancia de Gower, una métrica robusta que integra variables cuantitativas y cualitativas, facilitando una evaluación precisa de la diversidad fenotípica del haba. Esta metodología es útil en estudios de variabilidad genética, pues evita sesgos derivados de escalas heterogéneas y asegura que todas las características contribuyan equitativamente al cálculo de similitudes. Para el dendrograma se empleó el método de enlace promedio no ponderado (UPGMA, *Unweighted Pair Group Method with Arithmetic Mean*), técnica ampliamente utilizada en diversidad morfoagronómica y genética. Este método agrupa genotipos según similitudes

promedio, permitiendo visualizar la estructura de agrupamiento y las relaciones evolutivas en el conjunto de datos.

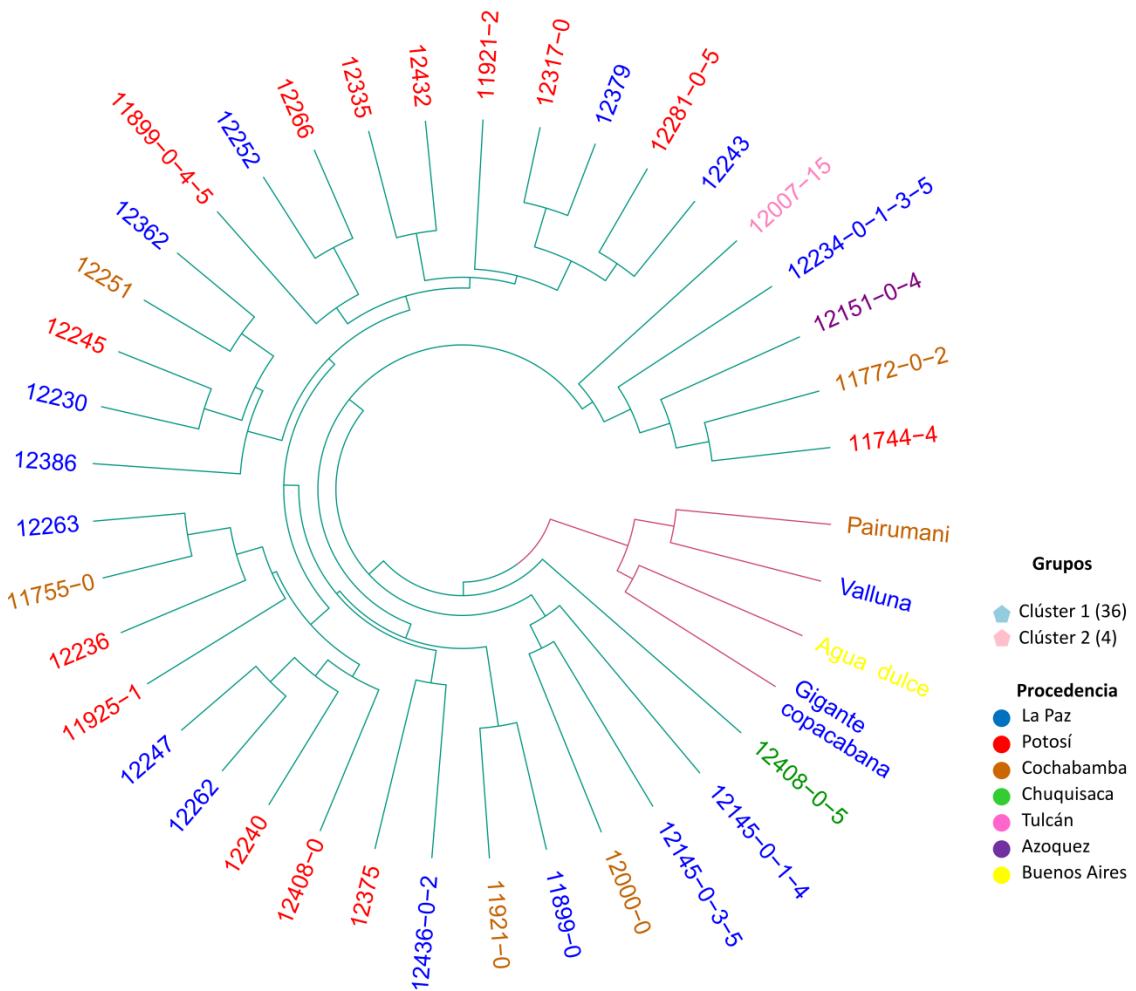


Figura 17. Dendrograma de agrupamiento jerárquico de 40 genotipos de haba en base a 30 variables (cuantitativas y cualitativas).

El dendrograma presentado en la Figura 17 muestra la agrupación jerárquica de 40 genotipos de *Vicia faba* L., considerando variables cuantitativas y cualitativas. A partir del método de la silueta se identificaron dos clústeres principales, que reflejan la estructura de variabilidad existente entre los materiales evaluados.

El Clúster 1 agrupa 36 genotipos que, aunque provienen de distintas regiones (La Paz, Potosí, Cochabamba, Chuquisaca, Tulcán y Azoquez), comparten características morfológicas en común, la mayoría corresponde a materiales originarios del Altiplano boliviano, algunos de otro país y pertenecientes al Banco Nacional de Germoplasma de

Bolivia. Este grupo integra accesiones promisorias y materiales en fase de premejoramiento, los cuales presentan una alta similitud morfológica, probablemente asociada a su adaptación a las condiciones agroecológicas de altura, caracterizadas por bajas temperaturas, elevada radiación solar y suelos de limitada fertilidad. La presencia de genotipos de diversas procedencias dentro del mismo grupo sugiere la existencia de una base genética compartida, posiblemente resultado de la adaptación de los genotipos a la región del Altiplano.

El Clúster 2 está conformado por cuatro genotipos: Pairumani, Valluna, Agua Dulce y Gigante de Copacabana. Estos materiales corresponden a cultivares comerciales o líneas avanzadas de selección, caracterizados por una mayor uniformidad fenotípica y un avance significativo en los procesos de fitomejoramiento, con respecto a la procedencia de estos genotipos al contrario del clúster 1, son característicos de regiones con temperaturas más cálidas de valles o microclimas favorables. Presentan una altura considerable en el dendrograma, lo que indica una similitud morfológica moderada. Su separación clara respecto al grupo principal evidencia diferencias morfológicas notables, asociadas a la selección dirigida hacia caracteres productivos, como el mayor tamaño de semilla y la adaptación a condiciones agroecológicas de valle o altitud media.

Dentro del Clúster 1 se identificaron cuatro subgrupos diferenciados, destacan por presentar menores alturas en el dendrograma en comparación con otros genotipos. De mayor a menor altura, el primer subgrupo está conformado por un único genotipo proveniente de Chuquisaca (12408-0-5), que destaca por su singularidad morfológica. El segundo subgrupo incluye tres genotipos originarios de La Paz y Cochabamba, que se encuentran en fase de premejoramiento. El tercer subgrupo agrupa cinco genotipos también en etapa de premejoramiento, pero procedentes de distintas regiones. Finalmente, el cuarto subgrupo, el más numeroso y homogéneo, reúne principalmente accesiones y algunos genotipos en etapa de premejoramiento del Banco Nacional de Germoplasma de Bolivia, que presentan alta similitud agromorfológica en sus características cuantitativas y cualitativas.

4.4.3.2. Comparación entre grupos de genotipos definidos por el dendrograma de agrupamiento jerárquico

En la Figura 18 se presenta el gráfico comparativo de medias estandarizadas entre los dos grupos formados mediante el análisis de conglomerados jerárquico. Este gráfico

permite visualizar las diferencias morfoagronómicas entre los clústeres, complementando la interpretación obtenida a partir del dendrograma. Además, el uso de los promedios por clúster, presentados en el Anexo 4, contribuyó a una descripción más detallada y coherente de las diferencias existentes entre los grupos.

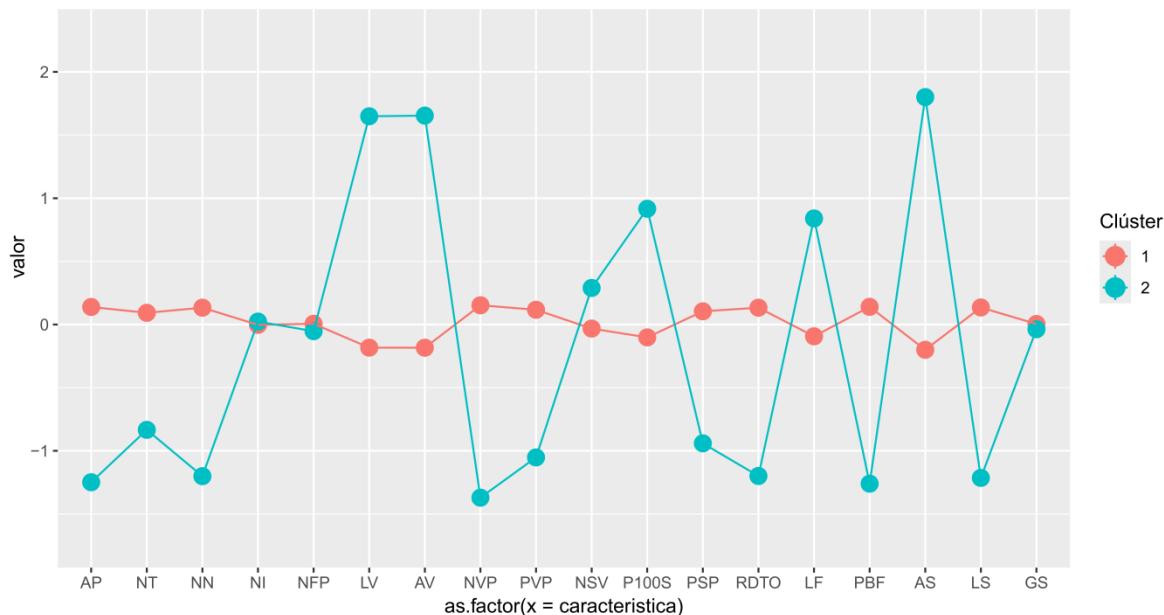


Figura 18. Distribución de datos clave en clústeres y magnitudes cuantitativas.

El Clúster 1 se caracteriza por una arquitectura vegetal vigorosa y de porte alto, con plantas que alcanzan una altura promedio de 201.2 cm, un número elevado de nudos (14.2) y un peso de biomasa fresca (PBF = 1431.2 g) superior al promedio general. Este comportamiento refleja genotipos de crecimiento robusto. Asimismo, este grupo presenta un número de vainas por planta (NVP = 32.5) y un rendimiento (RDTO = 3894.5 kg/ha) relativamente elevados, aunque no proporcionales a su vigor, debido a su baja eficiencia reproductiva. Esto se evidencia en el menor número de semillas por vaina (NSV = 1.77) y en dimensiones reducidas de semilla en el ancho (AS = 1.88 mm) y grosor (GS = 1.11 mm), lo que sugiere que gran parte de la energía de la planta se destina al crecimiento vegetativo antes que al llenado de grano.

En contraste, el Clúster 2 agrupa genotipos de menor tamaño y desarrollo estructural, con una altura promedio de 168.7 cm y 12.2 nudos, pero que destacan por una mayor eficiencia reproductiva. Este grupo presentó los valores más elevados en longitud de vaina (LV = 15.6 cm), ancho de vaina (AV = 2.73 cm) y peso de 100 semillas (P100S =

180.4 g), además de una mayor longitud de semilla ($AS = 2.62$ mm). Estos rasgos evidencian una estrategia adaptativa enfocada en la producción de semillas más grandes y mejor llenadas, característica propia de cultivares comerciales con antecedentes de mejoramiento genético. No obstante, su menor peso de biomasa fresca ($PBF = 697.7$ g) y reducido número de vainas por planta ($NVP = 12.3$) indican que estos genotipos priorizan la eficiencia reproductiva por sobre el crecimiento vegetativo. Asimismo, es probable que hayan presentado un mayor aborto floral, lo que resultó en un menor número de vainas, pero con un llenado de grano más eficiente. Este fenómeno podría estar asociado a condiciones ambientales más frías y debido a la procedencia de estos genotipos, adaptados a regiones de menor altitud respecto al Altiplano.

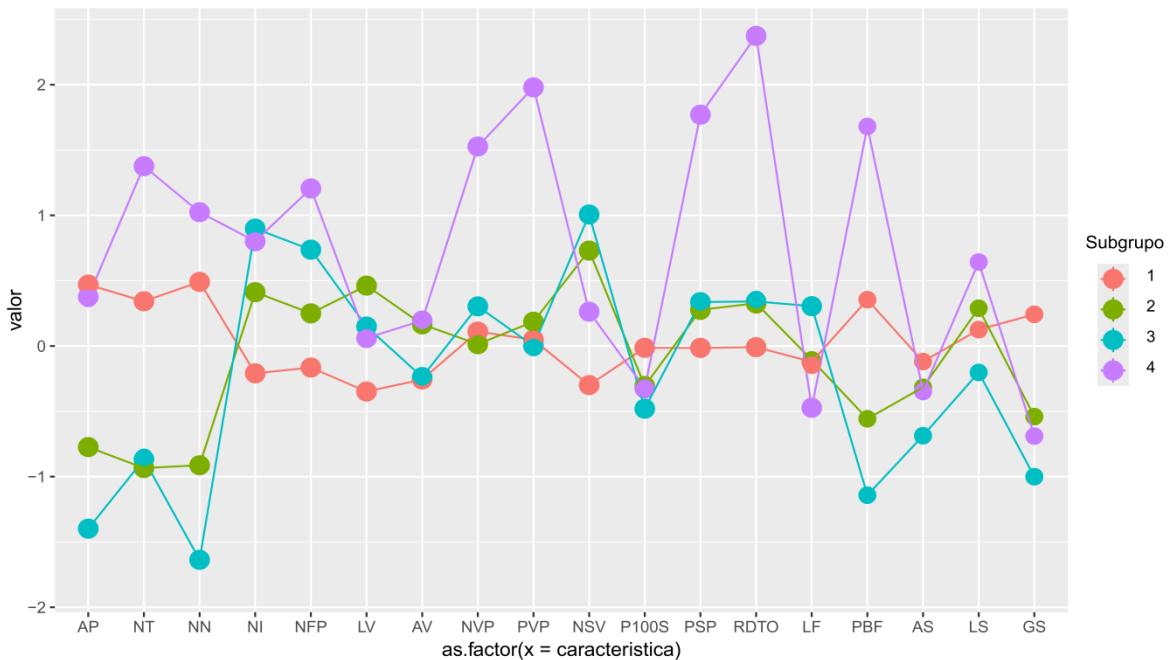


Figura 19. Distribución de datos clave de los subgrupos del clúster 1 y magnitudes cuantitativas

En la Figura 19 se muestran las medias estandarizadas de los cuatro subgrupos identificados dentro del Clúster 1, conformado principalmente por genotipos provenientes del Banco Nacional de Germoplasma de Bolivia. Este análisis reveló una clara subestructuración interna en el grupo, donde las diferencias entre subgrupos reflejan variaciones en la expresión de los rasgos morfoagronómicos, respaldadas por los valores de medias presentados en el Cuadro del Anexo 5.

El Subgrupo 1 agrupa accesiones con una arquitectura vegetal robusta, destacando por su altura (AP = 208.99 cm), número de nudos (NN = 14.79) y elevada biomasa fresca (PBF = 1543.6 g). Sin embargo, muestra una baja eficiencia reproductiva, con pocas semillas por vaina (NSV = 1.67) y un rendimiento moderado (RDTO = 3.68 t/ha).

El Subgrupo 2 presenta plantas de porte intermedio (AP = 179.8 cm) y mejor desempeño reproductivo. Sobresale por su longitud (LV = 13.07 cm) y ancho de vaina (AV = 2.31 cm), así como por semillas de mayor longitud (LS = 2.70 mm). Estos rasgos reflejan una estrategia orientada al llenado de grano y al rendimiento.

El Subgrupo 3 reúne genotipos de menor tamaño (AP = 165.2 cm) y biomasa reducida (PBF = 759.6 g), pero con una eficiencia reproductiva destacada, evidenciada por el número de semillas por vaina (NSV = 2.16) y un rendimiento relativamente superior (RDTO = 4.21 t/ha). Este equilibrio sugiere que podrían corresponder a accesiones promisorias, con buena adaptación y potencial para programas de premejoramiento.

Por último, el Subgrupo 4 agrupa los materiales más productivos dentro del Clúster 1, con un rendimiento promedio de 7.27 t/ha y los valores más altos en peso de vaina (PVP = 725.7 g) y biomasa fresca (PBF = 2238.2 g). Si bien mantiene una eficiencia reproductiva moderada (NSV = 1.88), su elevado vigor y rendimiento global reflejan un mayor aprovechamiento fisiológico, propio de materiales con avance en selección genética o mejor adaptación local.

En conjunto, los resultados confirman que, aunque los genotipos del Clúster 1 comparten una base genética común del altiplano, existe una clara diversificación funcional entre subgrupos: algunos priorizan el vigor vegetativo, mientras que otros muestran eficiencia reproductiva y mayor rendimiento.

5. CONCLUSIONES

Los resultados del análisis descriptivo mostraron una moderada variabilidad fenotípica en caracteres clave como el número de vainas por planta, el número de flores e inflorescencias, la biomasa fresca y el rendimiento total, que registraron coeficientes de variación ligeramente inferiores o superiores al 40 %. Lo cual indica que los genotipos presentan diferencias fenotípicas apreciables, aunque sin llegar a extremos, lo que refleja una base genética parcialmente compartida pero con suficiente diversidad para ser aprovechada en procesos de selección, con variables de respuesta determinantes para identificar materiales con ventajas y potencial en programas de mejoramiento.

Los gráficos boxplot evidenciaron una amplia dispersión de los datos en la arquitectura de planta, con genotipos de menor altura concentrados en el cuartil inferior, particularmente en los provenientes de La Paz y Cochabamba. El número de inflorescencias mostró una notable dispersión, destacándose los genotipos de La Paz y Cochabamba por su mayor capacidad floral. El número de vainas por planta presentó alta variabilidad, con valores extremos observados en los genotipos de Potosí.

En cuanto a los descriptores cualitativos, se observó una combinación de rasgos que presentaban una mayor frecuencia homogénea y otros con mayor dispersión con respecto a los caracteres de cada descriptor caracterizado. La prevalencia de caracteres como el hábito de crecimiento indeterminado, la ausencia de antocianinas en follaje y la presencia de flores blancas reflejó una tendencia hacia la uniformidad en ciertos aspectos de la población. Sin embargo, rasgos como la forma de la semilla, el porte de la vaina y la intensidad de color verde aportaron variabilidad intermedia.

El análisis de correlación permitió establecer relaciones significativas entre variables clave. La altura de planta mostró correlación positiva con el número de tallos, número de nudos y biomasa fresca, lo que confirma que un mayor porte vegetal incrementa la capacidad de producción de biomasa aérea. En contraste, se encontró una correlación negativa con el número de semillas por vaina y la longitud de vaina, lo que indica una compensación natural entre vigor vegetativo y eficiencia reproductiva. Asimismo, el número de vainas por planta se consolidó como el descriptor más relevante para la selección, al mostrar correlaciones fuertes con el peso de vainas, el peso de semillas y el rendimiento total, reafirmando su papel como un predictor clave del potencial productivo.

El Análisis de Correspondencia Múltiple (ACM) permitió identificar asociaciones consistentes entre las variables cualitativas, revelando dos conjuntos bien definidos de categorías. El primero se caracterizó por un hábito de crecimiento indeterminado, presencia de pigmentación en follaje y flores, porte de vaina semierecto y alta diversidad floral, lo que refleja una mayor variabilidad genética y una menor presión de selección. En contraste, el segundo grupo presentó un crecimiento determinado, ausencia de pigmentación, porte de vaina horizontal y forma de semilla elíptica, características asociadas a procesos de domesticación o selección dirigida orientados hacia una mayor uniformidad morfológica y estabilidad agronómica. Las correlaciones observadas entre las variables fueron bajas a moderadas, lo que justifica el uso del ACM como una técnica adecuada para reducir la dimensionalidad y destacar los patrones de variabilidad.

El ACP explicó más del 70 % de la variabilidad total mediante cuatro ejes principales. Los dos primeros se asociaron a dimensiones fundamentales: el vigor vegetativo y la biomasa, por un lado, y la eficiencia reproductiva y el rendimiento, por otro. El Biplot del Análisis de Componentes Principales (ACP) explicó el 51.9 % de la variabilidad total con los dos primeros componentes. El CP1 estuvo dominado por variables vegetativas como altura de planta (AP), número de tallos (NT), número de nudos (NN) y biomasa (PBF), mientras que el CP2 agrupó variables productivas como el número de vainas (NVP) y peso de semillas (PSP). Genotipos como 12266, 12263 y 12262 se asociaron a un mayor desarrollo vegetativo, mientras que 11899-0-4-5, 12317-0, 12408-0-5 y 12007-15 destacaron por su alto rendimiento y potencial productivo.

El análisis de agrupamiento jerárquico mediante la distancia de Gower y el método UPGMA permitió evidenciar una clara diferenciación fenotípica entre los 40 genotipos de *V. faba L.*, conformando dos grupos principales. El clúster 1, integrado mayoritariamente por materiales del Altiplano y pertenecientes al Banco de Germoplasma de Bolivia, mostró una amplia variabilidad interna y una base genética compartida, asociada a su adaptación a condiciones de altura, mientras que el segundo clúster agrupó genotipos mejorados o comerciales, caracterizados por su uniformidad morfológica, mayor tamaño de semilla y eficiencia reproductiva. A su vez, los cuatro subgrupos del clúster 1 evidenció diferentes grupos entre los genotipos, algunas orientadas al vigor vegetativo y otras al rendimiento y llenado de grano. En conjunto, estos resultados confirman que la variabilidad fenotípica del haba en Bolivia está determinada tanto por procesos de adaptación ambiental como por la acción de la selección humana.

6. RECOMENDACIONES:

Ampliar los estudios de variabilidad fenotípica, incorporando nuevas accesiones, ambientes de evaluación y metodologías multivariadas. Esta ampliación permitirá profundizar el conocimiento sobre la diversidad existente, fortalecer las estrategias de conservación de recursos genéticos y optimizar los programas de mejoramiento genético. La integración de datos cualitativos y cuantitativos no solo enriquece la caracterización y evaluación, sino que también facilita la toma de decisiones para el desarrollo de variedades adaptadas, resilientes y con alto valor agronómico y comercial.

Se recomienda profundizar la caracterización y evaluación de los genotipos que presentan rasgos de interés agronómico, por su valor como reserva genética para la adaptación local y la resiliencia frente a condiciones adversas. Asimismo, se sugiere aprovechar los rasgos cualitativos identificados en procesos de caracterización rápida y selección participativa, especialmente en contextos comunitarios con limitaciones técnicas. Finalmente, es importante fortalecer la evaluación temporal y espacial de los genotipos con mejor desempeño, con el fin de validar su comportamiento bajo diferentes condiciones ambientales y prácticas de manejo.

Considerar el número de vainas por planta (NVP) como carácter clave en la selección de genotipos de alto rendimiento, debido a su alta correlación con peso de vainas, peso de semillas y rendimiento total.

Integrar el origen geográfico como criterio de clasificación y selección, ya que los genotipos de regiones como Cochabamba, Potosí y Azoquez mostraron mayor expresión en variables reproductivas y estructurales.

7. REFERENCIAS BIBLIOGRÁFICAS

- Abid, G.;Mingeot, D.;Udupa, S. M.;Muhovski, Y.;Watillon, B.;Sassi, K.;M'hamdi, M.;Souissi, F.;Mannai, K.;Barhoumi, F. y Jebara, M. 2015. Genetic relationship and diversity analysis of Faba Bean (*Vicia faba* L. var. *Minor*) genetic resources using morphological and microsatellite molecular markers. *Plant Molecular Biology Reporter*. Place Published, pages1755–1767. Disponible en <https://link.springer.com/article/10.1007/s11105-015-0871-0>
- ACNefi. 2004. Las neurofibromatosis: Guía de familias. Instituto de Mayores y Servicios Sociales (IMSERSO). Place Published. Disponible en <http://www.acnefi.org/documents/guianeurofibromatosis.pdf>
- Adhikari, K.;Khazaei, H.;Ghaouti, L.;Maalouf, F.;Vandenberg, A.;Link, W. y O'Sullivan, D. 2021. Herramientas de mejoramiento convencional y molecular para acelerar la ganancia genética en habas (*Vicia Faba* L.). *Front Plant Sci*. Place Published. <https://doi.org/10.3389/fpls.2021.744259>
- Aguilar-Benitez, D.;Casimiro-Soriguer, I.;Ferrandiz, C. y Torres, A. 2022. Study and QTL mapping of reproductive and morphological traits implicated in the autofertility of faba bean. *BMC Plant Biology*. Place Published, 175. Disponible en <https://link.springer.com/content/pdf/10.1186/s12870-022-03499-8.pdf> <https://doi.org/10.1186/s12870-022-03499-8>
- Alquicira, J. 2017. Análisis de correlación
Conogasi.org. Disponible en <https://conogasi.org/articulos/analisis-de-correlacion-2/>
- Álvarez-Sánchez, D.;Salazar-González, C.;Sañudo-Sotelo, B. y Betancourth-García, C. 2021. Evaluación fenotípica de semillas de haba (*Vicia faba* L.) colectadas en Nariño-Colombia. *Revista U.D.C.A Actualidad & Divulgación Científica*. Place Published, (2): 1-30. <https://doi.org/10.31910/rudca.v24.n2.2021.1874>
- Álvarez, D.;Maigual, H.;Salazar, C. y Betancourth, C. 2023. Caracterización fenotípica y clasificación jerárquica de 73 accesiones de haba (*Vicia faba* L.) colectadas en Nariño. . *Revista de Investigación Agraria y Ambiental*. Place Published, (2): 11-27. <https://doi.org/10.22490/21456453.6256>

- Ammar, M.;Alghamdi, S.;Migdadi, H.;Khan, M.;El-Harty, E. y Al-Faifi, S. 2015. Assessment of genetic diversity among faba bean genotypes using agro-morphological and molecular markers. Saudi Journal of Biological Sciences. Place Published, (3): 340-350. <https://doi.org/10.1016/j.sjbs.2015.02.00>
- Araujo-Díaz, R.;García-Hernández, G.;Estrada-Campuzano, G.;Martínez-Rueda, C. G. y Domínguez-López, A. 2023. Caracteres ecofisiológicos y numéricos del rendimiento en haba afectados por el cultivar, densidad de población y sistema de siembra. Revista Mexicana de Ciencias Agrícolas. Place Published, (1): 51-62. <https://doi.org/10.29312/remexca.v14i1.2992>
- Avramidou, E.;Sarri, E.;Ganopoulos, I.;Madesis, P.;Kougiteas, L.;Papadopoulou, E.-A.;Aliferis, K. A.;Abraham, E. M. y Tani, E. 2023. Genetic and Metabolite Variability among Commercial Varieties and Advanced Lines of *Vicia faba* L. Plants. Place Published. <https://doi.org/10.3390/plants12040908>
- Baddeley, J. A. J., S.; Topp, C.F.E.; Watson, C.A.; Helming, J.; Stoddard, J. 2014. Biological nitrogen fixation (BNF) by legume crops in Europe. . Legume Futur. Place Published, 27. Disponible en https://www.legumehub.eu/is_article/biological-nitrogen-fixation-bnf-by-legume-crops-in-europe/
- Baev, P. V. y Penev, L. D. 1995. BIODIV: Program for calculating biological diversity parameters, similarity, niche overlap and cluster analysis. Pensoft Publishers.
- Balderrama, F.;Iriate, V.;Barea, O.;Iporre, A. y Carrasco, E. 2001. Cadena Agroalimentaria del Haba de Altura para Exportación Cochabamba, PROINPA. 70 p. Disponible en <https://www.proinpa.org/web/pdf/Hortalizas%20y%20leguminosas/Haba/Cadena%20agroalimentaria%20del%20Haba%20de%20altura%20para%20exportacion.pdf>
- Beagna, T. 2021. Role and economic importance of crop genetic diversity in food security. Agricultural Scinse and Food Technology. Place Published, 164-169. <https://dx.doi.org/10.17352/2455-815X.000104>
- Birch, A. N. E.;Tithecott, M. T. y Bisby, F. A. 1985. *Vicia johannis* and wild relatives of the faba bean: a taxonomic study. Economic Botany. Place Published, (2): 177-190.

- Bond, D. A. y Poulsen, M. H. 1983a. Pollination. London, Butterworth. (The Faba Bean).
- Bond, D. A. y Poulsen, M. H. 1983b. Pollination. In: Hebblethwaite, P.D., Ed., The Faba Bean (*Vicia faba* L.). Butterworths, London, 77-101 p.
- Bramardi, S. J. 2002. Análisis multivariado. Su aplicación en la caracterización de recursos genéticos. Argentina, Facultad de Ciencias Agrarias, Univ. Conahue, Estación Exp. INTA,.
- Cancho Cuba, D. T. 2021. Caracterización y selección de 45 cultivares de haba (*Vicia faba** L.) en Ayacucho. Universidad Nacional de San Cristóbal de Huamanga. Disponible en <https://repositorio.unsch.edu.pe/handle/20.500.14273/5112>
- Caracuta, V.;Barzilai, O.;Khalaily, H.;Milevski, I.;Paz, Y.;Vardi, J.;Regev, J. y Boaretto, E. 2015. The onset of faba bean farming in the Southern Levant. *Scientific Reports*. Place Published, (14370). <https://doi.org/10.1038/srep14370>
- Carrillo-Perdomo, E.;Vidal, A.;Kreplak, J.;Duborjal, H.;Leveugle, M.;Duarte, J.;Desmetz, C.;Deulvot, C.;Raffiot, B. y Marget, P. 2020. Development of new genetic resources for faba bean (*Vicia faba* L.) breeding through the discovery of gene-based SNP markers and the construction of a high-density consensus map. *Scientific Reports*. Place Published. Disponible en <https://www.nature.com/articles/s41598-020-63664-7#further-reading>
<https://doi.org/10.1038/s41598-020-63664-7>
- CGIAR. 2009. Global strategy for the Ex Situ conservation of Faba Bean (*Vicia faba*). CGIAR GENE BANKS. Place Published. Disponible en <https://www.cgiar.org/research/research-centers/>
- CIFP, C. d. I. F. P. 2020. Haba. Cochabamba, Bolivia. Fundación Patiño. Disponible en <https://fitogen.fundacionpatino.org/areas/haba/#:~:text=El%20programa%20de%20mejoramiento%20gen%C3%A9tico,para%20zonas%20de%20valles%20templados>
- .
- Collard, B. C.;Jahufer, N. Z.;Brouwer, J. B. y Pang, E. C. 2005. An introduction to markers, quantitative trait loci (QTL) mapping and marker-assisted selection for crop improvement: the basic concepts. *Euphytica*. Place Published, (169–196).

Disponible en <https://www.researchgate.net/publication/226925645> DOI:
10.1007/s10681-005-1681-5

Condori, P.;Loza, M.;Sainz, H.;Guzman, J.;Mamani, F.;Marza, F. y Gutierrez, E. 2017. Evaluación del efecto del biol sobre catorce accesiones de papa nativa (*Solanum* ssp.) en la estación experimental kallutaca. Selva Andina Biosphere. Place Published. Disponible en http://www.scielo.org.bo/scielo.php?script=sci_arttext&pid=S2308-38592017000100003

Confalone, A.;Navarro, M.;Vilatte, C.;Barufaldi, M.;Aguas, L. y Ponce, G. 2013. Crecimiento, captura de luz y componentes del rendimiento del haba cv. Alameda creciendo en Azul, provincia de Buenos Aires. Revista de la Facultad de Ciencias Agrarias. Place Published, (1): 105-116. Disponible en <https://bdigital.uncu.edu.ar/5010>

CPB. 2004. Sistema de informacion y asesoramiento en comercializacion para productores agricolas CEPROBOL – IICD Centro de promocion Bolivia. Place Published. Disponible en https://www.studocu.com/bo/document/universidad-tecnologica-boliviana/comercio-internacional/25697-comercio/63342920?utm_source=chatgpt.com

Crespo, M. 1996. Haba (*Vicia faba* L.). En las leguminosas en la agricultura boliviano. Cochabamba, Bolivia

Crisci, J. V. L.-A., M. F. 1983. Introducción a la teoría y práctica de la taxonomía numérica. Washington, D.C., Secretaría General de la OEA.

Cuapantecatl, N. 2019. Caracterización físico-mecánica del grano de haba en México. Chapingo - Mexico. Universidad Autónoma Chapingo. Disponible en <https://repositorio.chapingo.edu.mx/server/api/core/bitstreams/a6a53e4a-6871-47cc-a796-e098a9ac75f8/content>

Cubero, I. 1974. On the evolution of *Vicia faba* L. Theor. Appl.

Genet. Place Published, (47-51).

- Chesnokov, Y.;Kosolapov, V. y Savchenko, I. 2020. Morphological Genetic Markers in Plants. Russian Journal of Genetics. Place Published, (56): 1406-1415. Disponible en
https://www.researchgate.net/publication/348181600_Morphological_Genetic_Markers_in_Plants 10.1134/S1022795420120042
- de la Fuente, S. 2011. Analisis de correspondencias simples y multiples. Madrid-España, Facultad de Ciencias Economicas y Empresariales - Universidad Autonoma de Madrid.
- Demey, J.;Pla, L.;Vicente-Villardón, J.;Di Rienzo, J. y Casanoves, F. 2011. Medidas de distancia y de similitud. Researchgate. Place Published, 14. Disponible en
<https://www.researchgate.net/publication/260137073>
- Díaz Bautista, M. y Herrera Cabrera, B. E. 2004. Caracteres morfológicos en la selección de semilla de haba en la Sierra Norte de Puebla. Revista Fitotecnia Mexicana. Place Published, (1): 49–52. Disponible en
<https://www.redalyc.org/pdf/610/61009910.pdf>
- Dice, L. R. 1945. Measures of the amount of ecologic association between species. Ecology. Place Published, (3): 297-302. 10.2307/1932409
- Digrado, A.;Gonzalez-Escobar, E.;Owston, N.;Page, R.;Mohammed, S. B.;Umar, M. L.;Boukar, O.;Ainsworth, E. A. y Carmo-Silva, E. 2022. Cowpea leaf width correlates with above ground biomass across diverse environments. Legume Science. Place Published, 1–12. <https://doi.org/10.1002/leg3.144>
- Duc, G. 1997. Faba bean (*Vicia faba* L.). Field Crops Research. Place Published, (1-3): 99-109. Disponible en
<https://www.sciencedirect.com/science/article/abs/pii/S0378429097000257>
[https://doi.org/10.1016/S0378-4290\(97\)00025-7](https://doi.org/10.1016/S0378-4290(97)00025-7)
- Duc, G.;Shiying Bao, S.;Baum, M.;Redden, B.;Sadiki, M.;Suso, M.;Margarita Vishniakova, M. y Zong, X. 2010. Diversity maintenance and use of *Vicia faba* L. genetic resources. Field Crops Research. Place Published, (3): 270-278. Disponible en
<https://www.sciencedirect.com/science/article/abs/pii/S0378429008002074?via%3Dihub> <https://doi.org/10.1016/j.fcr.2008.10.003>

- Duc, G.;Aleksić, J. M.;Marget, P.;Mikic, A.;Paull, J.;Redden, R. J. y Torres, A. M. 2015. Faba bean. Grain legumes,. Place Published, 141-178.
- Eagles, H.;Bariana, H. y Ogbonnaya, F. 2001. Implementation of markers in Australian wheat breeding. Crop Pasture. Place Published, (11-12). Disponible en https://www.researchgate.net/publication/45580957_Implementation_of_markers_in_Australian_wheat_breeding DOI:10.1071/AR01067
- EI-Esawi, M. A. 2017. SSR analysis of genetic diversity and structure of the germplasm of faba bean (*Vicia faba* L.). Comptes Rendus Biologies. Place Published, (11–12): 474-480. Disponible en (<https://www.sciencedirect.com/science/article/pii/S1631069117301592>) <https://doi.org/10.1016/j.crvi.2017.09.008>.
- Everitt, B. S. 1980. Cluster Analysis. 2nd Edition ed. London, Heineman Educational Books.
- FAOSTAT. 2022. Place Published. Disponible en <https://www.fao.org/faostat/en>
- FasterCapital. 2025. Método de grupo de pares no ponderados con media aritmética – UPGMA: simplificación de la agrupación jerárquica. FasterCapital. Place Published. Disponible en <https://fastercapital.com/es/contenido/Metodo-de-grupo-de-pares-no-ponderados-con-media-aritmetica--UPGMA--UPGMA--simplificacion-de-la-agrupacion-jerarquica.html>
- Flores-Sánchez, I.;Sandoval-Villa, M. y Trejo-Téllez, L. 2025. Basic proposal for evaluation of plant genetic resources to generate new crops. Front Plant Sci. Place Published. doi: 10.3389/fpls.2025.1507521
- Ford-Lloyd, B. y Jackson, M. 1986. Plant genetic resources. An introduction to their conservation and use. Publ. Baltimore, Edward Arnold.
- Fouad, M.;Mohammed, N.;Aladdin, H.;Ahmed, A.;Xuxiao, Z.;Shiying, B. y Tao, Y. 2013. Faba bean. Genetic and Genomic Resources of Grain Legume Improvement. Place Published, 113-136.

- Franco, L. T. y Hidalgo, R. 2003. Análisis estadístico de caracterización morfológica de recursos filogenéticos. Cali, Colombia, Instituto Internacional de Recursos Filogenéticos (IPGRI). (Boletín técnico núm. 8.). Disponible en https://books.google.com.bo/books?hl=es&lr=&id=B55X-G3WiugC&oi=fnd&pg=PA1&ots=i62tAMKGUB&sig=m4y5_C-IPNX2gGCsJ9MrhGiNulg&redir_esc=y#v=onepage&q&f=false
- Gabriel, J. 2010. Diagnóstico de las capacidades en Mejoramiento Genético y Biotecnología de cultivos en Bolivia. Revista de Agricultura. Place Published, 1-11. Disponible en https://www.researchgate.net/profile/Julio-Gabriel/publication/235996720_Diagnostico_de_las_capacidades_en_Mejoramiento_Genetico_y_Biotecnologia_de_cultivos_en_Bolivia/links/00b49515604a56bf0100_0000/Diagnostico-de-las-capacidades-en-Mejoramiento-Genetico-y-Biotecnologia-de-cultivos-en-Bolivia.pdf
- Gale, M. D. 1994. Genetic markers, maps and wheat breeding. J. R. Agric. Soc. Engl. Place Published, (155): 162-176.
- Gállego-Cobos, A. y Araneda-Tolosa, C. 2018. Tema 18: Genética cuantitativa. In. 2018. Problemas de genética: Cuaderno de ejercicios. Mexico. Universidad Nacional Autónoma de México, Facultad de Ciencias. p. pp. 351–372. Disponible en <https://repositorio.uchile.cl/handle/2250/173074>
- Genesys. 2025. Datos del pasaporte *Vicia faba*. Disponible en <https://www.genesys-pgr.org/a/overview/v2ZW4BLrkXQ>
- González-Calderón, P. 2023. Apuntes del curso de Botánica AGL101 2023-2. Pontificia Universidad Católica de Chile. Place Published. Disponible en <https://github.com/Pablo-Gonzalez-Calderon/apuntes-botanica>
- González, A.;Pérez-López, D.;Domínguez-López, A.;Franco-Mora, O.;Balbuena-Melgarejo, A.;Ramos-Malváez, A. y Sahagún-Castellanos, J. 2008. Variabilidad genética, diversidad fenotípica e identificación de poblaciones sobresalientes de maíz cacahuacintle. Ciencia Ergo Sum. Place Published, (3): 297–305. Disponible en https://www.researchgate.net/publication/26618273_Variabilidad_genetica_diversid

[ad_fenotipica_e_identificacion_de_poblaciones_sobresalientes_de_maiz_cacahuacintle/fulltext/01b5b5660cf21d482e7ca130/Variabilidad-genetica-diversidad-fenotipica-e-identificacion-de-poblaciones-sobresalientes-de-maiz-cacahuacintle.pdf](https://fulltext/01b5b5660cf21d482e7ca130/Variabilidad-genetica-diversidad-fenotipica-e-identificacion-de-poblaciones-sobresalientes-de-maiz-cacahuacintle.pdf)

Gower, J. C. 1971. A general coefficient of similarity and some of its properties. Biometrics. Place Published, (4). 10.2307/2528823

Greenacre, M.;Groenen, P.;Hastie, T.;Iodice-D'Enza, A.;Markos, A. y Tuzhilina, E. 2022. Principal component analysis. Nature Reviews Methods Primers. Place Published. <https://doi.org/10.1038/s43586-022-00184-w>

Hair, J. F.;Black, W. C.;Babin, B. y Anderson, R. E. 2022. Multivariate data analysis. New York, Pearson Education. Disponible en <https://www.drnishikantjha.com/papersCollection/Multivariate%20Data%20Analysis.pdf>

Hernández-Villarreal, A. 2015. Morphological characterization of plant genetic resources. 2013. Place Published. DOI:10.15741/revbio.02.03.05

Hidalgo, R. 2003. Análisis Estadístico de Datos de Caracterización Morfológica de Recursos Fitogenéticos. Cali, Colombia, Instituto Internacional de Recursos Fitogenéticos (IPGRI).

Horque, R. 2004. Cultivo del haba. Lima - Perú, Instituto Nacional de Investigación Agraria - INIA. Disponible en <https://repositorio.inia.gob.pe/server/api/core/bitstreams/715ee52d-6df5-4fdb-886f-f334bf6a8f99/content>

IBPGR, I. B. f. P. G. R. I. y ICARDA, I. C. f. A. R. i. t. D. A. I. 1985. Faba bean descriptors. Roma, International Board for Plant Genetic Resources. 23 p. Disponible en https://cgospace.cgiar.org/bitstream/handle/10568/72876/Descriptors_Faba_Bean_415.pdf?sequence=1&isAllowed=y

INE. 2024. Agricultura - Cuadros estadísticos. Instituto Nacional de Estadística Consultado Septiembre Disponible en <https://www.ine.gob.bo/index.php/estadisticas-economicas/agropecuaria/agricultura-cuadros-estadisticos/>

- INIAF. 2025. Banco Nacional de Germoplasma de Bolivia - Número de accesiones. Instituto Nacional de Innovación Agropecuaria y Forestal. Place Published.
- Jaccard, P. 1908. Nouvelles recherches sur la distribution florale. Bulletin de la Société Vaudoise des Sciences Naturelles. Place Published, (223): 270.
- Jiang, G. 2013. Advances in Plant Breeding Strategies: Breeding, Biotechnology and Molecular Tools. InTech. Place Published. DOI 10.1007/978-3-319-22521-0_15
- Jolliffe, I. T. 1986. Principal Component Analysis. New York, Springer-Verlag.
- Joshi, B. K.;KC, H. B. y Acharya, A. K. 2017. Conservation and utilization of agricultural plant genetic resources in Nepal. Proceedings of 2nd National Workshop. Place Published.
- Josse, J. y Husson, F. 2016. missMDA: A package for handling missing values in multivariate data analysis. Journal of Statistical Software. Place Published, (1): 1-31. <https://doi.org/10.18637/jss.v070.i01>
- Kassambara, A. y Mundt, F. 2020. factoextra: Extract and visualize the results of multivariate data analyses (Versión 1.0.7) [Paquete R]. CRAN. Disponible en <https://CRAN.R-project.org/package=factoextra>
- Kou, K.;Su, T.;Wang, Y.;Yang, H. y Du, H. 2021. La variación natural del promotor Dt2 controla la altura de la planta y el número de nudos en soja semideterminante. Mol Breeding. Place Published, (40). <https://doi.org/10.1007/s11032-021-01235-y>
- Kumar, S. 2019. Caracterización genética de caracteres cuantitativos y cualitativos y su relación en frijol Haba (*Vicia Faba L.*). Revista India de Investigación Agrícola. Place Published. Disponible en https://www.academia.edu/60727946/Genetic_Characterization_for_Quantitative_and_Qualitative_Traits_and_Its_Relationship_in_Faba_Bean_Vicia_Faba_L
<https://doi.org/10.18805/IJARE.A-5252>
- Laguna, C.;Guadarrama-Guadarrama, M.;Arenas-Julio, Y. y Delgado, M. 2006. Aplicación de la guía de descripción varietal de dalia (*Dahlia spp*) en la caracterización de clones seleccionados. Ciencias Agrícolas Informa. Place Published, 24-29.

- Lawes, D. A.;Bond, D. A. y Poulsen, M. H. 1983. Classification, origin, breeding methods and objectives. . London, Butterworth. (The Faba Bean).
- Lê, S., Josse, J. y Husson, F. 2008. FactoMineR: An R package for multivariate analysis. Journal of Statistical Software. Place Published, (1): 1-18. <https://doi.org/10.18637/jss.v025.i01>
- Mamani, E. 2007. Variabilidad fenotípica de 180 accesiones de germoplasma de haba (*Vicia faba* L.) en el altiplano norte. Universidad Mayor de San Andrés. 96 p. Disponible en <https://repositorio.umsa.bo/bitstream/handle/123456789/5230/T-1128.pdf?sequence=1&isAllowed=y>
- Mekky, R. H.;Thabet, M. M.;Rodriguez-Pérez, C.;Elnaggar, D. M. Y.;Marhous, E. A.;Segura-Carretero, A. y Abdel-Sattar, E. 2020. Comparative metabolite profiling and antioxidant potentials of seeds and sprouts of three Egyptian cultivars of *Vicia faba* L. Food Research International. Place Published. Disponible en <https://www.sciencedirect.com/science/article/abs/pii/S0963996920305627?via%3Dihub#section-cited-by> <https://doi.org/10.1016/j.foodres.2020.109537>
- Mondini, L.;Noorani, A. y Pagnotta, M. 2009. Assessing Plant Genetic Diversity by Molecular Tools. Diversity. Place Published, (19 - 31). Disponible en <https://www.mdpi.com/1424-2818/1/1/19> DOI: 10.3390/d1010019
- Moreira, A. 1994. Programa Nacional de Leguminosas de Grano- IBTA. In Seminario Taller sobre Haba de Exportación (Cochabamba, Bolivia) 1994. p.
- Muhammad, A.;Muhammad, A.;Muhammad, Q.;Yıldız, D.;Gonul, C.;Mehtap, Y.;Rüştü, H.;Fiaz, A.;Ahmad, A.;Nitin, L.;Hakan, Ö.;Gyuhwa, C. y Faheem, S. 2017. DNA molecular markers in plant breeding: current status and recent advancements in genomic selection and genome editing. Biotechnology & Biotechnological Equipment. Place Published, (2): 261-285. <https://doi.org/10.1080/13102818.2017.1400401>
- Nascimento, E. V.;Geraldo, M. A. B. y Hissayuki, H. R. 2008. Caracterización física e química de frutos de mamey. Rev. Bras. Frutic. Place Published, 953-957. <https://doi.org/10.1590/s0100-29452008000400019>.

- Nei, M. y Li, W. H. 1979. Mathematical model for studying genetic variation in terms of restriction endonucleases. Proceedings of the National Academy of Sciences. Place Published, (10): 5269 - 5273. 10.1073/pnas.76.10.5269
- Núñez-Colín, C. A. y Escobedo-López, D. 2015. Caracterización de germoplasma vegetal: la piedra angular en el estudio de los recursos fitogenéticos. Agrícola y Pecuaria. Place Published, (1): 1-6. Disponible en <https://dialnet.unirioja.es/descarga/articulo/6201345.pdf>
- Oomah, B.;Tiger, N.;Olson, M. y Balasubramanian, P. 2006. Phenolics and antioxidatives activities in narrow-leaved lupins (*Lupinus angustifolius* L.). Plant Food Hum. Nutr. Place Published, 91-97. Disponible en <https://www.scopus.com/inward/record.url?eid=2-s2.0-33746189348&partnerID=10&rel=R3.0.0>
- Orellana, L. 2001. Estadística descriptiva. Departamento de matemáticas. Place Published, 30. Disponible en https://www.dm.uba.ar/materias/estadistica_Q/2011/1/modulo%20descriptiva.pdf
- Orozco, N. 2013. Variabilidad y caracterización fenotípica en haba. Mexico. Universidad Autónoma del Estado De México. Disponible en <https://core.ac.uk/download/pdf/80532223.pdf>
- Parker, A.;Fourie, J.;Trought, M.;Phalawatta, K.;Meenken, E.;Eyharts, A. y Moltchanova, E. 2022. Evaluating sources of variability in inflorescence number, flower number and the progression of flowering in Sauvignon blanc using a Bayesian modelling framework. Original research articles. Place Published, (No. 1). Disponible en <https://oenone.eu/article/view/4717> <https://doi.org/10.20870/oenone.2022.56.1.4717>
- Paudel, M. N. y Joshi, B. K. 2018. Agriculture plant genetic resources behind the eyes of researchers and policy makers. Workshop of Agricultural Plant Genetic Resources (APGRs) in Nepal. Place Published.
- Pérez de la Vega, M. 1993. Biochemical characterization of populations. Plant Breeding: Principles and Prospects. Place Published, 184-200.

- Pérez, D. J.;González, H.;Sahagún, A.;Vázquez, L.;Rivera, A.;Franco, O. y Domínguez, A. 2009. The identification of outstanding potato cultivars using multivariate methods. Ciencia e investigación agraria: revista latinoamericana de ciencias de la agricultura. Place Published, (3): 391-400. Disponible en <https://dialnet.unirioja.es/servlet/articulo?codigo=5425326>
- Portero Núñez, G. P. 2021. Evaluación agronómica y morfológica de tres variedades de habas (*Vicia faba** L.) en la parroquia Augusto Nicolás Martínez. Repositorio UTA. Universidad Técnica de Ambato. Disponible en <https://repositorio.uta.edu.ec/handle/123456789/31402>
- Posada, G. 2016. Elementos básicos de estadística descriptiva para el análisis de datos. Medellin - Colombia, Fundación Universitaria Luis Amigó. 158 p. Disponible en https://www.funlam.edu.co/uploads/fondoeditorial/120_Ebook-elementos_basicos.pdf
- Prasojo, Y.;Ishigaki, G.;Hashiguchi, M. y Akashi, R. 2021. Effect of Different Growth Stages on Biomass Weight and Forage Quality of Different Growth Type Soybean (*Glycine max*). Asian Journal of Plant Sciences. Place Published, (2): 256-262. Disponible en <https://scialert.net/abstract/?doi=ajps.2021.256.262> DOI: 10.3923/ajps.2021.256.262
- PROINPA, F. 2001. Cadena agroalimentaria del haba de altura para exportación (Estudio preliminar). Cochabamba, Bolivia, Fundación PROINPA. Disponible en <https://www.proinpa.org/web/pdf/Hortalizas%20y%20leguminosas/Haba/Cadena%20agroalimentaria%20del%20Haba%20de%20altura%20para%20exportacion.pdf>
- PUC. 2022. Haba. Pontificia Universidad Católica de Chile. Disponible en https://www7.uc.cl/sw_educ/cultivos/legumino/haba.htm
- Querol, L. 1988. Recursos genéticos, nuestro tesoro olvidado. Perú, Aproximación técnica y socioeconómica.
- Ray, D. K.;Gerber, J. S.;MacDonald, G. K. y West, P. C. 2015. Climate variation explains a third of global crop yield variability. Nat. Commun. Place Published, (5989). <https://doi.org/10.1038/ncomms6989>

- Rieger, R.; Michealis, A. y Green, M. 1982. Diccionario de Genética y Cito genética Clásica y Molecular. Madrid, Alhambra.
- Rimieri, P. 2017. La diversidad genética y la variabilidad genética: Dos conceptos diferentes asociados al germoplasma y al mejoramiento genético vegetal. *Journal of Basic and Applied Genetics*. Place Published, (2): 7-13. Disponible en https://sag.org.ar/jbag/wp-content/uploads/2019/11/A1_7-13-2.pdf
- Ruiz-Aranibar, G. 2009. Estadística multivariable análisis de componentes principales. Instituto de Estadística Teórica y Aplicada. Place Published, 44-61. Disponible en http://www.revistasbolivianas.ciencia.bo/pdf/rv/n15/n15_a07.pdf
- Ruiz-Aranibar, G. 2019. Análisis de conglomerados. Revista Varianza. Place Published. Disponible en http://revistasbolivianas.umsa.bo/scielo.php?script=sci_arttext&pid=S9876-67892019000100009&lng=pt&nrm=iso
- SAG, S. A. d. G. 2018. Mejoramiento genético vegetal *Journal of Basic and Applied Genetics*. Place Published, (1): 29-50. Disponible en https://sag.org.ar/jbag/wp-content/uploads/2019/09/BAG_VXXIX_SUPPL1_2018_MGV_WEB.pdf
- Salazar, J.; Torres, M.; Gutierrez, B. y Torres, A. 2019. Molecular characterization of Ecuadorian quinoa (*Chenopodium quinoa* Willd.) diversity: implications for conservation and breeding. *Euphytica*. Place Published. Disponible en https://link.springer.com/article/10.1007/s10681-019-2371-z?utm_source=getfftr&utm_medium=getfftr&utm_campaign=getfftr_pilot
- Salazar Laureles, M.; Pérez, D.; González Huerta, A. y Vázquez García, L. 2020. Variabilidad fenotípica en colectas de haba provenientes del Valle Toluca-Atlacomulco, México. *Rev. Mex. Cienc. Agríc.* Place Published, (3). <https://doi.org/10.29312/remexca.v10i3.1758>
- Salazar, M. 2014. Análisis de la diversidad genética en HABAS (*Vicia faba* L.) colectadas en el valle Toluca-Atlacomulco, México. Mexico Universidad Autónoma del Estado de México. 80 p. Disponible en <http://ri.uaemex.mx/bitstream/handle/20.500.11799/58866/DICARM%20MAR%C3%80DA%20ELENA%20SALAZAR%20LAURELES.pdf?sequence=1&isAllowed=y>

- Salgotra, R. K. y Chauhan, B. S. 2023. Genetic Diversity, Conservation, and Utilization of Plant Genetic Resources. Genes. Place Published, (1): 174. <https://doi.org/10.3390/genes14010174>
- Singh, A. K.;Bharati, R. C.;Manibhushan, N. C. y Pedpati, A. 2013. An assessment of faba bean (*Vicia faba* L.) current status and future prospect. African Journal of Agricultural Research,. Place Published, (50): 6634-6641.
- SNICS. 2001. Guía Técnica para la Descripción Varietal de Haba (*Vicia faba* L.). Servicio Nacional de Inspección y Certificación de Semillas. Place Published, 12. Disponible en www.sagarpa.gob.mx/snics/haba.3.doc.2002.
- Sokal, R. R. y Sneath, P. H. A. 1963. Principles of numerical taxonomy. W. H. Freeman and Company, San Francisco.
- Spiegel, M. y Stephens, L. 2012. Estadistica. Mexico, The McGraw-Hill. 601 p.
- Tian, Z.;Wang, X.;Lee, R.;Li, Y.;Specht, J. y Nelson, R. 2010. Selección artificial para un hábito de crecimiento determinado en soja. Proc. Natl. Acad. Sci. USA 107. Place Published. Disponible en http://scholar.google.com/scholar_lookup?&title=Artificial+selection+for+determinant+growth+habit+in+soybean%2E&journal=Proc%2E+Natl%2E+Acad%2E++Sci%2E+U%2ES%2EA%2E&author=Tian+Z.&author=Wang+X.&author=Lee+R.&author=Li+Y.&author=Specht+J.+E.&author=Nelson+R.+L.&publication_year=2010&volume=107&pages=8563-8568 doi: 10.1073/pnas.1000088107
- Torres, A. M.;Avila, C. M.;Gutierrez, N.;Palomino, C.;Moreno, M. T. y Cubero, J. I. 2010. Marker-assisted selection in faba bean (*Vicia faba* L.). Field Crops Research. Place Published, (3). <https://doi.org/10.1016/j.fcr.2008.12.002>
- UPOV. 2002. Introducción general al examen de la distinción, la homogeneidad y la estabilidad y a la elaboración de descripciones armonizadas de las obtenciones vege-tales. International Union for the Protection of New Varieties of Plants (UPOV). Place Published.
- Vavilov, N. I. 1994. Origin and geography of cultivated plants. Archives of Natural History. Place Published, (1): 131-145. <https://doi.org/10.3366/anh.1994.21.1.142a>

- Vega-Dienstmaier, J. y Arévalo-Flores, J. 2014. Clasificación mediante análisis de conglomerados: un método relevante para la psiquiatría. Revista de Neuro-Psiquiatría. Place Published, (1): pp. 31-39. Disponible en <https://www.redalyc.org/pdf/3720/372033985004.pdf>
- Villar, L. 2013. Cultivo de haba. Universidad Autónoma Juan Misael Saracho, Tarija. Place Published. Disponible en https://biblioteca.uajms.edu.bo/biblioteca/opac_css/doc_num.php?explnum_id=3548#:~:text=En%20Bolivia%2C%20los%20departamentos%20productores,se%20de,dican%20a%20su%20producci%C3%B3n.
- Vinuesa, P. 2016. Correlación: teoría y práctica. CCG-UNAM. Place Published, 26. Disponible en <http://www.ccg.unam.mx/~vinuesa/>
- Wei, T. y Simko, V. 2024. corrplot: Visualization of a correlation matrix (Versión 0.95) [Paquete R]. CRAN. Consultado Septiembre. Disponible en <https://CRAN.R-project.org/package=corrplot>
- Wickham, H.;Chang, W.;Henry, L.;Pedersen, T. L.;Takahashi, K.;Wilke, C.;Woo, K.;Yutani, H.;Dunnington, D. y van den Brand, T. 2023. ggplot2: Create Elegant Data Visualisations Using the Grammar of Graphics. Posit Software, PBC. Disponible en <https://ggplot2.tidyverse.org/>
- Willmore, K. E.;Young, N. M. y Richtsmeier, J. T. 2007. Phenotypic variability: Its components, measurement and underlying developmental processes. Evolutionary Biology. Place Published, (4): 99–120. <https://doi.org/10.1007/s11692-007-9008-1>
- Winter, P. y Kahl, G. 1995. Molecular marker technologies for plant improvement,. World J. Microbiol. Biotechnol. Place Published, 438—448. <https://doi.org/10.1007/BF00364619>
- Yadav, S. K.;Verma, N.;Singh, A. K.;Singh, N.;Rana, S. C.;Ranga, S. S. y Kumar, K. 2017. Diversity and development in faba bean. Legume Research: An International Journal of Agricultural and Food Chemistry. Place Published, (4).

Yasmin, S.;Islam, M.;Kondoker, M.;Nasiruddin, M. y Alam, S. 2006. Molecular characterization of potato germplasm by Random Amplified Polymorphic DNA markers. Biotechnol. Place Published, 27-31.

Zhang, H.;Liu, Y.;Zong, X.;Teng, C.;Hou, W.;Li, P. y Du, D. 2023. Genetic diversity of global faba bean germplasm resources based on the 130K TNGS Genotyping Platform. Agronomy. Place Published. <https://doi.org/10.3390/agronomy13030811>

8. ANEXOS

Anexo 1. Croquis del experimento de 40 genotipos de haba sembrados en el Centro Experimental de Kallutaca

Bloque 1	Bloque 2	Bloque 3	Bloque 4	
12136-0	12243	12230	Valluna	
11772-0-2	12408-0	12240	Pairumani	
122681(0-5)	12151-0-4	12262	Gigante de Copacabana	
11755(-0)	11899-0-4-5	12245	INTA (Haba agua dulce)	
12234-0-1-3-5	11921-0	12247	12362	
12145-0-3-5	11744-4	12263	12432	
12145-0-1-4	11921-2	12252	12375	
11925-1	12000-0	12251	12335	
12007-15	1899-0	12266	12386	
12317-0	12408-0-5	12236	12379	
3m	1m	3m	1m	3m
		1m		1m
				10m

Anexo 2. Sitio del ensayo donde se sembraron los 40 genotipos de haba y los surcos de avena para evitar cruces no deseados



Anexo 3. Riego y etiquetado de los genotipos en campo

Anexo 4. Cuadro de promedios generados en base a las medias correspondiente cada clúster de los grupos principales

Clúst.	AP (cm)	NT	NN	NI	NFP	LV (cm)	AV (cm)	NVP	PVP (g)	NSV	P100S (g)	PSP (g)	RDTO (t/ha)	LF (mm)	PBF (g)	AS (mm)	LS (mm)	GS
1	201.2	8.24	14.2	18.7	60.54	11.7	2.2	32.5	426.1	1.8	148.469	64.24	3894.5	3.3	1431.2	1.9	2.6	1.1
2	168.7	6.4	12.2	18.9	59.3	15.6	2.7	12.3	238.1	1.9	180.4	37.66	1885.7	3.5	697.68	2.6	2.2	1.1

Anexo 5. Cuadro de promedios generados en base a las medias correspondiente a subgrupos del primer clúster

Sub- grupos	AP (cm)	NT	NN	NI	NFP	LV (cm)	AV (cm)	NVP	PVP (g)	NSV	P100S (g)	PSP (g)	RDTO (t/ha)	LF (mm)	PBF (g)	AS (mm)	LS (mm)	GS
1	208.99	8.74	14.79	17.25	56.94	11.36	2.19	31.96	415.04	1.67	151.23	61.21	3680.47	3.24	1543.55	1.91	2.64	1.14
2	179.84	6.20	12.64	21.52	65.68	13.07	2.31	30.68	437.24	2.06	142.08	68.62	4186.64	3.25	1065.84	1.83	2.70	1.06
3	165.20	6.33	11.53	24.87	75.93	12.41	2.20	34.53	407.42	2.16	136.60	70.13	4207.53	3.35	759.58	1.69	2.53	1.01
4	206.80	10.80	15.60	24.20	85.80	12.22	2.32	50.80	725.74	1.88	141.50	106.60	7272.90	3.16	2238.16	1.82	2.82	1.04