

Generalidades del frijol común

Con respecto a las características biológicas y ecofisiológicas del cultivo, el frijol (*Phaseolus vulgaris* L.) es una especie cultivada originaria de América. De acuerdo con el centro de domesticación (Meso y Suramérica) este presenta dos acervos genéticos, y cada uno muestra diferenciación en sus características ecofisiológicas, morfológicas, bioquímicas y moleculares, y la respuesta a estreses bióticos y abióticos (Blair et al., 2012; Cichy, Blair, Galeano Mendoza, Snap, & Kelly, 2009; Araya Villalobos & Hernández Fonseca, 2007) (figura 1). Especialmente, el germoplasma mesoamericano se ha asociado con mayor potencial de rendimiento, diversidad de genes de resistencia a enfermedades, plagas, tolerancia al calor y sequía (Asensio-S.-Manzanera, Asensio, & Singh, 2005; Beebe, Rao, Cajiao, & Grajales, 2008; Blair et al., 2012; Frei et al., 2005; Sexton, White, & Broote, 1994). Las características mencionadas facilitan al germoplasma mesoamericano de frijol la adaptación a las condiciones de zona de ladera del Caribe seco en la cual se cultiva frijol común, en la franja entre 700 y 1300 m s. n. m. (Blair et al., 2012). Sin embargo, debe tenerse en cuenta que las diferentes clases de frijol comercial en el mundo corresponden a la combinación específica de las características del grano, como tamaño, forma y color, y que dichas preferencias varían entre países y regiones; esto, en buena medida, condiciona el éxito de la adopción de nuevos cultivares (Voysest, 2000).

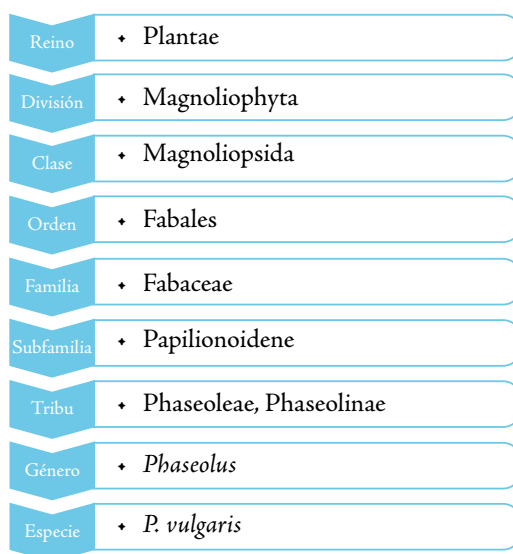


Figura 1. Taxonomía del frijol común.

Fuente: Elaboración propia, a partir de Singh & Voysest (1997)

El frijol común corresponde al gran grupo de plantas superiores angiospermas, es decir, que poseen flores. Acorde con la taxonomía clásica, la morfología floral es determinante para la separación de grupos filogenéticos. En el caso del frijol común y las especies relacionadas que hacen parte de la subfamilia Papilionoideae, las similitudes y divergencias en estructuras florales, como estípulas alargadas y estilo prolongado, han generado controversias en la diferenciación de genotipos

de *Vigna* y de *Phaseolus*, que han sido resueltas teniendo en cuenta la morfología del grano de polen, de la morfología de las plantas y del número cromosomático. No obstante, con la emergencia de la bioinformática, la biología molecular y la proteómica se ha logrado una mayor robustez en la definición y separación de grupos cercanamente relacionados, así como una mayor comprensión de la historia evolutiva de los taxones (Beyra & Reyes Artilles, 2004) (figura 1).



