



## Agromorphological diversity and structuring of lima bean (*Phaseolus lunatus* L.) accessions from the National Germplasm Collection of INIA Peru †

[Diversidad y estructura agromorfológica de accesiones de frijol lima (*Phaseolus lunatus* L.) en la Colección Nacional de Germoplasma del INIA, Perú]

Cristhian J. Ventura-Neyra, Hans Dadther-Huaman, Tabita Abigail Gambini-de la Cruz, Raul R. Zamata-Guzman, Lucy Aymara-Meneses, Diana Garay-Duran, Esperanza Irigoín-Becerra, Hanz Saenz-Rodriguez, Jhimi A. Parco-Quinchori, Yeraldy N. Espinoza-Ponte and Leandro J. Aybar-Peve\*

Estación Experimental Agraria Chíncha. Dirección de Recursos Genéticos y Biotecnología. Instituto Nacional de Innovación Agraria (INIA). Carretera Panamericana Sur km. 200.5, Chíncha, Ica 11750, Perú. Email:

[laybar@inia.gob.pe](mailto:laybar@inia.gob.pe)

\* Corresponding author

### SUMMARY

**Background.** Lima bean (*Phaseolus lunatus* L.) is a key crop for food security along the Peruvian coast due to its high nutritional value and tolerance to drought and heat. However, the agromorphological variability of its national germplasm had not been characterized comprehensively or across multiple years. **Objective.** To characterize the agromorphological diversity over multiple years and identify phenotypic groups among 35 accessions of the National Lima Bean Germplasm Collection (INIA–Peru). **Methodology.** Thirty-six descriptors (17 qualitative and 19 quantitative) were used to characterize agromorphology across three consecutive growing seasons (2021, 2022, and 2023). A factorial analysis of mixed data (FAMD) was applied, followed by hierarchical clustering, estimation of Shannon and Pielou diversity indices, mean comparisons, and Pearson correlations. **Results.** Four phenotypic groups were identified, mainly defined by traits related to earliness and productivity. The Shannon ( $H' = 1.05$ ) and Pielou ( $J' = 0.95$ ) indices revealed high diversity in pod and seed traits. Quantitative variables, except leaflet length, differed significantly among groups ( $p < 0.01$ ), and strong correlations were found among earliness traits ( $r > 0.87$ ) and among yield components ( $r = 0.74–0.84$ ). **Implications.** This research provides key information to support conservation strategies and the use of lima bean germplasm in genetic improvement programs in Peru and other similar agroecological regions. **Conclusions.** The National Lima Bean Germplasm Collection of INIA exhibits a broad and structured phenotypic diversity organized into four groups, supported by nine qualitative and eighteen quantitative discriminant descriptors.

**Key words:** *Phaseolus lunatus*; agromorphological characterization; germplasm; phenotypic diversity; Shannon index; multivariate analysis.

### RESUMEN

**Antecedentes.** El frijol lima (*Phaseolus lunatus* L.) es un cultivo clave para la seguridad alimentaria en la costa peruana por su valor nutricional y tolerancia a sequía y calor. Sin embargo, la variabilidad agromorfológica de su germoplasma nacional no había sido caracterizada de forma integral y multianual. **Objetivo.** Caracterizar multianualmente la diversidad agromorfológica e identificar grupos fenotípicos de 35 accesiones de la Colección Nacional de Germoplasma de frijol lima (INIA–Perú). **Metodología.** Se emplearon 36 descriptores (17 cualitativos y 19 cuantitativos) para la agrocaracterización durante 3 campañas consecutivas (2021, 2022 y 2023). Se aplicó un análisis factorial de datos mixtos (AFDM), seguido de un agrupamiento jerárquico, índices de Shannon y Pielou, comparación de medias y correlaciones de Pearson. **Resultados.** Se identificaron cuatro grupos fenotípicos, definidos principalmente por caracteres de precocidad y productividad. Los índices de Shannon ( $H' = 1.05$ ) y de Pielou ( $J' = 0.95$ ) evidenciaron alta diversidad en caracteres de vaina y semilla. Las variables cuantitativas, salvo

† Submitted October 15, 2025 – Accepted March 5, 2026. <http://doi.org/10.56369/tsaes.6655>



Copyright © the authors. Work licensed under a CC-BY 4.0 License. <https://creativecommons.org/licenses/by/4.0/>

ISSN: 1870-0462.

ORCID = C.J. Ventura-Neyra: <http://orcid.org/0009-0004-6691-4718>; H. Dadther-Huaman: <http://orcid.org/0000-0001-7527-5410>; T.A. Gambini-de la Cruz: <http://orcid.org/0000-0002-3611-8508>; R.R. Zamata-Guzman: <http://orcid.org/0000-0001-6737-6481>; L. Aymara-Meneses: <http://orcid.org/0009-0000-4631-6500>; D. Garay-Duran: <http://orcid.org/0009-0008-7656-0529>; E. Irigoín-Becerra: <http://orcid.org/0000-0002-9967-5782>; H. Saenz-Rodriguez: <http://orcid.org/0009-0008-7106-4382>; J.A. Parco-Quinchori: <http://orcid.org/0000-0001-7958-3197>; Y.N. Espinoza-Ponte: <http://orcid.org/0009-0006-7392-5516>; L.J. Aybar-Peve: <http://orcid.org/0000-0001-5577-5063>

la longitud del foliolo, difirieron significativamente entre grupos ( $p < 0.01$ ), y se observaron correlaciones fuertes entre rasgos de precocidad ( $r > 0.87$ ) y entre componentes de rendimiento ( $r = 0.74-0.84$ ). **Implicaciones.** Esta investigación proporciona información clave para estrategias de conservación y aprovechamiento del germoplasma de frijol lima en programas de mejoramiento genético en el Perú y otras regiones agroecológicas similares. **Conclusiones.** La Colección Nacional de Germoplasma de frijol lima del INIA exhibe una amplia y estructurada diversidad fenotípica en cuatro grupos, sustentada por nueve descriptores cualitativos y dieciocho cuantitativas discriminantes.

**Palabras clave:** *Phaseolus lunatus*; caracterización agromorfológica; germoplasma; diversidad fenotípica; índice de Shannon; análisis multivariado.

## INTRODUCCIÓN

La especie *Phaseolus lunatus* L., conocida localmente como pallar e internacionalmente como frijol lima o lima bean, es una leguminosa anual o perenne de corta duración, con hojas trifoliadas y vainas dehiscentes que contienen entre dos y cuatro semillas, y presenta hábito de crecimiento determinado o indeterminado (Adebo, 2023; Espinoza de Arenas *et al.*, 2022). En el Perú, constituye una especie de gran relevancia agronómica, cultural y nutricional, además de ser una fuente sostenible de proteína (22-27%), carbohidratos (50-77%) y minerales como potasio, calcio y hierro (Adebo, 2023). Su tolerancia a la sequía, altas temperaturas y suelos pobres, la convierten en un cultivo estratégico para la agricultura (Gavilan-Figari, 2024; Soares *et al.*, 2022). Por ello, su demanda global está en aumento debido al creciente interés por alimentos saludables y cultivos resilientes al cambio climático (FAO, 2018; Keskin *et al.*, 2022).

Desde el punto de vista evolutivo, *P. lunatus* presenta dos acervos genéticos bien diferenciados (andino y mesoamericano), con eventos de domesticación independientes (Andueza-Noh *et al.*, 2015). El grupo andino, al cual pertenece el frijol lima cultivado en Perú, se caracteriza por sus semillas grandes y distribución restringida a la vertiente occidental de los Andes (Martínez-Castillo *et al.*, 2023; Serrano-Serrano *et al.*, 2010). Sin embargo, las estadísticas globales sobre su producción son limitadas, ya que la FAO agrupa al *P. lunatus* junto con otras leguminosas (Ernest y Wisser, 2024).

En el Perú, el frijol lima se cultiva principalmente en la costa sur. Durante el 2024 se registraron 12 831 ha cultivadas, con una producción de 24 734 toneladas de frijol lima seco y 2 420 toneladas de frijol lima verde, sembrándose principalmente en Lambayeque (69.42%), Ica (22.66%), La Libertad (5.76%) y Lima (1.69%) (MIDAGRI, 2025). En Ica predomina el frijol lima tipo “Big Lima”, el cual cuenta con Denominación de Origen desde 2007 bajo el nombre “Pallar de Ica”, atribuida a sus características únicas de sabor, textura y calidad culinaria (Gavilan-Figari, 2024; INDECOPI, 2007).

Algunos estudios recientes han reportado variabilidad fenotípica en accesiones de frijol lima conservadas en el Instituto Nacional de Innovación Agraria (INIA) (Dadther-Huaman *et al.*, 2022; 2024). No obstante, aún no se cuenta con una caracterización integral y multianual que evalúe sistemáticamente su diversidad agromorfológica bajo distintas condiciones de campo. Esta ausencia de información limita el aprovechamiento del germoplasma en programas de conservación y mejoramiento.

En este contexto, el presente estudio tuvo como objetivo caracterizar multianualmente la diversidad agromorfológica e identificar grupos fenotípicos de accesiones de frijol lima conservadas en el INIA-Perú. Para ello, se evaluó 36 descriptores (17 cualitativos y 19 cuantitativos) durante tres campañas consecutivas (2021-2022-2023) y se analizaron mediante análisis factorial de datos mixtos (AFDM), análisis jerárquico de agrupamiento, y los índices de diversidad de Shannon y equidad de Pielou. Este enfoque multivariante integrado proporciona una representación más robusta de la diversidad presente en el germoplasma, lo que constituye una base técnica para su conservación y uso sostenible.

## MATERIALES Y MÉTODOS

### Material vegetal

Las semillas utilizadas fueron proporcionadas por la Subdirección de Recursos Genéticos (SDRG) de la Dirección de Recursos Genéticos y Biotecnología (DRGB) del Instituto Nacional de Innovación Agraria (INIA), Perú, responsable de la Colección Nacional de Germoplasma de frijol lima. La colección cuenta, actualmente, con 45 accesiones, de las cuales se seleccionaron 35 por contar con información agronómica completa y continua en las tres campañas agrícolas consecutivas, cada una desarrollada entre mayo y noviembre de 2021, 2022 y 2023.

### Área de estudio

El estudio se realizó en el Centro Experimental “San Juan de Córdor”, de la Estación Experimental Agraria Chincha (EEA-Chincha) del INIA, localizado en el distrito de Independencia, provincia de Pisco, departamento de Ica, Perú. El Centro

Experimental se encuentra a 182 m s.n.m., con coordenadas geográficas 13°41'36" de latitud sur y 76°02'19" de longitud oeste.

El análisis físico-químico del suelo fue realizado por el Laboratorio de Suelos, Aguas y Foliare (LABSAF), del INIA. Se determinó una textura franco-arenosa, con pH ligeramente alcalino (8.41) y baja conductividad eléctrica (39.80 mS m<sup>-1</sup>). El contenido de materia orgánica (1.13 %), fósforo disponible (5.44 ppm) y la capacidad de intercambio catiónico (9.28 meq/100 g de suelo) fueron bajos, mientras que el potasio disponible (159.58 ppm) fue medio, lo que indica baja fertilidad.

Según el Servicio Nacional de Meteorología e Hidrología del Perú (SENAMHI, 2024), la zona presenta un clima árido. Durante las tres campañas agrícolas evaluadas se registraron, en promedio, 12 h día<sup>-1</sup> de insolación, temperatura media de 18.39 °C (máxima media 24.02 °C), humedad relativa media de 87.24 % y una precipitación casi nula (0.02 mm día<sup>-1</sup>).

### Condiciones de cultivo

Las accesiones se sembraron en parcelas de 8 m de ancho por 15 m de largo, con un distanciamiento de 2 m entre surcos y 1.5 m entre plantas. Para reducir el riesgo de polinización cruzada entre accesiones se mantuvo una distancia de 4 m entre las mismas.

La siembra se realizó de forma manual, colocando 2 semillas por golpe. El riego se realizó por gravedad y todas las accesiones recibieron un manejo uniforme, tanto en lo fitosanitario como en lo nutricional. Se aplicó una fertilización al suelo equivalente a 100-90-80 kg/ha de N-P<sub>2</sub>O<sub>5</sub>-K<sub>2</sub>O.

Las accesiones se evaluaron durante tres campañas agrícolas consecutivas bajo las mismas condiciones de manejo y en condiciones ambientales similares, lo que permitió obtener un registro multianual continuo de cada accesión. Cabe precisar que el presente estudio se enfocó exclusivamente en la caracterización agromorfológica de las accesiones bajo este entorno experimental y periodo específico.

### Caracterización morfológica

Para la caracterización agromorfológica de las accesiones se utilizó 36 descriptores relacionados con características vegetativas, florales, de vaina y de semillas del frijol lima (Tabla 1). De estos, 17 correspondieron a descriptores cualitativos y 19 cuantitativos. Los descriptores fueron establecidos y adaptados de *Lima Bean Descriptors* del International Board for Plant Genetic Resources (IBPGR, 1982).

Las evaluaciones se realizaron en 10 plantas por accesión seleccionadas de los surcos centrales de la parcela, con base a los descriptores establecidos, que

incluyeron las etapas fenológicas, las estructuras a evaluar, los criterios de medición y el apoyo visual disponible para cada carácter.

### Análisis estadístico

Los análisis estadísticos se realizaron en R (versión 4.4.0), mediante RStudio (versión 2024.12.1). Para integrar simultáneamente descriptores cuantitativos y cualitativos, se aplicó un Análisis Factorial de Datos Mixtos (AFDM) con el paquete FactoMineR (Lê *et al.*, 2008) y se visualizaron los resultados con factoextra (Kassambara y Mundt, 2020). La agrupación de accesiones se llevó a cabo mediante análisis de conglomerados jerárquicos, con la distancia de Gower y el método Ward.D2; el dendrograma resultante se representó en formato circular con circlize (Gu *et al.*, 2014) y dendextend (Galili, 2015).

En las variables cualitativas, se calcularon los índices de Shannon ( $H'$ ) y de equidad de Pielou ( $J'$ ), complementados con pruebas de chi-cuadrado ( $\chi^2$ ) para identificar descriptores discriminantes entre grupos. Para las variables cuantitativas se realizó un análisis de varianza (ANOVA), y cuando procedió, se aplicó la prueba de Tukey ( $p \leq 0.05$ ) para comparaciones múltiples de medias. Además, se estimaron medias, errores estándar (EE), coeficientes de variación y se evaluaron correlaciones de Pearson entre variables.

Estas pruebas se aplicaron con el fin de identificar diferencias significativas y discriminar los caracteres con mayor poder explicativo en la variabilidad del germoplasma, fortaleciendo la robustez del análisis multivariado.

## RESULTADOS Y DISCUSIÓN

Los datos observados para los 17 descriptores cualitativos, así como los promedios de los 19 descriptores cuantitativos registrados en las 35 accesiones de la Colección Nacional de Germoplasma de frijol lima del INIA, constituyeron la base para los análisis estadísticos empleados en la descripción y estructuración de su diversidad fenotípica.

### Análisis factorial de datos mixtos y Análisis de conglomerados jerárquicos

El análisis factorial de datos mixtos (AFDM), presentado en la Figura 1, mostró la posición y contribución de los 36 descriptores (cualitativo y cuantitativo) (Figura 1A) y de las 35 accesiones (Figura 1B). Las dos primeras dimensiones acumularon el 39.40% de la varianza total, porcentajes similares, en el rango de 23% a 44%, han sido reportados recientemente en estudios que emplearon AFDM para analizar la diversidad, como en frijol común (*Phaseolus vulgaris* L.) (Sinkovič *et al.*, 2025), arroz (*Oryza sativa* L.) (Bui *et al.*, 2025)

y líneas mutantes de trigo (*Triticum aestivum* L.) (Zulfiqar *et al.*, 2024). A pesar de las diferencias en el material analizado, comparten el uso del AFDM para integrar variables mixtas y describir patrones de variación fenotípica en cultivos agrícolas.

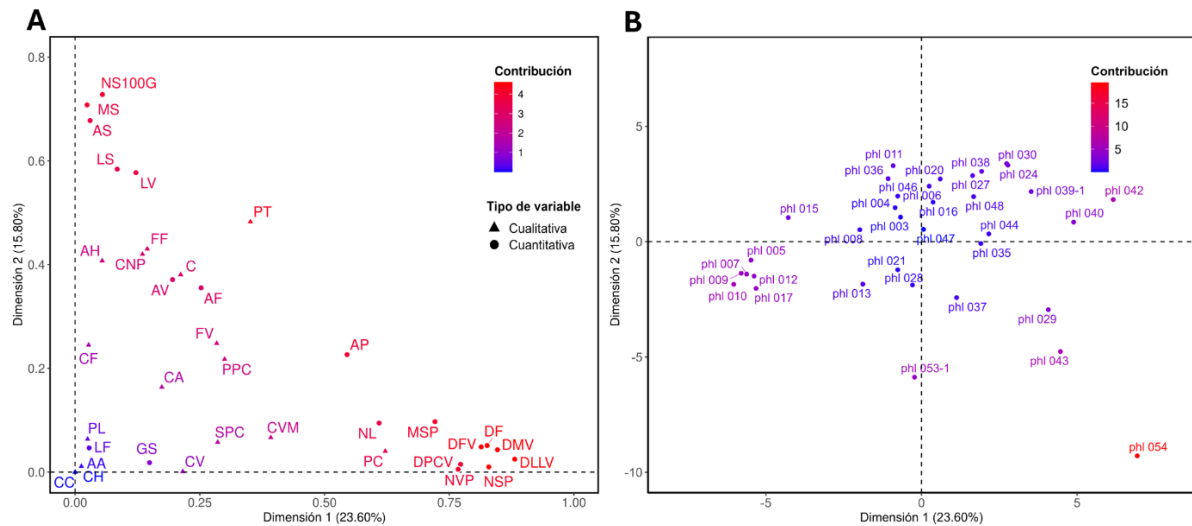
De las variables evaluadas, las cuantitativas aportaron la mayor contribución, lo que explicó el 67.15% de la variabilidad fenotípica observada (Figura 1A). Entre ellas, destacan caracteres de precocidad, como días al llenado de la vaina (DLLV), días a la madurez de la vaina (DMV), días a la floración (DF), días a la formación de vainas (DFV), días a la primera cosecha en verde (DPCV), que en conjunto aportan un 22% a las dos primeras

dimensiones; así como componentes de producción, entre los que figuran número de semillas por planta (NSP), número de semillas por 100 gramos (NS100G), masa de 100 semillas (MS), número de vainas por planta (NVP) y masa de semillas por planta (MSP), que en conjunto explican un 20%. Estos resultados coinciden con lo reportado por Silva *et al.* (2017) quienes también reportaron a los caracteres cuantitativos como los principales contribuyentes a la diferenciación entre accesiones, y con Machado *et al.* (2022), que destacaron la relevancia de los caracteres de precocidad y producción en la discriminación de las accesiones de *P. lunatus*.

**Tabla 1. Descriptores morfológicos empleados en la caracterización de 35 accesiones de la Colección de Germoplasma de frijol lima del INIA, Perú.**

Descriptores cualitativos				Descriptores cuantitativos			
Nº	Cód. descriptor IBPGR	Nombre del Descriptor	Cód.	Nº	Cód. descriptor IBPGR	Nombre del Descriptor	Cód.
1	6.1.1	Color del cotiledón emergente	CC	1	4.1.1	Longitud del foliolo (mm)	LF
2	6.1.2	Color del hipocótilo	CH	2	n.s	Ancho del foliolo (mm)	AF
3	6.1.5	Color de las nervaduras de las hojas primarias completamente desarrolladas	CNP	3	n.s	Ancho de la planta (m)	AP
4	6.1.6	Antocianina de las hojas	AH	4	4.2.2	Días a la floración	DF
5	6.1.8	Pubescencia de la lámina (densidad)	PL	5	n.s	Número de vainas por planta	NVP
6	4.1.2	Forma del foliolo	FF	6	4.2.7	Longitud de la vaina (mm)	LV
7	4.1.3	Patrón de crecimiento	PC	7	6.2.15	Ancho de la vaina (mm)	AV
8	4.2.3	Color de las alas de la corola de la flor	CA	8	4.2.8	Número de lóculos por vaina	NL
9	6.2.5	Apertura alar de la corola de la flor	AA	9	n.s	Días a la formación de vainas	DFV
10	6.2.11	Forma del ápice de la vaina	FV	10	n.s	Días al llenado de vainas	DLLV
11	4.2.4	Curvatura de la vaina	CV	11	n.s	Días a la primera cosecha en verde	DPCV
12	4.2.6	Color de la vaina	CVM	12	4.1.4	Días a la madurez de la vaina	DMV
13	4.3.1	Color de fondo	CF	13	4.3.6	Longitud de la semilla (mm)	LS
14	4.3.2	Primer patrón de color	PPC	14	4.3.7	Ancho de la semilla (mm)	AS
15	4.3.3	Segundo patrón de color	SPC	15	n.s	Grosor de la semilla (mm)	GS
16	4.3.4	Patrón de tegumento	PT	16	4.7.8	Masa de 100 semillas (g)	MS
17	1.5.5	Cultigrupo	C	17	n.s	Número de semilla por 100 g	NS100G
				18	n.s	Número de semillas por planta	NSP
				19	n.s	Masa de semillas por planta (g)	MSP

(n.s) descriptores no contemplados en la lista oficial de *Lima Bean Descriptors*, fueron propuestos adicionalmente por el INIA en función de su relevancia agronómica.



**Figura 1. Análisis factorial de datos mixtos aplicado a las variables cualitativas y cuantitativas de la Colección Nacional de Germoplasma de frijol lima del INIA, Perú. (A) Contribución de las variables a las dos primeras dimensiones. (B) Contribución de las accesiones a las dos primeras dimensiones. Las abreviaturas de los descriptores se detallan en la Tabla 1.**

En cuanto a las variables cualitativas, también representadas en la Figura 1A, se identificó un mayor aporte del patrón de tegumento (PT), color de las nervaduras de las hojas primarias completamente desarrolladas (CNP), patrón de crecimiento (PC) y color de la vaina madura (CVM). Cada una de estas variables representa diferentes características morfológicas de la planta, lo que explica la escasa asociación entre ellas en el plano factorial del AFDM.

Por otro lado, algunos descriptores presentaron baja contribución (< 1%) en las dimensiones principales del AFDM (Figura 1A), tales como color del cotiledón emergente (CC), color del hipocótilo (CH), grosor de la semilla (GS), apertura alar (AA), longitud del foliolo (LF) y pubescencia de la lámina (PL). La escasa variabilidad observada en estos caracteres sugiere que son relativamente uniformes dentro de la población evaluada, lo que explicaría su limitada influencia en el plano factorial.

Asimismo, la ubicación y contribución de las 35 accesiones en el plano factorial del AFDM (Figura 1B), muestran que siete de ellas se concentran predominantemente hacia el cuadrante inferior izquierdo, caracterizadas principalmente por su precocidad. En contraste, la accesión phl 054 se ubicó claramente en una posición periférica respecto del resto del germoplasma, lo que indica un perfil fenotípico inusual, diferenciado por su menor tamaño de semilla y un patrón de tegumento distintivo. Este posicionamiento sugiere que phl 054 concentra combinaciones de caracteres pocos frecuentes dentro de la colección, lo que le convierte en un germoplasma singular con valor estratégico para su conservación. Sinkovič *et al.* (2025) reportaron un patrón similar en *P. vulgaris*,

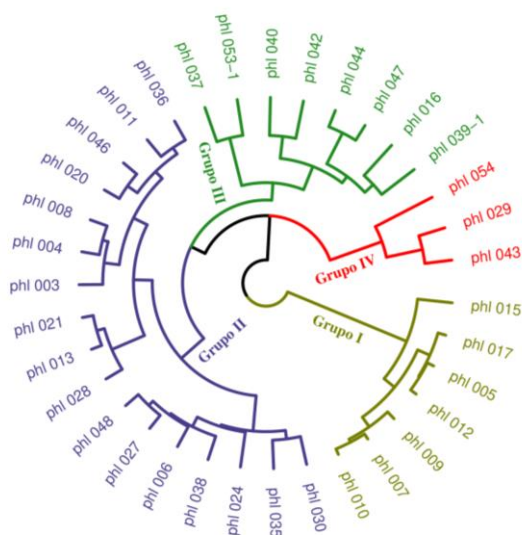
donde genotipos aislados en el análisis factorial concentraron caracteres agronómicos únicos y de interés para mejoramiento.

El análisis de conglomerados jerárquicos (Figura 2), agrupó las 35 accesiones de frijol lima en cuatro grupos de acuerdo con su similitud agromorfológica. El Grupo I incluyó 7 accesiones (20% del total); el Grupo II, 17 accesiones (49%); el Grupo III, 8 accesiones (23%); y el Grupo IV, solamente 3 accesiones (8%). Este agrupamiento mostró una tendencia consistente con la distribución de las accesiones en el AFDM (Figura 1B), donde se observa proximidad entre accesiones pertenecientes a los mismos grupos, especialmente en los Grupos I y IV. El Grupo I corresponde a las accesiones ubicadas en el cuadrante inferior izquierdo del plano factorial, mientras que el Grupo IV, caracterizado por semillas pequeñas y globulares, se posiciona en el extremo inferior derecho del plano factorial; dentro de este último, phl 054 mantiene la mayor distancia respecto a las demás accesiones del grupo (phl 029 y phl 043), lo que concuerda con su ubicación periférica en el AFDM. La posición periférica en el AFDM y la formación de un grupo pequeño y divergente en el dendrograma confirma la singularidad fenotípica del phl 054. Estas agrupaciones resultan relevantes, ya que, según Machado *et al.* (2022), la identificación de grupos divergentes facilita la selección de materiales promisorios en programas de mejoramiento vegetal.

En conjunto, la convergencia entre el AFDM y el análisis de conglomerados indica que la estructura fenotípica de la colección no es aleatoria, sino que responde a caracteres, tal como precocidad y tamaño de semilla. Esta coherencia analítica refuerza la utilidad de los grupos identificados como unidades

operativas para la selección de parentales, el diseño de cruzamientos dirigidos y la definición de estrategias de conservación orientadas a mantener la amplitud de la variación observada.

A partir de los resultados de agrupamiento, se evaluaron los caracteres que discriminan a cada grupo. La caracterización detallada de estos patrones se presenta a continuación, de manera separada para los descriptores cualitativos y cuantitativos.



**Figura 2. Dendrograma jerárquico múltiple, generado mediante el método Ward.D2 y distancia de Gower, basado en 17 caracteres cualitativos y 19 cuantitativos de la Colección Nacional de Germoplasma de frijol lima del INIA, Perú. Los cuatro grupos identificados (I-IV) se muestran diferenciados por color.**

#### Análisis de diversidad y descriptores cualitativos discriminantes

La diversidad fenotípica observada en los 17 descriptores cualitativos (Tabla 2) mostró que el índice de diversidad de Shannon ( $H'$ ) varió entre 0.00 (CC y CH) y 1.05 (CV); mientras que el índice de equidad de Pielou ( $J'$ ) osciló entre 0.00 y 0.95, lo que refleja niveles que van desde completa uniformidad hasta una distribución casi perfectamente equitativa de las frecuencias entre las categorías. Aunque estos índices son ampliamente utilizados en estudios de diversidad, no se identificaron investigaciones en *P. lunatus* que los apliquen específicamente a descriptores morfológicos; sin embargo, sí existen numerosos trabajos en *P. vulgaris* donde se han empleado bajo enfoques comparables. En esta especie, estudios recientes han reportado altos valores de diversidad: en China,  $H'$  osciló entre 0.44 y 1.93 (Long *et al.*, 2020); en Camerún y Kenia entre 0.00 y 0.94 (Kouam *et al.*, 2023); y en germoplasma de Eslovenia entre 0.64 y 1.47 (Sinkovič *et al.*, 2025).

Todos estos trabajos emplearon el índice de Shannon para cuantificar la diversidad morfológica y evidenciaron diversos niveles de variabilidad en caracteres cualitativos. La mayor diversidad registrada en *P. vulgaris* podría responder a su amplia distribución geográfica y a una selección histórica más intensa (Romero-Astudillo *et al.*, 2024).

Cinco descriptores combinaron alta riqueza de categorías y moderada a gran uniformidad en su distribución, con valores de  $H'$  superior a 0.80 y  $J'$  entre 0.49 y 0.95. Estos correspondieron a CV ( $H' = 1.05$ ;  $J' = 0.95$ ), FV ( $H' = 0.89$ ;  $J' = 0.81$ ), CVM ( $H' = 0.85$ ;  $J' = 0.77$ ), PT ( $H' = 0.88$ ;  $J' = 0.49$ ) y PPC ( $H' = 0.88$ ;  $J' = 0.49$ ). La alta equidad de estos caracteres indica que sus categorías están representadas con frecuencias similares, a excepción de PT y PPC que mostraron alta diversidad, pero con equidad media. Cinco descriptores presentaron diversidad y equidad moderadas, con valores de  $H'$  comprendidos entre 0.40 y 0.80 y de  $J'$  situados entre 0.44 y 0.75: PL, CA, PC, FF y AA.

Sin embargo, la diversidad interna medida por  $H'$  y  $J'$ , no garantiza por sí sola la capacidad discriminante entre los cuatro grupos identificados. Por ejemplo, CV presentó la  $H'$  más alta (1.05) y una  $J'$  de 0.95, lo que evidencia amplitud y uniformidad de sus categorías, pero su prueba de  $\chi^2$  no fue significativa ( $p = 0.1465$ ), lo que indica que dicha variabilidad interna no difiere en frecuencia entre los grupos. En cambio, PC ( $H' = 0.50$ ), CVM ( $H' = 0.85$ ), PT ( $H' = 0.88$ ) y C ( $H' = 0.29$ ) combinaron diversidad interna con alta significancia estadística ( $p < 0.001$ ), constituyéndose en los descriptores más potentes para discriminar fenotípicamente las accesiones.

Por último, CC y CH registraron  $H' = 0.00$  y  $J' = 0.00$ , lo que refleja uniformidad absoluta en la colección, resultado coherente con estudios previos en frijol lima del mismo germoplasma (Dadther-Huaman *et al.*, 2024) y con los reportados por Espinoza de Arenas *et al.* (2022) en una colección de 12 genotipos de frijol lima de Ica, Perú. En contraste, estudios realizados con genotipos de frijol lima, en Brasil, han documentado variabilidad de estos caracteres, con cotiledones verdes o púrpura y mayor diversidad en el color del hipocótilo (Jacinto Junior *et al.*, 2024; Nere *et al.*, 2021).

El análisis de categorías representativas por conglomerado (Tabla 2) evidenció que PC discriminó con claridad al Grupo I, compuesto por accesiones de crecimiento determinado; mientras que los demás grupos presentaron un crecimiento indeterminado. De forma análoga, C distinguió al Grupo IV, caracterizado por accesiones de semilla de tipo "Papa", semillas pequeñas y de forma globular (Figura 3); mientras que los demás grupos correspondieron al tipo "Big lima", con semillas de mayor tamaño y forma aplanada (Figura 3) (García *et al.*, 2021). Asimismo, PT resaltó en el Grupo III,

donde predominó el “cuerpo escasamente moteado”, a diferencia de los demás grupos, donde se observa mayoritariamente “sin patrón” (Figura 3).

De igual forma, otras variables como CNP, FF, CA, FV, CVM y PPC contribuyeron significativamente a la separación de grupos ( $p < 0.05$ ) (Tabla 2), lo que evidencia diferencias notables en distintos órganos y etapas del cultivo. Estos resultados son comparables con Brito *et al.* (2020), quienes también reportaron a la forma del foliolo, forma de ápice de la vaina y color de las alas como descriptores discriminantes entre grupos.

En contraste, 8 de los 17 descriptores cualitativos no contribuyeron significativamente ( $p > 0.05$ ) (Tabla 2) a la partición de los grupos, lo que indica un bajo o nulo poder discriminante.

En conjunto, estos resultados integran la evaluación de la diversidad y del poder discriminante de los descriptores cualitativos, y aportan una base sólida para la caracterización agromorfológica del germoplasma de frijol lima.

## Comparación de medias en descriptores cuantitativos

Los análisis de comparación de medias muestran que 18 de los 19 descriptores cuantitativos analizados exhibieron diferencias significativas ( $p < 0.05$ ) entre los grupos (Tabla 3). Los caracteres fenológicos fundamentales para definir el ciclo del cultivo y diferenciar accesiones por su precocidad, como días a la floración (DF) y días a la madurez de la vaina (DMV) mostraron un rango amplio (61 a 108 días para DF y 146 a 193 días para DMV) (Tabla 3). Accesiones con floración y madurez tempranas se agruparon juntas en el Grupo I; mientras que las de ciclo más prolongado conforman grupos diferenciados (Grupo II – IV). Este patrón coincide con lo señalado por López-Alcocer *et al.* (2016), quienes destacaron a DF como una variable determinante para la separación de grupos. Por el contrario, Kouonon *et al.* (2020) no observaron diferencias significativas en estos caracteres, lo que se atribuye a la baja variabilidad presente en su material evaluado.

**Tabla 2. Índices de diversidad y categorías representativas de los descriptores cualitativos, por grupo, de la Colección Nacional de Germoplasma de frijol lima del INIA, Perú.**

Descriptor	S	H'	J'	p-value	Grupo I N = 7	Grupo II N = 17	Grupo III N = 8	Grupo IV N = 3
CC	1	0.00	0.00	-	Verde (100 %)	Verde (100 %)	Verde (100 %)	Verde (100 %)
CH	1	0.00	0.00	-	Verde (100 %)	Verde (100 %)	Verde (100 %)	Verde (100 %)
CNP	3	0.58	0.53	0.0030	Verde (100%)	Verde (100%)	Parcialmente morado (38%)	Verde (67%)
AH	2	0.29	0.42	0.0615	Ausente (100 %) Ligeramente pubescente (86 %)	Ausente (100 %) Ligeramente pubescente (65 %)	Ausente (75 %) Ligeramente pubescente (75 %)	Ausente (67 %) Ligeramente pubescente (67 %)
PL	2	0.60	0.86	0.7627	Aovada (100%) Determinado (100%)	Aovada (76%) Indeterminado (100%)	Aovada (100%) Indeterminado (100%)	Aovada (67%) Indeterminado (100%)
FF	3	0.48	0.44	0.0163	Blanco (100%) Ligeramente abierta (86 %)	Blanco (100%) Ligeramente abierta (82 %)	Blanco (38%) Ligeramente abierta (88 %)	Blanco (67%) Ligeramente abierta (100 %)
AA	3	0.48	0.44	0.9555	Pico grueso (86%)	Pico corto (82%)	Pico corto (63%)	Pico corto (67%)
FV	3	0.89	0.81	0.0040	Curva (43%)	Ligeramente curva (53%)	Ligeramente curva (50%)	Recta (100%)
CV	3	1.05	0.95	0.1465	Marrón (100%)	Marrón (71%)	Rojo, púrpura o negro (100%)	Rojo, púrpura o negro (67%)
CVM	3	0.85	0.77	0.0007	Blanco (100 %) Sin patrón (100%)	Blanco (100 %) Sin patrón (100%)	Blanco (75 %) Marrón claro o naranja (25%)	Blanco (67 %) Sin patrón (67%)
CF	3	0.35	0.32	0.1236	Patrón monocolor/sin patrón (100 %)	Patrón monocolor/sin patrón (100 %)	Patrón monocolor/sin patrón (75 %)	Patrón monocolor/sin patrón (67 %)
PPC	6	0.88	0.49	0.0135	Sin patrón (100%)	Sin patrón (100%)	Cuerpo escasamente moteado (38%)	Sin patrón (67%)
PT	2	0.29	0.42	0.0615	Big Lima (100%)	Big Lima (100%)	Big Lima (100%)	Papa (100%)
SPC	2	0.29	0.42	0.0615	Sin patrón (100%)	Sin patrón (100%)	Big Lima (100%)	Sin patrón (67%)
C	2	0.29	0.42	0.0000	Big Lima (100%)	Big Lima (100%)	Big Lima (100%)	Papa (100%)

S: número de clases observadas; H': índice de Shannon; J': índice de equidad de Pielou; p-value: valor de la prueba de Chi-cuadrado. Los valores entre paréntesis representan la proporción de accesiones que expresan la categoría dominante en cada conglomerado.



**Figura 3. Diversidad morfológica de semillas en 35 accesiones de la Colección Nacional de Germoplasma de frijol lima del INIA, Perú. Las accesiones se agrupan según los grupos definidos por el análisis de conglomerados jerárquico. Se observa variabilidad en forma, tamaño, color y patrón de tegumento de la semilla. Barra de escala: 1 cm.**

El Grupo I (Tabla 3) se caracterizó por tener los valores más bajos de NL (2.07), NVP (22.70) y NSP (42.64), lo que se reflejó en su menor producción por planta (60.27 g de MSP); además, este grupo destacó por un ciclo vegetativo corto (64 DF y 155 DMV), y por tener el menor AP (0.40 m). Por su parte, el grupo IV (Tabla 3) se diferenció por presentar la menor LS (16.07 mm) y AS (11.54 mm), pero el mayor GS (7.82 mm), lo que resultó en una baja MS y un alto NS100G; esta combinación refuerza su asignación al cultigrupo “Papa” (Figura 3); no obstante, el elevado NSP (503.56) permitió que su producción por planta fuera comparable a la de los Grupos II y III. Finalmente, aunque los Grupos II y III no presentaron diferencias cuantitativas significativas, sí mostraron diferencias cualitativas, como se evidenció en los análisis previos (Tabla 3).

La coherencia entre las diferencias estadísticas observadas en los descriptores cuantitativos y la clasificación obtenida en los análisis multivariados también se manifiesta en la concordancia con los patrones identificados mediante los descriptores cualitativos. Esta convergencia de evidencias refuerza la solidez de la partición en cuatro grupos. Los contrastes estadísticos permitieron identificar diferencias significativas entre grupos y reconocer los caracteres con mayor poder discriminante dentro del germoplasma.

Desde una perspectiva de manejo y uso, los grupos identificados representan distintos tipos de ideotipos

claramente diferenciados; materiales precoces de semilla grande, fondo blanco y sin patrón de coloración (Grupo I), accesiones de ciclo largo con semillas grandes y sin patrón de coloración (Grupo II), genotipos similares al Grupo II, pero con presencia de patrones de coloración (Grupo III) y accesiones de semilla pequeña con alto número de semillas por planta (Grupo IV). Esta diferenciación permite orientar la elección de materiales según la finalidad productiva, desde mercados que demandan semillas de gran tamaño, hasta sistemas de cultivo que priorizan precocidad para evitar periodos críticos de estrés hídrico o térmico. La estructura fenotípica identificada constituye, por tanto, un insumo valioso para estrategias de conservación, selección y uso comercial del germoplasma de *P. lunatus*.

#### **Análisis de correlación de los descriptores cuantitativos**

La matriz de correlación de Pearson (Figura 4) evidenció múltiples asociaciones significativas entre los caracteres medidos. En particular, DF se destacó como un indicador fenológico clave, y mostró correlaciones altamente positivas ( $r > 0.87$ ) con DFV, DLLV, DPCV y DMV. Estos resultados son coherentes, dado que dichos caracteres determinan conjuntamente la duración del ciclo del cultivo, como también lo reportaron Kouonon *et al.* (2020) y Machado *et al.* (2022).

**Tabla 3. Estimaciones generales, coeficiente de variación y comparación de medias entre grupos para 19 caracteres cuantitativos en 35 accesiones de la Colección Nacional de Germoplasma de frijol lima del INIA, Perú.**

Descriptor	Estimación general					Prueba de igualdad de grupo		Grupo I N = 7		Grupo II N = 17		Grupo III N = 8		Grupo IV N = 3	
	Min	Max	Media	Error estándar	CV (%)	p-value	Sign.	Media	CV (%)	Media	CV (%)	Media	CV (%)	Media	CV (%)
LF	81.56	105.29	93.69	0.99	6.24	0.4340	N.S.	91.46 a	3.79	93.57 a	7.39	96.36 a	5.26	92.46 a	5.34
AF	44.89	68.29	57.91	1.17	11.99	< 0.0001	***	48.58 b	5.75	61.12 a	9.94	60.95 a	5.52	53.39 ab	2.25
AP	0.37	1.28	0.81	0.05	35.28	0.0010	***	0.40 b	7.08	0.93 a	27.20	0.87 a	19.89	0.87 a	10.33
DF	61.00	107.67	81.18	2.11	15.37	< 0.0001	***	63.67 b	4.47	83.94 a	10.89	86.04 a	12.78	93.44 a	9.17
NVP	17.94	209.72	122.93	10.00	48.14	< 0.0001	***	22.77 b	14.97	138.01 a	22.70	156.48 a	22.77	181.72 a	11.80
LV	68.27	108.14	87.86	1.68	11.31	0.0001	***	79.14 b	7.66	91.85 a	7.72	92.46 a	9.99	73.34 b	11.05
AV	14.07	23.69	18.53	0.36	11.48	0.0037	**	19.58 a	8.33	19.11 a	10.54	17.60 ab	8.76	15.22 b	7.69
NL	2.00	3.35	2.46	0.07	16.49	0.0003	***	2.09 c	6.08	2.38 b	12.27	2.68 ab	13.69	3.22 a	2.80
DFV	77.67	123.33	96.11	2.09	12.87	0.0004	***	79.10 b	2.64	98.79 a	9.61	100.54 a	11.32	108.78 a	4.07
DLLV	96.67	147.00	120.14	2.38	11.72	< 0.0001	***	99.67 b	2.18	123.12 a	6.88	124.96 a	10.24	138.22 a	6.65
DPCV	125.67	164.67	144.93	2.09	8.55	0.0001	***	129.81 b	2.30	146.36 a	6.58	149.62 a	8.66	159.56 a	3.21
DMV	146.00	193.33	173.73	2.03	6.93	< 0.0001	***	154.76 b	2.95	176.59 a	4.25	179.37 a	4.45	186.78 a	1.98
LS	15.61	26.64	23.52	0.46	11.52	0.0307	*	23.87 a	4.25	24.23 a	7.34	24.48 a	4.62	16.07 b	3.10
AS	11.37	17.26	14.40	0.25	10.28	0.0010	**	14.43 a	7.10	14.96 a	9.47	14.26 a	6.54	11.54 b	1.61
GS	5.65	8.51	6.67	0.09	7.86	< 0.0001	***	6.46 b	2.98	6.69 b	5.78	6.36 b	5.22	7.82 a	8.52
MS	82.83	209.99	149.89	5.28	20.85	0.0016	**	150.71 a	9.58	161.27 a	19.64	147.13 a	14.31	90.89 b	7.88
NS100G	48.11	121.33	71.60	2.92	24.16	0.0152	*	69.75 b	9.94	65.85 b	23.91	70.58 b	11.43	111.22 a	8.06
NSP	32.39	550.56	263.76	24.76	55.53	< 0.0001	***	42.64 c	16.07	277.29 b	25.59	338.56 b	31.5	503.56 a	11.00
MSP	41.75	668.90	338.21	29.65	51.86	< 0.0001	***	60.27 b	23.27	394.18 a	29.40	423.31 a	31.8	442.66 a	21.76

CV (%): coeficiente de variación; \*\*\*: diferencias muy altamente significativa  $p < 0.001$ ; \*\*: diferencias altamente significativa  $p < 0.01$ ; N.S.: no significativo; Letras distintas entre grupos indican diferencias estadísticas significativas (prueba de Tukey,  $p \leq 0.05$ ; prueba de Dunn para variables no paramétricas,  $p \leq 0.05$ ). Los valores de AP, NL, DF, DFV, LS y NS100G, al no cumplir con el supuesto de normalidad, fueron analizados mediante la prueba de Kruskal-Wallis seguida de la prueba de Dunn.



día a la floración como indicador clave de precocidad.

Los resultados aportan evidencia sólida sobre la riqueza y utilidad del germoplasma conservado, al revelar grupos diferenciados y estructurados con caracteres discriminantes. Esta información permite priorizar materiales para programas de conservación, especialmente aquellos pertenecientes a grupos de menor representación; además, proporciona una base técnica para investigaciones futuras de carácter molecular, así como para programas de mejoramiento genético y aprovechamiento comercial del *P. lunatus* en Perú y regiones agroecológicas similares.

#### Agradecimientos

Los autores expresan su agradecimiento al Instituto Nacional de Innovación Agraria (INIA), a través de la Dirección de Recursos Genéticos y Biotecnología, y a la Estación Experimental Agraria Chíncha por el apoyo técnico y logístico.

**Funding.** This study was funded by Investment Project “Improvement of Research Services for the Characterization of Agrobiodiversity Genetic Resources in 17 Departments of Peru – ProAgrobio” (CUI 2480490).

**Conflict of interest.** The authors declare that they have no conflicts of interest.

**Compliance with ethical standards.** Not applicable.

**Data availability.** The data can be requested from the corresponding author.

**Author contribution statement (CRediT).** C. J. Ventura-Neyra - Formal analysis, Visualization, Writing – original draft, Writing – review & editing., H. Dadther-Huaman - Methodology, Investigation., T. A. Gambini-de la Cruz - Supervision., R. R. Zamata-Guzman - Investigation., L. Aymara-Meneses - Investigation., D. Garay-Duran - Investigation., E. Irigoín-Becerra - Data curation., H. Saenz-Rodríguez - Investigation., J. A. Parco-Quinchori - Formal analysis., Y. N. Espinoza-Ponte - Data curation., L. J. Aybar-Peve - Methodology, Supervision, Writing – review & editing.

#### REFERENCES

- Adebo, J.A., 2023. A review on the potential food application of lima beans (*Phaseolus lunatus* L.), an underutilized crop. *Applied Sciences*, 13, pp.1996. <https://doi.org/10.3390/app13031996>
- Andueza-Noh, R.H., Martínez-Castillo, J. and Chacón-Sánchez, M.I., 2015. Domestication of small-seeded lima bean (*Phaseolus lunatus* L.) landraces in Mesoamerica: evidence from microsatellite markers. *Genetica*, 143(6), pp.657–669. <https://doi.org/10.1007/s10709-015-9863-0>
- Brito, M.V., Silva, V.B., Matos Filho, C.H.A., Ferreira-Gomes, R.L. and Lopes, Â.C., 2020. Univariate and multivariate approaches in the characterization of lima bean genotypes. *Revista Caatinga*, 33(2), pp.571–578. <https://doi.org/10.1590/1983-21252020v33n230rc>
- Bui, T. L., Truong, N.T., Luong, B.D., Nguyen, T.T., Tran, N.Q., Tran, G.H., Nguyenand T.P., Tran T.H., Do T.X., Nguyen P.A.T., Van Trouoang T.B. and Tran, T.T.K., 2025. Multivariate analysis of agro-morphological traits and GBSS1 gene variation in Mekong Delta mega rice varieties. *Journal of Crop Science and Biotechnology*, 28(2), pp.227–238. <https://doi.org/10.1007/s12892-024-00274-z>
- Dadther-Huaman, H., Gambini-de la Cruz, T.A., Coaquira-Mendoza, B., Garay-Duran, D., Parco-Quinchori, J., Quispe-Castro, R., Aybar-Peve, L., Contreras-Liza, S. and Casa-Coila, V., 2024. Caracterización agromorfológica y diversidad fenotípica de la colección de germoplasma de pallar (*Phaseolus lunatus* L.) del INIA, Perú. *Tropical and Subtropical Agroecosystems*, 27(3), pp.097. <https://doi.org/10.56369/tsaes.5490>
- Dadther-Huaman, H., Zamata-Guzman, R. and Casa-Coila, V.H., 2022. Caracterización morfológica y evaluación agronómica de accesiones de pallar (*Phaseolus lunatus*) de la Colección Nacional de Germoplasma del INIA, Ica, Perú. *Bioagro*, 35(1), pp.59–68. <https://doi.org/10.51372/bioagro351.7>
- Ernest, E.G. and Wisser, R.J., 2024. Multiple physiological mechanisms involved in reproduction could be targeted for breeding heat tolerance in lima bean. *Crop Science*, 64(1), pp.179–191. <https://doi.org/10.1002/csc2.21167>
- Espinoza de Arenas, L., Aquije Gómez, P., Surco Laos, F., Espino Tipismana, G. and Rojas Yaba, Y., 2022. Caracterización morfoagronómica y evaluación del rendimiento de doce genotipos de pallar (*Phaseolus lunatus* L.) de granos de colores en la zona media del Valle de Ica. *Ciencia Latina Revista Científica Multidisciplinar*, 6(1), pp.927–946. [https://doi.org/10.37811/cl\\_rcm.v6i1.1552](https://doi.org/10.37811/cl_rcm.v6i1.1552)

- FAO, 2018. *Legumbres. Pequeñas semillas, grandes soluciones*. Organización de las Naciones Unidas para la Alimentación y la Agricultura.
- Galili, T., 2015. dendextend: An R package for visualizing, adjusting and comparing trees of hierarchical clustering (version 1.19.1). <https://cran.r-project.org/web/packages/dendextend/index.html>
- García, T., Duitama, J., Zullo, S.S., Gil, J., Ariani, A., Dohle, S., Palkovic, A., Skeen, P., Bermudez-Santana, C. I., Debouck, D.G., Martínez-Castillo, J., Gepts, P. and Chacón-Sánchez, M.I., 2021. Comprehensive genomic resources related to domestication and crop improvement traits in Lima bean. *Nature Communications*, 12(1), pp.702. <https://doi.org/10.1038/s41467-021-20921-1>
- Gavilan-Figari, I., Inga, M., Betalleluz-Pallardel, I., Espinoza de Arenas, L. and Comettant-Rabanal, R., 2024. Andean lima bean ecology and its potential contribution to food security. *Legume Science*, 6(2), pp.e225. <https://doi.org/10.1002/leg3.225>
- Gu, Z., Gu, L., Eils, R., Schlesner, M. and Brors, B., 2014. Circlize implements and enhances circular visualization in R. *Bioinformatics*, 30(19), pp.2811-2812. <https://doi.org/10.1093/bioinformatics/btu393>
- IBPGR, 1982. *Lima bean descriptors*. International Board for Plant Genetic Resources (IBPGR). <https://hdl.handle.net/10568/91220>
- INDECOPI, 2007. *Otorgamiento de la denominación de origen PALLAR DE ICA*. <https://repositorio.indecopi.gob.pe/item/5b833f10-874c-45d1-8b75-4f62a8450830>
- Jacinto Junior, S.G., Lima, Y. C., Pontes, A.V.D. and Lucena, E.M.P. de., 2024. Morphological and agronomic characterization of fava bean genotypes (*Phaseolus lunatus* L.) cultivated in the state of Ceará. *Revista Brasileira De Geografia Física*, 17(6), pp.4307-4327. <https://doi.org/10.26848/rbgf.v17.6.p4304-4324>.
- Kassambara, A. and Mundt, F., 2020. factoextra: Extract and visualize the results of multivariate data analyses (Version 1.0.7) [Computer software]. <https://cran.r-project.org/package=factoextra>
- Keskin, S.O., Ali, T.M., Ahmed, J., Shaikh, M., Siddiq, M. and Uebersax, M.A., 2022. Physico-chemical and functional properties of legume protein, starch, and dietary fiber: A review. *Legume Science*, 4(1), pp.e117. <https://doi.org/10.1002/leg3.117>
- Kouam, E.B., Kanga-Fotso, A.M.A. and Anoumaa, M., 2023. Exploring agro-morphological profiles of *Phaseolus vulgaris* germplasm shows manifest diversity and opportunities for genetic improvement. *Journal of Agriculture and Food Research*, 14, pp.100772. <https://doi.org/10.1016/j.jafr.2023.100772>
- Kouonon, L., Koffi, K., Parfait, Y., Estere Goba, K., Koffi, K.G., Adjoumani, K. and Sie, R.S., 2020. Morphological and agronomical characterization of variability among a collection of *Phaseolus lunatus* (L.) local morphotypes from Cote d'Ivoire. *International Journal of Agriculture Innovations and Research*, 9(2), pp.78-88.
- Lê, S., Josse, J. and Husson, F., 2008. FactoMineR: Multivariate analysis in R [Computer software]. <https://cran.r-project.org/package=FactoMineR>
- Long, J., Zhang, J., Zhang, X., Wu, J., Chen, H., Wang, P., Wang, Q. and Du, C., 2020. Genetic diversity of common bean (*Phaseolus vulgaris* L.) germplasm resources in Chongqing, evidenced by morphological characterization. *Frontiers in Genetics*, 11, pp.697. <https://doi.org/10.3389/fgene.2020.00697>
- López-Alcocer, J.J., Lépiz-Ildefonso, R., González-Eguiarte, D.R., Rodríguez-Macías, R. and López-Alcocer, E., 2016. Morphological variability of wild *Phaseolus lunatus* L. from the western region of México. *Revista Fitotecnia Mexicana*, 39(1), pp.49-58. <https://doi.org/10.35196/rfm.2016.1.49-58>
- Machado, E.O., Ferraz, G.V., Almeida, R.C., Lopes, A.C., Gomes, R.L.F. and Silva, V.B., 2022. Evaluation of lima bean accessions at high temperatures. *Revista Caatinga*, 35(4), pp.791-798. <https://doi.org/10.1590/1983-21252022v35n406rc>
- Martínez-Castillo, J., Araujo, A.S.F., Chacón-Sánchez, M.I., Santos, L.G., Lopes, A.C.A., Gibson, K., Gomes, R. L.F., Andueza-Noh, R.H., Bitochi, E., Ballina-Gómez, H.S., Peralta, E., Ormeño-Orrillo, E., Espinoza, L., Nieto, C., Murillo, A., Jadán-Veriñas, E., García, T., Duitama, J., Aguirre-Liguori, J.A., ... Debouck, D.G., 2023. International Lima Bean Network: from the origin of the species to modern plant breeding. *Genetic Resources and Crop Evolution*, 70(6), pp.1575-1583. <https://doi.org/10.1007/s10722-023-01603-x>

- Martins, E.S., Pinto Júnior, R.A., Abreu, A.F.B. and Ramalho, M.A.P., 2017. Genetic control of number of flowers and pod set in common bean. *Genetics and Molecular Research*, 16(3), pp.gmr16039723. <http://dx.doi.org/10.4238/gmr16039723>
- MIDAGRI, 2025. *Sistema de Información Estadística Agraria (SIEA): Estadística Agropecuaria – Perfil departamental*. Ministerio de Desarrollo Agrario y Riego. [https://siea.midagri.gob.pe/siea\\_bi/](https://siea.midagri.gob.pe/siea_bi/) (Fecha de consulta: noviembre 2025)
- Nere, D.R., Bleicher, E. and Bertini, C.H.C., 2021. Biometria de plantas e sementes de fava: contribuições para divergência genética. *Research, Society and Development*, 10(2), pp.e1210212137. <https://doi.org/10.33448/rsd-v10i2.12137>
- Romero-Astudillo, M. J., Tapia, C., Giménez de Azcárate, J., and Montalvo, D., 2024. Diversity of common bean (*Phaseolus vulgaris* L.) and runner bean (*Phaseolus coccineus* L.) landraces in rural communities in the Andes highlands of Cotacachi—Ecuador. *Agronomy*, 14(8), pp.1666. <https://doi.org/10.3390/agronomy14081666>
- SENAMHI, 2024. *Datos Hidrometeorológicos en Ica*. Servicio Nacional de Meteorología e Hidrología del Perú. <https://www.senamhi.gob.pe/main.php?dp=ica&p=estaciones> (Fecha de consulta: marzo 2025)
- Serrano-Serrano, M.L., Hernández-Torres, J., Castillo-Villamizar, G., Debouck, D.G. and Chacón Sánchez, M.I., 2010. Gene pools in wild Lima bean (*Phaseolus lunatus* L.) from the Americas: Evidences for an Andean origin and past migrations. *Molecular Phylogenetics and Evolution*, 54(1), pp.76-87. <https://doi.org/10.1016/j.ympev.2009.08.028>
- Silva, R.N.O., Burle, M.L., Pádua, J.G., Lopes, Â.C. de A., Gomes, R.L.F. and Martínez-Castillo, J., 2017. Phenotypic diversity in lima bean landraces cultivated in Brazil, using the ward-MLM strategy. *Chilean Journal of Agricultural Research*, 77(1), pp.35-40. <https://doi.org/10.4067/S0718-58392017000100004>
- Sinkovič, L., Tavakoli Hasanaklou, H., Neji, M., Plestenjak, E., Dolničar, P., Meglič, V. and Pipan, B., 2025. Combining multi-criteria decision analysis with agro-morphological-biochemical-molecular traits of interest for use in breeding in promising common bean breeding lines (*Phaseolus vulgaris* L.). *Cogent Food and Agriculture*, 11(1), pp.2439551. <https://doi.org/10.1080/23311932.2024.2439551>
- Soares, L.A.D.C., Lustosa Da Silva, J.D., Brito Da Silva, V., Da Silva Ferreira, C., Batista de Sousa, A.M. de C., Ferreira Costa, M., Lopes, Â.C. de A. and Ferreira Gomes, R.L., 2022. On-farm conservation in *Phaseolus lunatus* L: an alternative for agricultural biodiversity. *Agroecology and Sustainable Food Systems*, 46(3), pp.392-409. <https://doi.org/10.1080/21683565.2021.2016545>
- Zulfiqar, S., Ishfaq, S., Raza Bukhari, S.A., Sajjad, M., Akhtar, M., Liu, D. and Rahman, M., 2024. New genetic resources for aphid resistance were identified from a newly developed wheat mutant library. *Heliyon*, 10(5), pp.e26529. <https://doi.org/10.1016/j.heliyon.2024.e26529>