

Tabla 9: Severidad de los síntomas inducidos por la inoculación del aislamiento 527 de *Xap* y valores de los rendimientos en las líneas del Programa de Mejora Genética de Cuba.

Líneas Avanzadas	Reacción de severidad en follaje frente al aislamiento <i>Xap</i> 527				Reacción de severidad en vainas frente al aislamiento <i>Xap</i> 527				Valores de rendimiento kg/parcelas ²	
	Año 1	Categoría ¹	Año 2	Categoría ¹	Año 1	Categoría ¹	Año 2	Categoría ¹	Año 1	Año 2
CUT 39	6,6	I	6,6	I	5,0	I	5,0	I	906	901
CUT 41	7,3	S	7,3	S	5,0	I	4,6	I	901	899
CUT 42	7,3	S	6,6	I	5,3	I	5,0	I	920	919
CUT 43	6,3	I	7,0	S	5,3	I	4,6	I	973	971
CUT 44	7,0	S	7,0	S	5,0	I	4,6	I	1056	966
CUT 45	5,3	I	5,6	I	4,0	I	4,3	I	1138	1137
CUT 46	6,0	I	7,0	S	5,0	I	5,0	I	822	820
CUT 47	7,3	S	6,6	I	5,6	I	5,6	I	954	922
CUT 48	6,6	I	7,0	S	4,6	I	4,6	I	988	990
CUT 49	5,3	I	5,3	I	4,6	I	4,3	I	1130	1110
CUT 53	5,6	I	5,3	I	4,3	I	4,8	I	1166	1135
CUT 55	7,0	S	7,0	S	6,0	I	5,0	I	985	973
CUT 56	6,3	I	6,3	I	5,6	I	5,3	I	823	839
CUT 57	6,0	I	6,0	I	5,0	I	5,6	I	1101	1089
CUT 58	7,0	S	7,0	S	5,0	I	5,3	I	866	865
CUT 59	6,0	I	6,0	I	4,6	I	4,3	I	696	860
'XAN 112' (T)	6,0	I	6,0	I	5,6	I	5,0	I	899	1135
'Engañador' (T)	6,6	I	6,0	I	3,6	I	4,0	I	1182	1262
'Velasco Largo' (T)	7,3	S	8,6	S	7,3	S	7,3	S	514	516
ES±	-	-	-	-	-	-	-	-	c	108

Xap: aislamiento patógeno de Cuba. ¹Evaluación de la severidad de la reacción al patógeno según, Sistema estándar para la evaluación de germoplasma de frijol, donde: 1,2,3 = resistente (R); 4,5,6 = Intermedio (I); 7,8,9 = Susceptible (S) (CIAT, 1981b). ²Medias con diferentes letras difieren significativamente para P = 0,05.

• **Efecto de la inoculación sobre el rendimiento de las líneas avanzadas del Programa de Mejora Nacional**

En la tabla 9 se presentan además, los valores del rendimiento en kg/ha obtenidos por las líneas avanzadas en los dos años estudiados. Se observó un comportamiento similar en los valores de rendimiento entre las líneas por año, así como para los dos años de estudio.

En la figura 6, se muestra el comportamiento del rendimiento de cada línea por año. El genotipo más cercano al origen de coordenadas se consideró como el más estable.

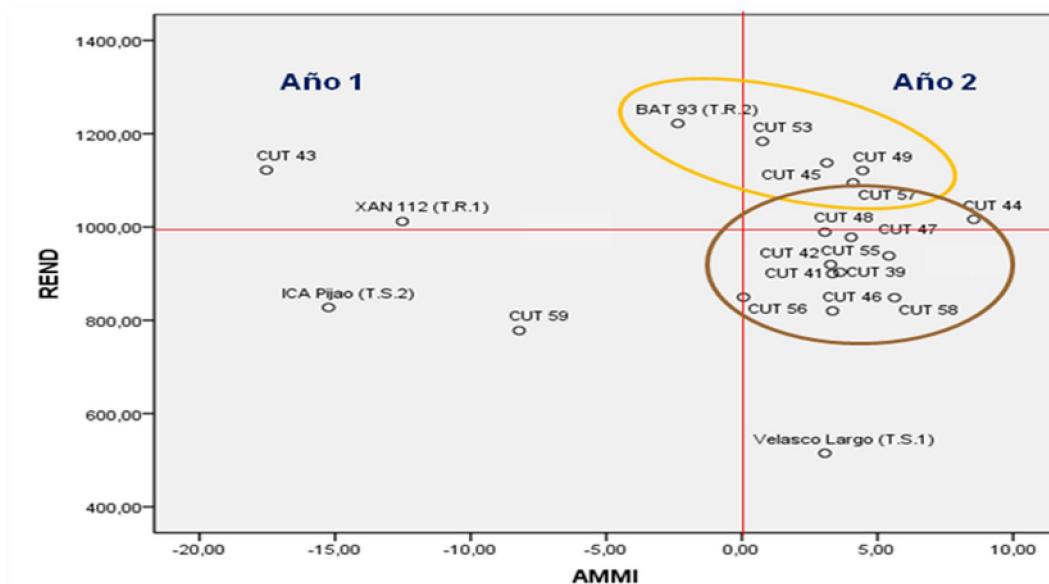


Figura 6: Resultados del análisis del comportamiento de las líneas durante dos años de estudio para el carácter rendimiento, mediante un modelo AMMI.

La mayoría de las líneas evaluadas presentaron valores de rendimientos muy similares, sin diferencias significativas entre ellas en cada año, como se observa en la tabla 9 y en la figura 6, donde se ubica un amplio grupo de estas líneas en los lugares más cercanos al centro de origen de las coordenadas.

En la tabla 9, con los mayores valores se destacan: CUT 53 con rendimientos de 1166 y 1135 kg/ha en ambos años, CUT 45 con 1138 y 1137, CUT 49 con 1130 y 1110 y CUT 57 con 1101 y 1089 sin diferencia significativas entre ellos y los testigos ‘XAN 112’ con valores de 899 y 1135 kg/ha y el testigo ‘Engañador’ (conocido también como ‘BAT 93’) 1182 y 1262 kg/ha (Tabla 8), con un comportamiento similar en los dos años, ubicadas según se observa en la figura 6, en la zona superior y centro del eje de las coordenadas. Teniendo en cuenta el comportamiento general de todas, podemos catalogarlas como líneas con tolerancia a esta

enfermedad, por presentar valores intermedios frente al aislamiento 527 de *Xap* y los mayores valores de rendimiento, incluso, superiores al testigo ‘XAN 112’.

El resto de las líneas mantuvieron valores de rendimientos similares en ambos años (Tabla 9) y (Figura 6). Se destacaron: CUT 42, CUT 44, CUT 47, CUT 48 y CUT 55 ubicándose también hacia el centro de origen de las coordenadas, pero con rendimientos que oscilaron entre 919 y 1056 kg/parcelas. Estas líneas, a pesar de presentar valores de reacción en follaje entre intermedios y susceptibles (6,6 y 7,3) no tuvieron mucha afectación en sus rendimientos, ni presentaron diferencias significativas entre ellas y el resto de las mencionadas anteriormente, incluso, de los testigos ‘XAN 112’ y ‘Engañador’ (BAT 93). Esto muestra que, en general, lograron una buena productividad, frente al aislamiento patogénico de 527 de *Xap*.

El testigo ‘XAN 112’, presentó valores de rendimiento altos, solo en el año uno, por lo que su comportamiento no fue igual durante los dos años de estudio. El testigo susceptible Velasco Largo tuvo rendimientos muy bajos en ambos ambientes y diferencias altamente significativas con las líneas y los testigos ‘Engañador’ y ‘XAN 112’.

Los resultados muestran que existen líneas del Programa de Mejora Nacional con un comportamientos similares en ambos ambientes, lo que puede estar determinado por la resistencia presente en cada uno de ellas frente a este patógeno, lo cual repercutió directamente en los valores de rendimiento y en las reacciones obtenidas por ellas frente al aislamiento 527 de *Xap*.

Teniendo en cuenta los criterios expuestos anteriormente, así como la necesidad de introducir nuevas fuente con tolerancia a este patógeno bacteriano, se sugiere incorporar en las estrategias de manejo a las líneas CUT 45, CUT 49, CUT 53 y CUT 57 del Programa de Mejora Nacional, así como, su siembra en las regiones donde esté presente esta enfermedad con la finalidad de

contribuir a la disminuir las pérdidas de rendimiento que ocasiona la Bacteriosis común en las áreas de cultivo destinadas a la producción de este grano en Cuba.

4.2.3 Cultivares con genes de resistencia, frente al aislamiento 527 de *Xap* de Cuba

En la tabla 10, se presentan los resultados del comportamiento de los cultivares con genes de resistencia a Bacteriosis común, en los tres años de estudio, teniendo en cuenta la reacción en follaje y vaina frente al aislamiento 527 de *Xap*.

El análisis mostró que para la reacción en follaje, según la escala empleada (CIAT 1981b), se destacaron cultivares con un comportamiento similar en los tres años de estudio, ellos son: 'PI325761' (5,6- 5,6 y 6,0); 'XAN 155' (5,3- 5,6 y 5,3); 'XAN 159' (4,6- 5,3 y 5,3); 'XAN 280' (5,0- 4,3 y 4,6); 'XAN 286' (5,6- 5,3 y 5,0); 'CUT 53' (5,3- 5,6 y 6,0) y 'CUT 45' (4,5-5,6 y 5,3) con valores de reacción intermedia frente a este aislamiento, igual a los obtenidos por los testigos 'XAN 112' (5,3- 5,6 y 4,6) y 'Engañador' (5,0- 5,3 y 5,6). En el resto de los cultivares evaluados, se observaron síntomas de la enfermedad con valores de reacción más severos, clasificados entre los rangos de reacción de intermedios a susceptibles (6,3 a 8.3), en los tres años de estudio.

El testigo susceptible 'Velasco Largo' mostró síntomas severos de la enfermedad en el follaje, correspondientes a una susceptibilidad entre 8,6 y 9, coincidiendo con los resultados expuestos en pruebas anteriores.

El cultivar 'CORNEL 10392 BULK' fue el único que varió su reacción de intermedio 5.3 en el primer año, a susceptible 8.3, en el segundo año. Esto pudo deberse a la pobre adaptación de este cultivar a las condiciones ambientales de nuestro país, donde las altas temperatura, precipitaciones y los niveles de humedad imperantes, sobre todo, en el segundo año de estudio, restringieron la expresión de la resistencia de este, frente al aislamiento 527 de *Xap*.

Una de las limitantes de las fuentes de resistencia a *Xap* ('Great Northern (GN), Nebraska 1 selección 27', 'Tara', 'CORNEL 10392 BULK' y 'Jule'), introducidas del frijol tepary (*Phaseolus acutifolius* A Grey) en la Universidad de Nebraska, Lincoln, resultó ser la estrecha base genética de esta fuente de resistencia y la pobre adaptación de las plantas a las condiciones tropicales (Shwartz *et al.*, 2005 y 2006).

En la figura 7, se representa el biplot correspondientes al AMMI, para las reacciones en el follaje. Este análisis se realizó con la finalidad de obtener un criterio más unificado del comportamiento de estos cultivares frente a la inoculación del aislamiento 527 de *Xap*, durante los tres años de estudio. En todos los casos se explica, con los dos primeros componentes, el 100% de la variabilidad.

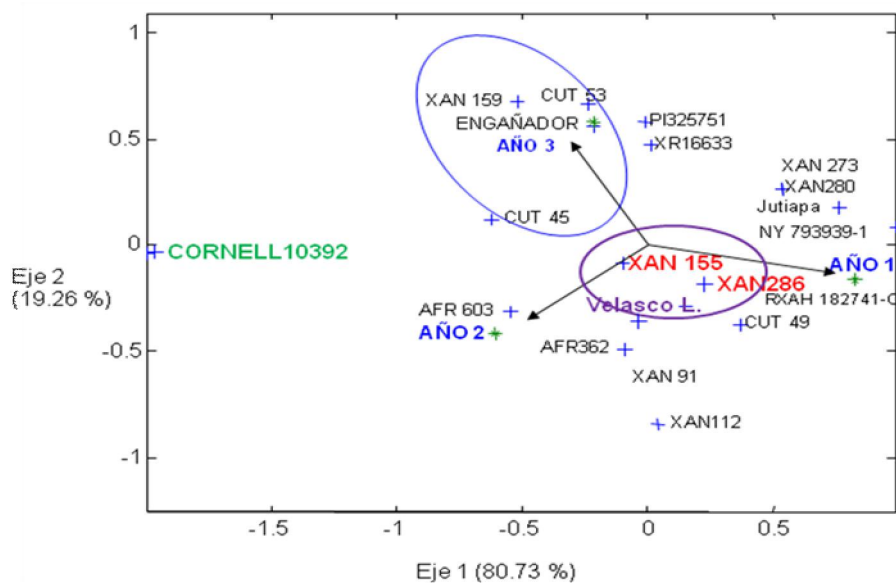


Figura 7: Representación biplot del comportamiento de los cultivares con resistencia a Bacteriosis común, durante los tres años de estudio, para el carácter reacción en follaje frente a *Xap* de Cuba, mediante un modelo AMMI.

Tabla 10: Severidad de los síntomas inducidos por el aislamiento 527 de *Xap* en los tres años de estudio y valores de rendimiento, en los cultivares con genes de resistencia a Bacteriosis común.

Cultivares	Reacción de severidad en follaje frente al aislamiento <i>Xap</i> 527						Reacción de severidad en vainas frente al aislamiento <i>Xap</i> 527						Valores de rendimiento					
	Año 1	Categoría ¹	Año 2	Categoría ¹	Año 3	Categoría ¹	Año 1	Categoría ¹	Año 2	Categoría ¹	Año 3	Categoría ¹	Año 1	Año 2	Año 3			
AFR 362	7,6	S	8,0	S	7,3	S	7,3	S	6,6	I	70	S	1121	ghi	570	f	1119	gh
AFR 603	7,0	S	8,0	S	7,3	S	4,0	I	4,6	I	4,6	I	700	i	602	def	1002	h
NY 793755-2	7,6	S	6,3	I	6,6	I	3,3	I	4,0	I	3,3	I	2467abc		701	def	2286	bcd
NY 793939-1	7,3	S	7,6	S	7,0	S	3,0	R	3,3	I	3,6	I	933	hi	669	def	1002	h
CORNELL10392 BULK	5,3	I	8,3	S	7,3	S	5,3	I	6,0	I	6,0	I	1231	gh	586	f	1235	gh
L 81-61 (JUTIAPA)	7,0	S	6,0	I	6,3	I	3,3	I	3,6	I	3,0	R	2728ab		907	bc	2642ab	
PI 325761	5,6	I	5,6	I	6,0	I	6,0	I	6,6	I	6,0	I	1373	fg	652	def	1470	fg
RXAH 182741-C	6,3	I	6,6	I	6,0	I	3,0	R	2,6	R	3,0	R	2502abc		907	bc	2475abc	
XAN 91	7,6	S	8,0	S	7,3	S	6,0	I	6,0	I	3,0	R	1486	fg	704	de	1457	gh
XAN 155	5,3	I	5,6	I	5,3	I	3,3	I	3,3	I	2,6	R	2484abc		874	c	2543abc	
XAN 159	4,6	I	5,3	I	5,6	I	3,3	I	2,3	R	3,3	I	877	hi	578	f	1075	gh
XAN 273	7,3	S	6,3	I	6,6	I	3,0	R	3,0	R	2,3	R	2223	cd	906	bc	2262	bcd
XAN 280	5,0	I	4,3	I	4,6	I	2,0	R	2,6	R	2,6	R	2345abc		957	abc	2276	bcd
XAN 286	5,6	I	5,3	I	5,0	I	2,3	R	2,3	R	3,3	I	1942	de	955	abc	1907	de
XR 16633	7,3	S	7,3	S	7,6	S	3,0	R	3,0	R	3,0	R	1762	ef	725	d	1810	fg
CUT 53	5,3	I	5,6	I	6,0	I	2,0	R	2,3	R	2,3	R	2747a		1065	abcd	2740	a
CUT 49	7,3	S	7,0	S	6,6	I	2,3	R	2,6	R	2,6	R	2157	cde	1022	ab	2156	cde
CUT 45	4,6	I	5,6	I	5,3	I	3,3	I	2,3	R	3,0	R	2789	a	1017	ab	2778a	
XAN 112 (T)	5,3	I	5,6	I	4,6	I	4,0	I	3,3	I	3,3	I	2233	cd	882	c	2186	cde
Engañador (T)	5,0	I	5,3	I	5,6	I	3,3	I	3,3	I	3,6	I	2293	bcd	1044	a	2290	bcd
Velasco Largo(T)	9,0	S	9,0	S	8,6	S	8,0	S	8,0	S	8,0	S	1115	ghi	623	def	1178	gh
ES±	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	-	138		38		129	

Xap: aislamiento patógeno de Cuba. ¹ Evaluación de la severidad de la reacción al patógeno según, Sistema estándar para la evaluación de germoplasma de frijol, donde: 1,2,3 = resistente (R); 4,5,6 = Intermedio (I); 7,8,9 = Susceptible (S) (CIAT, 1981b). ² Medias con diferentes letras difieren significativamente para P ≤ 0,05.

Para este carácter, el cultivar 'XAN 155' interactuó positivamente en los tres años, al ubicarse hacia el centro de origen de las coordenadas, con una mayor estabilidad en la reacción intermedia frente a este aislamiento, 5.3 en los años uno y tres, y 5.6 en el año dos.

El cultivar 'XAN 286' y el testigo susceptible 'Velasco Largo', se destacaron por su interacción positiva para los tres años, y su cercanía al centro de origen de las coordenadas, logrando ambos cultivares, una mayor estabilidad en la reacción en follaje, frente a este aislamiento, que el resto de los cultivares estudiados.

El cultivar 'Velasco Largo' mantuvo su estabilidad pero dentro del rango de susceptibilidad, con el valor máximo de 9, para los dos primeros años y reacción de 8,6 para el tercer año. En este genotipo se observaron síntomas severos de la enfermedad en el follaje en todas las pruebas realizadas hasta el momento.

El cultivar 'XAN 159' y las líneas CUT 53, CUT 45 y el testigo resistente 'Engañador', interactuaron de forma positiva en el año tres, pero con un ligero aumento en los valores de reacción intermedias en esta año, si los comparamos con los valores obtenidos por los mismos, en los años uno y dos, lo que indica que no mantuvieron igual comportamiento en el periodo evaluado.

Se distinguió el cultivar 'CORNEL 10392 BULL', por ser el menos estable para la reacción del follaje en los tres años de estudio, al ubicarse en el lugar más alejado del centro de las coordenadas, interactuando de forma positiva en los años tres y dos y de forma negativa en el año uno, esto justifica la diferencia observada en las reacciones en el follaje, en los tres años de estudio donde obtuvo valores de 5.3 (intermedio) en el año uno, 8.3 (susceptible) en el año dos y 7.3 (susceptible) en el año tres, frente al aislamiento de 527 de *Xap* de Cuba.

Las diferencias observadas entre estos cultivares pueden estar determinadas por sus características genéticas, en cuanto a la resistencia a Bacteriosis común. Debemos tener en cuenta que todos estos cultivares provienen de zonas y orígenes muy diversos (Tabla 4 del capítulo Metodología experimental), por lo que presentan una amplia diversidad genética entre ellos. Las características genéticas de los cultivares es uno de los factores que determinan la expresión de la resistencia frente a este patógeno, de ahí que se justifiquen las diferencias observadas entre ellos frente a la inoculación del aislamiento cubano 527 de *Xap*.

Los cultivares XAN, en su gran mayoría presentan resistencia a Bacteriosis común, buena adaptación al trópico, así como madurez temprana, como habíamos dicho antes. Algunos de ellos como 'XAN 112' y 'XAN 159' son utilizados en los programas de mejora genética de la región como padres donantes de genes, ya que provienen de cruzamientos inter específicos entre *P. vulgaris* x *P. coccineus* ('XAN 112'), y *P. vulgaris* x *P. acutifolius* ('XAN 159') (Miklas *et al.*, 2003; Singh *et al.*, 2007a y 2009a). Ambos tienen la capacidad de poder transmitir a sus progenies los genes de resistencia a Bacteriosis común (Liu *et al.* 2008 y 2010; Mutlu *et al.*, 2008 a)

Autores como Zapata (2001); Cruz-Izquierdo *et al.* (2001); Beaver y Osorio (2009), han empleado a 'XAN 159' y 'XAN 112' en estudios de patogenicidad con aislamientos de *Xap* de la región y afirman la presencia de resistencia múltiple en estos cultivares frente a diferentes razas de *Xap* como las de Puerto Rico, República Dominicana, Costa Rica y Cuba.

Para la reacción en las vainas, en la tabla 10 se muestran los valores obtenidos por estos cultivares frente al aislamiento 527 de *Xap*, en los tres años de estudio. Síntomas muy leves de la enfermedad para una reacción de resistencia, fueron observados en los cultivares 'RXAH 182741- C' con valores de 3,0- 2,6 y 3,0, seguido de 'XAN 283' (3,0- 3,0 y 2,3); 'XAN 286'

(2,3- 2,3 y 3,0) y las línea CUT 45 (3,0-2,3 y 3,0) y CUT 53 que logró los mejores valores de resistencia en vainas con reacciones de 2,0-2,3 y 2,3.

Otro grupo de cultivares presentaron síntomas en las vainas con reacciones entre resistentes e intermedia, en los tres años, frente al aislamiento 527 de *Xap*. Entre ellos encontramos a: ‘NY 793939-1’ (3,0- 3,3 y 3,6); ‘L81-61 (Jutiapa)’ (3,3- 3,6 y 3,0); ‘XAN 155’ (3,3- 3,3 y 2,6); ‘XAN 159’ (3,3- 2,3 y 3,3). Los testigos ‘XAN 112’ y ‘Engañador’ presentaron reacciones intermedias en los tres años, al igual que el resto de los cultivares con genes de resistencia estudiados.

El genotipo ‘AFR 362’ fue el único que presentó reacción de susceptibilidad frente a este aislamiento, con grado de reacción de 7, 3 y 7,0 en el primer y tercer año, con un comportamiento similar al testigo susceptible ‘Velasco Largo’ (8).

En la figura 8, se representa el biplot correspondiente al AMMI, realizado para la variable reacción en las vainas de los cultivares con genes de resistencia frente al aislamiento 527 de *Xap*. En los tres años estudiados este carácter mostró mayor estabilidad que el carácter reacción en follaje, ya que un mayor número de cultivares se ubicaron cercanos al centro de origen de las coordenadas.

Se destaca el cultivar ‘XR16633’, con una interacción positiva, logrando una mayor estabilidad en la reacción en las vainas con un valor de 3,3 durante los tres años. El testigo susceptible ‘Velasco Largo’ mantuvo también una interacción positiva, logrando una estabilidad en su reacción de susceptibilidad en vainas, frente a este patógeno, según la escala empleada, con un valor de 8 para los tres años.

Se destacaron los cultivares ‘XAN 273’, ‘XAN 280’, ‘XAN 286’, ‘CUT 53’, ‘CUT 49’ y ‘CUT 45’ todos con los mejores valores de reacción de resistencia en vainas, con una interacción y estabilidad positiva en solo dos de los años estudiados.

En similar situación encontramos a los cultivares ‘CORNEL 10392 BULL’, ‘AFR 603’, ‘NY 793939-1’, ‘L 81-61’(Jutiapa), ‘AFR 362’, ‘RXAH 182741-C’ y los testigos ‘XAN 112’ y ‘Engañador’, pero con reacciones entre intermedios y susceptibles. El cultivar ‘XAN 91’, fue el menos estable para este carácter durante los tres años de estudio, al ubicarse en el lugar más alejado del centro de origen de las coordenadas, con una interacción positiva en los años uno y dos y negativa en el año tres.

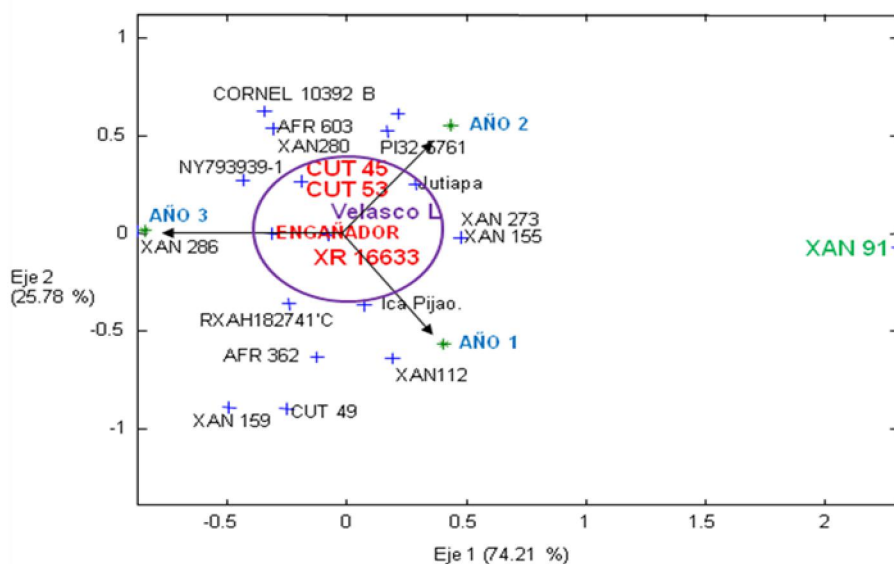


Figura 8: Representación biplot del comportamiento de los cultivares con resistencia a Bacteriosis común, durante los tres años de estudio, para el carácter reacción en vainas frente a *Xap* de Cuba, mediante un modelo AMMI.

Es importante resaltar las diferencias observadas entre los valores de reacción en el follaje (intermedios- susceptibles) y los valores de reacción de las vainas (resistencia- intermedio) durante los tres años, en gran parte de los cultivares estudiados.

Se observó, además, como un mismo cultivar puede presentar diferentes reacciones en las hojas y en las vainas, frente al aislamiento 527 de *Xap*. Por ejemplo, 'XR 16633' presentó una resistencia estable en las vainas (3), pero fue susceptible en el follaje (7.3 y 7.6). Se demuestra así, una vez más, lo expuesto por diferentes autores, quienes afirman que las reacción en follaje y vainas frente a Bacteriosis común están bajo el control de genes independientes (Dursun, 1996; Asencio- Manzanera, 2001 y Santos *et al.*, 2003). Este es un aspecto importante a tener en cuenta en la selección de cultivares con resistencia a Bacteriosis común.

Al comparar las evaluaciones obtenidas entre un año y otro para cada una de las dos variables (reacción en follaje y reacción en vainas) se observó un ligero aumento de los valores de reacción en la mayoría de los cultivares en el segundo año. Esto puede estar determinado, una vez más, por la influencia de las condiciones ambientales imperantes en el momento de realizarse la investigación (Anexo 10). Por ejemplo, en el segundo año, las reacciones en follaje tendieron a aumentar ligeramente, lo que se correspondió con un ascenso aproximadamente de 2 y 6^o C en los valores de temperatura máxima. Estos últimos oscilaron entre los rangos de 28 a 32^o C, durante los meses de diciembre, enero y febrero, los cuales favorecen el desarrollo del patógeno después de la infección.

Los valores de las precipitaciones presentaron también un aumento, al compararlos con los valores registrados en el año anterior (Año 1) (Anexo 10), lo mismo ocurrió con los valores de la humedad relativa, los cuales fueron más altos durante los meses de noviembre, diciembre, enero y febrero del segundo año (Año 2) (Anexo 10). Estas variación en las condiciones

ambientales del segundo año, pudieron haber favorecido el desarrollo de la enfermedad, además en general las plantas se encontraban en las etapas de desarrollo correspondientes al inicio de la floración (R_6), entre 35 a 40 DDS; momento en el cual el cultivo se vuelve más vulnerable y sensible a la infección de enfermedades bacterianas.

Resultados similares fueron reportados por Asensio-Manzanera *et al.* (2005); Araya y Hernández, (2008) y Liu *et al.* (2010), los que confirman que las bacterias de *Xap* son patógenos de climas tropicales y ambientes con humedad relativa elevada y causan mayor daño a las plantas cuando los promedios de temperatura son entre 28 y 30⁰ C, que a temperaturas inferiores, haciéndose más notable en los cultivares susceptibles a este patógeno.

Las evaluaciones realizadas mostraron a un grupo de cultivares con buen comportamiento y estabilidad en las reacciones en el follaje y en las vainas durante los tres años de estudio, entre ellos encontramos a ‘XAN 155’, ‘XAN 159’, ‘XAN 280’, ‘XAN 286’, ‘CUT 53’, ‘CUT 49’ y ‘CUT 45’. Se denota por estos resultados que todos poseen buen comportamiento frente al aislamiento patogénico 527 de *Xap*, lo cual constituye un resultado de importancia si tenemos en cuenta la necesidad de continuar incorporando nuevos cultivares con una ampliar la base genética para la resistencia a Bacteriosis en las áreas de producción, en Cuba.

- **Efecto de la inoculación sobre el rendimiento de los cultivares con genes de resistencia a Bacteriosis común**

En la tabla 10, se presentan los rendimientos en kg/ha, obtenidos por los cultivares durante los tres años de estudio. Para los valores del rendimiento en el primer año las líneas CUT 45 (2789 kg/ha), CUT 53 (2747 kg/ha) y los cultivares ‘L 81-61’ (Jutiapa) (2728 kg/ha), ‘RXAH 182741-C’ (2502 kg/ha) y ‘XAN 280’ (2345 kg/ha) presentaron los valores más altos de

rendimientos sin diferencias significativas entre ellos y el testigo 'Engañador' (2293), pero si con el testigos 'XAN 112' (2233 kg/ha) y 'Velasco Largo' (1115).

Para el segundo y tercer año, se destacan nuevamente CUT 45 con rendimientos de 1017 y 2788 kg/ha, seguida de CUT 53 con 1065 y 2747 kg/ha, y los cultivares 'L 81-61' (Jutiapa) con 907 y 2642 kg/ha, 'RXAH 182741-C' con 907 y 2475 kg/ha, 'XAN 155' con 874 y 2543 kg/ha, sin diferencias significativas entre ellos, pero si con los testigos 'XAN 112' (882 kg/ha) para el segundo año y 'Engañador' (2293kg/ha) en el tercero. El testigo susceptible 'Velasco Largo' presentó diferencias significativas con todos los cultivares mencionados en los tres años de estudio.

De forma general, observamos que existen diferencias marcadas entre los valores de rendimientos obtenidos en el primer y tercer años, con relación a los del segundo año, esto puede deberse, como habíamos explicado en la prueba anterior, a las condiciones ambientales imperantes en el momento de realizarse el estudio, las cuales favorecieron la diseminación del patógeno inoculado y el desarrollo de síntomas más severos de la enfermedad en los cultivares susceptibles, entre otros, lo cual pudo influir en gran medida en la disminución de los rendimientos de todos los cultivares evaluados en ese año.

Existe un grupo de líneas y cultivares con reacciones intermedia en el follaje y resistente e intermedia en vainas, con altos rendimientos, ellos son: CUT 45, CUT 53, 'RXAH 182741-C', 'XAN 155', 'XAN 280' y 'XAN 286', a los que catalogamos como cultivares tolerantes frente al aislamiento 527 de *Xap*; porque a pesar de haber presentado síntomas de la enfermedad, no se afectaron sus rendimientos.

Sin embargo, otro grupo presentó reacciones en follaje entre intermedia y susceptible y valores de rendimientos más bajos, pero superiores a 1000 kg/ha, ellos son: 'NY 793755-2', 'XAN

273', CUT 49, 'XR 16633', 'XAN 91', 'PI325761', 'CORNELL10392 BULK' y 'AFR 362'.

Estos cultivares pueden reconocerse como productivos, ya que a pesar de haber presentado síntomas avanzados de la enfermedad, no tuvieron grandes afectaciones en sus rendimientos.

Estos resultados son de gran importancia si tenemos en cuenta que fueron obtenidos en condiciones de alta presión de inóculo del aislamiento 527 de Bacteriosis común, y que en cada prueba los cultivares se expusieron a un estrés máximo, que garantizó la expresión de la resistencia, tolerancia o susceptibilidad de cada uno de ellos, ante el patógeno; lo que no ocurre en condiciones de incidencia natural; ya que la presión del patógeno disminuye y las respuestas de los cultivares son mucho más favorables en tales condiciones.

Algunos autores concuerdan en afirmar, que las aspersiones de inóculos en campo para la evaluación de poblaciones de frijol, han permitido de forma rápida, descartar la mayor cantidad de genotipos susceptibles, Singh y Muñoz (1999); así como la selección de genotipos tolerantes y/o resistentes a aislamientos de *Xap*, con mayor eficiencia (Asencio- Manzanera *et al.*, 2002).

Al realizar el análisis de varianza para el carácter rendimiento, se obtuvo una interacción significativa de los cultivares en los años estudiados, lo que permitió el ajuste a un modelo AMMI de los residuales de la interacción de segundo orden. En la figura 9, se representa el biplot correspondientes a los AMMI realizados para la variable rendimiento. En todos los casos se explicó, con los dos primeros componentes, el 100% de la variabilidad. Se manifestó un comportamiento diferencial para la mayoría de los cultivares, durante los tres años de estudio.

Las líneas y los cultivares antes mencionados CUT 53, CUT 45, 'XAN 286', 'XAN 273', 'XR 16633' y 'XAN 280', seguidos de 'AFR 362' resaltan al interactuar en todos los ambientes, por su ubicación más cercana al centro de origen de las coordenadas, presentando los más altos rendimientos y una mayor estabilidad en sus valores, durante los tres años de estudio.

Otro grupo de cultivares interactuaron positivamente durante dos de los años, pero con una interacción negativa en el tercero; ya que sus valores de rendimientos fueron más estables en unos que en otros, en éste aspecto resaltan ‘L 81-61’ (Jutiapa) (2728 y 2642 kg/ha), CUT 49 (2152 y 2156 kg/ha) y ‘NY 793755-2’ (2467 y 2286 kg/ha), con valores elevados de rendimientos en los años uno y tres y bajos en el año dos, de 907, 1022 y 701 kg/ha para cada uno de ellos. El resto de los cultivares estudiados se comportaron de la misma forma, incluyendo a los testigos ‘XAN 112’ y ‘Engañador’.

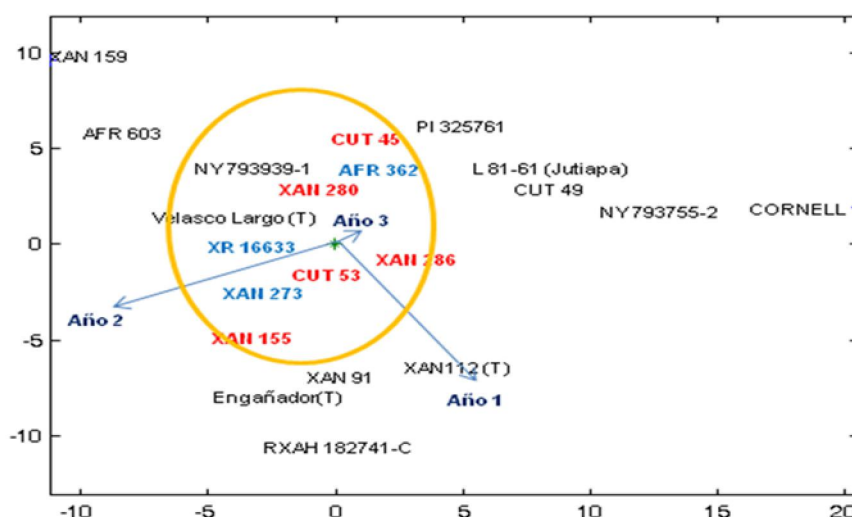


Figura 9: Representación biplot del comportamiento de los cultivares con resistencia a Bacteriosis común, durante los tres años de estudio, para el carácter rendimiento, frente a *Xap* de Cuba, mediante un modelo AMMI.

Sin embargo, en el caso de ‘XAN 159’, a pesar de ser un cultivar de reconocida resistencia a este patógeno, según reportes de Singh y Schwartz (2010), sus rendimientos fueron bajos durante los años uno y dos, lo que explica que no siempre se pueda contar con cultivares que combinen la resistencia a *Xap* y altos rendimientos. En este caso el valor genético de este cultivar, se fundamenta en la expresión de su resistencia en el follaje y en las vainas y no en el

rendimiento, lo que sugiere su introducción en el Programa de Mejora para esta enfermedad, como un posible progenitor combinado con cultivares comerciales con altos rendimientos, para la obtención de progenies a con un mejor comportamiento frente a Bacteriosis común y rendimientos aceptables.

- **Análisis de las correlaciones entre las reacciones en el follaje y las vainas y el rendimiento.**

Líneas avanzadas del Programa de Mejora Nacional y cultivares con genes de resistencia.

Al realizar el análisis del coeficiente de correlación de Pearson, se pudo comprobar el grado de asociación existente entre las variables independientes, reacción en el follaje y en las vainas y el rendimiento frente a la inoculación con el aislamiento 527 de *Xap*.

Los valores presentes en la tabla 11 y 12, muestran que existió una asociación negativa entre el rendimiento y la reacción en el follaje y en las vainas, tanto para las líneas avanzadas (- 0,621 y -0,562) (Tabla 11), como para los cultivares con genes de resistencia (-0,473 y -0,505) (Tabla 12), con valor significativo para $p < 0,001$. Esto explica el efecto negativo de las inoculaciones con el aislamiento patogénico 527 de *Xap*, sobre los rendimientos de las líneas y cultivares estudiados, sobre todo en el segundo año donde las condiciones ambientales fueron favorables para el desarrollo y diseminación de esta enfermedad.

Tabla 11: Correlación entre rendimiento, reacción en follaje y reacción en vainas, frente a Bacteriosis común, para las líneas avanzadas en los años de estudio.

	Rendimiento	Reacción en Follaje	Reacción en Vainas
Rendimiento	1,000		
Reacción en Follaje	-0,621***	1,000	
Reacción en Vainas	-0,562***	0,726***	1,000

Valores significativos para $p < 0.001$.

Tabla 12: Correlación entre rendimiento, reacción en follaje y reacción en vainas, frente a Bacteriosis común, para los cultivares con genes de resistencia a Bacteriosis común.

	Rendimiento	Reacción en follaje	Reacción en vainas
Rendimiento	1.000		
Reacción en Follaje	-,473***		
Reacción en Vainas	-,505***	,588***	

Valores significativos para $p < 0.001$

En cuanto a la relación existente entre la reacción en las vainas y el follaje (Tablas 11 y 12), se aprecia que las variables están correlacionadas con una asociación positiva frente a la presencia del patógeno de *Xap*, tanto para las líneas avanzadas, como en los cultivares con genes de resistencia a Bacteriosis común. Esto puede entenderse, si tenemos en cuenta cómo ocurre la propagación y diseminación de la infección de estas bacterias por los diferentes órganos de la planta. Una vez que el patógeno de *Xap* penetra en las plantas a través de heridas o aberturas naturales como estómas o lenticelas, se produce la colonización del xilema y ocurre el marchitamiento, obstruyéndose de forma gradual el sistema vascular y desintegrando las paredes celulares de la planta, de esta forma las bacterias logran llegar a los diferentes órganos de la planta, lo cual eleva los niveles de *Xap* en botones florales, flores y vainas. Esto influye directamente en la posterior infección de la semilla, ya que las poblaciones internas de *Xap* son las responsables de la inducción de la enfermedad.

Diferentes estudios indican que *Xap* tiene la habilidad para entrar a las vainas a través del sistema vascular e infestar la semilla causando lesiones en la parte inferior de las vainas. Las bacterias *Xap* que entran a la semilla a través del sistema vascular, frecuentemente, causan una pequeña decoloración amarilla. Estos síntomas no son fácilmente detectables en semillas de frijol coloreado, sin embargo, en semillas de frijol blanco, comúnmente se observa un halo amarillo alrededor del hilum. Autores que coinciden con estos resultados y expresan que la presencia de esta bacteria puede afectar y reducir la calidad de las vainas y, por consiguiente,

afectar las semillas (Beaver y Osorio, 2009). Las semillas infestadas por Bacteriosis común, con síntomas visibles, pueden perder su coloración o mancharse, disminuyendo así su valor comercial (Montoya *et al.*, 1997; Asensio-Manzanera *et al.*, 2005). Otros estudios demostraron que las hojas infestadas eran la fuente principal de la infección de las vainas y, por consiguiente, de las semillas (Aggour *et al.*, 1989a).

Se demuestra una vez más, que el desarrollo de cultivares resistentes a este patógeno, debe ser uno de los objetivos del Programa de Mejora Nacional. La efectividad del uso de la resistencia genética para el control de *Xap*, por tanto, constituye la alternativa mejor en el control fitosanitario de este patógeno (Singh y Schwartz, 2010 y Shi *et al.*, 2011).

Los resultados obtenidos en este capítulo podrán contribuir al perfeccionamiento de las medidas de manejo integrado de esta enfermedad. La incorporación de los cultivares RXAH 182741-C', 'XAN 155', 'XAN 280', 'XAN 286' y L 81-61' (Jutiapa) en la estrategia varietal del frijol común, ayudará a contrarrestar los efectos negativos de este patógeno sobre los rendimientos, en las áreas de producción de este grano en Cuba. Se recomienda además, la introducción de las líneas 'XAN 155', 'XAN 159', 'XAN 280' y 'XAN 286' por sus valores de reacción intermedias en follaje y resistentes e intermedias en vainas, como progenitores en el Programa de Mejora Nacional.

4.3 Respuesta a Bacteriosis común, en cultivares y líneas de Cuba, Colombia y Honduras frente al aislamiento EAP 9506, en condiciones controladas

4.3.1 Cultivares comerciales, líneas avanzadas del Programa de Mejora Nacional y cultivares con genes de resistencia a Bacteriosis común, procedentes de Cuba

En la tabla 13, se presentan las reacciones en el follaje obtenidos por los cultivares comerciales al ser inoculados con el aislamiento patogénico 9506 de la Escuela Agrícola Panamericana (en

lo adelante, EAP 9506). Las reacciones en el follaje para todos los cultivares comerciales fueron de susceptibles, al igual que en los testigos ‘Engañador’ y ‘Catrachita’ (testigo empleado por su alta susceptibilidad a este patógeno en Honduras) Se observaron en general, síntomas severos de la enfermedad (Figura 10 A y B) con valores de reacción entre 7,8 para ‘Hatuey 24’ y 9,0 para el testigo ‘Engañador’ y los cultivares ‘Guamá 23’, ‘M112’, ‘ICA Pijao’, ‘Güira 89’ y ‘CC25-9 (N)’.



A



B

Figura 10: Síntomas en el follaje de Bacteriosis común, inducidos por el aislamiento EAP 9506, de Honduras. A) Síntomas de reacción susceptible en el cultivar comercial Hatuey 24. (B) Síntomas de reacción susceptible en el testigo ‘Engañador’.

Si comparamos los valores obtenidos frente a este aislamiento hondureño y los obtenidos frente al aislamiento 527 de *Xap* de Cuba (pruebas anteriores) (Tabla 13), podemos apreciar como las reacción en follaje aumentan frente al aislamiento EAP 9506 en todos los cultivares comerciales, esto confirma la no presencia de resistencia de estos frente a la patogenicidad que posee este aislamiento, informada con anterioridad por Zabala (2003), en pruebas realizadas con aislamientos de *Xanthomonas axonopodis* de Honduras, frente a líneas y cultivares de

frijol común, donde destaca al aislamiento EAP 9506 como uno de los más patogénicos y virulentos del país.

Tabla 13. Reacción en el follaje frente a los aislamientos EAP 9506 de Honduras y *Xap* 527, en los cultivares comerciales de Cuba y presencia de los marcadores SCAR SAP6 y SU 91.

Cultivares	Reacción en Follaje				SCAR para <i>Xap</i> ³	
	EAP 9506	Categoría ¹	<i>Xap</i> 527	Categoría ₁	SAP6	SU91
CC - 25 9 (N)	9.0	S	7.3	S	+	-
Bolita 42	8.5	S	8.0	S	+	-
Güira 89	9.0	S	8.0	S	-	-
ICA Pijao	9.0	S	8.0	S	-	-
BAT 304	8.8	S	6.3	I	-	-
Tazumal	8.0	S	7.3	S	-	-
BAT 832	8.0	S	7.3	S	+	-
Velasco Largo	8.5	S	8.3	S	-	-
Red Kloud	8.1	S	7.3	S	-	-
M-112	9.0	S	6.6	I	-	-
CC- 25 9 (R)	8.6	S	7.0	S	+	-
Hatuey 24	7.8	S	6.0	I	-	-
Guamá 23	9.0	S	5.3	I	+	-
Bonita 11	8.1	S	7.6	S	+	-
Chévere	8.5	S	6,6	I	-	-
Engañador (T)	9.0	S	5.6	I	-	-
Catrachita (T)	8.8	S	-	-	-	-

EAP: aislamiento patogénico de Honduras; *Xap*: aislamiento patogénico de Cuba. ¹ Evaluación de la severidad de la reacción al patógeno según, Sistema estándar para la evaluación de germoplasma de frijol, donde: 1,2,3 = resistente (R); 4,5,6 = Intermedio (I); 7,8,9 = Susceptible (S) (CIAT, 1981b). "+ " Representan los cultivares que llevan el marcador SCAR SU91 y SAP 6 " - " representa los genotipo que no llevan el marcador SCAR SU91 y SAP6.

En la tabla 14, observamos los valores de reacción en el follaje de los cultivares con genes de resistencia a Bacteriosis común, igualmente inoculados con el aislamiento EAP 956.

Se destacaron por su reacción intermedia, los cultivares ‘XAN 159’ (5,5), ‘PI 325761’ (5,5), ‘RXAH 182741–C’ (5,6) y ‘L 81-61’ (Jutiapa) (5,6), con valores similares a los obtenidos por los testigos ‘XAN 112’ (5.8), e inferiores al testigo ‘Catrachita’ (8,8) frente al aislamiento cubano 527 de *Xap* (pruebas anteriores) (Tabla 14). Estos resultados permiten afirmar que los

cultivares antes mencionados presentaron un comportamiento similar en cuanto a la resistencia, frente a dos aislamientos patogénicos de *Xap* de origen diferente.

Tabla 14. Reacción en el follaje frente a los aislamientos EAP 9506 de Honduras y *Xap* 527, en los cultivares con genes de resistencia a Bacteriosis común, de Cuba y presencia de los marcadores SCAR SAP6 y SU 91.

Cultivares	Reacción en follaje				SCAR para <i>Xap</i> ³	
	EAP 9506	Categoría	<i>Xap</i> 527	Categoría	SAP6	SU91
AFR 362	6.1	I	7.6	S	+	-
AFR 603	7.5	S	7.5	S	-	-
NY 793755-2	8.1	S	6.6	I	+	-
CORNELL BULK 10392	8.0	S	6.9	I	+	-
L 81-61 (JUTIAPA)	5.6	I	6,4	I	+	-
PI 325761	5.5	I	5.8	I	-	-
RXAH 182741-C	5.6	I	6.3	I	+	+
XAN 91.	5.5	I	7.6	S	-	-
XAN 155	8.5	S	5.4	I	+	-
XAN 159	5.5	I	5.4	I	+	+
XAN 273	8.3	S	6.7	I	-	-
XAN 280	7.5	S	5.3	I	-	-
XAN 286.	7.8	S	5.3	I	-	-
XR 16633.	8.5	S	7.5	S	-	-
CUT 53	7.5	S	5.6	I	-	-
CUT 49	8.1	S	6.5	I	-	-
CUT 45	8.5	S	5.1	I	+	-
XAN 112 (T.R.1)	5.8	I	5.1	I	+	-
Catrachita (T.S.2)	8.8	S	-	-	-	-

EAP: aislamiento patogénico de Honduras; *Xap*: aislamiento patogénico de Cuba. ¹ Evaluación de la severidad de la reacción al patógeno según, Sistema estándar para la evaluación de germoplasma de frijol, donde: 1,2,3 = resistente (R); 4,5,6 = Intermedio (I); 7,8,9 = Susceptible (S) (CIAT, 1981b). "+ " Representan los cultivares que llevan el marcador SCAR SU91 y SAP 6 " - " representa los genotipo que no llevan el marcador SCAR SU91 y SAP6.

Sin embargo, otros como AFR 362, XAN 91 presentaron reacción intermedia frente a EAP 9507 de Honduras, pero susceptible frente al aislamiento 527 de *Xap* de Cuba. El resto de los cultivares presentaron reacciones de susceptibilidad entre 7,5 y 9,0. Resultados similares fueron expuestos por McElroy (1985), Wolfang (1999), Barrera (2001) y Zapata (2001), quienes

afirmaron que algunos cultivares considerados como resistentes en una región o país, se muestran susceptibles a los aislamientos de Bacteriosis común de otros países.

Las diferencias de reacción en el follaje frente a ambos aislamientos pueden estar determinadas por la patogenicidad de los aislamientos utilizados en este estudio y la no expresión de la resistencia de estos cultivares frente a dos aislamientos patogénicos de diferentes orígenes, EAP 9506 aislado en Honduras y el *Xap* 527 en Cuba. La incorporación de resistencia genética a los cultivos, ejerce una presión de selección sobre el patógeno, que evoluciona para vencer esa resistencia; por esto es importante conocer la variabilidad de los patógenos hacia los que se desea obtener la resistencia.

En el mismo sitio en que se originó una especie, lo hicieron también sus patógenos, los cuales muestran gran variabilidad en esos sitios (Navarrete - Maya *et al.*, 1996). Flor, 1955, citado por Navarrete – Maya (1996), fue el primero en postular que por cada gen que condiciona resistencia en el hospedante, hay un gen que condiciona la patogenicidad, dando origen así a la “Teoría de un Gen por un Gen”.

La inoculación con los dos aislamientos en las pruebas de resistencia a esta enfermedad demostró que el uso de aislamientos de *Xap* con diferentes patogenicidades permite hacer una selección más efectiva de aquellas líneas y cultivares con resistencia y/o tolerancia a los dos aislamientos. Se destacan con una reacción intermedia frente a los aislamientos patogénicos de 527 de *Xap* de Cuba y EAP 9506 de Honduras, las líneas ‘XAN 159’, ‘PI325761’, ‘RXAH 182741-C’ y ‘L8161 (Jutiapa)’.

4.3.2 Líneas de frijol del Programa de Investigación de frijol (PIF), de Honduras y del CIAT de Colombia.

Las evaluaciones realizadas a las líneas procedentes de la cruce de Tío Canela/VAX 6, del PIF de Honduras (Tabla 15), permitió afirmar que estas fueron resistentes frente al aislamiento EAP 9506. Los testigos presentaron reacción de susceptibilidad frente a este patógeno, alcanzando valores reacción de 8,8, según la escala empleada.

Al observar el comportamiento de las líneas del programa de mejoramiento del CIAT, se destacaron VAX 6 (1,8), VAX 3 (2,5), VAX 5 (2,7), con reacciones de resistencia en follaje frente al aislamiento EAP 9506, seguidas de VAX 1 (4,2), VAX 2 (5,0) y VAX 4 (6,1) con reacción intermedia. Esto pueden deberse a los altos niveles de resistencia de las líneas VAX, las cuales provienen de la piramidación de genes entre frijol común y frijol tepary (*Phaseolus accutifolius*), lo que les confiere altos niveles de resistencia a este patógeno y mejor adaptación a las condiciones en los trópicos. (Asencio – Manzanera *et al.*, 2005; Beaver y Osorio, 2009 y Terán y Singh 2010a).

Resultados similares fueron expuestos por Barrera (2001) al evaluar algunas de estas líneas en condiciones controladas e inoculadas con aislamientos de *Xap*, donde destacó la resistencia de las líneas VAX 6 y VAX 3 de Colombia (Singh *et al.*, 2001 y 2008 a y b).

En general, todas las líneas del PIF de Honduras presentaron valores de reacción de resistente e intermedio. Pero se destacan con los más bajos X0104-45-3-5-5 (2,3), X0104-45-5-1-4 (2,5), X0104-37-5-3-4 (2,7), X069-153-9-4-3-2 (2,7), por debajo de los obtenidos por los testigos Tío Canela y Catrachita (Tabla 15), con susceptibilidad de 8,8. Los valores obtenidos las líneas del PIF de Honduras, derivadas de la cruce Tío Canela /VAX6, pueden estar determinados por el aporte que brindó uno de sus progenitor VAX 6 quien les confirió los genes de resistencia a

este patógeno lo que les permitió obtener reacciones de resistencia en follaje frente a al aislamiento EAP 9506 .

Tabla 15. Reacción en el follaje frente a los aislamientos EAP 9506 de Honduras de las líneas del CIAT de Colombia y del PIF de Honduras y presencia de los marcadores SCAR SAP6 y SU 91.

Cultivares	Reacción en Follaje		SCAR para <i>Xap</i> ³	
	EAP 9506	Categoría ¹	SAP6	SU91
VAX 1	4,2	I	+	+
VAX 2	5,0	I	No ⁴	No ⁴
VAX 3	2,5	R	No ⁴	No ⁴
VAX 4	6,1	I	No ⁴	No ⁴
VAX 5	2,7	R	+	+
VAX 6	1,8	R	+	+
X069-157-8-5-2-5	3,0	R	+	+
X069-153-9-4-3-2	2,7	R	+	+
X069-153-9-4-3-3	3,5	I	+	+
X069-153-9-4-3-5	3,3	I	+	+
X069-157-12-5-1-4	3,7	I	+	+
X069-157-14-4-1-3	2,8	R	+	+
X069-157-14-4-3-1	3,3	I	+	+
X069-157-14-4-5-5	3,0	R	+	+
X0104-37-5-3-4	2,7	R	+	+
X0104-38-2-1-1	3,7	I	+	+
X0104-45-3-5-5	2,3	R	+	+
X0104-45-5-1-4	2,5	R	+	+
X0104-52-5-5-3	2,8	R	+	+
X0104-52-5-5-5	3,3	I	+	+
X0104-52-5-5-6	3,7	I	+	+
X0104-52-5-6-2	3,3	I	+	+
Tío Canela 75 (T.)	8,8	S	+	-
Catrachita (T)	8,8	S	-	-

EAP: aislamiento patogénico de Honduras; *Xap*: aislamiento patogénico de Cuba. ¹ Evaluación de la severidad de la reacción al patógeno según, Sistema estándar para la evaluación de germoplasma de frijol, donde: 1,2,3 = resistente (R); 4,5,6 = Intermedio (I); 7,8,9 = Susceptible (S) (CIAT, 1981b).³ "+" " Representan los cultivares que llevan el marcador SCAR SU91 y SAP 6 "-" " representa los genotipo que no llevan el marcador SCAR SU91 y SAP6. ⁴No: no se evaluaron con los marcadores SCAR.

La incorporación de estas VAX 6 , VAX 3, VAX 5, con reacciones de resistencia en follaje frente al aislamiento EAP 9506, seguidas de VAX 1, VAX 2 y VAX 4 con reacción intermedia, así como, todas las líneas provenientes de la cruce 'Tío Canela'/VAX 6 al Programa de Mejora Nacional y su posterior evaluación frente a aislamientos cubanos de *Xap*, en condiciones a cielo

abierto o controladas, pueden tener mucho valor ya que estas pueden constituir nuevas fuentes de resistencias a *Xap*, posibles padres donantes de genes y futuros cultivares con resistencia a Bacteriosis común.

4.4 Identificación de marcadores moleculares SCAR (SAP 6 y SU91) ligados a genes de resistencia a bacteriosis común

Al evaluar de forma independiente la presencia o no de los marcadores SCAR SAP6 y SU9, asociados a los genes de resistencia a *Xap* en las líneas y cultivares estudiados, de Cuba, Honduras y Colombia (Figuras de la 11 a la 16), se observó que solo un grupo de ellos presentaron los QTL (loci de caracteres cuantitativos) de resistencia a este patógeno.

En los cultivares comerciales el empleo del marcador SAP 6 (Figura 11 y Tabla 13), identificó la presencia del QTL asociado a la resistencia a *Xap*, en: ‘CC- 25 9 (N)’, ‘Bolita 42’, ‘BAT 832’, ‘CC - 25 9 (R)’, ‘Guamá 23’ y ‘Bonita 11’. Sin embargo, todos ellos fueron susceptibles frente a las inoculaciones con los aislamientos 527 de Cuba y EAP 9506 de Honduras, exceptuando a ‘Guamá 23’ con una reacción intermedia, solo para *Xap* 527. En estos resultado queda claro que la presencia del marcador SAP 6 no influyó en la expresión de la resistencia a Bacteriosis común en los cultivares comerciales de Cuba, lo cual muestra que este marcador no presenta genes compatibles con los genes de patogenicidad de estos aislamientos.

En los cultivares con genes de resistencia, la presencia del marcador SAP 6 se identificó solo en algunos, ellos son; ‘AFR 362’, ‘NY 793755-2’, ‘CORNELL BULK 10392’, ‘L 81-61’ (JUTIAPA), ‘RXAH 182741-C’, ‘XAN 155’, ‘XAN 159’, testigo ‘XAN 112’ y en la línea CUT 45 (Figura 12 y Tabla 14), sin embargo, dicha presencia, al igual que en los cultivares comerciales, no estuvo en correspondencia con la reacción de susceptibilidad expresada por ellos, frente a las inoculaciones con el aislamientos EAP 9506, siendo: ‘AFR 603’ (7,5), ‘NY

793755-2' (8,1), 'XAN 155'(8,5) y la línea CUT 45 (8,5), no ocurriendo lo mismo, frente al aislamiento cubano *Xap 527*, donde casi todos presentaron reacción intermedia, exceptuando a AFR 362 con susceptibilidad de 7,6. Esto muestra, que la presencia del gen asociado a este QTL no fue suficiente para inducir reacciones de resistencia a estos cultivares frente a los aislamientos EAP 9605 y *Xap 527*.

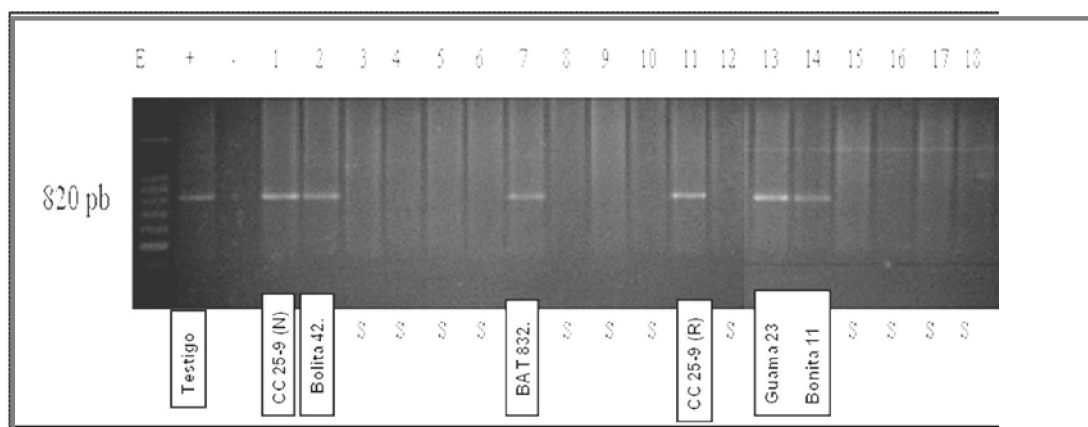


Figura 11: Secuencias de electroforesis, generadas con el marcador SCAR SAP6 (QTL) en los cultivares comerciales de frijol de Cuba. + = testigo con el marcador SAP6 (Tío Canela) y - = testigo sin el gen SAP6 (Catrachita), E = marcador de 100 pb. Números del 1 - 18 = corresponden a cada cultivar evaluado, S= cultivares que no presentaron el marcador SAP 6.

La resistencia a bacteriosis en el frijol común, es un rasgo cuantitativo, y como puede verse en los casos expuestos anteriormente, el nivel de resistencia conferido por un solo QTL es parcial, o sea, no es suficiente para que estos cultivares logren una reacción de resistencia frente la acción de estos aislamientos patogénicos. Al respecto Castro *et al.* (2003) afirmaron que el desarrollo de líneas mejoradas por el método de pirimidación de genes (acumulación de QTL de resistencia) de varias fuentes de resistencia podría ayudar a aumentar los niveles de resistencia conferidos por un solo QTL.

Mutlu *et al.* (2005); Shwartz *et al.* (2003 y2006); Singh *et al.* (2009b); O'Boyle *et al.* (2007) emplearon la pirimidación de múltiples QTL para la resistencia Bacteriosis común y la

combinación de múltiples QTL proporcionó un mayor nivel de resistencia, que el conferido exclusivamente por un solo QTL.

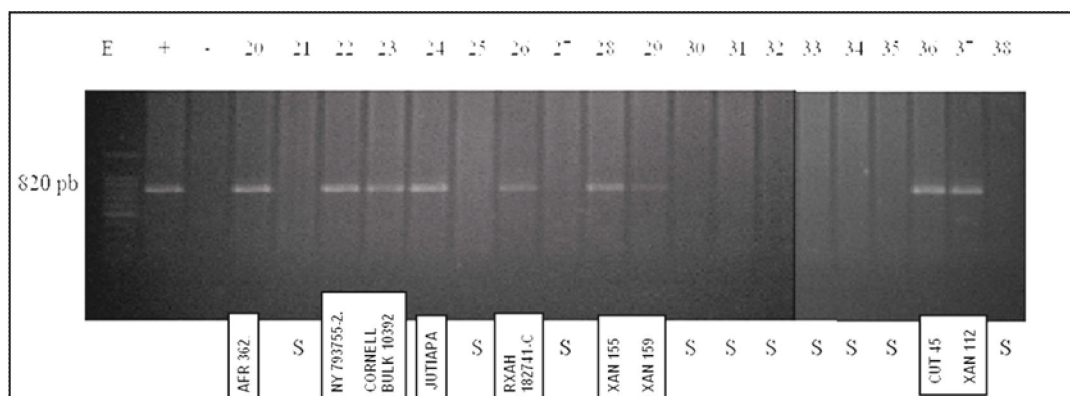


Figura 12: Secuencias de electroforesis, generadas con el marcador SCAR SAP6 (QTL) en cultivares con resistencia a Bacteriosis común. + = testigo con el marcador SAP6 (Tío Canela) y - = testigo sin el gen SAP6 (Catrachita), E = marcador de 100 pb. Números del 20 - 38 = corresponden a cada cultivar evaluado, S= cultivares que no presentaron el marcador SAP 6.

Al emplearse el marcador SU91 en los cultivares de Cuba, ninguno de los cultivares comerciales, presentó el QTL de resistencia a *Xap* (Tabla 13). En los cultivares con resistencia a Bacteriosis común, solo se observó la presencia del marcador SU91 en los cultivares ‘RXAH 182741-C’ y ‘XAN 159’ (Tabla 14 y Figura 13). Esto pudo haber influido en los valores de reacción de alta susceptibilidad expresados por los cultivares comerciales y los cultivares con genes de resistencia de Cuba, que no presentaron este marcador, frente al aislamiento EAP 9506 de Honduras.

En los cultivar ‘RXAH 182741-C’ y ‘XAN 159’ (con bandas +) se observaron reacción intermedia frente al aislamiento EAP 9506 de Honduras y *Xap* 527 de Cuba, en estos casos si hubo correspondencia entre la presencia de los marcadores y la expresión de la resistencia frente a estos aislamientos patogénicos. Muchos mejoradores han identificado al cultivar ‘XAN 159’, como padre donante del QTL ligado al marcador SU91, que condiciona la resistencia a

Xap, este cultivar es reconocida hoy, como una de las fuentes genéticas de mayor importancia, empleada en los programas de mejora en la región (; Kelly *et al.*, 2003; Miklas *et al.*, 2003; Zabala 2003; Mutlu *et al.*, 2008 y Liu *et al.*, 2008 y 2010).

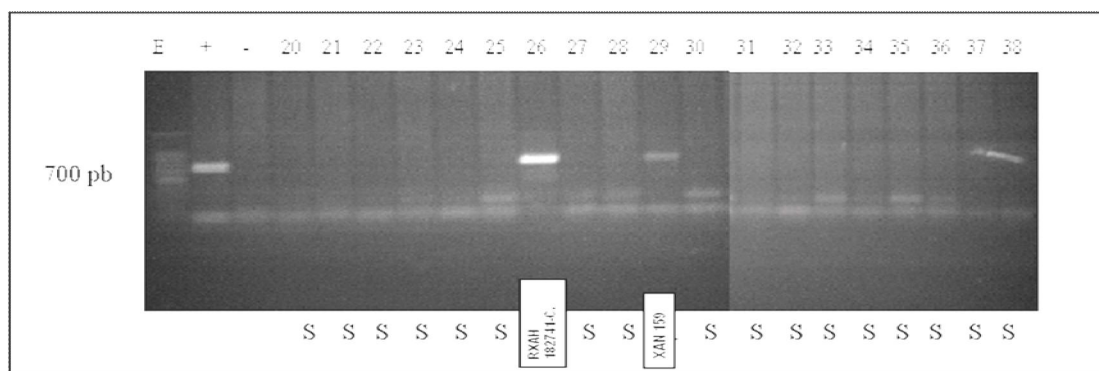


Figura 13: Secuencias de Electroforesis, generadas con el marcador SCAR SU91 (QTL) en cultivares con genes de resistencia de Cuba. + = testigo con el marcador SU 91 (Tío Canela) y - = testigo sin el gen SU 91 (Catrachita), E = marcador de 100 pb. Números del 20- 38 = corresponden a cada cultivar evaluado, S= cultivares que no presentaron el marcador SU 91.

El cultivar ‘PI 32576’, a pesar de no poseer los marcadores SAP6 y SU91, presentó reacciones intermedias de 5.5 y 5.8 frente los dos aislamientos inoculados (Tabla 14). Una vez más se pone de manifiesto, que la presencia o no de estos marcadores no confiere una protección completa frente a aislamientos patogénicos de Bacteriosis común ya que pueden existir otros genes que confieren resistencia a este patógeno y que no estén marcados por los SCAR SAP6 y SU91. Esto confirma la necesidad de realizar retrocruzas que combinen varias fuentes genéticas y lograr nuevas líneas con resistencia a aislamientos virulentos y patogénicos, de diferentes regiones geográficas.

En las líneas procedentes del CIAT, Colombia y las líneas del PIF de Honduras, se identificó la presencia del marcador SAP6 (Figura 14). En estos casos si existió una correspondencia entre la expresión de la resistencia en las reacciones frente al aislamiento EAP 9506 y la presencia de

los marcadores estudiados (Tabla 15). Los resultados obtenidos fueron los esperados, ya que estas líneas del PIF, fueron generadas de un cruzamiento que combina como progenitores a VAX 6 (donante de los marcador SAP6 y SU91) y ‘Tío Canela’.

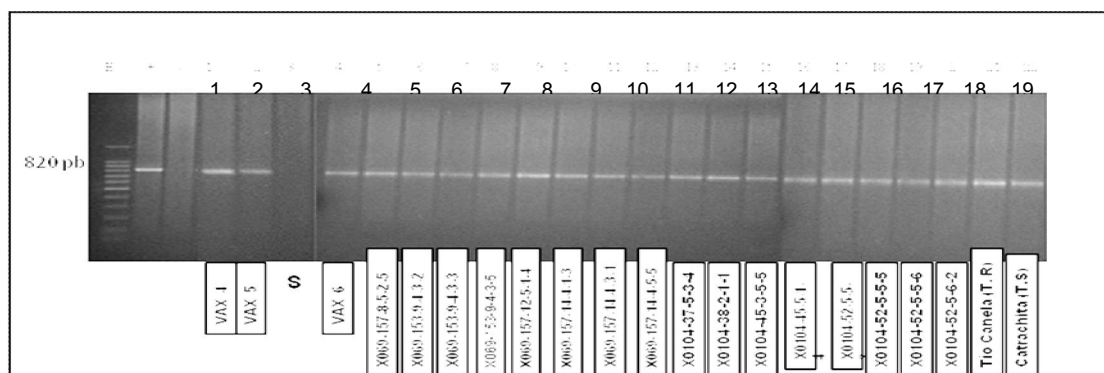


Figura 14: Secuencias de electroforesis, generadas con el marcador SCAR SAP6 (QTL) en las líneas del PIF de Zamorano. + = testigo con el marcador SAP6 (Tío Canela) y - = testigo sin el gen SAP6 (Catrachita), E = marcador de 100 pb. Números del 1 - 22 = corresponden a cada línea evaluada, S= líneas que no presentaron el marcador SAP 6.

El marcador SU91 (Figura 15), se identificó solo en VAX 1, VAX 5 y VAX 6 (Tabla 15), evidenciando una correspondencia con la presencia de este marcador y la reacción de resistencia en follaje frente a la inoculación del aislamiento EAP 9506. Esto se justifica, ya que estas líneas son el resultado de mejoramiento genético mediante la piramidación de diferentes fuentes de genéticas del genero *Phaseolus*, lo cual dio como resultados la generación de VAX 5 y VAX 6 con niveles elevados de resistencia a aislamientos patogénicos de Bacteriosis común, incluyendo a EAP 9506 de Honduras.

Trabajos realizados en la región por Singh *et al.* (2008b) y (2009a), Terán *et al.* (2009) y Terán y Singh (2010b), muestran a las líneas VAX con reacciones de resistencia e intermedia frente a aislamientos patogénicos de Bacteriosis común, lo cual lo atribuyen, a la presencia de un gen mayor incorporado a través de trabajos de retrocruzas entre *P. vulgaris* y *P. acutifolius*.

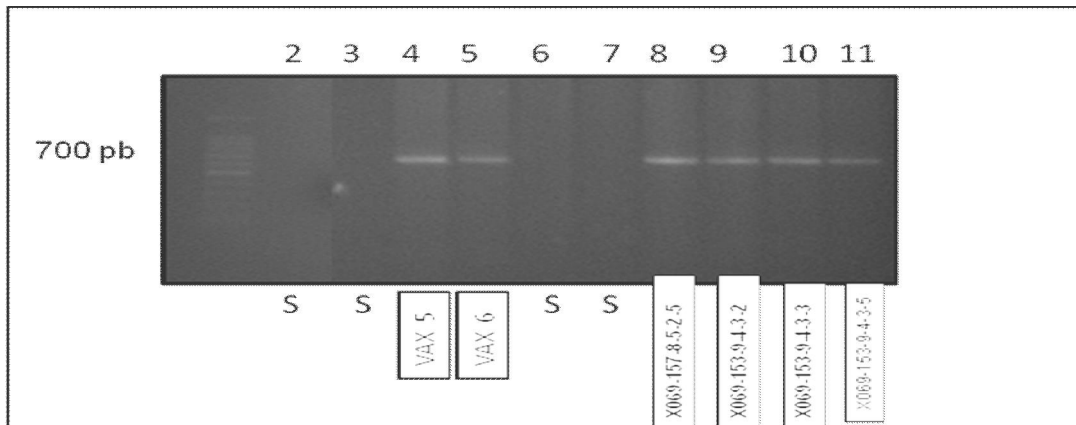


Figura 15: Secuencias de electroforesis, generadas con el marcador SCAR SU91 (QTL) en las líneas del CIAT y del PIF de Zamorano. + = testigo con el marcador SU 91 (Tío Canela) y - = testigo sin el gen SU 91 (Catrachita), E = marcador de 100 pb. Números del 2- 11 = corresponden a cada línea evaluado, S= líneas que no presentaron el marcador SU91.

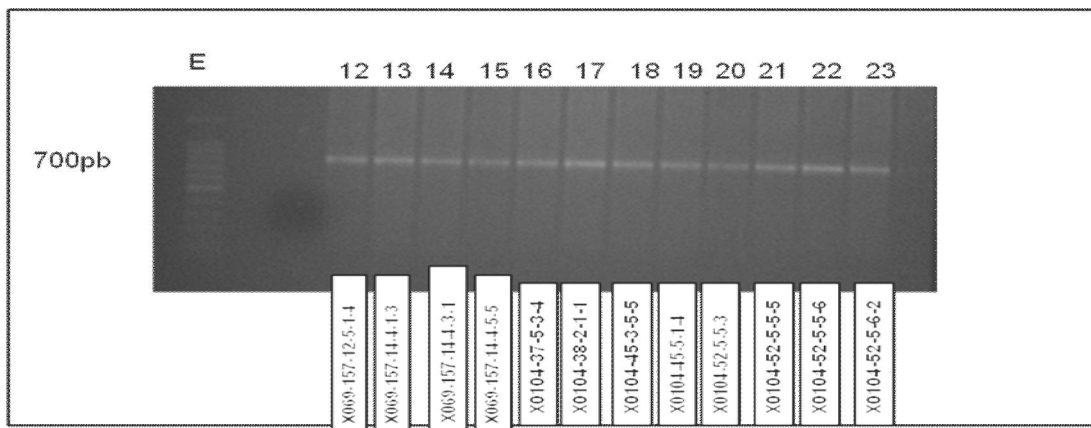


Figura 16: Secuencias de electroforesis, generadas con el marcador SCAR SU91 (QTL) en líneas del PIF de Zamorano. + = testigo con el marcador SU 91 (Tío Canela) y - = testigo sin el gen SU 91 (Catrachita), E = marcador de 100 pb. Números del 12- 23 = corresponden a cada línea evaluado, S= líneas que no presentaron el marcador SU 91.

Para las líneas del PIF de Zamorano, se observó la presencia del marcador SU91 en todas ellas, existiendo una total correspondencia entre la presencia de este marcador y los valores de reacción en hojas frente a la inoculación del aislamiento EAP 9506, los que oscilaron entre los

rangos de resistentes e intermedios (Figura 15 y 16). Los controles empleados en este estudio no presentaron el QTL asociado al marcador SCAR SU91.

En estos resultados se muestra además, la presencia o no de los marcadores SCAR SAP 6 y SU 91 de forma independiente o de conjunto, en los cultivares estudiados.

La presencia de los marcadores SU91 y SAP6, no siempre coincidió con las reacciones de resistencia frente a los aislamientos EAP 9506 y *Xap* 527. Tal es el caso de los cultivares comerciales y con genes de resistencia de Cuba, a pesar de que se pudo notar que en todos los que presentaron el marcador de SAP6 o SU91 de forma independiente, fueron menores los niveles de susceptibilidad frente a ambos aislamientos, con respecto a las reacciones de los cultivares que no presentaron ninguno de los dos marcadores.

Es importante resaltar que el cultivar 'XAN 159' y las líneas VAX 3, VAX 5 y VAX 6 presentaron el marcador SCAR SU91 de conjunto con SAP6, esto puede haber influido en la expresión de los niveles de reacción intermedia y de resistencia frente a los dos aislamientos estudiados. La presencia del marcador SU91, parece haber influido en la expresión de niveles más bajos de resistencia frente a los aislamientos estudiados, lo cual resulta lógico, ya que ambos marcadores de forma conjunta, pueden conferir en algunos casos una mayor resistencia.

Miklas *et al.* (2000a); Kelly *et al.* (2003); Miklas y Singh. (2006c y); Duncan *et al.* (2007); Miklas (2007); y Maxwell *et al.* (2007) plantearon que en la Selección Asistida por Marcadores (MAS) para el caso de *Xap*, existen dos: SCAR (SAP6 y SU91), que permiten seleccionar para tres QTLs independientes en grupos de ligamiento distintos (B6, B8 y B10), lo cual tiene un efecto importante en el estudio de la resistencia a este patógeno.

El empleo de los marcadores moleculares constituyó un aporte importante en estos resultados, ya que estos facilitaron y aumentaron la eficiencia de la selección de líneas con genes ligados a

estos marcadores, así como, nos permitió verificar si existió correspondencia o no entre la presencia de los marcadores SCAR SAP 6 y SU 91 con los niveles de resistencias expresados por todos los cultivares y líneas estudiados, frente a los aislamientos 527 de *Xap* de Cuba y EAP 9506 de Honduras.

La utilización de esta técnica como herramienta genómica por los mejoradores del cultivo, aumentaría la posibilidad de seleccionar cultivares muy resistentes. Permitiría, además, la posibilidad de disminuir el número de inoculaciones y el espacio requerido para el montaje de los ensayos, e incrementaría considerablemente la eficiencia de los programas de mejora genética.

Sin embargo, los resultados de nuestro estudio demuestran que: las evaluaciones de campo son indispensables en la selección de germoplasma de frijol para el mejoramiento de la resistencia a Bacteriosis común y que el empleo de la selección asistida por marcadores moleculares (MAS) en los programas de mejora genética, no excluye la necesidad de realizar evaluaciones fenotípicas directas en campo, para la resistencia a *Xap*.

CAPÍTULO 5. CONCLUSIONES

1. La caracterización morfológica y genético-molecular realizada a los aislamientos cubanos, permitió identificar 10 de ellos como *Xanthomonas axonopodis* pv. *phaseoli* y 2 como *Xanthomonas axonopodis* pv. *phaseoli* var. *fuscans*. Se identificó a los aislamientos 527 y 530 como los más patogénicos.
2. Existe variabilidad en la reacción de los genotipos de frijol frente al aislamiento cubano de Bacteriosis común (*Xanthomonas axonopodis* pv. *phaseoli* (*Xap*)), lo cual permitió seleccionar a los cultivares comerciales ‘Hatuey 24’, ‘M-112’, ‘Chévere’ y ‘Engañador’; a las líneas CUT 45, CUT 49, CUT 53 y CUT 57, así como, a los cultivares con genes de resistencia ‘XAN 155’, ‘XAN 280’, ‘XAN 286’ y ‘XAN 159’, como los más tolerantes al ataque del mismo.
3. Todos los cultivares comerciales fueron susceptibles frente al aislamiento EAP 9506 de Honduras, mientras que, los cultivares ‘XAN 159’, ‘PI325761’, ‘RXAH 182741-C’ y ‘L81 61 (Jutiapa)’ presentaron reacción intermedia frente a este aislamiento hondureño.
4. Los daños causados por Bacteriosis común en el follaje y en las vainas, producto de la inoculación con el aislamiento *Xap* 527, determinó la disminución del rendimiento en los cultivares y líneas de frijol estudiados en campo.
5. Los cultivares comerciales y líneas del Programa de Mejora Nacional no poseen el marcador SCAR SU91 y si el SAP 6. No en todos los casos existió correspondencia con la presencia del marcador SAP 6 y las reacciones de resistencia frente a los aislados *Xap* 527 de Cuba y EAP 9506 de Honduras.
6. El marcador SCAR SU91 estuvo presente en todas líneas del Programa de Investigación de frijol de Honduras y de Colombia, excepto en VAX 2, existiendo

correspondencia con la presencia de este marcador y las reacciones de resistencia de las líneas frente al aislamiento EAP 9506 de Honduras.

7. El empleo de los marcadores SCAR SAP 6 y SU 91 permitió identificar la presencia de QTL ligados a genes de resistencia a Bacteriosis común, en los cultivares comerciales, líneas avanzadas del Programa de Mejora Nacional y cultivares con genes de resistencia de Cuba, así como, en las líneas del Programa de Investigación de Frijol de Honduras y las líneas del Centro Internacional de Agricultura Tropical de Colombia.

CAPÍTULO 6. RECOMENDACIONES

1. Utilizar como progenitores los cultivares comerciales ‘Hatuey 24’, ‘M-112’, ‘Chévere’ y ‘Engañador’, las líneas avanzadas CUT 53, CUT 45, CUT 49 y CUT 57, así como, los cultivares con genes de resistencia ‘XAN 155’, ‘XAN 159’, ‘XAN 280’ y ‘XAN 286’ con resistencia y/o tolerancia a los aislamientos 527 de *Xap* y EAP 9506 en el Programa de Mejora Nacional del cultivo del frijol.
2. Incorporar los resultados de la evaluación de cultivares comerciales por su reacción a los aislamientos de *Xap* de Cuba y de Honduras, obtenidos en este estudio, a la base de datos de germoplasmas de frijol común, manejado por la Empresa de semillas del Ministerio de la Agricultura, incrementando así su valor documental y el uso eficiente de este recurso.
3. Profundizar en el estudio de las bases genéticas de los cultivares cubanos de frijol común, así como, incorporar la Selección Asistida por marcadores moleculares en el cultivo del frijol para la resistencia a la Bacteriosis común y otras enfermedades de interés.
4. Incorporar los resultados obtenidos en los programas de estudio de pre y postgrado, así como su empleo en futuras investigaciones relacionadas con el mejoramiento del frijol.

REFERENCIAS BIBLIOGRÁFICAS

1. **Adams, M.W; Kelly, J. D; García. E. R; Castillo, G. F; Syoval, I. J. S.** 2004. Selección por resistencia a Bacteriosis común en frijol. *Revista Fitotecnia Mexicana*. 27 (2): 141-147.
2. **Aggour, A. R. y Coyne, D. P.** 1989a. Heredability phenotypic correlation; y association of the common blight disease reactions in beans. *J. Amer. Soc. Hort. Sci.* 114 (5): 828-833.
3. **Aggour, A. R; Coyne, D. P. y Vidaver, A. K.** 1989b. Comparison of leaf y pod disease reaction of beans (*Phaseolus vulgaris* L.) inoculated by different methods with strains of *Xanthomonas campestris* pv. *phaseoli* (Smith) Dye. *Euphytica* 43: 143- 152.
4. **Alfonso, L. C. A; Avilés, P. R; Challioux, L. M.** 1996. Manual práctico para la producción de frijol. Ed. por Marisa Chailloux Laffita. Santo Domingo. R. Dominicana. Aguiar S.A. 36 p.
5. **Araya, C. M; Hernández, J. C.** 2008. Guía para identificación de las enfermedades del frijol más comunes en Costa Rica, Costa Rica: 36 p.
6. **Arnaud- Santana. E y Coyne, D. P.** 1996. Herencia y relación de la reacción a la bacteriosis común y días a floración en habichuelas (*Phaseolus vulgaris* L.). *J. Agric. Univ.* 80 (3): 95-109.
7. **Aranda, R.** 2000. Uso de marcadores moleculares SCAR para el mejoramiento de la resistencia del virus del mosaico dorado amarillo en frijol común. Tesis presentada en opción al título de Ingeniero Agrónomo. Escuela Agrícola Panamericana/Zamorano. Honduras. 78 p.

8. **Asensio-Manzanera, M. C; Asensio C; y Singh, S. P.** 2005. Introgressing resistance to bacterial y viral diseases from the Middle American to yean common bean. *Euphytica*. 143: 223–228.
9. **Asensio-Manzanera, M. C; Asensio, C. y Singh, S. P.** 2006. Gamete selection for resistance to common y halo bacterial. *Crop Sci.* 46:131–135.
10. **Asensio-Manzanera, M.C.** 2001. Uso del método de ‘Selección de Gametos’ en la mejora genética de la resistencia a *Xanthomonas axonopodis* pv. *phaseoli* y *Pseudomonas savastanoi* pv. *phaseolicola* en tipos varietales de judías (*Phaseolus vulgaris* L.) de Castilla y León. Tesis presentada en opción del grado científico de Doctor en Ciencias Agrícolas. Universidad de Lleida. España. 120 p.
11. **Asensio-Manzanera, M. C.; Asensio, C.; López, R.** 2003. Comparison of Aspersion y Multiple-Needles Inoculations for Selection in the Field for Halo Blight Resistance in Common Bean Populations. *Bean Improvement Cooperative Annual Report*; 46: 201-202.
12. **Asensio-Manzanera, M. C; Asensio, C; López, R; Camacho, M.** 2002. Effectiveness of F1-selection for simultaneous improvement of resistance to bacterial blights. *Bean Improvement Cooperative Annual Report*. 45: 88-89.
13. **Balzani, M. G; Gonzalez, L;Tablada, M; Di Rienzo J. A; Robledo, C. W.** 2008. Infostat. Manual del usuario. Editora Bruja, Córdoba, Argentina, 156 p.
14. **Barrera, C.** 2001. Uso de técnicas convencionales y moleculares para el mejoramiento de la resistencia a la Bacteriosis Común y al Virus del Mosaico Dorado Amarillo del frijol común. Tesis presentada en opción del título de Ingeniero Agrónomo. Escuela Agrícola Panamericana/Zamorano. Honduras. 44 p.

15. **Beaver, S. J y Osorio, J. M.** 2009. Achievement y limitation of contemporary common bean breeding using conventional y molecular approaches. *Rev. Euphytica*. 168: 145 – 175.
16. **Beaver S. J.** 2007. Bean breeding scale. Univ. Mayagüez, Puerto Rico. 8 p.
17. **Beebe, S; Renjifo J; Gaitan E; Duque M.C y Tohme J.** 2001. Diversity y origin of Yean lyrace of common beans. *Crop Scienc.* 41: 854- 862.
18. **Beebe S; Skroch P. W; Tohme J; Duque M. C; Pedraza, F. y Nienhuis J.** 2000. Structure of Genetic Diversity among common bean races of Middle Americans Origin based on correspondence analysis of RAPD. *Crop Science.* 40: 264- 273.
19. **Beebe, S. E. y Pastor-Corrales, M. A.** 1991. Breeding for disease resistance. In: A. van Schoonhoven y O. Voysest. (eds). *Common beans: Research for Crop Improvement.* C. A. B. International y CIAT. Colombia.1990. 561-617.
20. **Blair, M.W.** 2010. Diversidad de frijol común cultivado. Herramientas genómicas para el mejoramiento del frijol. Curso-Taller. Programa Genoma-CYTED. La Antigua Guatemala. Guatemala; 19 al 23 de julio del 2010.
21. **Blair, M. W; Pantoja, W. D; Hidalgo, R.** 2007. Diversidad de faseolina en frijol común cultivado del Caribe. *Acta Agron.* 56 (4): 171- 176.
22. **Cafatti, C. R. y Saettler, A. W.** 1980. Transmission of *Xanthomonas phaseoli* in seed of resistance y susceptible *Phaseolus* genotypes. *Phytopathology.* 70: 638-640.
23. **Carvalho- Núñez, W. M; Corazza, M; Aparecida, S. M; Eurya, E. K.** 2008. Caracterización de aislamientos de *Xanthomonas axonompodis* pv. *phaseoli*. *Summa Phythopathol.* 34 (3): 567 -579.

24. **Castillo, J.G.** 2010. Estimación de la variabilidad genética del germoplasma de papa (*Solanum* L. secc. Petota) en Cuba; para caracteres de interés Agrícola. Tesis para la opción de grado de Doctor en Ciencias Agrícolas. Mayabeque. Cuba. 149 p.
25. **Castro, A. J; Chen X; Corey, A; Filichkina, T; Hayes, P.M; Mundt, C; Richardson, K; Syoval-Islas, S; y Vivar, H.** 2003. Pyramiding y validation of quantitative trait locus (QTL) alleles determining resistance to barley stripe rust: effects on adult plant resistance. *Crop. Sci.* 43: 2234–2239.
26. **CIAT (Centro Internacional de Agricultura Tropical).** 1981a. Enfermedades bacterianas del frijol: Identificación y control. Guía de Estudio. Palmira. Colombia: 11-13.
27. **CIAT (Centro Internacional de Agricultura Tropical).** 1981b. Sistema estándar para la evaluación de germoplasma de frijol. En: A. van Schoonhoven y Pastor-Corrales, M. A, (eds) Palmira, Colombia 56 p.
28. **CIAT (Centro Internacional de Agricultura Tropical).** 1995. Protocolos para Marcadores Moleculares. En: Unidad de Investigación de Biotecnología. Palmira, Colombia: 82 p.
29. **Clafin, L. E; Vidaver, A. K. y Sasser, M.** 1987. MXP: a semi-selective medium for *Xanthomonas campestris* pv. *phaseoli*. *Phytopathology.* 77: 730 – 734.
30. **Coyne; D. P. y Schuster, M. L.** 1974. Breeding y genetic studies of tolerance to several bean (*Phaseolus vulgaris* L.) bacterial pathogens. *Euphytica.* 23 (3): 651- 656.
31. **Coyne; D. P. y Schuster, M. L.** 1970. “Jules”; a Great Northern dry bean variety tolerant to common blight bacterium. *Plant Disease Report; Washington.* 54. 557-559.

32. **Cruz-Izquierdo, S; Vallejo, P. R; Espinosa, G. R; González, C. F; Islas, S. S.** 2004. Selección para resistencia a Tizón común en frijol. *Revista Fitotecnia Mexicana* 27 (2): 141-147.
33. **Cruz-Izquierdo, S; Vallejo, P. R; Bolaños, T. B; Ramírez, R. I; Espinosa, G. R; Islas, S. S y González, C. F.** 2001. Producción masiva de *Xanthomonas axonopodis* pv. *phaseoli* (Smith) Dye. *Agrociencia*. 35: 575-581.
34. **Cubero, J. y Graham, H.** 2002. Genetic relationship among worldwide strains of *Xanthomonas* causing canker in citrus and design of new primer for their identification by PCR. *Applied and Environment Microbiology*. 68(3): 1257- 1264.
35. **Debouck, D. G. y Smartt, J.** 1995. Beans: *Phaseolus* spp. (*Leguminosae - papilionidae*). . En: Smart, J. y Simmonds, N. W. (eds.). *Evolution of crop plant*. 2^{da} Edit. Longman Scientific & Technical; U.K: 294-297.
36. **Delgado-Salinas, A.** 1985. Systematic of the genes *Phaseolus* (*Leguminosae*) in North y Central America. PhD Thesis; University of Texas; Austin; Texas; USA, 363 pp.
37. **Delgado-Salinas, A; Bibler, R. y Matt, J.** 2006. Phylogeny of the genus *Phaseolus* (*Leguminosae*): A recent diversification in an Ancient Lyscape. *Systematic Botany*. 31(4): 779 – 791.
38. **Di Rienzo J. A; Casanova, F; Balzani, M. G; González, L; Tablada, M; Robledo, C. W.** 2011. Infostat Versión 2011. Grupo Infostat, FCA, Universidad Nacional de Cordovas, Argentina. URL. <http://www.infostat.com.ar>
39. **Dowson; W.**1943. On the genetic names. *Pseudomonas; Xanthomonas* y *Bacterium* for certain bacterial plant pathogens. *Trans. of the British Micol. Soc.* 26 (4). 456 - 465

40. **Duncan, R. W; Lema, M; Singh, S. P. y Gilbertson, R. L.** 2007. Linkage between a *Xanthomonas campestris* pv. *phaseoli* resistance SCAR marker y lower y seed color in common bean. *Phytopathology*. 97: 30.
41. **Dursun, A; Coyne, D. P; Mohamed, M. F. y Jung, G.** 1996. Inheritance of resistance to Common bacterial blight in tepary beans. *Annu. Rep. Bean Improv. Coop.* 39: 192-163.
42. **FAO.** 2010. Estadísticas sobre los cultivos, los conceptos, las definiciones y las clasificaciones en <http://www.fao.org/es/ess/rmcrops.asp>. Fecha de consulta: 26 de Diciembre del 2010.
43. **Faure, A. B; Hernández, D. T; Sánchez, M. y Rodríguez, M. O.** 1997. Frijol común: Mejoramiento Genético: En: Casanova, M. A. (ed). *Memorias 25 Aniversario*. Quivicán, La Habana. 39 - 40.
44. **Faure, A. B; Hernández, D. T; Rodríguez, M. O.** 1993a. Mejoramiento del frijol común por su resistencia al Virus del Mosaico dorado, Bacteriosis común y Antracnosis. PROFRIJOL. *Proyectos Regionales de Investigación*. Doc.93/5. PROFRIJOL. 112- 124.
45. **Faure, A. B; Hernández, D. T; Rodríguez, M. O.** 1993b. Mejoramiento del frijol común por su resistencia al Virus del Mosaico dorado, Bacteriosis común y Mustia hilachosa. PROFRIJOL. *Proyectos Regionales de Investigación*. Doc.93/5. PROFRIJOL. 125- 140.
46. **Faure, B; García, E; Hernández, T. y Sánchez, M.** 1993c. Informe Anual sobre Bacteriosis común. PROFRIJOL. *proyectos Regionales de Investigación*. Doc. 93/3. PROFRIJOL. 12- 13.

47. **Florido, M; Arencibia, A; Plana, D; Álvarez, M; López, J; Lara, M. R.** 2007. Análisis de la diversidad genética en tomate (*Solanum* L. secc. *Licopersican* subsección *Licopersicum*) mediante el empleo de AFLP. *Cultivos Tropicales*. 28(3): 83 - 87.
48. **Freytag, G. F. y Debouck, D. G.** 1996. *Phaseolus costarricensis*; a new wild beans species (*Phaseolinae; leguminosae*) from Costa Rica y Panamá; Central América. *Novon*. 6: 157-163.
49. **Gauch, H. G.** 1988. Model selection y validation for yield trials with application to principal component. *Biometrics*. 44: 705-715.
50. **Gent, D. H; Lang, J. M; y Schwartz, H. F.** 2005. Epiphytic survival of *Xanthomonas axonopodis* pv. *allii* y *X. axonopodis* pv. *phaseoli* on leguminous hosts onion. *Plant Dis*. 89: 558–564.
51. **Gepts, P.** 2010. Genética y Mejora de Frijol I y II. Herramientas genómicas para el mejoramiento del frijol. Curso- Taller. Programa Genoma-CYTED. La Antigua Guatemala. Guatemala; 19 al 23 de julio del 2010.
52. **Gilberston, R. L; Ry, R. E. y Hagedorn, D. J.** 1990. Survival of *Xanthomonas campestris* pv. *phaseoli* y pectolitic strains of *X. campestris* in beans debris. *Plant Dis*. 74: 322-327.
53. **Gilberston, R. L.; Leong, S. A; Hagerdorn, D. I. y Maxwell, D. P.** 1987. Molecular epidemiology of *Xanthomonas campestris* pv. *phaseoli* y *Xc. phaseoli* var. *fuscans*. *Phytopatology*. 77: 17-18.
54. **Gongalves, E. P; Rosato, Y. B.** 2002. Phylogenetic analysis of *Xanthomonas* sp. Based 16S – 23Sr DNA inter genetic spacer sequence. *Int. J. Systematic. Evolution. Microbiol*. 52: 355- 361.

55. **González, A. M.** 2010. Suelos; regadío y atenciones culturales: el trinomio perfecto para el cultivo del frijol. Periódico Trabajadores; 27 de noviembre del 2010. Ciudad de La Habana. Cuba.
56. **González, A; Wong, A; Delgado-Salinas, R; Papa, R. y Gepts, P.** 2005. Assessment of inter simple sequence repeats markers to differentiate sympatric wild y domesticated populations of common bean. *Crop. Science.* 45: 606 – 615.
57. **González, D. O; Palacios, N; Gallegos, G. y Tohme, J.** 1995. Protocolos para Marcadores Moleculares (comps. y eds.). Unidad de Investigación en Biotecnología; Centro Internacional de Agricultura Tropical (CIAT); Cali, Colombia. 82 p.
58. **Goodwin, P. O; Sopher, C. R; y Michaels, T. E.** 1995. Multiplication of *Xanthomonas campestris* pv. *phaseoli* y intercellular enzyme in resistant y susceptible beans. *J. Phytopathol.* 143:11-15.
59. **Hernández, T.** 1996. El cultivo del frijol (*Phaseolus vulgaris* L.) y la Bacteriosis común (*Xanthomonas campestris* pv. *phaseoli*) en Cuba. En: Memorias del 1er Taller internacional sobre Bacteriosis común del frijol. Documentado. Mayagüez, Puerto Rico. PROFRIJOL. 199-202.
60. **Hernández, T; García, E.; Rodríguez, I. y Guzmán, C.** 1996. Análisis de la resistencia a Bacteriosis común (*Xanthomonas campestris* pv. *phaseoli*) en variedades de frijol. En: Memorias del 1er Taller internacional sobre Bacteriosis común del frijol. Documentado. Mayagüez, Puerto Rico. PROFRIJOL. 96-106.
61. **Hernández, T; Rodríguez, I.** 1990. Evaluación preliminar del vivero internacional de frijol (*Phaseolus vulgaris* L.) para la resistencia a *Xanthomonas campestris* pv. *phaseoli*. *Ciencia y técnica en la Agricultura: Hortalizas, Papa, Granos y Fibras.* 9(2): 25-32.

62. **Hernández, J. C. F.** 2008. Manual de recomendaciones técnicas de cultivo de frijol. Instituto Nacional de Innovación y Transferencia de Tecnología (INTA), Costa Rica. 82 p.
63. **Jacques, M. A; Josi, K; Darrasse, A. y Samson, R.** 2005. *Xanthomonas axonopodis* pv. *phaseoli* var. *fuscans* is aggregated in stable biotic population sizes in the phyllosphere of field grown beans. *Appl. Environ. Microbiol.* 71: 2008–2015.
64. **Jara, C; Mahuku, G; Terán, H. y Singh, S.** 1999. Reaction of common bean lines VAX 4; VAX 5 y VAX 6; derived from interspecific hybridization gene pyramiding; to 20 *Xanthomonas campestris* pv. *phaseoli* isolates of different geographical origins. *BIC.* 42: 1-2.
65. **Kelly, J. D; Gepts, P. N. y Coyne, D. P.** 2003. Tapping y mapping of genes y QTL y molecular marker- assisted selection for traits of economic importance in bean cowpea. *Field Crop. Res.* 82: 135 – 154.
66. **Kolkman, J. M. y Michaels, T. E.** 1994. Major gene control of common bacterial blight in *Phaseolus vulgaris*. *Annu. Rep. Bean Improv. Coop.* 37; 73- 74.
67. **Lema, M; Terán, H; Singh, S. P.** 2007. Selecting common bean with genes different evolutionary origins for resistance to *Xanthomonas campestris* pv. *Phaseoli*. *Crop. Sci.* 43: 1367 - 1374.
68. **Leyva, A. I.** 2011. El país tendrá que pagar más por importar. En: Diario Granma Internacional. <http://www.granma.cubaweb.cu>. Fecha de consulta: 15 de abril del 2011. Numero 105.
69. **Liu, S; Yu, K; y Park, S. J.** 2008. "Development of STS markers y QTL validation for common bacterial blight resistance in common bean". *Plant Breeding*; 127(1): 62–68.

70. **Liu, S. Y; Yu, K; Haffner, M; Park, S. J; Banik, M; Pauls, K. P y Crosby, W. L.** 2010. "Construction of a BAC library y a physical map of a major QTL for CBB resistance of common bean (*Phaseolus vulgaris* L.)". *Genetic*. 138 (7): 709–716.
71. **López, P. R.** 2003a. Caracterización de patógenos implicados en bacteriosis de judía-grano (*Phaseolus vulgaris* L.) en Castilla y León; puesta a punto de un método de inoculación y búsqueda de fuentes de resistencia en variedades locales. Tesis presentada en opción del grado científico de Doctor en Ciencias Agrícolas. Universidad de Valladolid. España. 24 p.
72. **López, P. R; Acosta I.F; Jara, C, Pedraza, F, Gaitán-Solís, E, Gallego, G, Beebe, S. y Tohme J.** 2003b. Identifying resistance gene analogs associated with resistances to different pathogens in common bean. *Phytopathology* 93:88–95.
73. **López, P. R.; Asensio, C; Gilbertson, R. L.** 2006. Phenotypic y genetic diversity in trains of common blight bacteria. (*Xanthomonas campestris* pv. *phaseoli* y *X. campestris* pv. *phaseoli* var. *fuscans*) in a secondary center of diversity of the common bean host suggests multiple introduction events. *Phytopathology*. 96: 1204–1213.
74. **Louws, F. J; Fulbright, D. W; Stephens, C. T; De Bruijn, F. J.** 1994. Specific genomic fingerprints of phytopathogenic *Xanthomonas* y *Pseudomonas* pathovars and strains generated with repetitive sequences y PCR. *Appl Environ Microbiol* 60:2286–2295.
75. **Louws, F.; Scheider, M. y De Bruijn, F.** 1997. Assessing Genetic Diversity of microbes Using Repetitive Sequence-Based PCR (rep-PCR) In: Toranzos, G. (ed.). *Environmental Applications of Nucleic Acid Amplification Techniques*. P. 63-94.

76. **Magabala, R. B.** 1997. The effect of population of *Xanthomonas campestris* pv. *phaseoli* in bean reproductive tissue on seed infection of resistance y susceptible bean genotypes. European. Journal of Plant Pathology. 103: 175- 181.
77. **Maggio, M. E; Casalderrey, N.** 2002. Elección del método de inoculación con *Xanthomonas campestris* pv. *phaseoli* (Smith) Dye (Xcp) en judía y selección de materiales resistentes. En: XIII Jornadas de Selección y Mejora de Plantas Hortícolas. II Seminario de Mejora Genética Vegetal. (ed.) C. Hortícolas; Universidad de Almería; Almería. Argentina. 34: 167-173.
78. **Mahuku, G. S; Jara, C; Henríquez, M. A; Castellanos, G; y Cuasquer, J.** 2006. Genotypic characterization of the common bean bacterial blight pathogens; *Xanthomonas axonopodis* pv. *phaseoli* y *Xanthomonas axonopodis* pv. *phaseoli* var. *fuscans* by rep-PCR y PCR-RFLP of the ribosomal genes. J. Phytopathol. 154: 35–44.
79. **Martín, B; Humbert, O; Camara, M.** 1992. A highly conserved repeated DNA element located in the chromosome of *Streptococcus pneumoniae*. Nucleic Acids Res. 20: 3479–3483.
80. **Maxwell, J. J; Brick, M. A; Byrne, P. F; Schwartz, H. F; Shan, X, Ogg, J. B. y Hensen, R. A.** 2007. Quantitative trait loci linked to white mold resistance in common bean. Crop Sci. 47:2285–2294.
81. **McElroy, J. B.** 1985. Breeding dry beans (*Phaseolus vulgaris* L) for common bacterial blight resistance derived from *Phaseolus acutifolius* A. Gray. PhD. Thesis; Cornell University; Ithaca. New York. 250 p.

82. **Mehta, Y.R.; Bomfete, C; Bolognini, V.** 2005. A semi-selective agar medium to identify the presence of *Xanthomonas axonopodis* pv. *malvacearum* in naturally infected cotton seed. *Fitopatologia Brasileira*, Lavras, MG. 30: 489-496.
83. **Mejias-Jiménez, A; Muñoz, C; Jacobsen, H. J; Roca, W. M; y Singh, S. P.** 1994. Interspecific hybridization between common y tepary beans; increased hybrid embryo-growth; fertility and efficiency of hybridization through recurrent and congruity backcrossing. *Theor. Appl. Genet.* 88: 324- 331.
84. **Miklas, P. N.** 2007. Marker-assisted backcrossing QTL for partial resistance to *Sclerotinia* white mold in dry bean. *Crop Sci.* 47:935–942.
85. **Miklas, P. N; Coyne, D. P; Grafton, K. F; Mutlu, N; Reiser, J; Lindgren, D.T y Singh, S. P.** 2003. A major QTL for common bacterial light resistance derives from the common bean Great Northern lyrace cultivar Montana No.5. *Euphytica.*131: 137- 146.
86. **Miklas, P. N; Kelly, J. D; Beebe, S. E y Blair, M. W.** 2006a. Common bean breeding for resistance against biotic and abiotic stresses: From classical to MAS breeding. *Euphytica.* 147:105–131.
87. **Miklas, P. N; Smith, J. R. y Singh, S. P.** 2006b. Registration of common bacterial blight resistant dark red kidney bean germplasm line USDK-CBB-15. *Crop Sci.* 46:1005–1006.
88. **Miklas, P. N y Singh, S. P.** 2006c. Gene mapping y molecular breeding in plants. In: Kole, C. (ed). *Common bean. Pulses sugar and tuber crops.* Springer, Berlín. 3: 1- 32.
89. **Miklas, P. N; Larsen, R. C; Riley, R. y Kelly, J. D.** 2000a. Potential marker-assisted selection for bc-12 resistance to bean common mosaic potyvirus in common bean. *Euphytica.* 116:211–219.

90. **Miklas, P. N; Coyne, D. P; Mutlu, K. F; Reiser, J; Lindgren, D.T; Singh S. P.** 2003. A major QTL for common bacterial blight resistance derives from the common bean great northern race cultivar Montana No. 5. *Euphytica*. 131: 137- 146.
91. **Miklas; P. N; Smith, J. R; Riley, R; Grafton, K. F; Singh, S. P; Jung, G; Coyne, D. P.** 2000b. Marker assisted breeding for pyramided resistance to common bacterial blight in common bean. *Bean Improv. Coop. Ann. Rep.* 43: 39-40.
92. **Miranda, S; Ortiz R; Ponce, M; Acosta, R; Ríos, H;** 2007. La selección participativa de variedades de frijol común por agricultores en ferias de diversidad: una alternativa para la introducción de variedades. *Cultivos Tropicales*. 28 (4): p. 57 - 65.
93. **Mkandawire, A. B. C; Mabagala, R. B; Guzmán, P; Gepts, P; y Gilbertson, R. L.** 2004. Genetic diversity y pathogenic variation of common blight bacteria (*Xanthomonas campestris* pv. *phaseoli* y *X. campestris* pv. *phaseoli* var. *fuscans*) suggests pathogen coevolution with the common bean. *Phytopathology*. 94: 593–603.
94. **Monteagudo, A. B; Rodiño, P. A; Lema, M; Fuente, M; Santalla, M; De Ron, A. M; Singh, S. P.** 2006. Resistance to infection by fungal; bacterial; and viral pathogens in a common bean core collection from to Iberian Peninsula. *Hort. Science*. 41 (2): 319 – 322.
95. **Montoya, C. A; Beaver, J. S. y Miklas, P. N.** 1997. Evaluación del frijol (*Phaseolus vulgaris* L.) por su reacción en las vainas a la Bacteriosis común (*Xanthomonas campestris* pv. *phaseoli*). *Fitopatología Colombiana*. 21(1): 18-24.
96. **Muthlu, N; Vidaver, A. K; Coyne, D. P; Steadman, J. R; Lambrecht, P. A y Reiser, J.** 2008b. Differential pathogenicity of *Xanthomonas campestris* pv. *phaseoli* and *X. fuscans* subsp. *fuscans*) stains on bean genotypes with common blight resistance. *Plant Dis.* 92: 546–554.

97. **Muthlu, N; Miklas, P; Reiser, J. y Coyne, D.** 2005a. Backcross breeding for improved resistance to common bacterial blight in pinto bean (*Phaseolus vulgaris* L.). *Plant Breed.* 124: 282–287.
98. **Muthlu, N; Miklas, P. N; Steadman, J. R; Vidaver, A. V; Lindgren, D; Reiser, J. y Pastor-Corrales, M. A.** 2005b. Registration of pinto bean germplasm line ABCP-8 with resistance to common bacterial blight. *Crop Sci.* 45:806–807.
99. **Muthlu, N; Miklas, P; Reiser, J Y Coyne, D.** 2008a. Backcross breeding for improved resistance to common bacterial blight in pinto bean (*Phaseolus vulgaris* L.). *Plant Breeding.* 124 (3): 282 – 287.
100. **Navarrete -Maya, R. J; Acosta - Gallegos, A; Gracia, E. E.** 1996. Variación patogénica de cepas de *Xanthomonas campestris* pv *phaseoli* en diferentes regiones de México. En: PROFRIJOL. 1^{er} Taller Internacional sobre Bacteriosis común del Frijol. Universidad de Puerto Rico. Mayaguez. Puerto Rico. 39-44.
101. **Niks, R. E y Lindhout, W. H.** 2004. Curso sobre mejoramiento para resistencia durable a patógenos especializados. Tercera edición. Universidad de Wageningen, Holanda. 214 p.
102. **O’Boyle, P. D, Kelly, J. D. y Kirk, W. W.** 2007. Use of marker assisted selection to breed for resistance to common bacterial blight in common bean. *J. Am. Soc. Hortic. Sci.* 132:381–386.
103. **Park, S. J; y Dhanvantari, B. N.** 1987. Transfer of common blight (*Xanthomonas campestris* pv. *phaseoli*) resistance from *Phaseolus coccineus* Lam. to *P. vulgaris* L. through interspecific hybridization *Can. J. Plant Sci.* 67: 685-695.

104. **Park, S. J; Michaels, T. E y Dhanvantari, B. N.** 1998. Breeding for resistance to common bacterial blight y its effect con agronomic performance and processing quality entry bean. BIC. 41: 25-26.
105. **Pastor-Corrales, M. A; Otoya, M. M; Meyer, J; Gilbertson, R.** 1996. Distribución y diversidad molecular de los patógenos que causan la Bacteriosis común de frijol en las Américas. En: PROFRIJOL. 1^{er} Taller sobre Bacteriosis común de Frijol. Universidad de Puerto Rico, Mayagüez, Puerto Rico, 143-144.
106. **Pedraza, F; Gallego, G; Beebe, S y Tohme, J.** 1997. Marcadores SCAR y RAPD para la resistencia a la bacteriosis común (CBB). En: Singh, S.P. y Voysest, O. (eds.). Taller de mejoramiento de frijol para el Siglo XXI: Bases para una estrategia para América Latina. 559 pp. CIAT; Cali; Colombia. 130-134.
107. **Quintero, E; Gil, V; Ríos, H; Martínez, M; Castellanos, M.** 2006. El fitomejoramiento participativo del frijol y su impacto en la introducción de caracteres positivos a los sistemas agrícolas de Villa Clara. Centro Agrícola. 33(3): 41- 45.
108. **Rava, A. C; Da Costa, C. G. J; Sartorato, A; Zimmermann, O. M. J.** 1996. Obtencao de linhgens de feijeiro resistentes ao crestamento bacteriano común originadas do cruzamento entre *Phaseolus vulgaris* e *P. acutifolius*. Summa. Phytopathologica. 22(1): 33-36.
109. **Rodiño, A; Santalla, M; Montero, I; Casquero, P. y de Ron, A.** 2001. Diversity of common bean *Phaseolus vulgaris* L. germplasm from Portugal. Genetic Resources y Crop Evolution. 48:409- 417.
110. **Rodríguez, M. O; Chaveco, O; Ortiz, R; Ponce, M; Ríos, H; Miranda, S; Días, G; Portelle, Y; Torres, R; Cedeño, L.** 2009. Evaluación del comportamiento de líneas de

- frijol común (*Phaseolus vulgaris*) resistentes a la sequia; en condiciones de riego y sin riego e incidencia de enfermedades. Temas de Ciencia y Tecnología. 13(39): 19 – 30.
111. **Robinson, R. A.** 2000. Fitomejoramiento de los Cultivos para Reducir la Dependencia de Plaguicidas. 276 p.
 112. **Rohlf, F. J.** (1992). NTSYS-pc, numerical taxonomy and multivariate analysis system. Exeter Publishing Ltd. New York. USA.
 113. **Saettler, A. W.** 1994. Bacteriosis común. En: Pastor – Corrales M. y H. F. Schwartz. (Eds.) Problemas de Producción del frijol en los Trópicos (2^{da} Edit). Cali, Colombia. CIAT. 303- 330.
 114. **Santos, A; Bressan-Smith, R. E; Pereira, M. G; Rodríguez, R; Ferreira, C. F.** 2003. El Mapa genético de ligação del *Phaseolus vulgaris*, identificação de e QTLs responsáveis pela resistência à el *Xanthomonas axonopodis* pv. *phaseoli*. Fitopatología Brasileña. Brasília; Brasil. 28(1): 67 -72.
 115. **Schwartz, H. F; Steadman, J. R; Hall, R. y Forster R. L.** 2005. Compendium of bean diseases, 2nd ed. APS Press, St. Paul, MN.150 p.
 116. **Schwartz, H. F; Otto, K; Terán, H; Lema, M. y. Singh, S. P.** 2006. Inheritance of white mold resistance in *Phaseolus vulgaris* x *P. coccineus* crosses. Plant Dis. 90:1167– 1170.
 117. **Schwartz, F. H.** 2003. Diseases of Bean (*Phaseolus vulgaris* L.) In: Common Names of Plant Diseases. The American Phytopathological Society. <http://www.apsnet.org/online/common/top.asp>. Fecha de consulta; 1de marzo del 2011.

118. **Scott, M. E. y Michaels, T. E.** 1992. *Xanthomonas* resistance of *Phaseolus* interespecific cross selections confirmed by field performance. Hort Science. 27: 348-350.
119. **Serracin, J; Young, A. R; Rosas, C. J; Caceres, J.** 1991. Daños causados por *Xanthomonas campestris* pv. *phaseoli* y su efecto en el rendimiento del frijol común habichuela; (*Phaseolus vulgaris* L.) .J. Agri. Univ. Puerto Rico 75 (4): 353-361.
120. **Shi, C; Chaudhary, S; Kangfu, Y; Soon, J; Alireza, N; Phillip, E.** 2011. Identification of cyidate genes associated with CBB resistance in common bean HR45 (*Phaseolus vulgaris* L.) using cDNA-AFLP. Mol Biol. Rep. 38: 75-81.
121. **Silva, L. O; Singh, S. P; Pastor -Corrales, M. A.** 1989. Inheritance of resistance to common bean. Theor. Appl. Genet. 78 (5): 619- 624.
122. **Simoes, T. H. N; Gongalves, E. R; Rosato, Y. B; Metha, A.** 2007. Differentiation of *Xanthomonas* sp by PCR- RFLP of rpfb y atp D genes. FEMS. Microbiol Lett. 271: 33-39.
123. **Sigh. P S.** 1998. Mejora genética de los frijoles de la raza Mesoamericana para el Trópico. Memorias: PROFRIJOL. Cali. Colombia.101-105.
124. **Singh, S. P y Muñoz, G.** 1999. Resistance to common bacterial blight among *Phaseolus* species and common bean improvement. Crop. Sci. 39: 80 – 89.
125. **Singh, S. P; Gutiérrez, J. A; Malina, A; Urrea, C. y Gepts, P.** 1991a. Genetic diversity cultivated common bean. II. Marker based analysis of morphological agronomic traits. Crop. Sci. 31: 23 –29.
126. **Singh, S. P; Gepts, P y Debouk, D. G.** 1991b. Races of common bean (*Phaseolus vulgaris*; *Fabaceae*). Econ. Bot. 45 (3): 379- 396.

127. **Singh, S. P.** 2001. Broadening genetic base of common bean cultivars: A review. *Crop Sci.* 41:1659–1675.
128. **Singh, S. P; Terán, H; Schwartz, H.F; Otto, K. y Lema, M.** 2009a. Introgressing white mold resistance from *Phaseolus* species of the secondary gene pool into common bean. *Crop Sci.* 49:1629–1637.
129. **Singh, S. P; Terán, H; Schwartz, H.F; Otto, K. y Lema, M.** 2009b. Development of white mold resistant interspecies common bean germplasm lines VCW 54 y VCW 55. *J. Plant Reg.* 3:191–197.
130. **Singh, S. P; Terán, H; Lema, M; Strausbaugh, C. A; Miklas, P. N; Schwartz, H. F. y Brick, M. A.** 2007a. Seventy five years of breeding dry bean of the Western USA. *Crop Sci.* 47:981–989.
131. **Singh, S. P; Terán, H; Lema, M; Schwartz, H.F. y Miklas, P.N.** 2007b. Registration of white mold resistant dry bean germplasm line A 195. *J. Plant Reg.* 1:62–63.
132. **Singh, S. P; Terán, H; Lema, M; Dennis, M.F; Hayes, R; y Robinson, C.** 2008a. Development of large-seeded high quality high yielding great northern dry bean ‘Hungerford’ y ‘Sawtooth’. *J. Plant Reg.* 2:174–179.
133. **Singh, S. P; Terán, H; Lema, M; Dennis, M.F; Hayes, R. y Robinson, C.** 2008b. Breeding for slow darkening high yielding broadly adapted dry bean pinto ‘Kimberly’ y ‘Shoshone’. *J. Plant Reg.* 2:180–186.
134. **Singh, S. P. y Schwartz, F. H.** 2010. Breeding common bean resistance to diseases: A review. *Crop. Scien.* 50: 2199 – 2222.
135. **Singh, S. P; Roca, W. M. y Debouck, D. G.** 1996. Aplicación de la base genética de los cultivares de Frijol: Hibridación interespecífica. En: Singh, S. P. y Voysest, O. (eds.).

- Taller de Mejoramiento de Frijol para el siglo XXI. Bases para una estrategia para América Latina. CIAT, Cali, Colombia. 9-19.
136. **Singh; S. P.** 1989. Patterns of variation cultivated common bean (*Phaseolus vulgaris*; *Fabaceae*). *Econ. Bot.* 43: 39-57.
137. **Stefanova, M.** 1996. Aspectos Etiológicos y epidemiológicos de la bacteriosis común (*Xanthomonas campestris* pv. *phaseoli*) de frijol en Cuba. En: 1^{er} Taller Internacional sobre Bacteriosis común del Frijol. Univ. de Puerto Rico. PROFRIJOL. Mayaguez, Puerto Rico. 121-129.
138. **Tar'an, B; Michaels, T. E. y Pauls, K. P.** 2001. Mapping genetic factors affecting the reaction to *Xanthomonas axonopodis* pv. *phaseoli* in *Phaseolus vulgaris* L. undefined conditions. *Genome.* 44:1046–1056.
139. **Tar'an, B; Michaels, T. E. y Pauls, K. P.** 2002. Genetic mapping of agronomic traits in common bean. *Crop Sci.* 42:544–556.
140. **Tellería, T. Ll.; León, N. N; Castiñeiras, L. A; Hernández, F. F; González, Y. P.** 2009 La Conservación de la Diversidad Agrícola. Frijol Caballero (*Phaseolus lunatus*); Frijol común (*Phaseolus vulgaris*). Cuadernillos 1 y 2. Agrinfor y MINAG. 56 p.
141. **Terán, H. y Singh, S.P.** 2010a. Recurrent selection for physiological resistance to white mold in dry bean. *Plant Breed.* 129:327–333.
142. **Terán, H; Lema, M.; Webster, D. y Singh, S. P.** 2009. 75 years of breeding pinto bean for resistance to diseases in the United States. *Euphytica.* 167:341–351.
143. **Terán, H; y Singh, S. P.** 2010b. Gamete y recurrent selection for improving physiological resistance to white mold in common bean. *Can. J. Plant Sci.* 90:153–162.

144. **Toro, Ch; Tohme, O. J. y Debouck, D. G.** 1990. Wild bean (*Phaseolus vulgaris* L.): description and distribution. CIAT, Cali, Colombia. 106 p.
145. **Valladares -Sánchez, N. E; Coyne, D. P; Mumm, R. F.** 1983. Inheritance y associations of leaf; external; and internal pod reactions to common blight bacterium in *Phaseolus vulgaris* L. Journal of American Society of Horticultural Science. 108(2): 272-278.
146. **Vandemark, G. J; Fourie, D. y Miklas, P. N.** 2008. Genotyping with real-time PCR reveals recessive epistasis between independent QTL conferring resistances to common bacterial blight in dry bean. TAG Theoretical y Applied Genetics.117(4): 513-522.
147. **Vanterin, L; Swings, J. y Kersters, K.** 1991. Grouping of *Xanthomonas campestris* pathovars by SDS- PAGE of proteins. J. Gen. Microbiol. 137: 1677- 1687.
148. **Varela, M. y Castillo, J.** 2005. Modelos con términos multiplicativos. Aplicación en el análisis de la interacción genotipo ambiente. Cultivos Tropicales. 26 (3):71- 75.
149. **Varela, M; Vicente, L. L; Galindo, P; Blázquez, A; Castillo, J. G. y Estévez, A.** 2007. Una generalización de los modelos AMMI basada en el algoritmo de TUCKALS3 para el análisis de componentes principales de tres modos. Cultivos Tropicales. 9 (1):69-72.
150. **Vera-Cruz, C; Ardales, E; Skinner, D.** 1996. Measurement of haplotypic variation in *Xanthomonas oryzae* pv. *oryzae* within a single field by rep-PCR y RFLP analyses. Phytopathology. 86:1352–1359.
151. **Versalovic, J; Schneider, M; Brujin, F. y Lupski, J.** 1994. Genomic fingerprinting of Bacteria using repetitive sequence-based polymerase chain reaction. Meth. Mol. Cell. Biol. 5: 25-40.

152. **Versalovic, J; Koeuth, T. y Lupski, J.** 1991. Distribution of repetitive DNA sequences in eubacteria and application to finger printing of bacterial genome. Nucl. Acids Res. 19: 6823-6831.
153. **Vidaver, A. K.** 1996. Clasificación; Nomenclatura e Identificación del patógeno de la bacteriosis común dentro del grupo *Xanthomonas campestris*. En: 1^{er} Taller sobre Bacteriosis común de Frijol. Universidad de Puerto Rico, Mayagüez, Puerto Rico. RUM. PROFRIJOL. 6- 14.
154. **Voysest, V. O.** 2000. Mejoramiento del frijol (*Phaseolus vulgaris*): Legado de variedades de América Latina. 1930-1999. Cali. Colombia. Centro Internacional de Agricultura Tropical. 203 p.
155. **Weller, D. M. y Saettler, A. W.** 1980. Colonization y distribution of *Xanthomonas phaseoli* y *Xanthomonas phaseoli* var. *fuscans* in field – grown navy beans. Phytopathology 70 (6): 500 – 506.
156. **Zabala, F. S. P.** 2003. Resistencia genética del frijol común a aislamientos de *Xanthomonas axonopodis* pv. *phaseoli* de Honduras. Proyecto especial presentado como requisito parcial para optar al título de Ingeniero Agrónomo en el Grado Académico de Licenciatura. Honduras. 130 p.
157. **Zapata, M. y Graud, R.** 2001. Estrategia para diferenciar *Xanthomonas campestris* pv. *phaseoli* con sales inorgánicas. Agronomía Mesoamericana. 12 (1): 01- 07
158. **Zapata, M.** 1996. Pathogenic variability of *Xanthomonas campestris* pv. *phaseoli*. BIC. 39: 136-137.
159. **Zaumayer, W. I. y Meiners, J. P.** 1957. A monographic study of beans and methods for their control; U. S. Dep. Agric. Tech. Bul. 201- 255.