



**FACULTAD DE CIENCIAS AGRARIAS
UNIVERSIDAD NACIONAL DE ROSARIO**

Evaluación de la variabilidad existente en materiales de arveja tipo rugoso y la determinación de sus valores genotípicos para ser seleccionados como progenitores en planes de mejoramiento.

Ing. Agr. (MSc) ILEANA GATTI

TESIS PARA OPTAR AL TÍTULO DE DOCTORA EN CIENCIAS AGRARIAS

DIRECTOR: Dr. ENRIQUE COINTRY

2021

Evaluación de la variabilidad existente en materiales de arveja tipo rugoso y la determinación de sus valores genotípicos para ser seleccionados como progenitores en planes de mejoramiento.

ILEANA GATTI

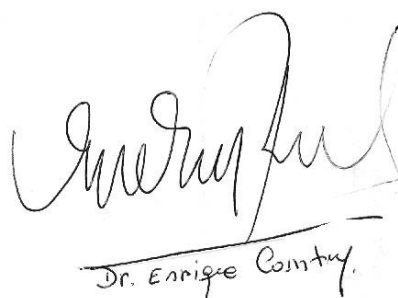
Ingeniera Agrónoma –Universidad Nacional de Rosario

Esta Tesis es presentada como parte de los requisitos para optar al grado académico de Doctor en Ciencias Agrarias, de la Universidad Nacional de Rosario y no ha sido previamente presentada para la obtención de otro título en ésta u otra Universidad. La misma contiene los resultados obtenidos en investigaciones llevadas a cabo en la Facultad de Ciencias Agrarias-Universidad Nacional de Rosario, durante el período comprendido entre junio del 2016 y diciembre del 2020, bajo la dirección del Dr. Enrique Cointry.



Nombre y firma del Doctorando

Ing. Ag. (MSc) Ileana Gatti



Nombre y firma del Director

Dr. Rnrique Cointry

Defendida:de 20__.

AGRADECIMIENTOS

Quiero agradecer en primer lugar al Dr. Enrique Cointry por brindarme la oportunidad de realizar este trabajo de tesis bajo su dirección y sobre todo por su acompañamiento durante toda mi formación académica y profesional como graduada de esta Casa de Estudios.

A la Dra. María Andrea Espósito por su invaluable ayuda y orientación en el trabajo con marcadores moleculares.

A los integrantes de la Cátedra de Mejoramiento Vegetal por su acompañamiento y apoyo.

A mi familia de sangre y de la vida, que siempre están conmigo incondicionalmente.

*A mi viejo, con quien compartí este complejo y maravilloso
mundo de la investigación científica*

PUBLICACIONES

Selection of parentals in the improvement of garden pea (*Pisum sativum* L.) using agronomic and grain quality characteristics. Gatti I, Cointry E. *Scientia Horticulturae*. ISSN: 0304-4238 (enviado para su consideración)

Diversity of garden pea varieties (*Pisum sativum* L.) based on morphological and molecular markers data. Gatti I, Espósito MA, Cointry E. *Pesquisa Agropecuária Brasileira – PAB*. ISSN 1678-3921 (enviado para su consideración)

Mejoramiento de arveja (*Pisum sativum* L): avances del programa de mejoramiento. Gatti I., Cazzola F., Bermejo C.J., Guindón M.F., Espósito M.A., Cointry E.L *Journal of Basic and Applied Genetics*. ISSN 1852 – 6233. 2021. (en prensa)

Molecular characterization using SRAP and SSR markers of 24 varieties of rough type peas (*Pisum sativum* L.). Gatti, I, Espósito, MA, Cointry, E. (Resumen). *Biocell* 2020. (en prensa)

Selection of parentals in the improvement of garden pea (*Pisum sativum* L.). Gatti I, Cointry EL (Resumen) *Biocell* 44(3):26. 2019.

Performance stability of five cultivars of field pea (*Pisum sativum* L.) based on the characteristics of the GGE BIPLLOT analysis. Espósito MA, Prieto G, Gatti I. (Resumen) *Biocell* 44(3):20. 2019.

Construction of a classification tree for the study of the variability present in a working collection of *Pisum sativum* L Espósito MA, Duarte C, Cointry E, Gatti I. (Resumen) *Biocell* 44(3):21. 2019.

PRESENTACIONES A CONGRESOS

Caracterización molecular mediante marcadores SRAP y SSR de 24 variedades de arveja tipo rugoso (*Pisum sativum* L.). Gatti I, Espósito MA, Cointry E. 2020. XXII Congreso y XL Reunión Anual De La Sociedad De Biología De Rosario, Rosario, 24 y 25 de Noviembre de 2020 (modalidad virtual).

Construcción de un árbol de clasificación para el estudio de la variabilidad presente en una colección de trabajo de *Pisum sativum* L. Espósito, MA; Duarte, C; Cointry, E; Gatti, I. XXI Congreso y XXXIX Reunión Anual De La Sociedad De Biología De Rosario, Rosario, 26 y 27 de Noviembre de 2019.

Estabilidad de rendimiento de cinco cultivares de arveja (*Pisum sativum* L.) en base a las características del análisis GGE biplot. Espósito MA, Prieto G, Gatti I. XXI Congreso y XXXIX Reunión Anual De La Sociedad De Biología De Rosario, Rosario, 26 y 27 de Noviembre de 2019.

Selección de parentales en el mejoramiento de arveja rugosa (*Pisum sativum* L.). Gatti I, Cointry E. XXI Congreso y XXXIX Reunión Anual De La Sociedad De Biología De Rosario, Rosario, 26 y 27 de Noviembre de 2019.

Caracterización de variedades de arveja para consumo en fresco (*Pisum sativum* L.) a fin de evaluar su utilidad en planes de mejoramiento. Gatti, I; Espósito, MA; Cointry, EL. XX Congreso y XXXVIII Reunión Anual De La Sociedad De Biología De Rosario, Rosario, 27 y 28 de Noviembre de 2018.

ÍNDICE

ABREVIATURAS Y SÍMBOLOS	9
RESUMEN	14
ABSTRACT	16
INTRODUCCIÓN	17
Generalidades	17
Producción mundial y nacional	23
Mejoramiento en arveja	25
HIPÓTESIS Y PREDICCIONES	31
OBJETIVO GENERAL:	31
OBJETIVOS ESPECÍFICOS	32
CAPÍTULO 1:	33
1. OBJETIVOS ESPECÍFICOS	34
2. MATERIALES Y MÉTODOS	35
2.1 Material vegetal	35
2.2 Caracterización morfológica y agronómica	36
2.2.1 Ambientes de evaluación y diseño experimental	36
2.2.2 Caracteres morfo agronómicos	38
2.2.3 Caracteres de calidad de grano	38
2.3 Análisis estadístico	43
2.3.1 Análisis de Variancia	43
2.3.2 Estudio de la Interacción Genotipo por ambiente (IGA)	45
2.3.3 Análisis de correlaciones	45
2.3.4 Valores genotípicos	46
2.3.5 Análisis de Componentes Principales	47
2.3.6 Análisis de Conglomerados	47
2.3.7 Árboles de Clasificación	47
2.4 Caracterización molecular	48
2.4.1 Extracción de ADN	48
2.4.2 Marcadores tipo SSR	48
2.4.3 Marcadores tipo SRAP	49
2.4.4 Análisis estadístico	50
3. RESULTADOS	53

3.1 Caracterización morfológica y agronómica -----	53
Análisis de la Variancia-----	53
Coeficientes de variación y heredabilidad -----	60
Estudio de la IGA en la evaluación de la variabilidad-----	62
Análisis de correlaciones entre variables-----	70
Análisis de Componentes Principales -----	77
Análisis de Conglomerado-----	93
Arboles de clasificación -----	100
3.2 Caracterización Molecular -----	102
CAPÍTULO 2:-----	109
1. OBJETIVO ESPECÍFICO -----	110
2. MATERIALES Y MÉTODOS -----	111
2.1 Material vegetal, variables analizadas y estrategias de cruzamientos -----	111
2.2 Análisis estadístico -----	111
2.2.1 Estrategia 1: Distacias genéticas -----	111
2.2.2 Estrategia 2: Índices de selección -----	112
2.2.3 Estrategia 3: GT-biplot y GYT-biplot -----	113
3. RESULTADOS -----	115
Estrategia 1 -----	115
Estrategia 2 -----	117
Estrategia 3 -----	119
Discusión-----	125
Conclusiones-----	152
Bibliografía -----	155
Anexo-----	181

ABREVIATURAS Y SÍMBOLOS

% v/v: porcentaje volumen en volumen definido como cantidad de mililitros que hay en 100 mililitros de solución.

% w/v: porcentaje masa en volumen definido como la cantidad en gramos de soluto por cada 100 mililitros de solución.

%REPC: porcentaje de RE en primera cosecha.

σ_f^2 : variancia fenotípica.

σ_e^2 : variancia ambiental.

σ_g^2 : variancia genotípica.

\bar{X} : Media general del ensayo.

°Bx: grados Brix, cociente total de materia seca disuelta en un líquido expresado en porcentaje.

°C: grados Celsius.

a: zona de variación entre el rojo y el verde del espectro en el sistema color CIELAB.

ACP: Análisis de Componentes Principales.

AcT: acidez titulable en %.

ADN: ácido Desoxirribonucleico.

Ae: número efectivo de alelos.

AEA: vector del ambiente promedio.

ALT: altura de planta en cm.

arctan: arco tangente.

ARN: ácido ribonucleico.

AV: ancho de vaina en cm.

b: zona de variación entre el amarillo y el azul del espectro en el sistema color CIELAB.

BLUP: valor genotípico estimado como la mejor predicción lineal no sesgada.

C: calibre del grano en cm.

Ca: contenido de clorofilas a en mgAl-1.

Cb: contenido de clorofilas b en mgAl-1.

CIELAB modelo cromático usado normalmente para describir todos los colores que puede percibir el ojo humano, desarrollado por la Commission Internationale d'Eclairage (Comisión Internacional de la Iluminación).

cm: centímetros.

CM: Cuadrados Medios.

CP: componente principal.

CRO: croma o saturación, parámetro de color del sistema Munsell.

CTAB: bromuro de cetiltrimetilamonio.

CV: Coeficiente de Variación.

CVE: coeficiente de variabilidad ambiental.

CVF: coeficiente de variabilidad fenotípica.

CVG: coeficiente de variabilidad genotípica.

DPC: días a primera cosecha.

dpi: puntos por pulgada.

DPSC: días entre primer y segunda cosecha.

EDTA: ácido etilendiaminotetraacético.

ESIM: índice de selección por valores propios (Eigen Selection Index Method).

EST: Expressed sequence tag (Marcador de secuencia expresada).

F: estadístico de distribución de probabilidad de Snedecor.

F₁: primera generación filial.

F₂: segunda generación filial.

FAO: Food and Agriculture Organization of the United Nations.

FG: forma del grano.

g: gramo.

GGE-biplot: biplot genotipo por ambiente.

GL: grados de libertad.

GT-biplot: biplot genotipo por variable.

GYT-biplot: biplot genotipo por la combinación de variable por rendimiento.

H: suma de cuadrados corregida como medida de variabilidad dentro de nodos em los Árboles de Clasificación.

h²: heredabilidad en sentido amplio.

He: Heterocigosidad esperada.

hPa: hectopascal.

HUE: tono, parámetro de color del sistema Munsell.

IC: índice colorimétrico.

ICOS: índice de cosecha en %.

IGA: interacción genotipo por ambiente.

IM: índice de madurez.

IS: índice de selección propuesto por Smith.

ISSR: Inter simple sequence repeat (Secuencias simples internas repetidas).

km/h: kilómetros por hora.

L: Luminancia o brillo de la muestra en el sistema color CIELAB.

LV: largo de vaina en cm.

m: metro.

meq/mL: mili equivalentes por mililitro.

MESIM_{ew}: índice de selección por valores propios y moleculares (Genome Wide Molecular Eigen Selection Index Method).

mg: miligramos.

mgAl-1: catalizador en base a sales de nitrato de Al.

min: minutos.

ml: mililitros.

MM: marcadores moleculares.

mm: milímetros.

mM: milimolar.

N: Normalidad, cantidad de equivalentes de soluto disueltos en 1 litro de solución.

ng/μl: nanogramos por microlitros.

NG/V: número de granos por vaina.

ng: nanogramos.

NG: número de granos por parcela.

nM: nano molar.

nm: nanómetro.

NV: número de vainas por parcela.

pb: pares de bases.

PCR: Polymerase Chain Reaction o reacción en cadena de la polimerasa.

pH: potencial de hidrógeno.

PV: peso total de vainas por parcela en g.

R: Rareza de cada genotipo.

R²: Coeficiente de determinación.

R²Aj: Coeficiente de determinación ajustado.

RAPD: Random amplified polymorphic DNA (ADN polimórfico amplificado al azar).

RE: rendimiento por parcela en g.

REML: método de máxima verosimilitud restringida.

RNasa: Ribonucleasa, enzima que cataliza la hidrólisis de ARN en componentes más pequeños.

SBE: enzima de ramificación del almidón.

seg: segundos.

SH: Índice de Shannon.

SRAP: Sequence related amplified polymorphism (Polimorfismo amplificado de secuencias relacionadas).

SSD: método Descendiente de semilla única.

SSR: Simple sequence repeat (Microsatélites).

SST: sólidos solubles totales en grados Brix.

T: temperatura de anillado.

t: tonelada (1.000 kilogramos).

TBE: disolución tampón formada por Tris, borato y EDTA.

UPOV: Unión Internacional para la Protección de Nuevas Variedades de Plantas.

USA: Estados Unidos de América.

V: voltio.

VitC: contenido de vitamina C en mg/100g.

W: estadístico de la prueba de normalidad de Shapiro-Wilk.

xg: fuerza centrífuga.

µg: microgramos.

µl: microlitros.

µM: micromolar.

RESUMEN

Argentina produce en promedio 26.393,72 toneladas de arveja tipo rugoso (*Pisum sativum* L.), 80% para enlatar o congelar y el 20% restante se comercializa como chaucha fresca. Las principales zonas de producción de arveja para consumo fresco son el sur de Santa Fe y norte de Buenos Aires y la zona este de Mendoza y San Juan.

Es fundamental caracterizar la variabilidad genética en función de rasgos cualitativos y cuantitativos de interés y determinar las correlaciones entre ellos para luego definir diferentes estrategias de selección de parentales. El valor genotípico y la distancia genética son indicadores de utilidad para la selección de líneas puras de arveja a usar como progenitores en hibridaciones orientadas a generar variabilidad inicial en programas de mejoramiento.

Se analizaron 24 variedades de arveja tipo rugoso, que fueron implantados en el Campo Experimental de la Facultad de Ciencias Agrarias de la UNR sito en Zavalla (33° S y 60° 53' O), en un diseño experimental en parcelas subdivididas en bloque completos al azar, con dos repeticiones bajo sistema de riego por goteo y dos repeticiones en secano y evaluados durante los años 2015 y 2016. Las parcelas experimentales se sembraron en surcos espaciados a 70 cm, con 2 m de largo y una densidad estimada de 50 plantas por parcela.

Se realizó la caracterización fenotípica tanto para caracteres productivos como de calidad de grano. El análisis de la variancia mostró diferencias significativas y altamente significativas entre variedades para todas las variables excepto para las variables FG y SST que fueron excluidas de análisis posteriores. Sólo para las variables NV, LV, AV, AcT, VitC y CRO no se registraron interacciones dobles o triple significativas, mientras que para el resto de las variables sí.

El estudio de la IGA puso en evidencia que los distintos entornos de prueba generados tienen diferente capacidad informativa (entornos discriminantes) como representatividad según cuál sea la variable analizada, remarcando así la importancia de tener en cuenta su magnitud en el momento de evaluar diferentes genotipos como posibles parentales. El cálculo de los valores genotípicos mediante el procedimiento REML / BLUP permitió predecir los valores genéticos sin las influencias del ambiente y de la IGA.

El cálculo de las correlaciones fenotípicas y genotípicas, así como su estudio mediante representaciones gráficas de los ACP con valores fenotípicos y genotípicos se comprueba que las variables morfoagronómicas (específicamente RE, NG, PV y NV) no están correlacionadas con las de calidad de grano (por ejemplo, las variables relativas al color). También se observó que las correlaciones genotípicas significativas fueron menores que las fenotípicas para los pares de variables: RE-NG, RE-PV, RE-NV, NG-PV, PV-NV y DPC-ICOS

mientras que para el resto de los pares de variables fueron mayores o similares, indicando una fuerte asociación entre los caracteres.

Se realizó una caracterización molecular con 7 marcadores SSR y 6 SRAP que en total presentaron 121 bandas polimórficas y un porcentaje de loci polimórficos del 90%. El análisis de agrupamientos con estos datos permitió formar 6 grupos altamente diferenciados.

La mayor distancia Euclídea con los valores fenotípicos se dio entre Bolero y Early Sweet (12,91) y con los valores genotípicos entre Rapid y Rois des Conserves (11,48). Con los datos de MM la mayor distancia de Roger-Modificada se dio entre las variedades Rois des Conserves y Super Scout (0,73) al igual que con la distancia de Gower (0,69) usando MM y datos morfoagronómicos. Esta última coincidencia puede deberse al desbalance entre la cantidad de datos morfoagronómicos y la de MM.

Para la estrategia de cruzamientos entre variedades con la mayor distancia genética posible para generar una población segregante (F_2) con alta variabilidad es preferible utilizar sólo los datos de los valores genotípicos que además pueden utilizarse en otras metodologías de selección de parentales. Para una estrategia de cruzamientos entre variedades sólo con características deseables para obtener una F_2 con variabilidad, pero con una alta frecuencia de alelos favorables resultó más apropiado el índice de selección ESIM ya que permitió obtener una ganancia esperada favorable en la mayor cantidad de variables objetivo (ALT, %REPC, C e IC). El análisis de GTY biplot resultó adecuado para la estrategia de cruzamientos complementarios, ya que permitió identificar genotipos que además de buen RE se destacaron en una o más variable objetivo.

La estrategia de selección de líneas de segundo ciclo es más eficiente en cuanto a costos y tiempo requerido, seguida por la estrategia de cruzamientos complementarios y por último la estrategia de cruzamientos entre variedades distantes. Sin embargo, para que un programa de mejoramiento se mantenga en el tiempo, es recomendable combinar todas estas estrategias utilizando por ejemplo la estrategia de cruzamientos distantes para generar líneas recombinantes que reúnan dos o más características de interés que posteriormente puedan ser usadas como parentales complementarios, al mismo tiempo que se obtienen las líneas de segundo ciclo.

ABSTRACT

Argentina produces 26,393.72 tons of green pea (*Pisum sativum* L. The main areas of production are south of Santa Fe and north of Buenos Aires and the east of Mendoza and San Juan.

Twenty-four cultivars of green pea were implanted in the Experimental Field of the FCA-UNR located in Zavalla (33 ° S and 60 ° 53'W), in a subdivided plots design with two repetitions under drip irrigation and two repetitions in dry land and evaluated during 2015 and 2016. The experimental plots were 2 m long rows spaced at 70 cm, with 50 plants per plot.

The phenotypic characterization was carried out for both productive and grain quality characters. The analysis of variance showed significant and highly significant differences between varieties for all variables except for FG and SST. Significant double or triple interactions were identified for all characters except for NV, LV, AV, AcT, VitC and CRO. The calculation of the genotypic values using the REML / BLUP procedure allowed predicting the genetic values without the influences of the environment and the IGA. A molecular characterization was carried out with seven SSR markers and six SRAP that in total presented 121 polymorphic bands and 90% of polymorphic loci of.

The greatest Euclidean distance with phenotypic values was 12.91 (between Bolero and Early Sweet) and with genotypic values 11.48 (between Rapid and Rois des Conserves). With the MM data, the greatest Roger-Modified distance was 0.73 and with MM and morphoagronomic data the greatest Gower distance was 0.69 (both of them between Rois des Conserves and Super Scout).

It is preferable to use genotypic values to select parents with the greatest possible genetic distance to generate a segregating population (F_2) with high variability. For a strategy of crosses between elite parents to obtain an F_2 with variability and high frequency of favorable alleles, the ESIM selection index was more appropriate since it allowed obtaining favorable expected gains in the target variables ALT, % REPC, C and IC. The GTY biplot analysis was adequate for the complementary crossing strategy, since it allowed the identification of genotypes that stood out in one or more target variable in addition to a good RE. For a successful breeding program is advisable to combine all these strategies

As conclusion, genotypic values and genetic distances among them are useful indicators for the selection of parents to generate initial variability in breeding programs.

INTRODUCCIÓN

Generalidades

La arveja o guisante (*Pisum sativum* L.) es uno de los cultivos domesticados más antiguos del mundo. Se cree que el género se originó hace aproximadamente 10.000 años y hay registros de su cultivo que datan desde el año 700 antes de Cristo. Vavilov (1926), basado en la diversidad genética, consideró a Asia central, el Cercano Oriente, Abisinia y el Mediterráneo como el centro de origen. Se considera que *Pisum* se originó en Etiopía, donde se encontraron la mayoría de las subespecies y desde donde se habría extendido en tiempos prehistóricos a la región mediterránea, Europa Central y Cercano Oriente (Zohary y Hopf, 2000), y posteriormente al resto del mundo.

Es la tercera leguminosa más cultivada, con presencia en zonas templadas de todo el mundo, constituyendo una importante fuente de proteínas de alta calidad tanto para la alimentación humana como en alimentación animal (Abi-Ghanem et al. 2011).

El género *Pisum* pertenece a la familia *Fabaceae* y comprende dos o tres especies dependiendo de la clasificación utilizada. Así, Makasheva (1979) adoptó dos especies: *P. fulvum* y *P. sativum*; mientras que Maxted y Ambrose (2001), Smýkal et al. (2011) y Martin-Sanz et al (2011) adoptaron tres especies: *P. fulvum* Sibth. & Sm.; *P. abyssinicum* A. Br. y *P. sativum* L.

La especie cultivada *Pisum sativum* L. es diploide ($2n = 14$ cromosomas), estrictamente autógena, anual y herbácea. Esta especie presenta una amplia variabilidad y una enorme cantidad de variedades cultivadas debido a su popularidad como hortaliza desde épocas antiguas. Algunas referencias notables en la descripción del cultivo, así como en la clasificación de las variedades según su forma de consumo incluyen las obras de Hendrick (1928), Mateo Box (1955), Fourmont (1956) y Sneddon y Squibbs (1958). Según Ambrose (2008), los caracteres principales utilizados para agrupar variedades se relacionan con los tipos de semillas y vainas, los grupos de madurez y la altura del cultivo y reflejan la variación en los tipos de mercado.

La inflorescencia es un racimo que surge de la axila de una hoja. El nodo más bajo en el que ocurre la iniciación de la flor es normalmente constante bajo un conjunto de condiciones dado y se usa para clasificar las variedades en tipos tempranos y tardíos. Los primeros cultivares a menudo son de flores simples o tienen algunas flores simples y dobles. Los cultivares tardíos son generalmente de doble / triple floración. Las flores son típicas papilionáceas con cáliz verde que consta de cinco sépalos unidos, cinco pétalos (uno difamado, dos alas y dos quillas). Los estambres están en condición diadelfa (9 + 1). Nueve filamentos se fusionan para

formar un tubo estaminal mientras que el décimo está libre en toda su longitud. El gineceo es monocarpelar, con óvulos (hasta 13) unidos alternativamente a las dos placentas. El estilo normalmente se dobla en ángulo recto con el ovario. El estigma es pegajoso, y receptivo al polen desde varios días antes de la anthesis hasta un día o más después de que la flor se marchita. El polen es viable desde el momento de la dehiscencia de anteras hasta varios días después.

Los frutos son vainas alargadas y oblongas de color verde generalmente. Las vainas son algo comprimidas y terminan en una pequeña curva. Los frutos presentan un número variable de semillas casi esféricas, cuyos tamaños también son variables. La presencia de las formas recesivas de alelos *P* y *V* da como resultado la pérdida parcial o completa de la capa de esclerénquima interior de la vaina responsable de dar rigidez a la pared de esta. La pérdida de esta capa sustenta el tipo de arveja “snow pea” o “mangetout”. La presencia del alelo recesivo del locus *N* da como resultado un engrosamiento de la capa de células media de la vaina que produce vainas de textura crujiente más gruesas del tipo “sugar snap”. Todos estos tipos de vainas son comestibles y se comercializan en fresco, pudiendo comercializarse las “sugar snap” como congeladas.

Los granos pueden presentar color de cotiledón verde, amarillo o naranja. La presencia del alelo *i*, hace que las arvejas permanezcan verdes en lugar de su estado de tipo salvaje amarillo, mientras que la presencia del alelo *Orc* produce cotiledones naranjas. El gen *i* muestra un efecto epistático sobre el gen *Orc*. Se estableció dominancia incompleta y dominancia completa en los loci *Orc* e *I*, respectivamente (Haghnazari y Azimi, 2003). El contenido de proteínas está en el rango de 20 a 25%, habiendo diferencias de acuerdo a la zona y forma de producción. La arveja presenta deficiencia en aminoácidos azufrados (cistina y metionina).

Las semillas tienen dos cotiledones, envueltos en una testa de tejido materno y se conocen unos cincuenta genes que influyen en su forma, tamaño y color (Ramos, 1996). Los alelos *R* y *r* codifican la enzima de ramificación del almidón (SBE) responsable de la producción de amilopectina a partir de la amilosa. La ausencia de producción de amilopectina significa que se produce menos almidón total. Cuando hay exceso de amilosa, el exceso de glucosa 1-P se transforma en sacarosa, por lo tanto, la pérdida de función en la proteína SBE1 producida por los genotipos *rr* da como resultado la reducción del almidón y una mayor concentración de azúcares que se encuentran en las arvejas rugosas también conocidas como “garden peas” o “english peas”, cuyos cotiledones poseen un menor contenido de almidón (entre 28% y 34%) pero mayor contenido de glucosa y dextrina. En este tipo de arvejas, los tegumentos

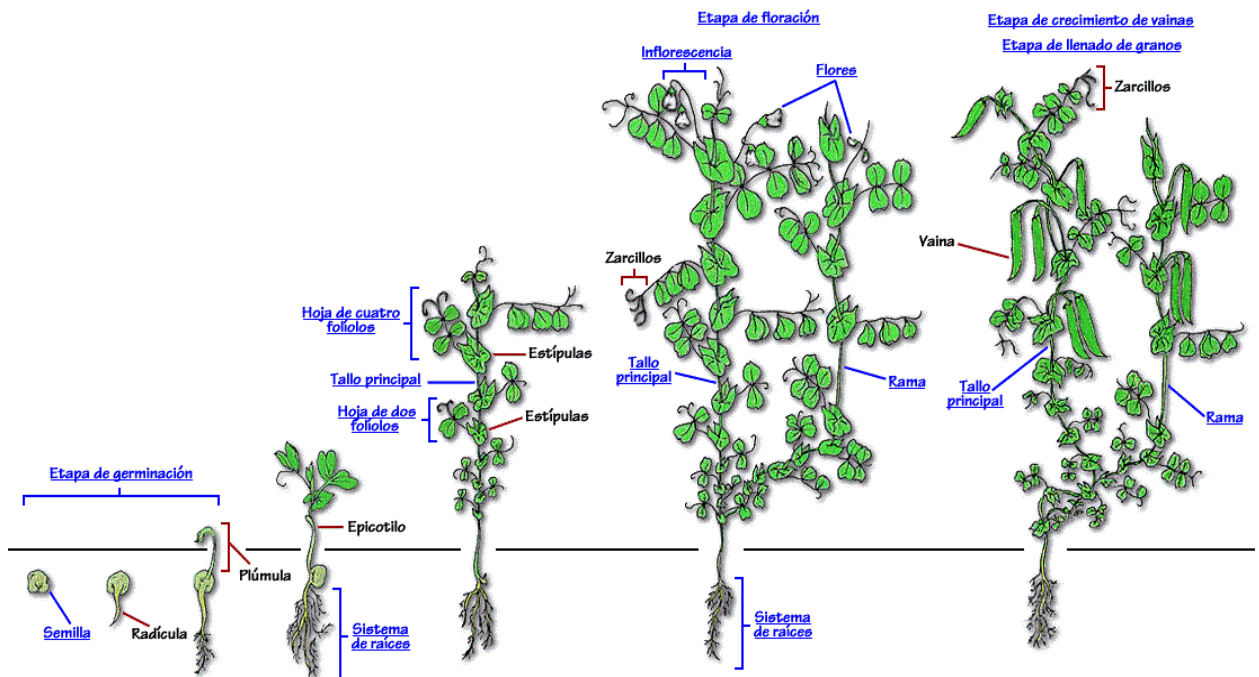
quedan totalmente adheridos a los cotiledones lo cual les confiere mayor aptitud para el congelado, son más dulces y se usan para grano verde (González García, 2001). También, la velocidad de transformación de azúcares en almidón durante la madurez de la semilla ocurre más lentamente en estos cultivares, por lo tanto, presentan una fase más lenta de maduración al estado verde y facilitan la cosecha cuando los embriones están inmaduros y el endosperma líquido todavía está presente. Las formas dominantes de estos alelos producen semillas de tipo lisas, con cotiledones que poseen gran cantidad de hidratos de carbono con un contenido de almidón entre 44 al 49%, por lo cual se utilizan especialmente para grano seco. En la Figura 1 pueden verse los diferentes tipos de arveja mencionados.

Figura 1: Diferentes tipos de arveja (*Pisum sativum* L.) según su constitución genética



La raíz es pivotante, con numerosas raicillas secundarias y terciarias, presentan nódulos que contienen bacterias del género *Rhizobium* que fijan nitrógeno de manera simbiótica. En la Figura 2 puede apreciarse un esquema del crecimiento y desarrollo de una planta completa.

Figura 2: Crecimiento y desarrollo de una planta completa de *Pisum sativum* L.



Fuente: http://www7.uc.cl/sw_educ/cultivos/legumino/arveja.htm

Existen variedades de crecimiento determinado e indeterminado, dando lugar a tres tipos: enanas (altura menor a 70 cm), de medio enrame (entre 70 cm y 130 cm) y de enrame (altura mayor a 130 cm). Las variedades de enrame se producen en sistemas con tutorado, siendo la cosecha de forma manual y escalonada para tener una presencia en el mercado más prolongada.

Figura 3: Producción de arveja verde para consumo fresco en sistema de tutorado y cosecha manual escalonada



Las variedades enanas y de medio enrame se adaptan a sistemas de producción más extensivos, con cosecha mecánica y su posterior industrialización (congelado).

Figura 4: Cosechadora de arveja rugosa para consumo fresco



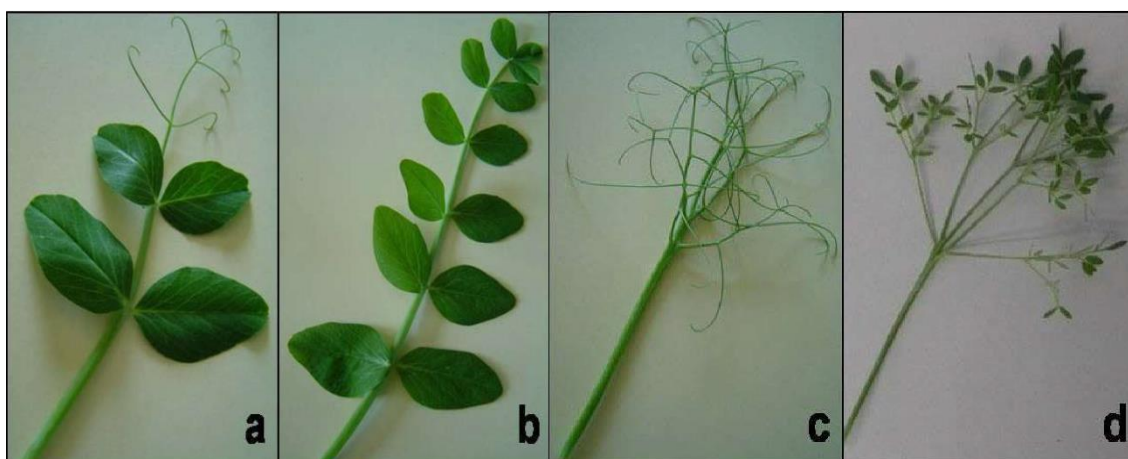
El tallo principal, que es hueco y muy delgado en la base, va engrosándose progresivamente hacia la parte alta; dependiendo del hábito de crecimiento del cultivar, puede emitir desde 6 hasta más de 20 nudos vegetativos por planta.

Sus hojas son compuestas y paripinadas, y consisten de estípulas basales grandes, seguidas generalmente de uno a tres pares de folíolos proximales y terminan en zarcillos ramificados. Las estípulas, de tamaño mayor que los folíolos, se insertan en la base del pecíolo de la hoja.

Kujala en 1953 describió por primera vez una mutación espontánea recesiva de afila (af) en Finlandia; Solov'eva (1958) en Rusia y Goldenberg (1965) en Argentina reportaron más tarde fenotipos similares en mutaciones espontáneas de los cultivares Svoboda y Cuarentona, respectivamente. La mutación af conduce a la conversión de los folíolos en zarcillos de primer y segundo orden (Cote et al., 1992), mientras que las variedades que presentan los genes mutantes recesivos *st* en estado de homocigosis, muestran modificaciones en la forma y el tamaño de las estípulas (Blixt, 1972; Marx, 1987; Smith y Hake, 1994; Hofer y Ellis, 1998). Ambas mutaciones juntas producen plantas que sólo tienen zarcillos y estípulas muy

reducidas sin presencia de folíolos, haciendo que el canopeo superior sea más rígido y con mejor comportamiento frente al vuelco, al tiempo que permite una mayor cantidad de luz y circulación de aire, y reduciendo la incidencia de enfermedades foliares (Hedley y Ambrose, 1981). Este tipo de arquitectura de planta facilita la cosecha mecánica, dando origen a las variedades “semiáfilas” más modernas (Snoad, 1974; Davies, 1977; Hedley y Ambrose, 1981, Ambrose, 2004) y si bien no produce disminución significativa de la actividad fotosintética, Burstin et al. (2007) y Bourion et al. (2010) descubrieron que posiblemente estaba asociado con rasgos desfavorables relativos a la fijación simbiótica de nitrógeno y a la estructura de las raíces.

Figura 5: Tipos de hoja de *Pisum sativum* L.



(A) foliosa, (B) *tendriless*, (C) *afila*, (D) *afila-tendrill-less*

Los esfuerzos de mejoramiento para desarrollar nuevos cultivares han resultado en gran medida en la división del germoplasma de arveja en distintos grupos principalmente diferenciados por uso final y tipo de mercado (Zong et al. 2009; Burstin et al. 2015). En resumen, según la morfología del grano y el momento de su cosecha, las arvejas pueden clasificarse en:

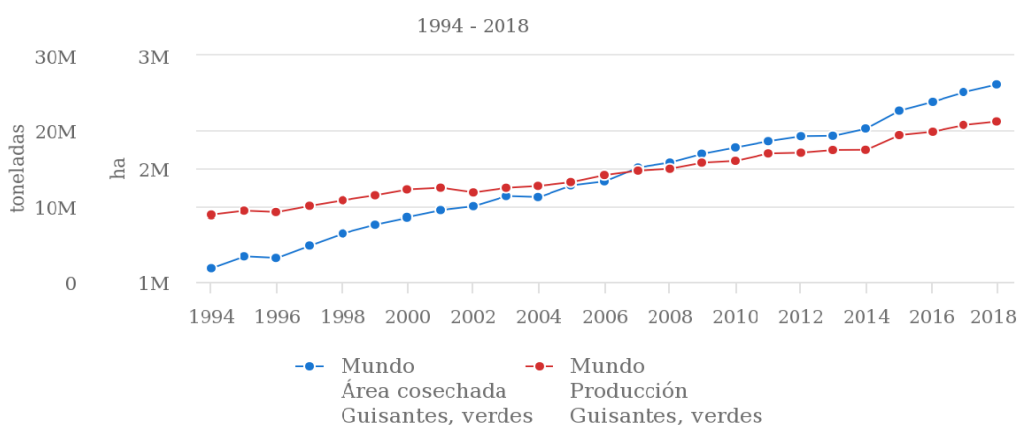
- Arveja verde (rugosas o “garden pea”), de las cuales se cosechan las vainas para el consumo humano como verdura fresca y los granos inmaduros para enlatar o congelar.
- Arvejas secas (lisas o “field pea”), en parte para consumo humano, pero sobre todo para la alimentación animal.

Las arvejas verdes para consumo fresco presentan una constitución nutricional de: proteínas 7,2 g, grasas 0,1 g, minerales 0,8 g, carbohidratos 15,8 g, calcio 20 mg, magnesio 34 mg, fósforo 139 mg, cobre 0,23 mg, azufre 95 mg, hierro 1,5 mg, riboflavina 0,01 mg, ácido nicotínico 0,8 mg y vitamina C 9,0 mg por cada 100 g de porción comestible (Sepehya et al. 2015). No se han informado cantidades significativas de sustancias tóxicas o factores antinutricionales (Smart 1990).

Producción mundial y nacional

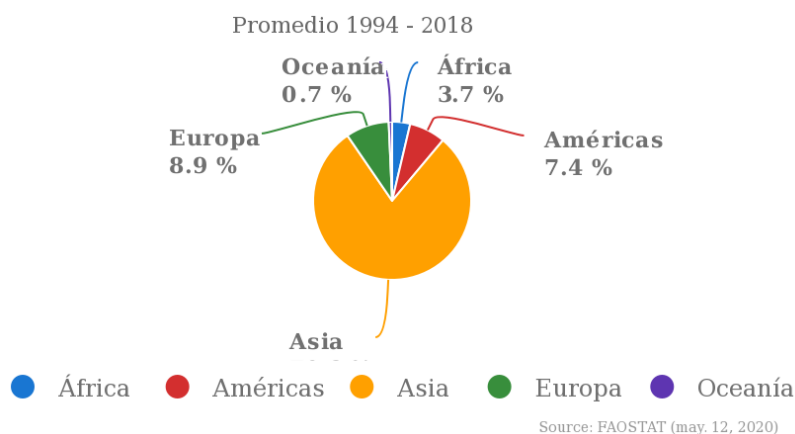
Según datos de la FAO (*Food and Agriculture Organization of the United Nations* [© FAO]), 2020, la producción mundial de arveja verde para consumo en fresco ha ido incrementando tanto el área cosechada como el volumen cosechado en toneladas, llegando al año 2018 a valores de 2.743.867 ha cultivadas y 21.225.579 t cosechadas (Gráfico 1). Sin embargo, la pendiente de crecimiento de la recta del área cosechada es mayor que la de producción, indicando que las nuevas áreas de cultivo que se van sumando presentan una productividad menor.

Gráfico 1: Producción/Rendimiento de arvejas verdes frescas en el Mundo



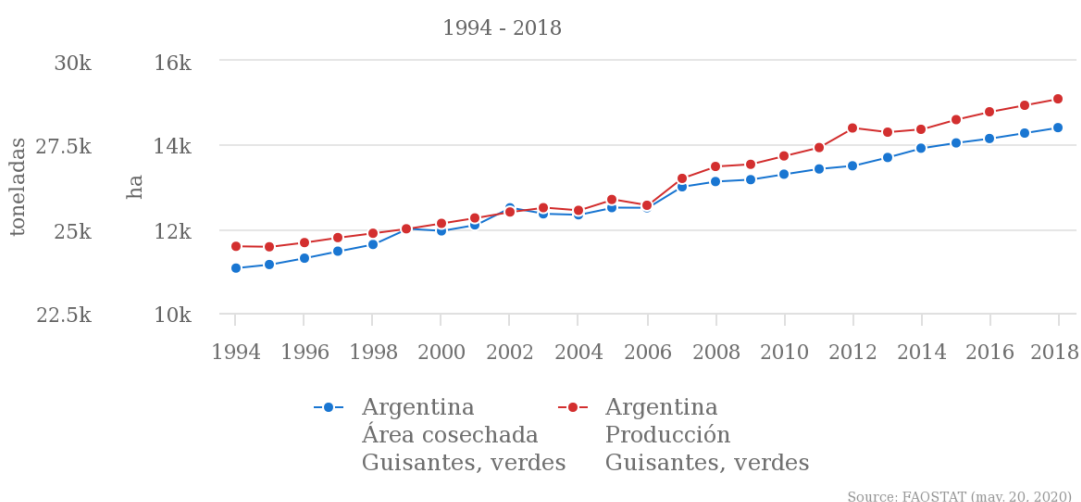
Los países con mayor producción son China continental (con 8.066.133,32 t), India (3.054.833,2 t) y Estados Unidos (703.399,88 t); mientras que si se considera la producción por continente, Asia reúne el 79.3% de la producción global, seguida por Europa y América (Gráfico 2).

Gráfico 2: Proporción de producción de arvejas verdes frescas por región



Argentina produce en promedio 26.393,72 toneladas. En 2018 se cultivaron 14.409 ha y se cosecharon 28.858 t, notándose también una tendencia al incremento de producción al igual que a nivel global (Gráfico 3), aunque en el caso de nuestro país, la producción en t aumentó más que el área cultivada posiblemente debido a la adopción de materiales mejorados con mayor potencial de rendimiento combinado con un mejor manejo del cultivo.

Gráfico 3: Producción/Rendimiento de arvejas verdes frescas en Argentina



Según De Bernardi (2016) en el segmento de legumbres procesadas en Argentina se destacan tres productos: harina de legumbres, arvejas congeladas y arvejas enlatadas.

Respecto a las conservas, la mayor producción se realiza con arvejas previamente remojadas que se elaboran a partir de granos secos y en menor medida, con arvejas verdes en conservas que son granos verdes inmaduros, enteros, sanos y limpios, extraídos de las vainas. Del total del volumen de arveja producido, aproximadamente el 90% de arvejas corresponde a grano seco de tipo liso, mientras que el 10% restante a grano verde o rugosas (8% para enlatar o congelar y el 2% restante se comercializa como chaucha fresca).

Las principales zonas de producción de arveja para consumo fresco son el sur de Santa Fe y norte de Buenos Aires y la zona este de Mendoza y San Juan.

Mejoramiento en arveja

El objetivo general en cualquier esquema de mejoramiento consiste en maximizar la probabilidad de crear e identificar genotipos superiores que se convertirán en nuevos cultivares exitosos, es decir conteniendo todas las características / rasgos deseables necesarios para su uso en un sistema de producción específico y para un nicho o mercado también específico.

Los cambios climáticos que se experimentan en muchas regiones del mundo solo aumentan el grado de dificultad en el desafío de obtener nuevos cultivares superadores a los ya existentes.

El sistema más comúnmente utilizado para desarrollar cultivares de línea pura en especies autógamias consiste en hibridar artificialmente dos o más líneas parentales homocigóticas seleccionadas, dejar autofecundar la primera generación filial heterocigótica (F_1) para obtener semilla F_2 y continuar avanzando mediante su endocria natural hacia la homocigosis. Cuando se considera que se ha llegado a la homocigosis práctica, aproximadamente en las generaciones F_6 o la F_7 , se comienza la evaluación de los productos obtenidos para determinar su potencial comercial. Durante el avance generacional se puede aplicar selección para ir reduciendo la cantidad de productos obtenidos (método Genealógico o "pedigree") o bien llegar al final del proceso conservando la mayor cantidad de variabilidad genética posible para luego efectuar la selección previa multiplicación de semillas (método Descendiente de semilla única o SSD).

Otro método ampliamente usado para mejorar una variedad de arveja, es la retrocruza para introducir un solo carácter deseado, como resistencia a enfermedades o variables de calidad desde materiales menos adaptados a materiales élite.

Existe también, una larga historia de inducción de mutaciones con agentes mutagénicos químicos o radioactivos para producir nuevas variedades ampliando la variabilidad existente (Burstin et al., 2018, Marsy et al., 2019) aunque la radiación ionizante y la mayoría de los preparados químicos usados no están permitidos en la Agricultura Ecológica (Messmer et al., 2015) y debe analizarse su aceptación en los mercados objetivo antes de considerar su utilización.

Los productos finales son líneas puras, aunque en arveja verde pueden ser mezcla de dos isolíneas (verde y amarilla) ya que el producto final se cosecha a estado inmaduro (cuando el color del cotiledón aún no es evidente) y por lo tanto no se hace purificación.

Sin embargo, antes de poder elegir la metodología a aplicar, es necesario definir claramente los objetivos que se desean alcanzar con el programa de mejoramiento. Según Brown y Caligari (2008) el mejorador deberá preguntarse primero qué caracteres de calidad pueden ser de mayor importancia cuando los nuevos lanzamientos se encuentran en una etapa comercial y para qué tipo de sistema agrícola se desarrollará el cultivar, antes de poder definir qué tipo de cultivar se debe desarrollar.

Los objetivos generales de los mejoradores siempre serán el rendimiento, la calidad y la consistencia, así como resistencias al estrés biótico y abiótico. El aumento de rendimiento en el cultivo comercial de arvejas verdes frescas implica maximizar la proporción de embriones en desarrollo del tamaño deseado en la etapa correcta de desarrollo. Esto se ha abordado mediante una serie de estrategias que incluyen la selección de un alto número de flores por nudo (Gritton, 1986; Sanwal et al., 2016; Devi et al., 2018) para lograr un mayor número de vainas por planta como una metodología más útil que aumentar número de granos por vaina.

Otro aspecto importante es la eficacia en la cosecha del producto, minimizando los costos y las pérdidas. Con el avance en la tecnología aplicada al cultivo en las últimas décadas se produjeron importantes cambios en el ideotipo de planta que se pretende conseguir mediante mejoramiento vegetal. Por ejemplo, con la mecanización de la cosecha ha habido una marcada reducción en la altura de planta hasta valores cercanos al metro para arvejas rugosas e incluso menores para las lisas (Singh G et al., 2003) y se ha buscado una mayor uniformidad de la etapa de desarrollo de la semilla o las vainas.

Los rasgos de calidad y los cambios posteriores a la cosecha representan la categoría final de desafíos para los mejoradores (Ambrose, 2008). Una forma de abordar esta problemática es aumentar los parámetros de calidad del producto que llega al consumidor. Hay dos tipos principales de calidad de uso final:

- Organoléptico: aceptación del consumidor o preferencia de sabor, tamaño, textura y color.
- Químico: donde la calidad se determina mediante análisis químicos del producto cosechado.

Sin embargo, la mejora de la calidad en arveja enfrenta el desafío adicional de que en la mayoría de las etapas de un esquema de mejoramiento solo hay cantidades limitadas de material disponible para realizar pruebas, además de la complicación adicional en el caso de las arvejas de tipo rugoso, de que muchas de las pruebas de calidad disponibles son destructivas o requieren de la cosecha en etapas de inmadurez de los granos que se necesitan para producir la próxima generación para la selección.

La calidad del grano para consumo fresco depende en una gran medida del grado de madurez al momento de la cosecha ya que, si se ha iniciado el proceso de llenado, la misma disminuye (Drijfhout 1972). Los parámetros más importantes en este sentido son el calibre del grano, el color y el sabor dulce.

La variabilidad genética presente en las colecciones de trabajo del género *Pisum* es amplia y ha sido estudiada y descrita por numerosos autores a lo largo del tiempo (Blixt, 1974; Hoey et al., 1996; Ramesh y Tewatia, 2002; Kumar y Jain, 2003; Sharma et al., 2003; Singh G et al., 2003; Singh M et al., 2003 entre otros). Es el requisito previo de cualquier programa de mejoramiento efectivo, y en caso de no estar presente, la variabilidad genética se crea utilizando diferentes técnicas. Sin embargo, es inútil proceder a la variabilidad artificial si existe naturalmente en la población (Ramesh y Tewatia, 2002; Chaudhary y Sharma, 2003; Kumar et al., 2003; Sharma et al., 2003; Kumar AVR y Sharma, 2006). En arveja hay importantes colecciones de diversidad genética con más de 98.000 accesiones en bancos de germoplasma nacionales en al menos 15 países, con muchas otras colecciones más pequeñas en todo el mundo (Coyne et al., 2011; Smýkal et al., 2011; Smýkal et al., 2012). El estrechamiento de la base genética asociado con la mejora no ha sido tan grave en este cultivo como en algunos otros, al considerar colectivamente todos los materiales resguardados en las colecciones de trabajo de todos los programas de mejoramiento, se ha retenido mucha diversidad (Tar'an et al. 2005; Smýkal et al. 2011). Sin embargo, los alelos críticos para diferentes usos finales y ambientes de cultivo como pueden ser *af*, *st*, y *r* se han mantenido en sus respectivos programas de mejoramiento (Holdsworth et al. 2017) y la diversidad genética dentro de los programas de mejoramiento individuales puede ser restrictivamente estrecha (Baranger et al. 2004; Jha et al. 2013) por no estar presentes en ellos alelos novedosos y favorables presentes en germoplasma silvestre (Hance et al. 2004).

Para poder utilizar toda esta variabilidad existente, es fundamental caracterizarla en función de los rasgos cualitativos y cuantitativos de interés y determinar las correlaciones entre ellos.

Tradicionalmente, la diversidad de germoplasma ha sido evaluada por descriptores morfológicos, que siguen siendo el único tipo de marcador legítimo aceptado por la Unión Internacional para la Protección de Nuevas Variedades de Plantas (UPOV), principalmente aquellos relacionados con la morfología de vainas (largo, ancho, color, forma, etc.); hojas (presencia de zarcillos, número y forma de folíolos, tipo de borde), estípulas y tallos entre otros. Aunque los caracteres morfológicos representan la acción de numerosos genes y, por lo tanto, contienen un alto valor de información, pueden ser poco confiables debido a la fuerte influencia ambiental cuando presentan baja heredabilidad. En contraste, los marcadores moleculares representan con precisión la variación genética subyacente y ahora dominan la diversidad genética. Actualmente, para cultivos autógamos, se recopilan datos de varias fuentes tales como observaciones de experimentos de campo, marcadores moleculares y pruebas de calidad en laboratorios.

En este sentido, se han publicado varios estudios que utilizan descriptores morfológicos y rasgos agronómicos (Singh y Singh, 2005, Sardana, 2007, Nisar et al., 2008, Smýkal et al., 2008, Esposito et al., 2009, Ghobary, 2010, Singh et al., 2011, Fikresilassie, 2012, Kosev y Mikić, 2012, Tiwari y Lavanya, 2012, Govardhan et al., 2013, Smýkal et al., 2013, Afreen et al. 2017, Bashir et al., 2017) encontrándose que varias variables estaban fuertemente correlacionados, y como resultado, un número más reducido de ellas era suficiente para evaluar la diversidad morfológica. En cuanto a marcadores moleculares también son numerosos los trabajos que describen la diversidad genética presente en arveja, por ejemplo, Espósito et al. (2007) utilizando SRAP; Sarikamış et al. (2010), Mishra et al. (2012), Xu et al. (2012), Jain et al. (2014), Nisar (2017) y Sharma (2017) utilizando EST-SSR y Gangadhar y Mishra (2016) utilizando EST-SSR, SSR, RAPD, e ISSR.

Una vez establecidos los objetivos del programa y evaluada la variabilidad existente, surge el interrogante ¿qué padres darán la mejor progenie para una mayor eficiencia en la selección de cultivares para la explotación comercial? Las decisiones erróneas en la selección de los padres tendrán consecuencias importantes para el éxito del programa de mejoramiento.

Según Brown y Caligari (2008), en un contexto comercial directo y para un objetivo a corto plazo, una estrategia simple y efectiva es cruzar a los mejores padres fenotípica y genéticamente y seleccionar entre su progenie. Dicha estrategia se denomina “obtención de líneas de segundo ciclo” y se basa en que el material de partida así obtenido presenta una alta frecuencia de alelos favorables y por lo tanto es más factible derivar a partir de él materiales comerciales. En este caso, el alto rendimiento, así como la amplia adaptabilidad y

estabilidad de cada genotipo han sido las características principales que se tienen en cuenta para la elección de parentales (Bertan et al. 2007).

Otra estrategia consiste en combinar progenitores con características complementarias. Por ejemplo, utilizar como parentales una línea de baja calidad y alto rendimiento con una línea de alta calidad, pero bajo rendimiento lo cual, en teoría, podría permitir la selección de un recombinante de alta calidad y alto rendimiento.

Una posibilidad adicional es evaluar qué tan diversos son los genotipos a nivel fenotípico y de ADN y, por lo tanto, evaluar su nivel de diferencia (distancia genética) para usar como padres aquellos más divergentes. Analizar la diversidad genética entre los posibles parentales juega un papel importante en el fitomejoramiento porque los híbridos entre líneas de origen diverso generalmente muestran una heterosis mayor que aquellas estrechamente relacionadas (Singh, 1986) y posibilitan obtener la recombinación deseable en las generaciones segregantes (Uddin y Choudhury, 1994). La selección de padres basada en la divergencia genética ha tenido éxito en varios cultivos como por ejemplo lino (Ashana y Pandey, 1980), té (Yao et al. 2008) y festuca alta (Amini et al. 2011) aunque se ha demostrado en varias oportunidades que los cruzamientos que involucran a padres que pertenecen a grupos de divergencia media también pueden exhibir heterosis significativa y positiva en arveja seca (Espósito et al. 2014) y en arveja fresca (Saha et al. 2016).

El método más simple para seleccionar individuos superiores como progenitores a hibridar es elegirlos en función de su propia performance, siendo este el procedimiento más eficiente que cualquier otro para caracteres altamente heredables (Falconer, 1989). Sin embargo, la eficiencia de la selección fenotípica en la discriminación entre individuos superiores disminuye a medida que disminuye la heredabilidad, y se vuelve muy ineficiente para variables con valores bajos de heredabilidad (Hesse, 1975; Hansche, 1983; Falconer, 1989).

Otros procedimientos de selección de parentales son los basados en pruebas de progenie (Pepper y Namkoong, 1978; Cotterill y James, 1984), en estimaciones de aptitud combinatoria (Gordon, 1980; Cox y Frey, 1984; Fasahat et al. 2016), y en la predicción directa de los valores genotípicos (Henderson, 1975, 1984; White y Hodge, 1989; Ye et al., 2004). Son metodologías más confiables que la selección basada únicamente en el fenotipo, y especialmente adecuados para clasificar a los individuos superiores por caracteres con baja heredabilidad (Falconer, 1989).

Según Bauer y León (2018) el uso de valores genotípicos en la selección de parentales es superior a las estrategias de selección convencionales, donde la selección a menudo se basa en varias variables que están correlacionados entre sí, analizando cada variable

individualmente lo cual puede producir un sesgo, especialmente si la selección se basa en niveles de corte independientes. Por ejemplo: después de la selección de líneas basadas en una variable, las líneas que quedan por considerar para una segunda variable no representan una muestra aleatoria de toda la población parental (Pollak et al. 1984; Im et al. 1989).

Según Cerón-Rojas y Sahagún-Castellanos (2005), la selección de genotipos basada en la evaluación simultánea de dos o más caracteres se ha hecho, principalmente, de acuerdo con el índice de selección desarrollado por Smith en 1936 como una combinación lineal de los valores fenotípicos de los caracteres de interés, aunque sus requerimientos incluyen la asignación, frecuentemente subjetiva, de los pesos económicos de los valores genotípicos de los caracteres involucrados en la selección.

Piepho y Möhring (2006) y Piepho et al. (2008) recomendaron para la selección de parentales en cultivos anuales, el uso de valores genotípicos estimados como la mejor predicción lineal no sesgada usando el método de máxima verosimilitud restringida REML/ BLUP (por su sigla en inglés) de múltiples caracteres en la construcción de los índices de selección propuestos por Smith (1936) y Hazel (1943), ya que estos permiten tener en cuenta la relación genética entre las líneas como un factor aleatorio en el modelo estadístico.

Sin embargo, para el mejoramiento de autógamias, el coeficiente de consanguinidad ampliamente utilizado en el mejoramiento animal tiene una aplicación muy limitada especialmente cuando la información de pedigrí no está completa. En este sentido, Bauer et al. (2006) compararon tres estrategias de selección basadas en BLUP que incluían efectos ambientales, efectos ambientales y datos genealógicos y efectos ambientales y similitudes genéticas con la selección comúnmente utilizada por medias ajustadas y encontraron una estrecha asociación entre el coeficiente de consanguinidad y las similitudes genéticas y llegaron a la conclusión que en la predicción de los valores genotípicos BLUP de los cultivos autógamias, la sustitución de la matriz de parentesco basada en el coeficiente de consanguinidad con una matriz que contiene similitudes genéticas basada en marcadores moleculares podría ser una alternativa útil en situaciones donde faltan datos de pedigrí y / o la intensidad de selección es alta. Esta misma conclusión fue propuesta para triticale por Tams et al. (2005).

HIPÓTESIS Y PREDICCIONES

El valor genotípico y la distancia genética son indicadores de utilidad para la selección de líneas puras de arveja a usar como progenitores en hibridaciones orientadas a generar variabilidad inicial en programas de mejoramiento.

OBJETIVO GENERAL:

Generar nuevas variedades que demuestren buenos rendimientos y calidad en nuestras condiciones agroecológicas que sean superadoras de las variedades que actualmente dispone el productor.

OBJETIVOS ESPECÍFICOS

- Caracterizar fenotípicamente el germoplasma presente en la colección activa de arveja “tipo rugoso” de la Cátedra de Mejoramiento Vegetal y Producción de Semillas tanto para caracteres productivos como de calidad en función del uso final del producto.
- Calcular los componentes de variancia, coeficientes de variabilidad genotípica (CVG), fenotípica (CVF) y ambiental (CVE) y la heredabilidad en sentido amplio para valorar la posibilidad de obtener respuesta a la selección en las distintas variables.
- Estudiar la presencia de interacción genotipo x ambiente (IGA) y determinar la calidad de los distintos entornos de prueba generados.
- Calcular los méritos genéticos de cada genotipo para cada variable por medio del mejor predictor lineal insesgado (BLUP)
- Estudiar las correlaciones fenotípicas y genotípicas entre variables mediante los correspondientes coeficientes de correlación y mediante el análisis gráfico de los biplots generados en el Análisis de Componentes Principales.
- Comparar las metodologías de Análisis de Conglomerados en base a la distancia Euclídea y de Árboles de Clasificación para conformar grupos de variedades con características homogéneas que presenten utilidad en un programa de mejoramiento.
- Caracterizar molecularmente el germoplasma presente en la misma colección activa mediante marcadores SRAP y SSR.
- Aplicar la metodología de Análisis de Agrupamiento y de Escalamiento multidimensional en base a la distancia de Roger Modificada.
- Proponer variedades para actuar como progenitores en hibridaciones tendientes a formar materiales de partida en programas de mejoramiento mediante la determinación de sus valores genotípicos y diferentes índices de similitud y distancia genética

CAPÍTULO 1:

**Evaluación de la variabilidad existente en materiales de arveja tipo rugoso y
determinación de sus valores genotípicos**

1. OBJETIVOS ESPECÍFICOS

- Caracterizar fenotípicamente el germoplasma presente en la colección activa de arveja “tipo rugoso” de la Cátedra de Mejoramiento Vegetal y Producción de Semillas tanto para caracteres productivos como de calidad en función del uso final del producto.
- Calcular los componentes de variancia, coeficientes de variabilidad genotípica (CVG), fenotípica (CVF) y ambiental (CVE) y la heredabilidad en sentido amplio para valorar la posibilidad de obtener respuesta a la selección en las distintas variables.
- Estudiar la presencia de interacción genotipo x ambiente (IGA) y determinar la calidad de los distintos entornos de prueba generados.
- Calcular los méritos genéticos de cada genotipo para cada variable por medio del mejor predictor lineal insesgado (BLUP)
- Estudiar las correlaciones fenotípicas y genotípicas entre variables mediante los correspondientes coeficientes de correlación y mediante el análisis gráfico de los biplots generados en el Análisis de Componentes Principales.
- Comparar las metodologías de Análisis de Conglomerados en base a la distancia Euclídea y de Árboles de Clasificación para conformar grupos de variedades con características homogéneas que presenten utilidad en un programa de mejoramiento.
- Caracterizar molecularmente el germoplasma presente en la misma colección activa mediante marcadores SRAP y SSR.
- Aplicar la metodología de Análisis de Agrupamiento y de Escalamiento multidimensional en base a la distancia de Roger Modificada.

2. MATERIALES Y MÉTODOS

2.1 Material vegetal

Se analizaron 24 variedades de arveja tipo rugoso (Tabla 1.1), que fueron implantados en el Campo Experimental de la Facultad de Ciencias Agrarias de la UNR sito en Zavalla (33° S y 60° 53'O) y fueron evaluados durante los años 2015 y 2016.

Tabla 1.1: Listado de materiales utilizados

Nombre común	País de origen	Procedencia
Accord	USA	USDA 635187+
American Wonder	Inglaterra	JIC 318*
Avon	Francia	JIC 1414
Bolero	USA	USDA 635202
Cuarentona	Argentina	USDA 162692
Dante	USA	USDA 595591
Duke of Albany	Inglaterra	JIC 313
Early Perfection 1322	USA	JIC 520
Early Sweet	USA	USDA 635190
Eaton	Inglaterra	JIC 1767
Filigreen - af	Alemania	JIC 1772
Granada	USA	USDA 595579
Green Sugar	USA	USDA 642175
Gypsy	USA	USDA 595575
Leo	USA	USDA 595573
Multiviral resistant	USA	JIC 2619
Panga	Zambia	JIC 2310
Rapid	Hungría	JIC 622
Rois des Conserves	Francia	JIC 350
Superscout	USA	USDA 601010
Suttons Early Giant	Inglaterra	JIC 300
Telephone Gold Straw	Inglaterra	JIC 1720
Trianon	Francia	JIC 1214
Withan Wonder	Suecia	JIC 31

*JI: [John Innes Centre](#), Norwich, UK.

+USDA: [Plant Germplasm Introduction and Testing](#), USA.

2.2 Caracterización morfológica y agronómica

2.2.1 Ambientes de evaluación y diseño experimental

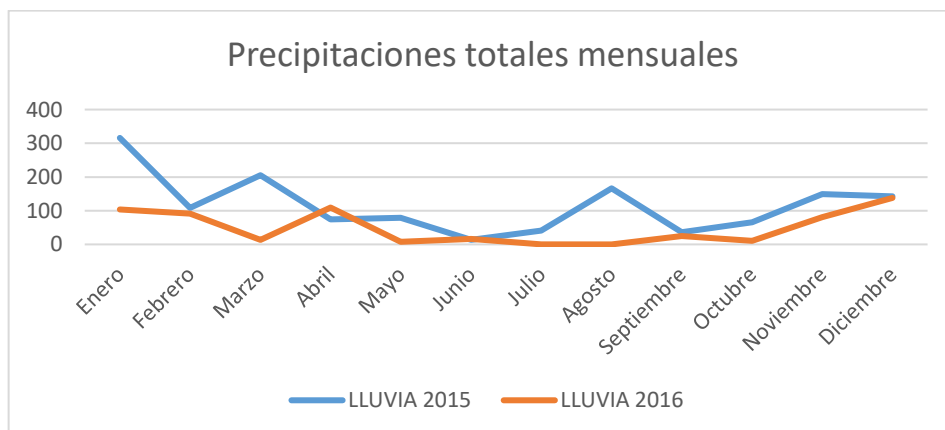
El diseño experimental utilizado fue en parcelas subdivididas en bloque completos al azar, con dos repeticiones bajo sistema de riego por goteo y dos repeticiones en secano y evaluados durante los años 2015 y 2016. Las parcelas experimentales se sembraron en surcos espaciados a 70 cm, con 2 m de largo y una densidad estimada de 50 plantas por parcela.

La preparación de la cama de siembra se realizó con labranza convencional y la semilla fue curada, previamente a la siembra, con un preparado a base de los principios activos Fludioxonil y Metalaxil-M (marca comercial MAXIM® XL del grupo Syngenta).

El control de malezas se realizó mediante la aplicación de 3-(3,4-diclorofenil)-1-metoxi-1-metilurea (nombre comercial LINURON 48% SC) al momento de la siembra y una aplicación de Imazetapir 10,59 % (marca comercial PIVOT® H de Basf) durante el período desde cuarta hoja verdadera y previo a floración.

El control de plagas como chinche verde (*Nezara viridula*) y pulgones de la arveja (*Acyrtosiphon pisum*) y verde del duraznero (*Myzus persicae*) se realizó mediante la aplicación de Imidacloprid (marca comercial CONFIDOR® 70 WG de Bayer).

Gráfico 1.1: Distribución comparativa de precipitaciones durante 2015 y 2016



Se registraron durante el año 2015 un total de lluvias un 30.7% superior al año 2016, con precipitaciones acumuladas durante el período de cultivo (junio a noviembre) de 472 mm en comparación a los 131.9 mm acumulados en 2016. Este hecho ocasionó que la disponibilidad hídrica durante el primer año de ensayo fuera excesiva, requiriéndose la implementación de riego por goteo sólo al momento de la siembra y posteriormente durante

el mes de septiembre, al momento de inicio de floración. Durante el año 2016, el riego por goteo se implementó en el ensayo correspondiente en el período de junio a octubre.

Tabla 1.2: Características climáticas del año 2015

MES	T. MEDIA	T. MÁX	T. MÍN	VIENTO	PRESIÓN MEDIA	LLUVIA
Enero	25.3 °C	34.9 °C	14.6 °C	5.4 km/h	1010.3 hPa	316 mm
Febrero	24.7 °C	32.3 °C	15.5 °C	5.9 km/h	1010.8 hPa	108.2 mm
Marzo	23.3 °C	32.4 °C	13.1 °C	4.2 km/h	1012.8 hPa	205.4 mm
Abril	21.2 °C	29.9 °C	12.2 °C	4.6 km/h	1013.8 hPa	74.4 mm
Mayo	17.3 °C	27.1 °C	7.6 °C	4.3 km/h	1015.7 hPa	79.2 mm
Junio	14.1 °C	27.7 °C	2.8 °C	4.9 km/h	1016.2 hPa	13.6 mm
Julio	12.9 °C	27.7 °C	2.4 °C	5.1 km/h	1016.2 hPa	41 mm
Agosto	15.5 °C	28.6 °C	6.1 °C	7 km/h	1012.6 hPa	166 mm
Septiembre	15.6 °C	26.3 °C	5.1 °C	6.9 km/h	1014.3 hPa	36.6 mm
Octubre	17.2 °C	30 °C	6.7 °C	7.7 km/h	1015.3 hPa	65.6 mm
Noviembre	21.2 °C	30.6 °C	11.7 °C	6.3 km/h	1010.9 hPa	149.2 mm
Diciembre	25.2 °C	33.8 °C	17.1 °C	5.5 km/h	1008.3 hPa	142.4 mm

Tabla 1.3: Características climáticas del año 2016

MES	T. MEDIA	T. MÁX	T. MÍN	VIENTO	PRESIÓN MEDIA	LLUVIA
Enero	26.8 °C	34.9 °C	19.1 °C	5.8 km/h	1009.5 hPa	103.2 mm
Febrero	26.9 °C	33.7 °C	20.2 °C	4.5 km/h	1009.9 hPa	91.6 mm
Marzo	20.5 °C	33.5 °C	11.8 °C	2.3 km/h	1013.8 hPa	13.2 mm
Abril	17.7 °C	33.6 °C	9.9 °C	3.5 km/h	1010.9 hPa	109.6 mm
Mayo	11.9 °C	18.6 °C	6 °C	2.2 km/h	1019.8 hPa	7.6 mm
Junio	9.7 °C	19.2 °C	2.5 °C	1.7 km/h	1020.6 hPa	16.2 mm
Julio	11.6 °C	14.7 °C	5.1 °C	0.3 km/h	1018.9 hPa	0.025 mm
Agosto	15 °C	19.4 °C	6.7 °C	5.7 km/h	1023.2 hPa	0 mm
Septiembre	14.5 °C	22 °C	8 °C	13.7 km/h	1020.6 hPa	24.8 mm
Octubre	17.9 °C	29.8 °C	6.8 °C	3.3 km/h	1011.3 hPa	10.4 mm
Noviembre	20.5 °C	28 °C	13.7 °C	12.3 km/h	1013.7 hPa	80.51 mm
Diciembre	24.2 °C	31.9 °C	17.5 °C	12 km/h	1009.9 hPa	137.92 mm

2.2.2 Caracteres morfo agronómicos

- Rendimiento total de granos en g (RE): medido como la suma del peso de granos cosechados durante tres cosechas, recolectando en cada una de ellas las vainas en el punto óptimo de madurez, cuando el grano alcanza su máximo tamaño y presenta un contenido promedio de humedad de 72 a 74% pero antes que se produzca la etapa de acumulación de almidón y proteínas (las vainas se muestran abultadas y llenas, pero de color verde intenso).
- Número total de granos producidos por parcela (NG)
- Peso total de vainas en g (PV)
- Número de vainas totales por parcela (NV)
- Número de granos por vaina (NG/V)
- Calibre promedio de grano en mm (C)
- Forma del grano (FG): relación entre el diámetro mayor y el menor del grano, indicando valores cercanos a 1 una forma esférica
- Largo de vaina en cm (LV)
- Ancho de vaina en cm (AV)
- Índice de cosecha (ICOS): calculado como la razón entre el peso total de granos y el peso total de vainas enteras
- Altura promedio de planta en cm (ALT)
- Días a primera cosecha (DPC), desde el momento de la siembra hasta el momento de la primera cosecha
- Días entre la primera y segunda cosecha (DPSC): contando la cantidad de días entre ambas cosechas
- Porcentaje del rendimiento total producido en la primera cosecha (%REPC)

2.2.3 Caracteres de calidad de grano

Del total de granos cosechados en cada parcela experimental se reservó una muestra de 300g, que fueron escaldadas en agua hirviendo durante 90 segundos y congeladas en freezer de -18° para posteriormente realizar las siguientes determinaciones:

2.2.3.1 Sólidos Solubles Totales (SST)

Se determinó sobre gotas tomadas del jugo de la arveja, midiendo por lectura directa en el refractómetro con escala entre 0 y 30°Bx (Bernal, 1993). Se utilizó un refractómetro marca Green Tech y se realizaron 3 lecturas por parcela experimental.

2.2.3.2 Acidez Titulable (AcT)

Se utilizó el protocolo descrito por la A.O.A.C. (2000) método 942.15, determinando la acidez titulable como porcentaje de ácido málico.

A 25 g del producto molido en un vaso de precipitado se añadieron 500 ml de agua destilada. La mezcla se filtró mediante papel de filtro. Del filtrado se tomaron 100 ml (correspondiendo a 5 g de la muestra original) y adicionándose 5 gotas de fenolftaleína al 1% como indicador para realizar, mediante titulación con una solución de hidróxido de sodio 0.1 N valorada, la determinación de la acidez titulable.

Titulación: Se adicionó gota por gota la solución de hidróxido de sodio y girando lentamente el matraz Erlenmeyer con la muestra. Cuando se produjo el viraje hacia el color rosa se detiene la incorporación del hidróxido de sodio 0.1N y se continuó con la agitación del frasco durante 15 segundos hasta que el color sea permanente. .

La acidez titulable se calculó como peso en gramos del ácido ascórbico por cada 100 g de jugo de arveja, mediante la siguiente ecuación:

$$\text{AcT} = (100 \times V_{\text{NaOH}} \times N_{\text{NaOH}} \times \text{Peq/p}) / W$$

Dónde: AcT = Acidez Total; VNaOH = Volumen (mL) NaOH utilizado; NNaOH= Normalidad (0,1 meq/mL); Peq/g= El peso equivalente del ácido mayoritario en la hortaliza (0.006704g/meq para el ácido málico); W = peso en gramos de la muestra titulada.

2.2.3.3 Índice de madurez (IM)

Se calculó como la relación entre el contenido de sólidos solubles totales y la acidez total (Villalba *et al.*, 2006).

$$\text{IM} = \text{SST} / \text{AcT}$$

2.2.3.4 Potencial de hidrógeno (pH)

A 10 mililitros de jugo de arveja de cada material, se le midió en forma directa el pH a temperatura ambiente con un potenciómetro (*Hanna Instrument, Modelo Checker*) A.O.A.C. (2000) método 981.12.

2.2.3.5 Contenido de vitamina C (VitC)

El contenido de vitamina C se calculó por yodometría según la metodología propuesta por Ciancaglini et al. (2001) como contenido de ácido ascórbico, utilizando como agente oxidante una disolución de yodo 24,1 mM y como indicador una disolución de almidón 1% (w/v) recién preparada. La muestra a titular se preparó mezclando 25 g arvejas molidas en un vaso de precipitado con 500 ml de agua destilada. La mezcla se filtró a través de papel de filtro. Del filtrado se tomaron 25 ml y se le añadieron 0,25 ml de HCl (15% v/v) y 0,25 ml de almidón (1% w/v) que actúa como indicador.

Titulación: Se adicionó gota por gota la solución de yodo 24,1 nM, al mismo tiempo que se agita lentamente el matraz Erlenmeyer con la muestra. Cuando el color vira hacia el azul intenso se detiene el proceso, pero continuando con la agitación durante 15 segundos hasta obtener una coloración permanente. En caso contrario, se adiciona cada vez una gota extra de yodo 24,1 nM. Si el color permanece, se da por terminada la titulación.

La cantidad de vitamina C en la muestra se calculó en mg/100g utilizando la siguiente fórmula:

$$\frac{\text{mg}}{100\text{g}} = 0,424 \times \frac{\text{Volumen yodo consumido}}{\text{volumen de la muestra}} \times 2000$$

Donde:

El volumen de yodo consumido es el volumen añadido al Erlenmeyer desde la bureta al titular la muestra de arvejas.

El volumen de la muestra es el volumen de filtrado puesto en el Erlenmeyer con una concentración de vitamina C desconocida.

2.2.3.6 Color

Todos los parámetros de color utilizados como indicadores de calidad, según fuera propuesto por Nleya et al. (2014), fueron medidos sobre imágenes digitales de 600 dpi tomadas con un escáner *Samsung CLX 3300* en muestras de 50 granos de arveja por cada parcela experimental, utilizando para ello el software *Tomato Analyzer* (TA) (Rodríguez et al. 2010).

Los parámetros calculados fueron:

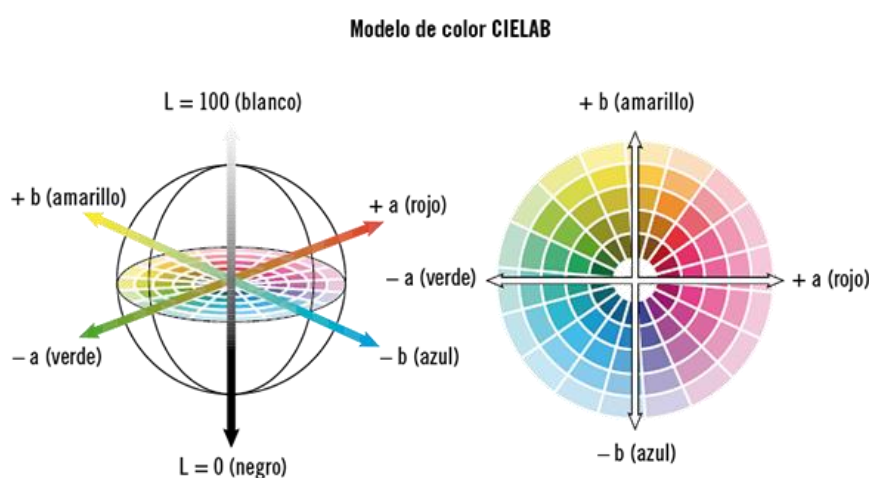
2.2.3.6.1 Índice colorimétrico (IC)

El índice de color fue obtenido por la expresión propuesta por Jiménez-Cuesta et al. (1981) para colores en el espectro del verde:

$$IC = (1.000 \times a) / (L \times b)$$

Donde L , a , y b son los parámetros del sistema color CIELAB. El parámetro L proporciona un valor de la Luminancia o brillo de la muestra. El parámetro a indica la zona de variación entre el rojo y el verde del espectro. El parámetro b se refiere a la zona de variación entre el amarillo y el azul del espectro (Figura 1.1).

Figura 1.1: Modelo CIElab de determinación del color



El IC por sus características de variación puede utilizarse como variable de control de la calidad organoléptica de alimentos:

Si IC^* es negativo (-40 a -20), su valor relaciona los colores que van desde el azul-violeta al verde profundo.

Si IC^* es negativo (-20 a -2), su valor relaciona los colores que van del verde profundo al verde amarillento.

Si IC^* está entre -2 a +2, representa el amarillo verdoso.

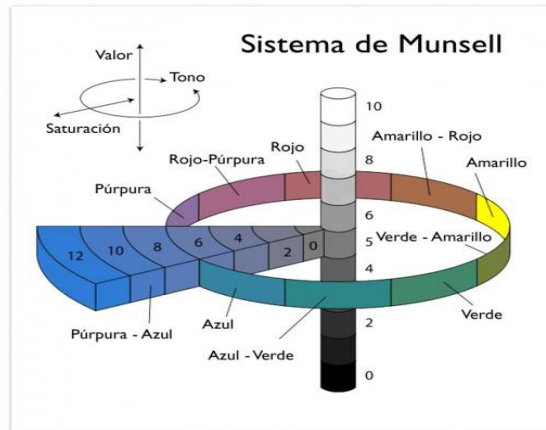
Si IC^* es positivo (+2 a +20), se relaciona con los colores que van desde el amarillo pálido al naranja intenso.

Si IC^* es positivo (+20 a +40), se relaciona con los colores que van desde el naranja intenso al rojo profundo.

2.2.3.6.2 Atributos de color del sistema Munsell

Se evaluaron los atributos de tono (HUE), valor (L) y croma (CRO) o saturación del sistema Munsell (Figura 1.2)

Figura 1.2: Atributos de color del sistema Munsell



calculados como:

$$\text{Tono (HUE)} = \arctan(b/a)$$

$$\text{Croma (CRO)} = (a^2 + b^2)^{1/2}$$

El ángulo HUE define cada color puro y sus mezclas en un continuo que va desde 0° a 359° (Figura 1.3):

Figura 1.3: Valores de HUE (en grados) y sus correspondientes colores



2.2.3.7 Contenido de clorofilas

Para la determinación del contenido de clorofilas totales de la biomasa se utilizó el método espectrofotométrico propuesto por Hansmann (1973).

La muestra (2 g) se trituró y suspendió en un volumen determinado (10 ml) de acetona-agua al 90% (v/v) como disolvente extractor de los pigmentos. Se agitó y se dejó reposar en la oscuridad a 4 °C durante 24 h. Después de este periodo se llevó a temperatura ambiente, se repuso el disolvente evaporado y se centrifugó a 2700xg durante 5 minutos. Se midió la densidad óptica del sobrenadante a 665, 645 y 630 nm, comprobando la ausencia de turbidez y partículas en suspensión, con un espectrofotómetro marca *Perkin Elmer Lambda Bio+*. Como blanco se utilizó el propio disolvente.

Cálculos:

Para la cuantificación se utilizó la ecuación propuesta por Parsons y Strickland (1963):

$$Ca \text{ (mgAl-1)} = 11,6 \times \text{D.O. 665} - 1,31 \times \text{D.O. 645} - 0,14 \times \text{D.O. 630}$$

$$Cb \text{ (mgAl-1)} = 20,7 \times \text{D.O. 645} - 4,34 \times \text{D.O. 665} - 4,42 \times \text{D.O. 630}$$

Donde Ca y Cb son las concentraciones de clorofila a y b respectivamente, y D.O. es la densidad óptica medida.

2.3 Análisis estadístico

2.3.1 Análisis de Variancia

Se comprobó el supuesto de distribución normal por medio de la prueba de Shapiro-Wilk (Shapiro y Wilk, 1965) para cada variable utilizando el programa InfoStat (Di Rienzo et al. 2015), comprobándose que todas ellas cumplen con dicho supuesto. El Análisis de la Variancia se realizó mediante un diseño de parcelas subdivididas en bloques completos al azar, asignándose a la parcela principal el año de evaluación, a la subparcela el nivel de riego y a la sub-subparcela el efecto de la variedad según el modelo estadístico:

$$y_{ijkh} = \mu + \tau_i + \beta_j + (\tau\beta)_{ij} + \gamma_k + (\beta\gamma)_{ik} + (\tau\beta\gamma)_{ijk} + \delta_h + (\beta\delta)_{jh} + (\gamma\delta)_{ih} + (\beta\gamma\delta)_{jkh} + \varepsilon_{ijkh}$$

variando: $i=1$ a 2 $j=1$ a 2 $k=1$ a 2 $h=1$ a 24

Donde μ es la media general del experimento, τ_i representa el efecto de la i -ésima repetición; β_j representa el efecto del j -ésimo año; $(\tau\beta)_{ij}$ representa los efectos de la interacción repetición – año (Error a); γ_k representa los efectos del k -ésimo riego; $(\beta\gamma)_{ik}$ representa los efectos de la interacción año – riego; $(\tau\beta\gamma)_{ijk}$ representa los efectos de la interacción riego – año – repetición (Error b); δ_h representa los efectos de la h -ésima variedad; $(\beta\delta)_{jh}$ representa los efectos de la interacción año – variedad; $(\gamma\delta)_{ih}$ representa los efectos de la interacción variedad – riego; $(\beta\gamma\delta)_{jkh}$ representa los efectos de la interacción año – variedad – riego; y ε_{ijkh} representa el error experimental (Error c). Los componentes de variancia (Tabla 1.4) se calcularon según la metodología propuesta por Li y Klotz (1978):

Tabla 1.4: Componentes de variancias

Fuente de Variación	CM	Componentes de Variancia
Repetición	CM1	$\sigma^2 + h\sigma_{\theta}^2 + kh\sigma_Y^2 + jkhi\sigma_{iep}^2$
Año	CM2	$\sigma^2 + h\sigma_{\theta}^2 + kh\sigma_Y^2 + i\sigma_{ARV}^2 + ik\sigma_{AV}^2 + ih\sigma_{AR}^2 + ikh\sigma_A^2$
Error (a)	CM3	$\sigma^2 + h\sigma_{\theta}^2 + kh\sigma_Y^2$
Riego	CM4	$\sigma^2 + h\sigma_{\theta}^2 + i\sigma_{ARV}^2 + ij\sigma_{RV}^2 + ih\sigma_{AR}^2 + ijh\sigma_R^2$
AñoXRiego	CM5	$\sigma^2 + h\sigma_{\theta}^2 + i\sigma_{ARV}^2 + ih\sigma_{AR}^2$
Error (b)	CM6	$\sigma^2 + h\sigma_{\theta}^2$
Variedad	CM7	$\sigma^2 + i\sigma_{ARV}^2 + ij\sigma_{RV}^2 + ik\sigma_{AV}^2 + ijk\sigma_V^2$
AñoXVariedad	CM8	$\sigma^2 + i\sigma_{ARV}^2 + ik\sigma_{AV}^2$
RiegoxVariedad	CM9	$\sigma^2 + i\sigma_{ARV}^2 + ij\sigma_{RV}^2$
AñoXRiegoxVariedad	CM10	$\sigma^2 + i\sigma_{ARV}^2$
Error (c)	CM11	σ^2

Donde:

$$\sigma_f^2 = \sigma_g^2 + \sigma_{gxe}^2 + \sigma_e^2$$

$$\sigma_g^2 = \sigma_V^2 = \frac{CM7 - CM8 - CM9 + CM10}{8}$$

$$\sigma_{AV}^2 = \frac{CM8 - CM10}{4}$$

$$\sigma_{RV}^2 = \frac{CM9 - CM10}{4}$$

$$\sigma_{ARV}^2 = \frac{CM10 - CM11}{2}$$

$$\sigma_e^2 = CM11$$

Con estos datos se calcularon los coeficientes de variabilidad genotípica (CVG), fenotípica (CVF) y ambiental (CVE) expresados como porcentajes de la media según (Burton, 1952):

$$CVG = \frac{\sqrt{\sigma_g^2}}{\bar{X}} 100$$

$$CVF = \frac{\sqrt{\sigma^2 f}}{\bar{X}} 100$$

$$CVE = \frac{\sqrt{\sigma^2 amb}}{\bar{X}} 100$$

siendo \bar{X} la media general del ensayo

La heredabilidad en sentido amplio (h^2) fue calculada como:

$$h^2 = \frac{\sigma^2 g}{\sigma^2 f} 100$$

2.3.2 Estudio de la Interacción Genotipo por ambiente (IGA) en la evaluación de la variabilidad

Para aquellas variables que mostraron IGA significativa se realizó un estudio de GGE-biplot según la metodología propuesta por Yan et al., (2000) y Yan (2001) utilizando el programa GEA-R (Pacheco et al., 2016a). Se consideró cada combinación año-riego como un ambiente distinto, obteniéndose así 4 ambientes: ambientes 1 y 3 parcelas sin riego de los años 2015 y 2016 respectivamente y ambientes 2 y 4 parcelas con riego de dichos años respectivamente.

Para evaluar las relaciones entre los diferentes ambientes o entornos de prueba se graficaron las diferentes variables usando el modelo GGE, sin escalado y SVP = CMP (GH biplot) con trazado del vector del ambiente promedio AEA (Yan 2001) que pasa por el centro de origen y el ambiente medio.

2.3.3 Análisis de correlaciones

Los coeficientes de correlación fenotípicos fueron calculados mediante la fórmula de Pearson (Conover, 1999) como:

$$r_{jk} = \frac{S_{jk}}{\sqrt{S_j^2 S_k^2}} = \frac{(\sum_{i=1}^n (x_{ij} - \bar{x}_j)(x_{ik} - \bar{x}_k)) / (n - 1)}{\sqrt{\left((\sum_{i=1}^n (x_{ij} - \bar{x}_j)^2) / (n - 1) \right) \left((\sum_{i=1}^n (x_{ik} - \bar{x}_k)^2) / (n - 1) \right)}}$$

donde S_{jk} es la covarianza entre la variable j y la variable k, S_j^2 y S_k^2 son las varianzas de las variables j y k respectivamente.

Los coeficientes de correlación genética fueron calculados mediante las ecuaciones de Cooper et al. (1996):

$$p_g = \frac{\overline{\sigma_{g(jj')}}}{\overline{\sigma_{g(i)}\sigma_{g(j')}}}$$

Donde $\overline{\sigma_{g(jj'')}}$ es la media aritmética de todas las covariancias genotípicas de a pares entre ambientes y $\overline{\sigma_{g(i)}\sigma_{g(j')}}$ es el promedio aritmético.

2.3.4 Valores genotípicos

Con los datos obtenidos se realizó el cálculo del mérito genético por medio del mejor predictor lineal insesgado (BLUP) según el modelo propuesto por Robinson (1991):

$$y = X\beta + Zu + e$$

donde:

y es un vector de n variables medidas,

β es un vector de p parámetros desconocidos de efectos fijos

X y Z son matrices conocidas

u y e son vectores de q y n respectivamente variables no observadas de efectos aleatorio de manera tal que se cumpla que $E(u) = 0$, $E(e) = 0$ y

$$Var \begin{bmatrix} u \\ e \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} G & 0 \\ 0 & R \end{bmatrix} \sigma^2$$

siendo G y R matrices definidas y positivas y σ^2 es una constante también positiva.

BLUP es un procedimiento de estimación bajo el enfoque de modelo lineal mixto (Searle et al. 1992) ya que los genotipos parentales o las líneas endogámicas de élite se tratan como fijos y los efectos ambientales y la interacción genotipo-ambiente se tratan de forma aleatoria, el modelo mixto se considera el enfoque más apropiado (Balzarini et al. 2002). Se utilizó el programa META-R (*Multi Environment Trial Analysis with R for Windows.*) Version 6.0 (Alvarado et al., 2016).

De este modo, la combinación de los valores promedios obtenidos con los valores predichos mediante BLUP, son los valores genotípicos.

$$VG = m + bi,$$

donde m es la media general del estudio y bi es el valor predicho del genotipo i.

Para obtener una mayor precisión en el análisis de los datos, los siguientes análisis estadísticos se realizaron tanto con los datos fenotípicos como con los valores genotípicos, para el total de variables y para el grupo de variables morfoagronómicas y el conjunto de

calidad de grano por separado. Para todos estos análisis se utilizó el programa InfoStat (Di Rienzo et al. 2015):

2.3.5 Análisis de Componentes Principales

Se realizó un Análisis de Componentes Principales (ACP) para estudiar la interdependencia de las variables métricas y encontrar una representación gráfica óptima de la estructura de variación entre las variedades presentes en este ensayo.

Se retuvieron las componentes principales con un autovalor igual o superior a 1 según el criterio sugerido por Guttman (1954) y adaptado por Kaiser (1961) conocido como criterio de Guttman-Kaiser y se realizaron gráficos de las variables en función de las dos primeras Componentes Principales.

2.3.6 Análisis de Conglomerados

Se realizó un Análisis de Conglomerados utilizando las distancias Euclídeas y el método jerárquico de encadenamiento promedio tanto para genotipos como para variables calculando la distancia ente genotipos o variables como:

$$d_{(AB)C} = \frac{\sum_i \sum_j d_{ij}}{n_{AB}n_C}$$

donde d_{ij} es la distancia entre el objeto i , que pertenece al conglomerado AB y el objeto j que pertenece a al conglomerado C, siendo la sumatoria sobre todos los posibles pares de objetos entre dos conglomerados y donde $n(AB)$ y nC son los números de objetos en los conglomerados AB y C respectivamente. Los resultados obtenidos fueron representados mediante dendrogramas y Mapas de Calor, asignándole un gradiente de color según los valores de intervalos calculados para cada variable en función de los valores de diferencias mínimas significativas.

2.3.7 Árboles de Clasificación

Se construyeron los Árboles de Clasificación usando la suma de cuadrados corregida como medida de variabilidad dentro de nodos (H) y un tamaño de 5 como mínimo para continuar la partición del nodo.

2.4 Caracterización molecular

2.4.1 Extracción de ADN

Hojas jóvenes de cada una de las líneas estudiadas fueron recolectadas y almacenadas en freezer a -80 °C. El ADN genómico total se extrajo partiendo de 0,10 g de tejido vegetal usando el método CTAB (*cetyltrimethylammonium bromide*) descrito por Doyle y Doyle (1990) con las siguientes modificaciones: 1) luego de llevar a cabo la precipitación del ADN las muestras se dejaron a -20 °C por 30 minutos 2) los últimos lavados se realizaron con etanol al 70 % y, 3) el pellet obtenido se resuspendió en agua destilada. Luego de un tratamiento con RNasa, se evaluó la cantidad y calidad del ADN por electroforesis en geles de agarosa al 1 %. Se comparó la intensidad de las bandas con un estándar de ADN (100 ng/μl) analizando las imágenes digitales de los geles con el programa GelAnalyzer v2010.

Todas las técnicas moleculares se llevaron a cabo en el Laboratorio de Biología Molecular de la Facultad de Ciencias Agrarias de la U.N.R., ubicada en la localidad de Zavalla, Provincia de Santa Fe.

2.4.2 Marcadores tipo SSR

Se utilizaron 12 combinaciones de cebadores de microsatélites desarrolladas para arveja por Burstin y Loridon (Burstin et al. 2001; Loridon et al. 2005) (Tabla 1.5); ya que fueron los que permitieron obtener amplificaciones óptimas, en cuanto a la obtención de producto de la Reacción en Cadena de la Polimerasa (PCR) y el polimorfismo.

La reacción de PCR (25μl volumen final) consistió en 4 μl de ADN genómico, 0,5 μl de dNTPs, 0,5 μl de cada cebador, 0,75 μl de MgCl₂, 2,5 μl de solución amortiguadora Taq ADN polimerasa y 0,2 μl de Taq ADN polimerasa (PB-L, Productos Bio-Lógicos®). Las amplificaciones se llevaron a cabo en un termociclador MyCycler™ (BIO-RAD), el cual fue programado para 5 min de desnaturalización a 94°C, 35 ciclos de 3 pasos: 30 seg a 94° C, 30 seg a la temperatura de hibridación correspondiente a cada marcador molecular y 30 seg a 72°C, para lograr la desnaturalización, hibridación y extensión respectivamente y terminando con un paso final de elongación de 5 min a 72°C.

Tabla 1.5: Secuencias de los cebadores microsatélites utilizados, sus temperaturas de anillado (T) grupo de ligamiento al que pertenecen.

Nombre	Secuencia cebadores directos	Secuencia cebadores reversos	T (°C)	Grupo de ligament
AD148	gaaacatcattgtgtcttcttg	ttccatcacttgattgataaac	54	II
AA200	accgaagagcatttttctaag	tccatcagttccctaattcact	61	VI
AA18	ctgtagaccaagccaaaagat	tgagacacttttgacaaggagg	61	I
AA278	ccaagaaaggcttatacaacagg	tgcttgtgtcaagtgatcagtg	61	III
AA335	acgcacacgcttagatagaaat	atccaccataagtttggcata	61	VI
AB23	tcagcctttatcctccgaacta	gaacccttgtgcagaagcatta	61	V
AC58	tccgcaatttgtaacactg	cgtccatttctttatgctgag	61	V
AD56	gaaacattggtgaagagcgag	gttgtcgcgtgaacacaagtaa	61	VI
AA5	tgccaatcctgaggtattaacacc	cattttgcagttgcaatttctg	61	III
AA23	ttagcttgaagctcacacaag	acactagctactacaaatgaaggc	61	IV
D21	tattctcctccaaaatttctt	gtcaaaattagccaaattcctc	51	I
AD61	ctcattcaatgatgataatccta	atgagggtactgtgtgagataaa	54	IV

Los productos de amplificación fueron separados en geles de agarosa al 2,5 % p/v realizando corridas electroforéticas de 1,5 horas a 100 V constantes y se los visualizó mediante tinción con SYBR® Safe (*Thermo Fisher Scientific®*, *Waltham, MA, EEUU*) siguiendo la metodología propuesta por Kumari et al. (2013).

Los datos de microsatélites fueron codificados en una tabla a dos vías de clasificación de individuos por alelos siguiendo la metodología propuesta por Bruno y Balzarini (2009) para comparaciones de perfiles moleculares individuales. Los tamaños de las bandas se estimaron en base a un marcador de ADN de peso molecular de 100 pb a 1000 pb CienMarker (Biodynamics).

2.4.3 Marcadores tipo SRAP

La técnica SRAP se basa en la utilización de 2 cebadores: directo, de 17 bases ricas en GC, y reverso, de 18 bases ricas en AT.

Se seleccionaron para caracterizar el conjunto total de materiales experimentales un total de 6 combinaciones SRAP (me2-em1, me3-em5, me4-em2, me5-em2, me5-em4, me5-em5) generadas a partir de 4 cebadores directos y 4 reversos (Tabla 1.6).

Tabla 1.6: Secuencia de cebadores SRAP utilizados.

Nombre	Secuencia cebadores directos	Nombre	Secuencia cebadores reversos
me2	5'-TGAGTCCAAACCGGAGC-3'	em1	5'-GACTGCGTACGAATTAAT-3'
me3	5'-TGAGTCCAAACCGGAAT-3'	em2	5'-GACTGCGTACGAATTTGC-3'
me4	5'-TGAGTCCAAACCGGACC-3'	em4	5'-GACTGCGTACGAATTTGA-3'
me5	5'-TGAGTCCAAACCGGAAG-3'	em5	5'-GACTGCGTACGAATTGCA-3'

La reacción de PCR (20 µl volumen final) consistió en 15 ng de ADN genómico, 0,2 mM de dNTPs, 0,5 µM de cada cebador, 1,5 mM de MgCl₂, 1X de solución amortiguadora Taq ADN polimerasa y 1 unidad (U) de Taq ADN polimerasa (*InvitrogenTM*, 5U/µl).

Las amplificaciones se llevaron a cabo en un termociclador MyCyclerTM (BIO-RAD). El protocolo de ciclado fue de: 5 min a 94 °C; 5 ciclos de tres pasos: 1 min a 94 °C, 1 min a 35 °C y 1 min a 72 °C; en los siguientes 35 ciclos la temperatura de hibridación se elevó a 50 °C; finalizando con un paso de elongación de 10 min a 72 °C.

Los productos de amplificación fueron mezclados con 15 µl de solución amortiguadora de siembra (98 % (v/v) de formamida, 10 mM de EDTA, 0,01 % (m/v) de azul de bromofenol y 0,01 % (m/v) de xylene cyanol) y resueltos por electroforesis en geles desnaturizantes de poliacrilamida al 6 % (m/v), de dimensiones de 0,15 x 340 x 500 mm, a 100 W durante un tiempo variable de entre 3,5 a 4 horas dependiendo del avance del frente de corrida, previa desnaturización de los productos a 94 °C por 5 minutos.

La visualización de los productos de PCR se realizó mediante tinción con nitrato de plata al 1% (m/v) siguiendo el protocolo de Bassam et al. (1991).

Se analizó cada combinación SRAP buscando bandas polimórficas entre los genotipos. Se asignó un valor de “1” para la presencia de banda y “0” para la ausencia de la misma. Los tamaños de las bandas se estimaron en base a un marcador de ADN de peso molecular de 100 pb a 1000 pb CienMarker (*Biodynamics*).

2.4.4 Análisis estadístico

La comparación de perfiles individuales se realizó utilizando la distancia geométrica de Rogers-modificada:

$$MR_{xy} = \sqrt{\frac{\sum_{l=1}^L \sum_{a=1}^{nl} (plax - play)^2}{2L}}$$

donde p_{lx} es la frecuencia estimada del alelo l en el locus l en el genotipo x ; L es el número de loci y n_l es el número de alelos en el locus l .

2.4.4.1 Índices de diversidad:

* *Porcentaje de loci polimórficos:*

$$P = \frac{np_j}{n_{total}}$$

donde np_j es el número de loci polimórficos y n_{total} es el número total de loci

* *Número efectivo de alelos:*

$$A_e = \sum_{l=1}^L \frac{1}{1 - h_l} = \sum_{l=1}^L \frac{1}{\sum p_i^2}$$

donde p_i es la frecuencia del i -ésimo alelo en un locus y h_l es la heterocigosidad en el locus.

* *Heterocigosidad esperada:*

$$H_e = \frac{1}{L} \sum_{j=1}^L h_j$$

donde h_j es la heterocigosidad por locus y L es el número total de locus.

Índice de Shannon:

$$SH = - \sum_{a=1}^A \hat{p}_a \log(\hat{p}_a)$$

donde \hat{p}_a es la frecuencia estimada del alelo a en la población y A es el número total de alelos.

* *Rareza de un genotipo:*

Definida como la especificidad promedio de los alelos de cada genotipo

$$R_j = \sum_{i=1}^2 p_{ij} S_i$$

estando la Especificidad del marcador en cada alelo determinada por:

$$S_i = \sum_{j=1}^N \frac{p_{ij}}{N p_i} \log_2 \left(\frac{p_{ij}}{p_i} \right)$$

donde:

N es el número total de genotipos

p_{ij} es la frecuencia alélica de i -ésimo alelo en el genotipo j

$p_i = \frac{1}{N} \sum_j^N p_{ij}$ es la frecuencia media del i -ésimo alelo en la población.

2.4.4.2 Análisis de Agrupamiento

Con los datos de los marcadores SSR y SRAP en conjunto se realizó un Análisis de Agrupamiento mediante el método de la variancia mínima de Ward donde la distancia entre grupos es:

$$D_{KL} = \frac{\|\bar{x}_K - \bar{x}_L\|^2}{\frac{1}{N_K} + \frac{1}{N_L}}$$

siendo \bar{x}_K y \bar{x}_L los vectores medios del K -ésimo y el L -ésimo grupo respectivamente; N_K y N_L los números de observaciones en dichos grupos respectivamente y $\|\bar{x}\|$ es la raíz cuadrada de la suma de cuadrados de los elementos de x .

Se calculó la diversidad dentro de cada grupo como:

$$H_s = \frac{1}{L} \sum_{j=1}^L H_{slj}$$

donde

$$H_{sl} = 1 - \sum p_{si}^2$$

siendo p_{si} la frecuencia del i -ésimo alelo en cada locus del s -ésimo grupo.

La diversidad entre grupos o estadístico F de Wright se calculó como:

$$F_{ST} = \frac{D_{ST}}{H_e}$$

donde $D_{ST} = H_e - H_s$ es la diversidad entre individuos dentro de cada grupo y H_e es la Heterocigosidad esperada.

Para todos los análisis de los datos moleculares se utilizó el programa estadístico BIO-R (Biodiversity Analysis with R for Windows.) Version 1.0 (Pacheco et al., 2016b).

3. RESULTADOS

3.1 Caracterización morfológica y agronómica

Análisis de la Variancia

Los caracteres analizados presentaron distribución normal, con valores del estadístico W cercanos a 1 ($W > 0,86$) excepto la variable acidez titulable (AcT) que presentó una distribución con sesgo positivo y por lo tanto fue normalizada mediante transformación logarítmica (Tabla 1.7).

Tabla 1.7: Prueba de normalidad para las variables analizadas

Variable	W*	Variable	W*
RE	0,89	SST	0,98
NG	0,86	LOG10_AcT	0,96
PV	0,89	IM	0,98
NV	0,93	pH	0,97
NG/V	0,94	VitC	0,97
C	0,97	L	0,94
FG	0,98	a	0,94
LV	0,94	b	0,94
AV	0,89	HUE	0,93
ICOS	0,98	CRO	0,94
ALT	0,93	IC	0,94
DPC	0,86	Ca	0,98
DPSC	0,92	Cb	0,96
%REPC	0,93		

RE: rendimiento por parcela en g; NG: número de granos por parcela; PV: peso total de vainas por parcela en g; NV: número de vainas por parcela; NG/V: número de granos por vaina; C: calibre del grano en cm; FG: forma del grano; LV: largo de vaina en cm; AV: ancho de vaina en cm; ICOS: índice de cosecha en %; ALT: altura de planta en cm; DPC: días a primera cosecha; DPSC: días entre primera y segunda cosecha, %REPC: porcentaje de RE en primer cosecha, SST: sólidos solubles totales en grados Brix; AcT: acidez titulable en %; IM: índice de madurez; pH: potencial de hidrógeno; VitC: contenido de vitamina C en mg/100g; L (luminosidad), a, y b son parámetros del sistema color CIELAB; HUE (tono) y CRO (croma o saturación) son parámetros de color del sistema Munsell; IC: índice colorimétrico; Ca y Cb: contenido de clorofilas a y b respectivamente en mgAl-1.

Los valores promedios y los desvíos estándares para cada variedad junto con el valor medio general, el coeficiente de variación y el valor de la diferencia mínima significativa para cada variable analizada se muestran en la Tabla 1 del Anexo. El Análisis de la Variancia para las variables morfo agronómicas (Tabla 1.8) no mostró diferencias significativas entre variedades para la variable FG, mientras que fueron significativas ($p < 0,01$) para las variables NG/V y %REPC y altamente significativas ($p < 0,001$) para el resto de las variables. Las diferencias entre años de evaluación fueron significativas ($p < 0,05$) para C, ALT y DPSC; significativas ($p < 0,01$) para FG y DPC mientras que para el resto de las variables no se encontraron diferencias significativas. En cuanto a la fuente de variación riego, las diferencias fueron significativas ($p < 0,05$) para C y altamente significativas ($p < 0,001$) para DPC.

La interacción doble Variedad - Año fue significativa ($p < 0,05$) para RE y NG/V, significativa ($p < 0,01$) para NG, C, ICOS y %REPC y altamente significativa ($p < 0,001$) para PV, ALT y DPC. La interacción doble Variedad – Riego sólo fue significativa ($p < 0,05$) para C y altamente significativa ($p < 0,001$) para DPSC y %REPC. La interacción triple fue significativa ($p < 0,01$) para NG, C, ICOS y ALT y altamente significativa ($p < 0,001$) para %REPC.

Para el grupo de variables de calidad de grano el Análisis de Variancia (Tabla 1.9) mostró que las diferencias entre variedades fueron no significativas para SST, significativas ($p < 0,05$) para VitC y altamente significativas ($p < 0,001$) para el resto de la variables, Las diferencias entre años de evaluación sólo fueron significativas ($p < 0,05$) para AcT e IM; mientras que las diferencias entre Riego fueron significativas ($p < 0,05$) para AcT, pH, IM y VitC; significativas ($p < 0,01$) para L e IC y altamente significativas ($p < 0,001$) para Ca y Cb.

La interacción doble Variedad – Año fue significativa ($p < 0,05$) para pH y b; significativas ($p < 0,01$) para a, HUE, Ca y Cb y altamente significativas ($p < 0,001$) para L e IC. La interacción doble Variedad – Riego fue significativa ($p < 0,05$) para IM y a; significativa ($p < 0,01$) para L, HUE e IC y altamente significativa ($p < 0,001$) para pH. La interacción triple fue significativa ($p < 0,05$) para a, HUE e IC y altamente significativa ($p < 0,001$) para pH.

Las variables FG y SST fueron excluidas de posteriores análisis por no presentar variabilidad.

Tabla 1.8: Grados de libertad (GL), Cuadrados Medios (CM), valores de prueba F de Snedecor, Coeficiente de determinación (R^2), Coeficiente de determinación ajustado (R^2Aj) y Coeficiente de Variación (CV) en el Análisis de la Variancia para las variables morfo agronómicas

F.V.	GL	RE		NG		PV		NV		NG/V	
		CM	F	CM	F	CM	F	CM	F	CM	F
Año	1	11130464,84	19,29	46962082,29	15,00	46048890,73	28,2	1296397,7	31,5	1,9	8,5
Error (a)	1	576946,51	5,26*	3130562,96	5,3*	1633609,14	4,74*	41130,5	2,9	0,2	0,2
Riego	1	2169925,30	2,44	11395310,88	2,62	9026099,52	4,1	402859,6	5,4	0,1	0,0
Riego*Año	1	444554,70	0,50	3879833,57	0,89	3262590,12	1,5	54377,4	0,7	13,7	4,1
Error (b)	2	889190,22	8,1***	4351660,72	7,36***	2184806,07	6,33***	75182,8	5,32**	3,4	3,02*
Variedad	23	357313,53	3,26***	2513740,92	4,25***	1330380,89	3,86***	65686,2	4,65***	2,6	2,31**
Riego*Variedad	23	60597,35	0,55	401632,08	0,68	259817,78	0,8	9492,0	0,7	1,3	1,2
Año*Variedad	23	207430,37	1,89*	1418237,30	2,4**	845379,03	2,45***	45431,8	3,2	2,1	1,88*
Var*Año*Riego	23	158883,01	1,45	1181653,79	2**	484372,87	1,4	10838,1	0,8	1,1	1,0
Error	92	109768,81		591044,14		344893,25		14136,6		1,1	
R²		0,77		0,79		0,8		0,8		0,64	
R²Aj		0,53		0,56		0,6		0,6		0,3	
CV		48,37		50,22		44,7		42,0		20,0	

RE: rendimiento por parcela en g; NG: número de granos por parcela; PV: peso total de vainas por parcela en g; NV: número de vainas por parcela; NG/V: número de granos por vaina

*: Diferencias significativas al 5% de probabilidad, $p < 0,05$

** : Diferencias significativas al 1% de probabilidad, $p < 0,01$

***: Diferencias significativas al 0,1% de probabilidad, $p < 0,001$

Tabla 1.8: continuación

	C		FG		LV		AV		ICOS	
F.V.	CM	F	CM	F	CM	F	CM	F	CM	F
Año	14,61	471,1*	0,00	3481**	1,45	24,4	0,0	7,9	31,2	1,5
Error (a)	0,03	0,27	0,00	0,00	0,06	0,1	0,0	0,0	20,9	0,8
Riego	2,97	18,01*	0,0019	2,83	1,28	2,35	0,0049	0,07	37,44	1,28
Riego*Año	0,82	4,98	0,000042	0,06	4,3	7,86	0,08	1,21	188,36	6,43
Error (b)	0,16	1,44	0,00068	1,34	0,55	0,76	0,07	1,78	29,28	1,12
Variedad	5,05	44,05***	6,50E-04	1,26	8,94	12,37***	0,24	6,18***	160,84	6,18***
Riego*Variedad	0,19	1,68*	4,20E-04	0,83	0,81	1,12	0,05	1,29	21,91	0,84
Año*Variedad	0,26	2,27**	4,60E-04	0,9	0,76	1,05	0,05	1,2	60,49	2,32**
Var*Año*Riego	0,26	2,22**	0,00054	1,05	0,7	0,97	0,02	0,51	50,27	1,93**
Error	0,11		0,00051		0,72		0,04		26,04	
R²	0,93		0,53		0,8		0,71		0,75	
R²Aj	0,86		0,02		0,59		0,39		0,48	
CV	3,36		2,11		12,32		16,2		9,87	

C: calibre del grano en cm; FG: forma del grano; LV: largo de vaina en cm; AV: ancho de vaina en cm; ICOS: índice de cosecha en %

*: Diferencias significativas al 5% de probabilidad, $p < 0,05$

** : Diferencias significativas al 1% de probabilidad, $p < 0,01$

***: Diferencias significativas al 0,1% de probabilidad, $p < 0,001$

Tabla 1.8: continuación

F.V.	ALT		DPC		DPSC		%REPC	
	CM	F	CM	F	CM	F	CM	F
Año	1290,65	169,82*	4033,33	48400**	0,88	169*	1325,68	43,05
Rep*Año	7,6	0,05	0,08	4,20E-03	0,01	6,70E-04	30,79	0,1
Riego	9887,15	10,44	161,33	15488***	9,63	2,32	1835,28	3,73
Riego*Año	3006,75	3,17	99,19	9522***	2,3	0,55	3224,32	6,56
Año>Riego*Rep	947,39	6,82**	0,01	5,30E-04	4,15	0,53	491,62	1,67
Variedad	6076,17	43,77***	322,19	16,36***	34,66	4,43***	608,65	2,07**
Riego*Variedad	223,71	1,61	29,68	1,51	26,76	3,42***	907,03	3,08***
Año*Variedad	420,89	3,03***	74,57	3,79***	8,53	1,09	703,7	2,39**
Variedad*Año*Riego	280,3	2,02**	30,95	1,57	6,04	0,77	1016,57	3,46***
Error	138,81		19,69		7,83		294,12	
R²	0,93		0,89		0,71		0,76	
R²Aj	0,86		0,78		0,4		0,49	
CV	12,99		3,94		34,95		38,65	

ALT: altura de planta en cm; DPC: días a primer cosecha; DPSC: días entre primer y segunda cosecha, %REPC: porcentaje de RE en primer cosecha, GL: grados de libertad

*: Diferencias significativas al 5% de probabilidad, $p < 0,05$

** : Diferencias significativas al 1% de probabilidad, $p < 0,01$

***: Diferencias significativas al 0,1% de probabilidad, $p < 0,001$

Tabla 1.9: Grados de libertad (GL), Cuadrados Medios (CM), valores de prueba F de Snedecor, Coeficiente de determinación (R^2), Coeficiente de determinación ajustado (R^2Aj) y Coeficiente de Variación (CV) en el Análisis de la Variancia para las variables de calidad de grano

F.V.	GL	SST		AcT		pH		IM		VitC	
		CM	F	CM	F	CM	F	CM	F	CM	F
Año	1	0,71	1,23	0,15	354,7*	3,37	40,39	84086,7	481,25*	1320,22	57,65
Rep*Año	1	0,57	0,31	4,20E-04	0,02	0,08	2,28	174,73	0,01	22,9	0,09
Riego	1	5,17	9,47	0,15	41,91*	2,24	39,2*	51964,23	47,64*	313,27	16,85*
Riego*Año	1	0,33	0,6	2,80E-04	0,08	1,05	18,29*	130,58	0,12	2141,81	115,23**
Año>Riego*Rep	2	0,55	0,3	3,60E-03	0,19	0,06	1,57	1090,74	0,09	18,59	0,07
Variedad	23	2,86	1,56	0,08	4,04***	0,18	4,79***	33976,13	2,89***	462,52	1,72*
Riego*Variedad	23	1,56	0,85	0,01	0,74	0,08	2,28***	19519,95	1,66*	200,64	0,75
Año*Variedad	23	2,1	1,14	0,02	0,78	0,06	1,72*	10175,11	0,87	406,03	1,51
Variedad*Año*Riego	23	2,23	1,21	0,02	1,19	0,09	2,54***	17222,02	1,46	303,25	1,13
Error	92	1,84		0,02		0,04		11762,44		269,03	
R²		5,60E-01		0,65		0,83		0,65		0,59	
R²Aj		8,00E-02		0,27		0,65		0,27		0,15	
CV		18,09		8,18		2,66		27,53		26,26	

SST: sólidos solubles totales en grados Brix; AcT: acidez titulable en %; IM: índice de madurez; pH: potencial de hidrógeno; VitC: contenido de vitamina C en mg/100g

*: Diferencias significativas al 5% de probabilidad, $p < 0,05$

**: Diferencias significativas al 1% de probabilidad, $p < 0,01$

***: Diferencias significativas al 0,1% de probabilidad, $p < 0,001$

Tabla 1.9: continuación

F.V.	L		a		b		HUE		CRO	
	CM	F	CM	F	CM	F	CM	F	CM	F
Año	11,08	25,8	18,68	11,46	1,05	4,66	935,89	8,91	3,24	113,78
Rep*Año	0,43	1,49	1,63	5,05*	0,22	1,01	105,02	5,47*	0,03	0,16
Riego	9,84	112,29**	0,77	1,5	0,6	0,85	52,54	1,56	0,48	0,82
Riego*Año	10,49	119,75**	0,12	0,23	0,88	1,25	1,37	0,04	0,95	1,62
Año>Riego*Rep	0,09	0,3	0,51	1,59	0,7	3,15*	33,7	1,75	0,59	3,35*
Variedad	3,14	10,89***	5,73	17,75***	5,63	25,36***	349,01	18,17***	3,81	21,67***
Riego*Variedad	0,61	2,1**	0,6	1,86*	0,33	1,51	39,13	2,04**	0,24	1,34
Año*Variedad	0,76	2,62***	0,68	2,11**	0,41	1,85*	39,2	2,04**	0,26	1,49
Variedad*Año*Riego	0,35	1,22	0,59	1,83*	0,27	1,19	35,13	1,83*	0,23	1,33
Error	0,29		0,32		0,22		19,21		0,18	
R²	0,84		8,70E-01		0,88		0,87		0,87	
R²Aj	0,68		7,30E-01		0,76		0,73		0,73	
CV	0,93		34,97		6,05		4,27		5,2	

L (luminosidad), a, y b son parámetros del sistema color CIELAB; HUE (tono) y CRO (croma o saturación) son parámetros de color del sistema Munsell

*: Diferencias significativas al 5% de probabilidad, $p < 0,05$

** : Diferencias significativas al 1% de probabilidad, $p < 0,01$

***: Diferencias significativas al 0,1% de probabilidad, $p < 0,001$

Tabla 1.9: continuación

F.V.	IC		Ca		Cb	
	CM	F	CM	F	CM	F
Año	98,76	8,22	5,20E-01	0,09	0,44	2,7
Rep*Año	12,02	6,16**	5,65E+00	1,87	0,16	0,27
Riego	5,58	1,47	8,76E+01	1703,88***	29,91	229,81***
Riego*Año	0,72	0,19	6,35E+01	1234,48***	10,36	79,6**
Año>Riego*Rep	3,8	1,95	0,05	0,02	0,13	0,22
Variedad	36,36	18,65***	32,76	10,87***	6,03	10,07***
Riego*Variedad	4,14	2,12**	4,68	1,55	0,93	1,55
Año*Variedad	4,81	2,47***	7,12	2,36**	1,22	2,04**
Variedad*Año*Riego	3,19	1,64*	3,92	1,3	0,73	1,22
Error	1,95		3,01		0,6	
R²	0,87		8,20E-01		0,82	
R²Aj	0,74		6,30E-01		0,62	
CV	35,65		16,99		20,28	

IC: índice colorimétrico y Ca, Cb: contenido de clorofilas a y b respectivamente en mgAl-1

*: Diferencias significativas al 5% de probabilidad, $p < 0,05$

** : Diferencias significativas al 1% de probabilidad, $p < 0,01$

***: Diferencias significativas al 0,1% de probabilidad, $p < 0,001$

Coefficientes de variación y heredabilidad

En la Tabla 1.10 pueden verse los valores medios; variancias fenotípica, genética y ambiental; coeficientes de variación fenotípico, genético y ambiental; valores de heredabilidad en sentido amplio y la relación CVG/CVF.

Como puede observarse, la variancia fenotípica fue mayor que la genética para todas las variables siendo la diferencia entre ambas muy alta para las variables %REPC, NG/V, VitC y DPSC; baja para las variables C, ALT, LV, DPC y todas las variables relativas al color de grano. Al comparar la variancia genética con la variancia ambiental se observa que es mayor para las variables C, ALT, LV, DPC, a, b, HUE, CRO, IC y Ca pero presenta menores valores que la ambiental para el resto de las variables. Las variables C y ALT son las que muestran las mayores diferencias.

El coeficiente de variación fenotípica calculado (CVF) varió entre 1,5 y 67,7; presentando valores bajos (<10%) las variables L, pH, DPC, HUE, C y CRO y valores altos (>50%) IC, a, NG y %REPC.

Tabla 1.10: Media general del ensayo (\bar{X}) variancias fenotípica (σ_f^2), genotípica (σ_g^2) y ambiental (σ_e^2); coeficientes de variabilidad fenotípico (CVF), genético (CVG) y ambiental (CVE) y heredabilidad en sentido amplio (h^2).

	Media	σ_f^2	CVF	σ_g^2	CVG	σ_e^2	CVE	h^2	CVG/CVE
RE	685,0	116218,5	49,8	31021,1	25,7	109768,8	48,4	0,27	0,53
NG	1530,7	925784,2	62,9	234440,7	31,6	591044,1	50,2	0,25	0,63
PV	1314,3	377449,1	46,7	88694,6	22,7	344893,3	44,7	0,23	0,51
NV	283,4	16836,7	45,8	2700,1	18,3	14136,6	42,0	0,16	0,44
NG/V	5,3	1,2	20,8	0,03	3,3	1,1	20,0	0,02	0,16
C	10,1	0,8	8,7	0,6	7,7	0,1	3,3	0,78	2,35
LV	6,9	1,7	19,1	1,0	14,6	0,7	12,3	0,58	1,18
AV	1,2	0,1	20,1	0,02	11,6	0,04	16,4	0,33	0,70
ICOS	51,7	47,2	13,3	16,1	7,8	26,0	9,9	0,34	0,79
ALT	90,7	909,4	33,2	714,0	29,5	138,8	13,0	0,79	2,27
DPC	112,7	50,5	6,3	31,1	5,0	19,7	3,9	0,62	1,26
DPSC	9,0	9,1	33,5	0,7	9,1	7,8	31,1	0,07	0,29
%REPC	44,4	551,6	52,9	1,8	3,0	294,1	38,7	0,00	0,08
AcT	1,7	0,0	10,0	0,01	5,5	0,02	8,3	0,30	0,66
pH	7,2	0,1	3,7	0,02	1,8	0,04	2,8	0,23	0,64
IM	393,9	12688,6	28,6	2687,9	13,2	11762,4	27,5	0,21	0,48
VitC	62,5	288,9	27,2	19,9	7,1	269,0	26,3	0,07	0,27
L	57,4	0,7	1,5	0,3	0,9	0,3	0,9	0,37	0,96
a	1,6	1,1	64,6	0,6	48,7	0,3	34,7	0,57	1,40
b	7,8	0,9	12,0	0,6	10,3	0,2	6,0	0,70	1,71
HUE	102,6	67,4	8,0	38,2	6,0	19,2	4,3	0,57	1,41
CRO	8,1	0,6	9,8	0,4	8,2	0,2	5,3	0,71	1,57
IC	3,9	7,0	67,7	3,8	49,9	2,0	35,6	0,54	1,40
Ca	10,2	6,3	24,6	3,1	17,3	3,0	17,0	0,49	1,02
Cb	3,8	1,2	29,0	0,6	19,9	0,6	20,3	0,47	0,98

RE: rendimiento; NG: número de granos; PV: peso total de vainas; NV: número de vainas; NG/V: número de granos por vaina; C: calibre; LV: largo y AV: ancho de vaina; ICOS: índice de cosecha; ALT: altura de planta; DPC: días a primera cosecha; DPSC: días entre primera

y segunda cosecha, %REPC: porcentaje de RE en primera cosecha, AcT: acidez titulable; IM: índice de madurez; pH: potencial de hidrógeno; VitC: contenido de vitamina C; L (luminosidad), a, b, HUE (tono) y CRO (croma): parámetros de color; Ca y Cb: contenido de clorofilas a y b respectivamente.

El coeficiente de variación genética (CVG) varió entre 0,9% y 49,9% mostrando los mayores valores a e IC (con 49,9% y 48,7% respectivamente) mientras que el resto de las variables presentaron valores intermedios a bajos. El coeficiente de variación ambiental (CVE) varió entre 0,9% y 50,6%; siendo el valor más alto el de NG (50,6%).

Puede observarse que %REPC, NG/V, VitC, DPSC, NV, IM, PV y RE presentan una baja relación entre los coeficientes CVG y CVE; NG, pH, AcT, AV e ICOS presentan relación intermedia, mientras que el resto de las variables presenta una relación cercana o superior a uno, siendo las más altas para C (2,25) y ALT (2,27).

Los valores de heredabilidad fueron muy altos ($>0,8$) para C y ALT; altos (entre 0,6 y 0,79) para HUE, a, LV, DPC, CROMA y b; moderados (entre 0,4 y 0,59) para L, Cb, Ca e IC; mientras que fueron muy bajos ($<0,4$) para el resto de las variables

Estudio de la IGA en la evaluación de la variabilidad

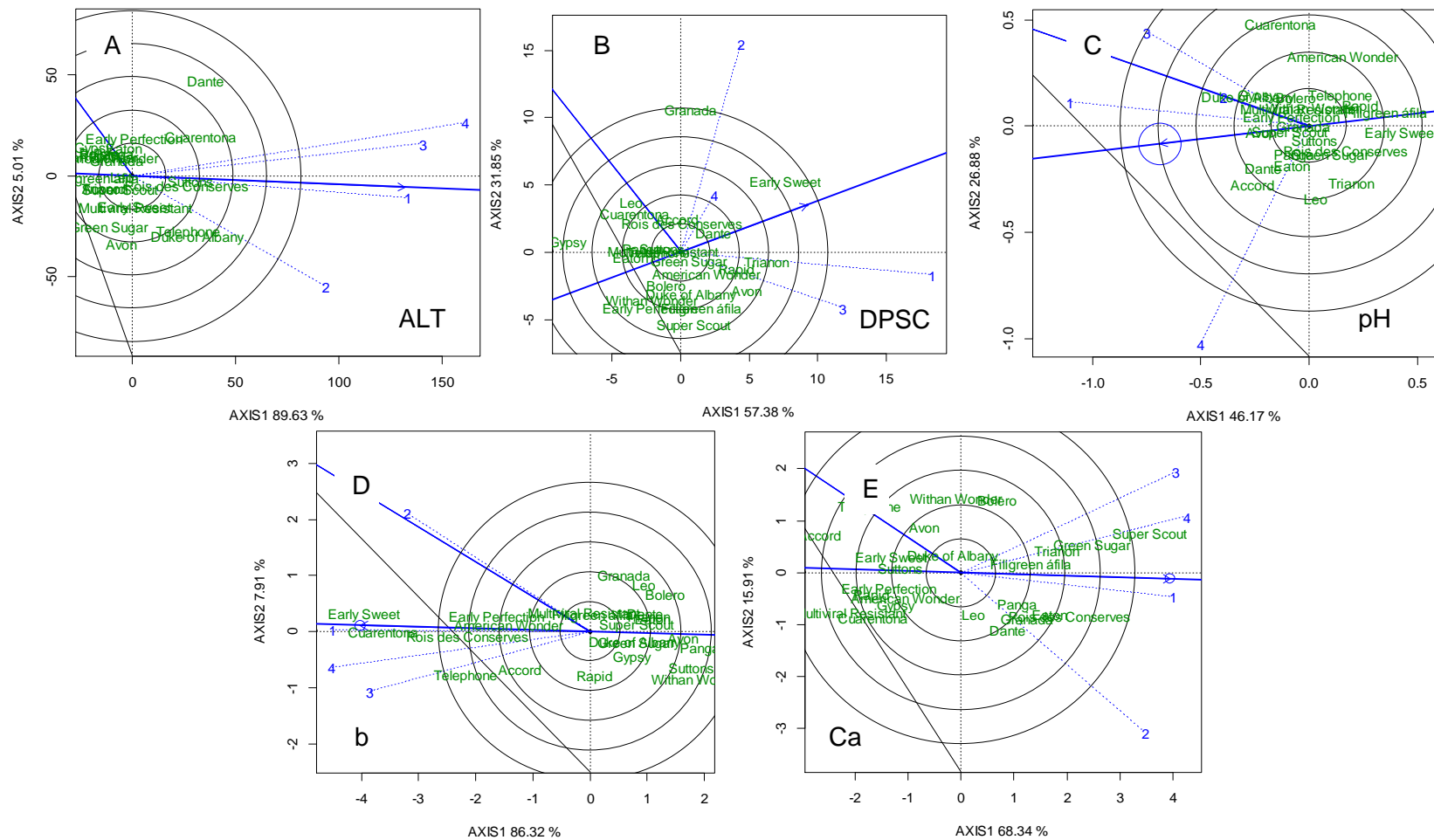
Para las variables que presentaron al menos uno de los componentes de la interacción genotipo x ambiente (IGA) significativo, se realizó un análisis de GGE biplot con la finalidad de evaluar a los distintos ambientes o entornos de prueba en cuanto a su capacidad de discriminar entre genotipos y de ser representativos de la variabilidad presente en el conjunto de datos. Las variables NV, LV, AV, AcT, VitC y CRO no mostraron IGA significativa y no se incluyeron en esta sección.

En los Gráficos 1.2 a 1.5 pueden verse las representaciones de los GGE biplot para las distintas variables junto con el vector AEA que pasa por el ambiente promedio y el centro de origen. En dichos gráficos, los ángulos obtusos entre los vectores de los ambientes muestran una correlación negativa, como es el caso entre los ambientes 1 y 4 para NG/V (Gráfico 1.4 D) y 1 y 2 para %REPC e IM (Gráfico 1.4 E y F respectivamente), indicando la amplitud del mismo en este último caso que además de la correlación negativa existe una fuerte interacción de cruce.

Los ángulos rectos muestran que no hay correlación entre los ambientes como en el caso de 2 y 3 para DPSC (Gráfico 1.2 B); 3 y 4 para pH (Gráfico 1.2 C); 2 y 4 para NG (Gráfico 1.4 B); 1, 2 y 4 para PV (Gráfico 1.4 C) y 2 y 3 para L (Gráfico 1.5 B). Para el resto de los casos los ángulos agudos muestran correlación positiva entre ambientes.

Cuando la correlación positiva entre ambientes es muy estrecha indica que esos ambientes proporcionan la misma información y que se puede llegar a las mismas conclusiones considerando el análisis en sólo uno de ellos. Este es el caso entre los ambientes 1 y 2 para PV; 1 y 3 para NG (Gráfico 1.4 C y B respectivamente) y 3 y 4 para las variables DPC (Gráfico 1.2 B), IM, HUE y a (Gráfico 1.4 F, I y H respectivamente).

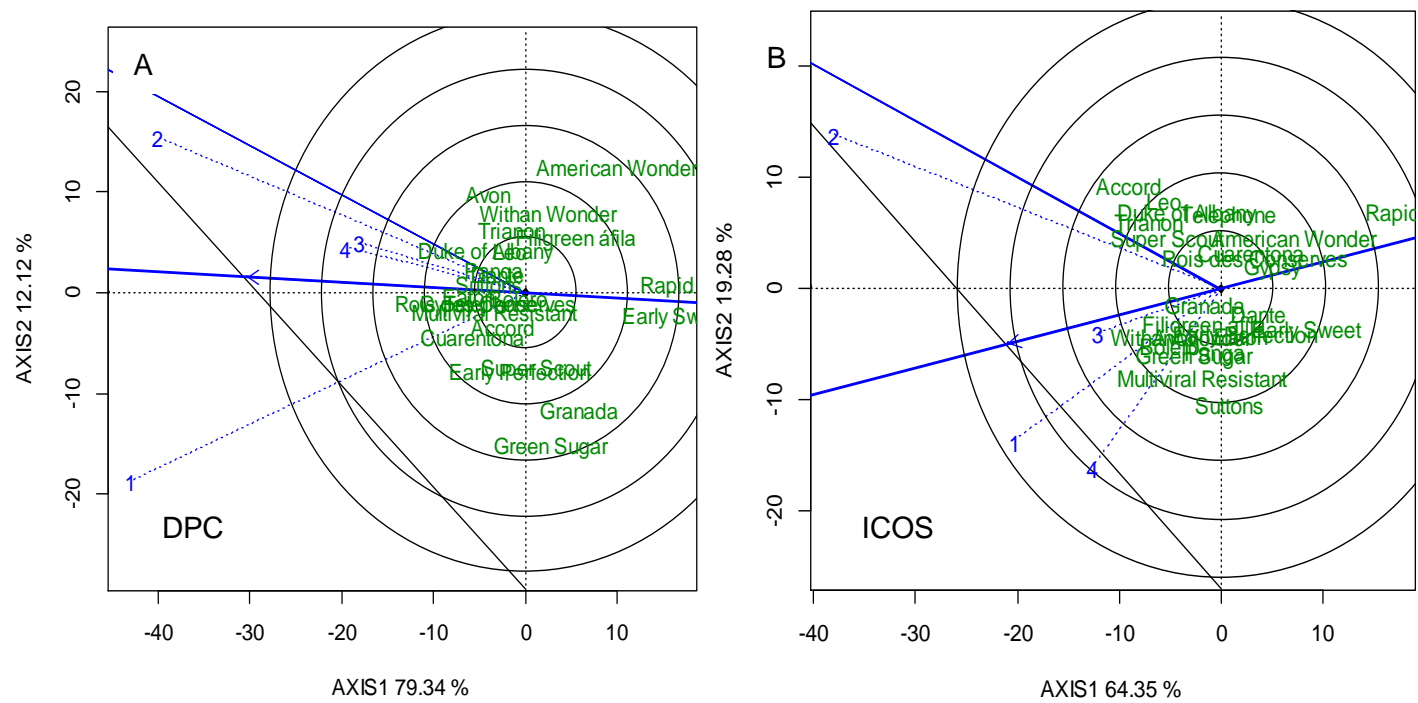
Gráfico 1.2: Relaciones entre ambientes en análisis de GGE blipot (variables con ambiente 1 como más representativo)



● genotipos: ● ambientes: — vector AEA

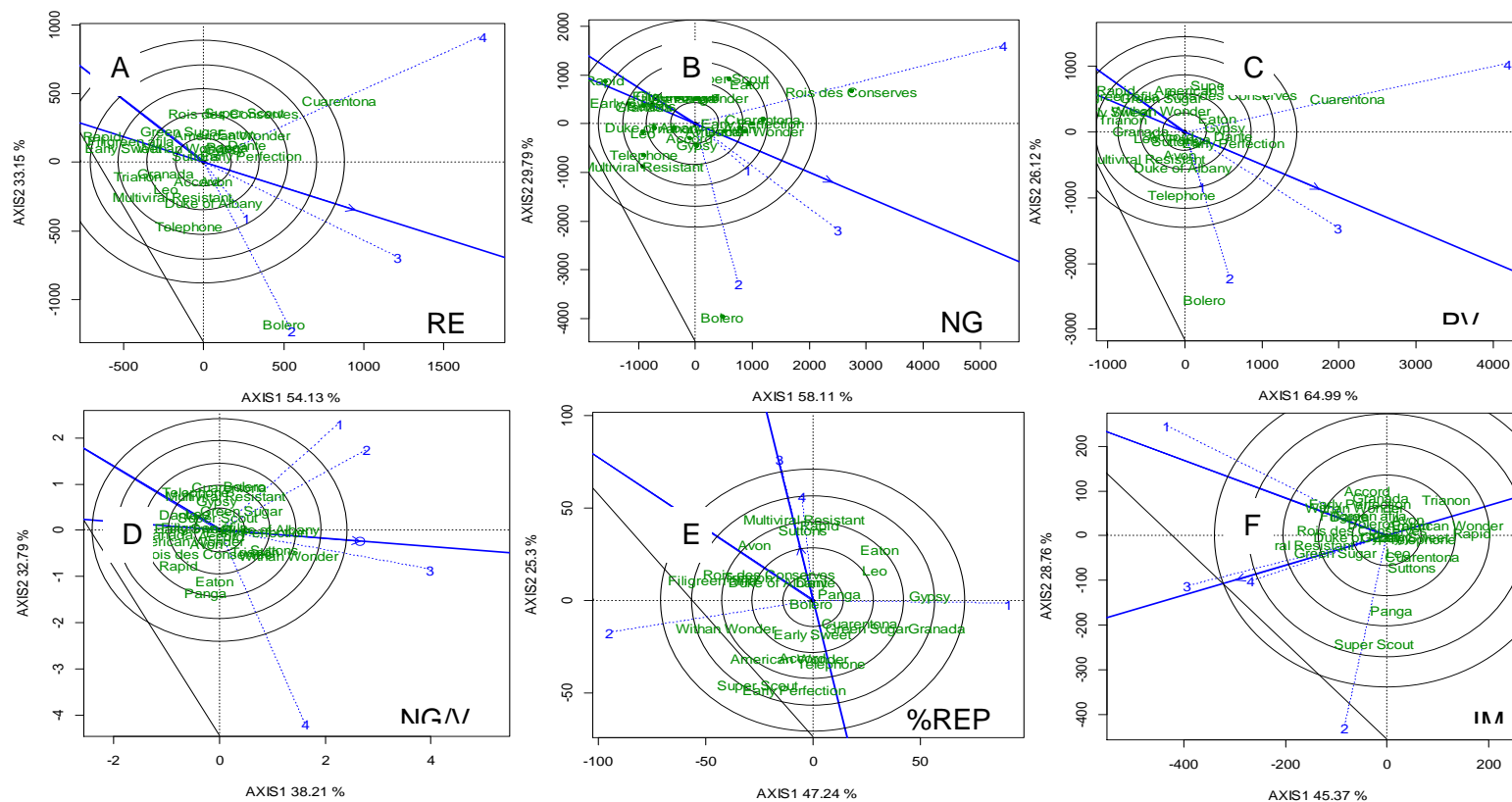
ALT: altura de planta; DPSC: días entre primer y segunda cosecha, pH: potencial de hidrógeno; b parámetros de color y Ca contenido de clorofila a

Gráfico 1.3: Relaciones entre ambientes en análisis de GGE blipot (variables con ambiente 2 como más representativo)



● genotipos; ● ambientes; — vector AEA
 DPC: días a primera cosecha; ICOS: índice de cosecha.

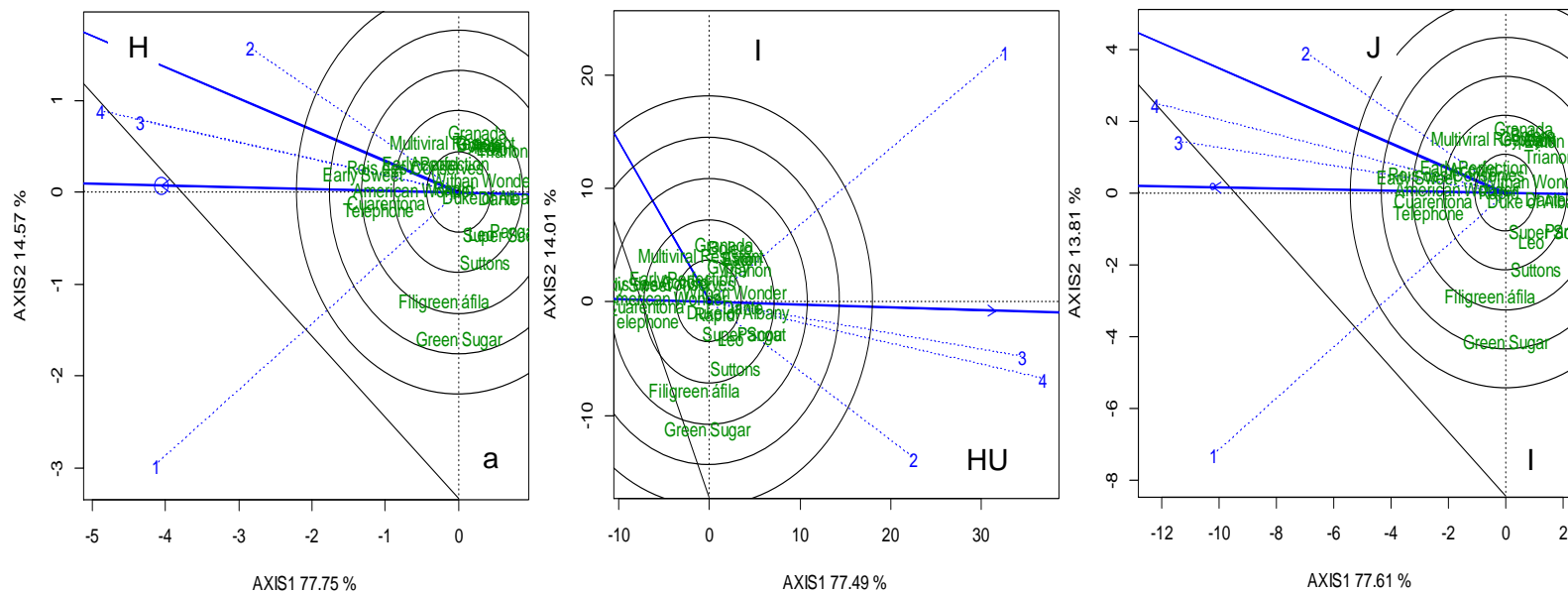
Gráfico 1.4: Relaciones entre ambientes en análisis de GGE blipot (variables con ambiente 3 como más representativo)



● genotipos; ● ambientes; — vector AEA

RE: rendimiento por parcela en g; NG: número de granos por parcela; PV: peso total de vainas por parcela en g; NG/V: número de granos por vaina; ICOS: índice de cosecha en %; %REPC: porcentaje de RE en primera cosecha.

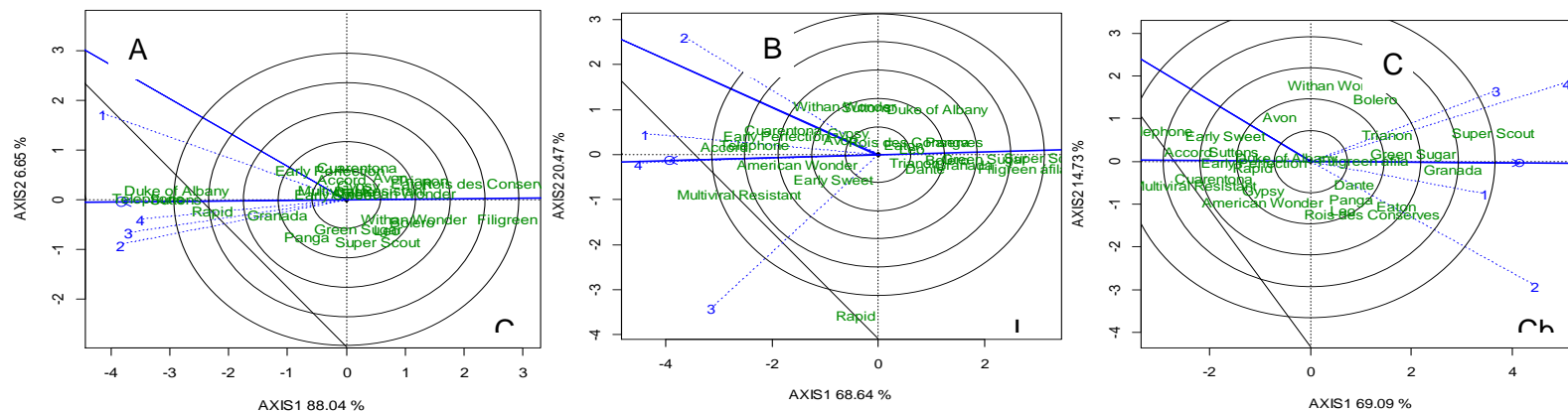
Gráfico 1.4 continuación



● genotipos; ● ambientes; — vector AEA

a y HUE (tono): parámetros de color; IC: índice de color

Gráfico 1.5: Relaciones entre ambientes en análisis de GGE blipot (variables con ambiente 4 como más representativo)



● genotipos; ● ambientes; — vector AEA

C: calibre de grano; L (luminosidad): parámetro de color; Cb: contenido de clorofila b.

Sin embargo, para decidir cuál entorno de prueba elegir entre ambientes correlacionados se debe tener en cuenta además la capacidad para discriminar genotipos que poseen. La longitud del vector ambiente (que une el centro de origen con el marcador del ambiente) define el poder discriminante de dicho ambiente. Así, vectores largos marcan ambientes discriminantes mientras que vectores cortos marcan ambientes poco discriminantes que no brindan mayor información sobre los genotipos. El ambiente 1 resultó poco discriminante para las variables RE, NG, PV (Gráfico 1.4 A, B y C) y Cb (Gráfico 1.5 C); el ambiente 2 fue poco discriminante para pH (Gráfico 1.2 C); el 3 para DPC (Gráfico 1.3 A) y el 4 para DPSC (Gráfico 1.2 B), DPC (Gráfico 1.3 A) y %REPC e IM (Gráfico 1.4 E y F). Para la variable ICOS resultaron poco discriminantes los ambientes 1, 2 y 3 (Gráfico 1.3 B).

Otra característica importante del ambiente o entorno de prueba donde se evalúan los genotipos es su representatividad y para conocerla se evalúa el ángulo que forma el vector ambiente con el vector AEA. En este caso los ambientes cuyos vectores forman ángulos pequeños con el vector AEA son representativos mientras que ángulos mayores indican ambientes poco representativos.

En la Tabla 1.11 pueden verse los porcentajes totales explicados por el modelo utilizado para cada variable que variaron entre 71,00% y 96,46% obteniéndose así una buena representación y el ambiente o entorno de prueba ideal para hacer selección (discriminante y más representativo) en cada variable.

El entorno de prueba 2 (año 1 con riego) resultó el mejor ambiente de selección sólo para las variables ICOS y DPC mientras que el 4 (año 2 con riego) lo fue para C, L y Cb. El entorno de prueba 1 (año 1 seco) resultó el mejor ambiente de selección para ALT, pH, Ca, DPSC y b mientras que el entorno 3 (año 2 seco) lo fue para el resto de las variables.

Tabla 1.11: Proporción de variabilidad explicada (%) y ambiente ideal de selección por variable

Variable	% (PC1 + PC2)	Ambiente selección	Variable	% (PC1 + PC2)	Ambiente selección
ALT	94,64	1	IC	91,42	3
pH	73,05	1	RE	87,28	3
Ca	84,25	1	PV	91,11	3
DPSC	89,23	1	NG/V	71,00	3
b	94,23	1	IM	74,13	3
ICOS	83,63	2	a	92,32	3
DPC	96,46	2	C	94,69	4
NG	87,90	3	L	89,11	4
%REPC	72,54	3	Cb	83,82	4
HUE	91,50	3			

RE: rendimiento; NG: número de granos; PV: peso total de vainas; NG/V: número de granos por vaina; C: calibre; ICOS: índice de cosecha; ALT: altura de planta; DPC: días a primera cosecha; DPSC: días entre primera y segunda cosecha, %REPC: porcentaje de RE en primera cosecha; IM: índice de madurez; pH: potencial de hidrógeno; L (luminosidad), a, b, HUE (tono): parámetros de color; Ca y Cb: contenido de clorofilas a y b respectivamente.

Análisis de correlaciones entre variables

En las tablas 1.12a, 1.12b y 1.12c se muestran las correlaciones fenotípicas de las variables analizadas mientras que en las tablas 1.13a, 1.13b y 1.13c se muestran las correlaciones genotípicas. En ellas, los valores coloreados fueron significativos, mientras que los valores sin colorear no fueron significativos. Analizando las correlaciones fenotípicas y genotípicas de las variables morfo-agronómicas entre sí (tablas 1.12a y 1.13a respectivamente) puede verse que las correlaciones genotípicas significativas fueron menores que las fenotípicas para los pares de variables: RE-NG, RE-PV, RE-NV, NG-PV, PV-NV y DPC-ICOS mientras que para el resto de los pares de variables fueron mayores. En el caso de las variables de calidad de grano (tablas 1.12b y 1.13b) las correlaciones genotípicas fueron similares o superiores que las fenotípicas para todos los pares de variables que dieron resultados significativos.

Analizando las correlaciones entre las variables morfoagronómicas con las de calidad de grano (tablas 1.12c y 1.13c) se observa que las correlaciones genotípicas son similares o superiores a las fenotípicas excepto en los casos de las correlaciones de %REPC con los parámetros de color a, b, HUE, CRO e IC donde las correlaciones fenotípicas fueron significativas y con valores intermedios mientras que las genotípicas fueron no significativas.

Tabla 1.12a: Correlaciones Fenotípicas de las variables morfo-agronómicas entre sí

Traits	RE	NG	PV	NV	NG/V	C	LV	AV	ICOS	ALT	DPC	DPSC
NG	0,78***											
PV	0,97***	0,75***										
NV	0,68***	0,89***	0,71***									
NG/V	0,29	0,14	0,22	-0,14								
C	-0,03	-0,51**	0,03	-0,49*	0,03							
LV	0,09	-0,32	0,10	-0,46*	0,50**	0,69***						
AV	-0,19	-0,58**	-0,11	-0,62***	0,15	0,86***	0,61***					
ICOS	0,29	0,21	0,09	0,09	0,46*	-0,31	-0,02	-0,47*				
ALT	0,35	0,16	0,46*	0,28	0,02	0,41*	0,27	0,24	-0,14			
DPC	0,62***	0,46*	0,62***	0,52**	0,32	-0,06	0,26	-0,27	0,43*	0,40*		
DPSC	-0,48*	-0,26	-0,49***	-0,19	-0,36	-0,01	-0,31	-0,02	-0,17	0,08	-0,57**	
%REPC	-0,09	0,01	-0,17	0,00	0,17	-0,30	0,02	-0,26	0,38	-0,18	0,45*	-0,17

RE: rendimiento por parcela en g; NG: número de granos por parcela; PV: peso total de vainas por parcela en g; NV: número de vainas por parcela; NG/V: número de granos por vaina; C: calibre del grano en cm; LV: largo de vaina en cm; AV: ancho de vaina en cm; ICOS: índice de cosecha en %; ALT: altura de planta en cm; DPC: días a primer cosecha; DPSC: días entre primer y segunda cosecha, %REPC: porcentaje de RE en primer cosecha,

*: significativo al 5% de probabilidad, $p < 0,05$

**: significativo al 1% de probabilidad, $p < 0,01$

***: significativo al 0,1% de probabilidad, $p < 0,001$

Tabla 1.12b: Correlaciones Fenotípicas de las variables de calidad de grano entre sí

	AcT	IM	pH	VitC	L	a	b	HUE	CRO	IC	Ca
IM	-0,95***										
pH	-0,46*	0,38									
VitC	0,14	-0,05	-0,12								
L	0,27	-0,33	0,00	0,12							
a	0,19	-0,27	-0,56**	-0,01	0,53**						
b	0,15	-0,23	-0,44*	0,03	0,47*	0,94***					
HUE	-0,15	0,22	0,55**	0,01	-0,50**	-0,99***	-0,95***				
CRO	0,14	-0,24	-0,41*	0,03	0,43*	0,91***	0,99***	-0,92***			
IC	0,18	-0,24	-0,55**	0,00	0,53**	0,99***	0,95***	-0,99***	0,91***		
Ca	-0,24	0,31	0,04	-0,21	-0,89***	-0,48*	-0,37	0,43*	-0,33	-0,47*	
Cb	-0,19	0,26	0,09	-0,19	-0,89***	-0,57**	-0,47*	0,53**	-0,44*	-0,56**	0,95***

AcT: acidez titulable en %; IM: índice de madurez; pH: potencial de hidrógeno; VitC: contenido de vitamina C en mg/100g; L (luminosidad), a, y b son parámetros del sistema color CIELAB; HUE (tono) y CRO (croma o saturación) son parámetros de color del sistema Munsell; IC es el índice colorimétrico y Ca y Cb: contenido de clorofilas a y b respectivamente en mgAl-1

*: significativo al 5% de probabilidad, $p < 0,05$

** : significativo al 1% de probabilidad, $p < 0,01$

***: significativo al 0,1% de probabilidad, $p < 0,001$

Tabla 1.12c: Correlaciones fenotípicas entre las variables morfo-agronómicas y las de calidad de grano

Traits	RE	NG	PV	NV	NG/V	C	LV	AV	ICOS	ALT	DPC	DPSC	%REPC
AcT	-0,30	-0,16	-0,25	-0,20	-0,17	0,14	0,04	0,26	-0,52**	-0,19	-0,44*	0,37	-0,24
IM	0,21	0,15	0,14	0,16	0,21	-0,18	-0,08	-0,26	0,53**	0,11	0,33	-0,33	0,31
pH	0,67***	0,35	0,65***	0,39	0,3	0,12	0,34	-0,05	0,33	0,23	0,73***	-0,54**	0,21
VitC	-0,11	-0,23	-0,11	-0,26	0,06	0,42	0,36	0,44	-0,16	0,27	-0,17	0,19	0,09
L	0,07	-0,01	0,16	0,10	0,02	0,30	0,10	0,34	-0,43*	0,21	0,02	-0,11	-0,21
a	-0,07	0,05	0,05	0,11	-0,29	0,03	-0,31	0,09	-0,47*	0,27	-0,36	0,22	-0,59**
b	0,01	0,13	0,15	0,21	-0,29	0,00	-0,3	0,06	-0,50**	0,36	-0,29	0,25	-0,55**
HUE	0,05	-0,09	-0,07	-0,16	0,28	0,01	0,33	-0,04	0,43*	-0,28	0,33	-0,21	0,58**
CRO	0,03	0,13	0,17	0,21	-0,29	0,00	-0,27	0,06	-0,49**	0,38	-0,27	0,28	-0,55**
IC	-0,07	0,07	0,05	0,14	-0,29	0,01	-0,32	0,08	-0,48*	0,27	-0,35	0,20	-0,58**
Ca	0,00	0,21	-0,08	0,11	0,03	-0,47*	-0,13	-0,59**	0,45*	-0,18	0,10	0,11	0,24
Cb	-0,01	0,17	-0,11	0,05	-0,01	-0,46*	-0,17	-0,54**	0,45*	-0,36	-0,01	0,09	0,21

RE: rendimiento por parcela en g; NG: número de granos por parcela; PV: peso total de vainas por parcela en g; NV: número de vainas por parcela; NG/V: número de granos por vaina; C: calibre del grano en cm; LV: largo de vaina en cm; AV: ancho de vaina en cm; ICOS: índice de cosecha en %; ALT: altura de planta en cm; DPC: días a primera cosecha; DPSC: días entre primera y segunda cosecha, %REPC: porcentaje de RE en primera cosecha, AcT: acidez titulable en %; IM: índice de madurez; pH: potencial de hidrógeno; VitC: contenido de vitamina C en mg/100g; L (luminosidad), a, y b son parámetros del sistema color CIELAB; HUE (tono) y CRO (croma o saturación) son parámetros de color del sistema Munsell; IC es el índice colorimétrico y Ca, Cb: contenido de clorofilas a y b respectivamente en mgAl-1

*: significativo al 5% de probabilidad, $p < 0,05$

** : significativo al 1% de probabilidad, $p < 0,01$

***: significativo al 0,1% de probabilidad, $p < 0,001$

Tabla 1.13a: Correlaciones genotípicas de las variables morfo-agronómicas entre sí

Traits	RE	NG	PV	NV	NG/V	C	LV	AV	ICOS	ALT	DPC	DPSC
NG	0,74***											
PV	0,96***	0,73***										
NV	0,41*	0,95***	0,43*									
NG/V	0,99***	-0,26	0,99***	-0,68***								
C	-0,05	-0,80***	0,06	-0,84***	0,04							
LV	0,06	-0,65***	0,10	-0,97***	1,00***	0,74***						
AV	-0,36	-0,99***	-0,29	-0,99***	0,29	0,96***	0,63***					
ICOS	0,36	0,20	0,15	0,02	0,88***	-0,40*	-0,13	-0,64***				
ALT	0,41	0,13	0,62***	0,35	0,08	0,44*	0,29	0,28	-0,25			
DPC	0,99***	0,78***	0,99***	0,99***	0,66***	-0,06	0,26	-0,31	0,27	0,47*		
DPSC	-0,99***	-0,65***	-0,99**	-0,55**	-0,97***	-0,07	-0,41*	-0,11	-0,11	0,11	-0,63***	
%REPC	-0,02	0,01	-0,07	0,00	0,17	-0,10	0,02	-0,21	0,28	-0,18	0,32	-0,17

RE: rendimiento por parcela en g; NG: número de granos por parcela; PV: peso total de vainas por parcela en g; NV: número de vainas por parcela; NG/V: número de granos por vaina; C: calibre del grano en cm; LV: largo de vaina en cm; AV: ancho de vaina en cm; ICOS: índice de cosecha en %; ALT: altura de planta en cm; DPC: días a primer cosecha; DPSC: días entre primer y segunda cosecha, %REPC: porcentaje de RE en primer cosecha,

*: significativo al 5% de probabilidad, $p < 0,05$

**: significativo al 1% de probabilidad, $p < 0,01$

***: significativo al 0,1% de probabilidad, $p < 0,001$

Tabla 1.13b: Correlaciones genotípicas de las variables de calidad de grano entre sí

	AcT	IM	pH	VitC	L	a	b	HUE	CRO	IC	Ca
IM	-0,99***										
pH	-0,57***	0,42*									
VitC	0,78***	-0,02	-0,13								
L	0,32	-0,34	0,23	0,24							
a	0,24	-0,36	-0,58***	0,13	0,61***						
b	0,18	-0,32	-0,46*	0,12	0,57***	0,96***					
HUE	-0,15	0,31	0,56***	-0,11	-0,60***	-1,00***	-0,97***				
CRO	0,16	-0,31	-0,44*	0,08	0,53**	0,95***	1,00***	-0,96***			
IC	0,24	-0,34	-0,54**	0,14	0,63***	0,99***	0,97***	-1,00***	0,96***		
Ca	-0,27	0,43*	-0,17	-0,69***	-0,99***	-0,53**	-0,48**	0,49*	-0,45*	-0,54**	
Cb	-0,25	0,40*	0,01	-0,82***	-0,98***	-0,65***	-0,58***	0,61***	-0,55***	-0,66***	0,97***

AcT: acidez titulable en %; IM: índice de madurez; pH: potencial de hidrógeno; VitC: contenido de vitamina C en mg/100g; L (luminosidad), a, y b son parámetros del sistema color CIELAB; HUE (tono) y CRO (croma o saturación) son parámetros de color del sistema Munsell; IC es el índice colorimétrico y Ca, Cb: contenido de clorofilas a y b respectivamente en mgAl-1

*: significativo al 5% de probabilidad, $p < 0,05$

** : significativo al 1% de probabilidad, $p < 0,01$

***: significativo al 0,1% de probabilidad, $p < 0,001$

Tabla 1.13c: Correlaciones genotípicas entre variables morfo-agronómicas y de calidad de grano

	RE	NG	PV	NV	NG/V	C	LV	AV	ICOS	ALT	DPC	DPSC	%REPC
AcT	-0,50**	-0,27	-0,40*	-0,43*	-0,55**	0,20	0,06	0,35	-0,85***	-0,22	-0,69***	0,47*	-0,24
IM	0,37	0,28	0,18*	0,41*	0,99***	-0,26	-0,10	-0,44*	0,99***	0,16	0,65***	-0,51**	0,31
pH	0,99***	0,59***	0,94***	0,99***	0,70***	0,13	0,44*	-0,09	0,55**	0,28	0,99***	-0,78***	0,21
VitC	-0,46*	-0,94***	-0,44*	-0,99***	0,99***	0,98***	0,99***	0,99***	-0,69***	0,99***	-0,69***	0,71***	0,09
L	0,25	0,13	0,41*	0,28	0,13	0,37	0,03	0,24	-0,58***	0,18	-0,11	-0,07	-0,21
a	-0,12	0,06	0,03	0,16	-0,82***	0,07	-0,38	0,02	-0,58***	0,26	-0,38	0,32	0,07
b	-0,03	0,15	0,19	0,33	-0,88***	0,01	-0,34	0,00	-0,59***	0,36	-0,29	0,31	0,01
HUE	0,10	-0,10***	-0,05	-0,22	0,81***	-0,02	0,40	0,03	0,50**	-0,27	0,33	-0,27	0,39
CRO	0,01	0,17***	0,24	0,36	-0,88***	0,01	-0,31	0,01	-0,59***	0,39	-0,27	0,32	0,25
IC	-0,15	0,06***	0,01	0,17	-0,87***	0,05	-0,40*	0,00	-0,59***	0,25	-0,37	0,30	-0,08
Ca	0,16	0,47****	0,06	0,47*	0,30	-0,54**	-0,09	-0,59***	0,61***	-0,08	0,18	0,09	0,24
Cb	0,11	0,43****	0,01	0,40*	0,28	-0,51**	-0,16	-0,54**	0,57***	-0,31	0,01	0,12	0,21

RE: rendimiento por parcela en g; NG: número de granos por parcela; PV: peso total de vainas por parcela en g; NV: número de vainas por parcela; NG/V: número de granos por vaina; C: calibre del grano en cm; LV: largo de vaina en cm; AV: ancho de vaina en cm; ICOS: índice de cosecha en %; ALT: altura de planta en cm; DPC: días a primera cosecha; DPSC: días entre primera y segunda cosecha, %REPC: porcentaje de RE en primera cosecha; AcT: acidez titulable en %; IM: índice de madurez; pH: potencial de hidrógeno; VitC: contenido de vitamina C en mg/100g; L (luminosidad), a, y b son parámetros del sistema color CIELAB; HUE (tono) y CRO (croma o saturación) son parámetros de color del sistema Munsell; IC es el índice colorimétrico y Ca, Cb: contenido de clorofilas a y b respectivamente en mgAl-1

*: significativo al 5% de probabilidad, $p < 0,05$

** : significativo al 1% de probabilidad, $p < 0,01$

***: significativo al 0,1% de probabilidad, $p < 0,001$

En la tabla 2 del anexo se muestran los valores genotípicos predichos mediante BLUP, el valor medio general, el coeficiente de variación y la diferencia mínima significativa para cada variable.

Análisis de Componentes Principales

Se realizó un Análisis de Componentes principales (ACP) tomando todas las variables en conjunto y usando los valores fenotípicos medios. En la Tabla 1.14 puede observarse que las primeras 8 CP presentan autovalores superiores a 1 y son las CP retenidas según el criterio Guttman-Kaiser; en conjunto explican un 80% de la variancia. Las dos primeras CP explican en conjunto un porcentaje bajo (39%) de la variancia.

Tabla 1.14: Autovalores y proporción de variancia explicada para cada componente principal (valores fenotípicos)

Lambda	Valor	Proporción	Prop Acum	Lambda	Valor	Proporción	Prop Acum
1	5,43	0,22	0,22	13	0,51	0,02	0,93
2	4,26	0,17	0,39	14	0,37	0,01	0,95
3	2,81	0,11	0,50	15	0,33	0,01	0,96
4	2,00	0,08	0,58	16	0,28	0,01	0,97
5	1,70	0,07	0,65	17	0,21	0,01	0,98
6	1,32	0,05	0,70	18	0,17	0,01	0,99
7	1,27	0,05	0,75	19	0,14	0,01	0,99
8	1,12	0,04	0,80	20	0,08	0	1
9	0,90	0,04	0,83	21	0,06	0	1
10	0,83	0,03	0,87	22	0,01	0	1
11	0,61	0,02	0,89	23	0,01	0	1
12	0,59	0,02	0,91	24	0,00	0	1

En la Tabla 1.15 se muestran las correlaciones de cada variable original con cada CP retenido. Las celdas coloreadas marcan los mayores valores absolutos. El coeficiente de correlación cofenética puede ser utilizado como una medida de la calidad de la reducción lograda y en este caso dicho coeficiente fue de 0,973. Como puede verse, las variables relativas al color del grano a, b, HUE, CRO e IC tienen correlación con CP1, siendo intermedia a alta para CRO (0,72) pero muy altas para el resto, y solo HUE presenta una correlación negativa (-0,91). Para CP1, la otra variable que presenta correlación es DPC, con un valor negativo de -0,47.

Tabla 1.15 Correlación de cada variable original con cada CP retenido (valores fenotípicos)

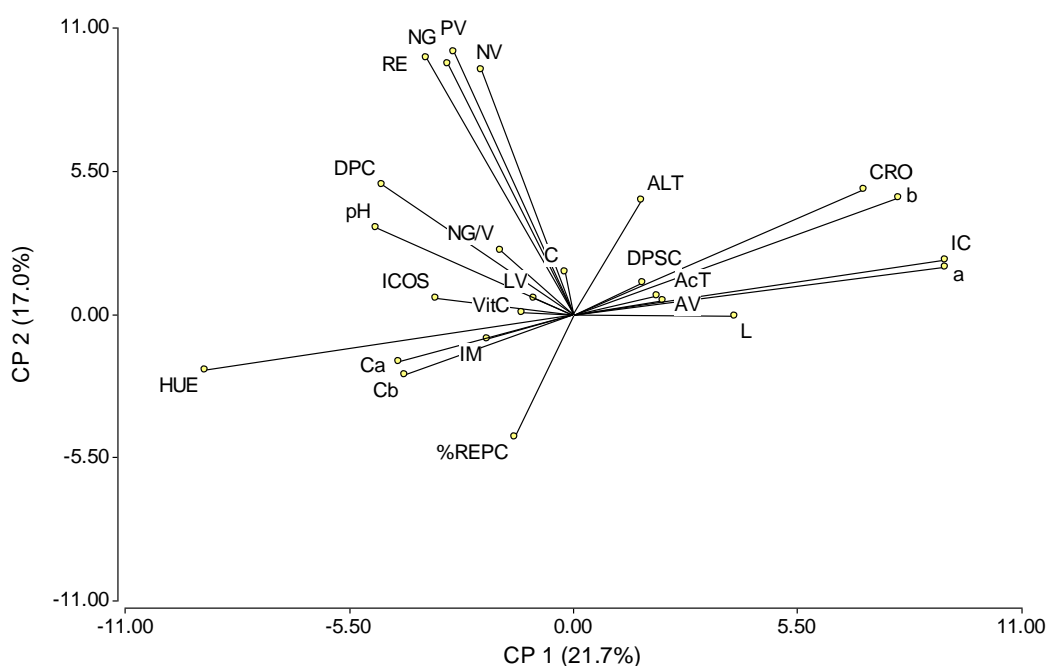
Variables	CP 1	CP 2	CP 3	CP 4	CP 5	CP 6	CP 7	CP 8
RE	-0,36	0,88	-0,03	0,03	-0,01	0,05	-0,06	-0,07
NG	-0,31	0,86	-0,21	0,03	0,02	0,02	0,11	-0,08
PV	-0,30	0,90	0,00	0,07	-0,05	0,00	-0,11	0,01
NV	-0,23	0,84	-0,27	0,04	0,10	-0,04	-0,10	-0,01
NG/V	-0,18	0,22	0,30	-0,09	-0,07	0,17	0,74	-0,08
C	-0,02	0,14	0,73	0,11	-0,26	-0,09	-0,21	0,10
LV	-0,10	0,05	0,70	0,08	-0,23	0,40	0,24	-0,04
AV	0,22	0,05	0,76	0,14	-0,25	0,14	0,08	0,03
ICOS	-0,34	0,05	-0,18	-0,25	0,30	0,37	0,27	-0,38
ALT	0,17	0,39	0,23	-0,15	-0,15	0,38	-0,20	0,11
DPC	-0,47	0,45	0,08	-0,20	0,46	0,17	-0,07	0,21
DPSC	0,17	0,11	-0,19	0,46	-0,36	-0,11	-0,04	-0,41
%REPC	-0,15	-0,42	0,09	-0,28	0,41	0,19	0,05	0,45
AcT	0,21	0,06	0,06	0,82	0,38	-0,01	0,12	0,17
IM	-0,21	-0,08	-0,10	-0,77	-0,45	-0,03	-0,15	-0,14
pH	-0,49	0,30	0,26	-0,27	-0,02	-0,43	0,11	0,27
VitC	-0,13	0,01	0,15	0,10	-0,10	0,45	-0,54	0,05
L	0,40	-0,01	0,11	-0,02	0,46	0,27	-0,27	-0,26
a	0,92	0,16	-0,14	-0,16	0,01	0,14	0,07	-0,03
b1	0,80	0,40	-0,13	-0,06	-0,12	-0,05	0,06	0,27
HUE	-0,91	-0,19	0,17	0,18	0,01	-0,13	-0,09	0,00
CRO	0,72	0,43	-0,11	-0,02	-0,15	-0,09	0,06	0,33
IC	0,92	0,19	-0,15	-0,17	0,01	0,13	0,07	-0,01
Ca	-0,43	-0,16	-0,58	0,17	-0,39	0,33	0,07	0,30
Cb	-0,42	-0,21	-0,57	0,25	-0,34	0,35	0,10	0,23

RE: rendimiento por parcela; NG y NV: número de granos y vainas por parcela; PV: peso total de vainas por parcela; NG/V: número de granos por vaina; C: calibre del grano; LV AV: largo y ancho de vaina; ICOS: índice de cosecha; ALT: altura de planta; DPC: días a primera cosecha; DPSC: días entre primera y segunda cosecha, %REPC: porcentaje de RE en primera cosecha, AcT: acidez titulable; IM: índice de madurez; pH: potencial de hidrógeno; VitC: contenido de vitamina C; L, a, y b parámetros del sistema CIELAB; HUE y CRO: parámetros del sistema Munsell; Ca y Cb: contenido de clorofilas a y b respectivamente.

Para la CP2, las variables que muestran alta correlación son RE, NG, PV y NV; y correlación baja la variable ALT; todas ellas de signo positivo. Con la CP3 presentan correlaciones intermedias a altas de signo positivo: C, LV y AV e intermedias de signo negativo los dos tipos de clorofila Ca y Cb. La CP4 presenta correlaciones altas con AcT e IM siendo esta última negativa, y correlación intermedia a baja con DPSC. La CP5 mostró correlación intermedia con L (0,46) mientras que la CP6 no mostró correlación con ninguna variable en particular. El resto mostraron correlaciones con NG/V de 0,74 y VitC de -0,54 para CP7 e ICOS de -0,38 y %REPC de 0,45 para la CP8.

Al graficar las variables en función de las CP1 y CP2 (Gráfico 1.6) puede verse que las variables RE, NG, PV y NV presentan vectores con ángulos agudos entre ellas lo cual indica que están fuertemente correlacionadas en forma positiva, esto puede verificarse al mirar los valores de dichas correlaciones en la Tabla 1.12a.

Gráfico 1.6: Representación de todas las variables en función de las CP1 y CP2 (valores fenotípicos)



RE: rendimiento por parcela; NG y NV: número de granos y vainas por parcela; PV: peso total de vainas por parcela; NG/V: número de granos por vaina; C: calibre del grano; LV AV: largo y ancho de vaina; ICOS: índice de cosecha; ALT: altura de planta; DPC: días a primera cosecha; DPSC: días entre primera y segunda cosecha, %REPC: porcentaje de RE en primera cosecha, AcT: acidez titulable; IM: índice de madurez; pH: potencial de hidrógeno; VitC: contenido de vitamina C; L, a, y b parámetros del sistema CIELAB; HUE y CRO: parámetros del sistema Munsell; Ca y Cb: contenido de clorofilas a y b respectivamente.

Del mismo modo, las variables CRO, b, a, e IC también muestran correlaciones positivas entre sí, pero negativas con HUE al mostrar un ángulo prácticamente llano con ellas (Tabla 1.12b). El ángulo cercano a 90° que muestra el grupo de las variables RE, NG, PV y NV con las variables relativas al color de grano demuestra que dichas variables no están correlacionadas, esto puede verificarse en la tabla 1.12c, donde ninguna de estas correlaciones fue significativa. El resto de las variables presentan vectores de menor longitud, lo cual indica que tuvieron contribuciones menores en la representación realizada.

Al realizar el ACP usando los valores genotípicos y todas las variables, puede verse que reteniendo 7 CP se alcanza una proporción acumulada de variancia explicada de 0,88 (Tabla 1.16) y que con las dos primeras CP se logra explicar un 50% de la variancia total, siendo estos porcentajes mayores que los logrados utilizando los valores fenotípicos.

Tabla 1.16: Autovalores y proporción de variancia explicada para cada componente principal (valores genotípicos)

Lambda	Valor	Proporción	Prop Acum	Lambda	Valor	Proporción	Prop Acum
1,00	7,26	0,29	0,29	13,00	0,15	0,01	0,99
2,00	5,11	0,20	0,50	14,00	0,08	0,00	0,99
3,00	4,05	0,16	0,66	15,00	0,06	0,00	1,00
4,00	1,74	0,07	0,73	16,00	0,05	0,00	1,00
5,00	1,67	0,07	0,79	17,00	0,03	0,00	1,00
6,00	1,06	0,04	0,84	18,00	0,02	0,00	1,00
7,00	1,00	0,04	0,88	19,00	0,01	0,00	1,00
8,00	0,84	0,03	0,91	20,00	0,01	0,00	1,00
9,00	0,69	0,03	0,94	21,00	0,00	0,00	1,00
10,00	0,52	0,02	0,96	22,00	0,00	0,00	1,00
11,00	0,35	0,01	0,97	23,00	0,00	0,00	1,00
12,00	0,31	0,01	0,98	24,00	0,00	0,00	1,00

En la Tabla 1.17 se muestran las correlaciones de las variables con las CP retenidas. Las celdas coloreadas marcan los mayores valores absolutos. La correlación cofenética fue en este caso de 0,993. Analizando las correlaciones puede verse que ahora la CP1 presenta correlaciones intermedias a altas con ICOS, pH, Ca y Cb (negativas) y L (positiva); correlación baja y positiva con DPSC y correlaciones altas con el resto de las variables relativas al color de grano, siendo ésta negativa únicamente para HUE.

Tabla 1.1:7 Correlación de cada variable original con cada CP retenido (valores genotípicos)

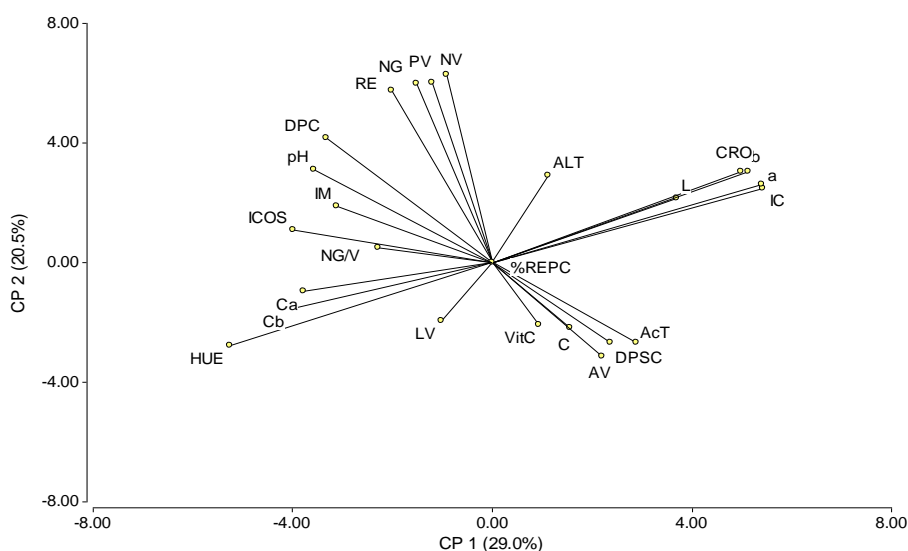
Variables	CP1	CP2	CP3	CP4	CP5	CP6	CP7
RE	-0,33	0,79	0,28	-0,18	0,19	0,10	0,00
NG	-0,25	0,83	-0,22	-0,29	0,14	0,17	0,00
PV	-0,20	0,83	0,32	-0,19	0,26	0,04	0,00
NV	-0,15	0,87	-0,25	-0,25	0,12	-0,19	0,00
NG/V	-0,37	0,07	0,42	0,09	-0,15	0,75	0,00
C	0,26	-0,30	0,79	0,10	0,23	-0,16	0,00
LV	-0,17	-0,27	0,81	0,01	0,17	0,25	0,00
AV	0,36	-0,43	0,74	0,05	0,13	0,00	0,00
ICOS	-0,65	0,15	-0,10	0,29	-0,28	0,27	0,00
ALT	0,18	0,40	0,42	0,26	0,60	-0,14	0,00
DPC	-0,54	0,57	0,36	-0,03	-0,02	-0,10	0,00
DPSC	0,39	-0,37	-0,41	0,01	0,34	-0,08	0,00
%REPC	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	0,00	1,00
AcT	0,47	-0,37	-0,03	-0,75	0,11	0,17	0,00
IM	-0,51	0,26	-0,03	0,76	-0,10	-0,12	0,00
pH	-0,59	0,43	0,48	-0,08	-0,15	-0,27	0,00
VitC	0,15	-0,28	0,36	0,14	0,49	0,08	0,00
L	0,61	0,30	0,44	-0,16	-0,45	-0,06	0,00
a	0,89	0,34	-0,14	0,17	-0,03	0,13	0,00
b	0,84	0,42	-0,15	0,16	0,10	0,09	0,00
HUE	-0,86	-0,38	0,17	-0,20	0,02	-0,14	0,00
CRO	0,82	0,42	-0,14	0,15	0,16	0,09	0,00
IC	0,89	0,36	-0,15	0,17	-0,04	0,11	0,00
Ca	-0,62	-0,13	-0,55	0,09	0,45	0,15	0,00
Cb	-0,66	-0,21	-0,55	-0,01	0,36	0,10	0,00

RE: rendimiento por parcela; NG y NV: número de granos y vainas por parcela; PV: peso total de vainas por parcela; NG/V: número de granos por vaina; C: calibre del grano; LV AV: largo y ancho de vaina; ICOS: índice de cosecha; ALT: altura de planta; DPC: días a primera cosecha; DPSC: días entre primera y segunda cosecha, %REPC: porcentaje de RE en primera cosecha, AcT: acidez titulable; IM: índice de madurez; pH: potencial de hidrógeno; VitC: contenido de vitamina C; L, a, y b parámetros del sistema CIELAB; HUE y CRO: parámetros del sistema Munsell; Ca y Cb: contenido de clorofilas a y b respectivamente.

La CP2 muestra las mismas correlaciones con RE, NG, PV y NV que antes, pero con valores levemente menores y correlación intermedia con DPC. La CP3 muestra correlaciones intermedias a altas y positivas con C, LV y AV mientras que la CP4 muestra correlaciones intermedias a altas con Act (negativa) e IM (positiva). La CP5 muestra correlaciones intermedias ALT (0,60) y VitC (0,49); la CP6 se correlaciona con NG/V (0,75) y la CP7 con %REPC (1,00).

Al graficar las variables en función de las CP1 y CP2 (Gráfico 1.7) se ve que el grupo de variables compuesto por RE, NG, PV y NV no presenta correlación con las variables relativas al color de grano, sin embargo al verificar los valores de las correlaciones genotípicas de estas variables (Tabla 1.13c) se ve que NG presentó correlaciones altamente significativas con HUE, CRO e IC aunque de muy bajo valor (-0,10; 0,17 y 0,06 respectivamente) por lo que pueden despreciarse; mientras que PV presentó una correlación intermedia a baja con L (0,41) pero con una significancia con $p < 0,05$.

Gráfico 1.7: Representación de todas las variables en función de las CP1 y CP2 (valores genotípicos)



RE: rendimiento por parcela; NG: número de granos por parcela; PV: peso total de vainas por parcela; NV: número de vainas por parcela; NG/V: número de granos por vaina; C: calibre del grano; LV: largo de vaina; AV: ancho de vaina; ICOS: índice de cosecha; ALT: altura de planta; DPC: días a primera cosecha; DPSC: días entre primera y segunda cosecha, %REPC: porcentaje de RE en primera cosecha; AcT: acidez titulable; IM: índice de madurez; pH: potencial de hidrógeno; VitC: contenido de vitamina C; L (luminosidad), a, b, HUE (tono) y CRO (croma) parámetros de color; IC es el índice colorimétrico y Ca y Cb: contenido de clorofilas a y b respectivamente.

Puede verse también en el gráfico que este grupo de variables presenta correlaciones positivas con ph y negativas con VitC, lo cual se verifica en la Tabla 1.13c; y correlaciones positivas con DPC y negativas con DPSC, C, LV y AV (Tabla 1.13a) aunque para las tres últimas variables dichas correlaciones solo fueron significativas con NG y NV. Las variables ALT, NG/V, LV, VitC, C, DPSC, IM, L y %REPC fueron representadas con vectores más cortos indicando que sus contribuciones a la representación de este gráfico fueron menores y que para una mejor interpretación de ellas es necesario realizar gráficos de otras CP.

También se realizaron ACP de los grupos de variables morfo-agronómicas y de calidad de grano por separado, tanto con los valores fenotípicos como con los genotípicos.

En la tabla 1.18 se muestran los autovalores del ACP de las variables morfo-agronómicas con valores fenotípicos. Puede verse que reteniendo 4 CP se explica un 72% de la variación total, y que las dos primeras CP explican en conjunto un 50% de dicha variación. La correlación cofenética para este análisis fue de 0,950.

Tabla 1.18: Autovalores y proporción de variancia explicada para cada componente principal utilizando las variables morfo-agronómicas (valores fenotípicos)

Lambda	Valor	Proporción	Prop Acum
1	4,14	0,32	0,32
2	2,37	0,18	0,50
3	1,73	0,13	0,63
4	1,14	0,09	0,72
5	0,94	0,07	0,79
6	0,7	0,05	0,85
7	0,57	0,04	0,89
8	0,51	0,04	0,93
9	0,4	0,03	0,96
10	0,25	0,02	0,98
11	0,17	0,01	0,99
12	0,07	0,01	1
13	0,01	6,00E-04	1

En la Tabla 1.19 se presentan las correlaciones de las variables con cada CP retenido. En ella puede verse que la CP1 tuvo correlaciones altas y positivas con las variables RE, NG, PV y NV; la CP2 presentó correlaciones altas con LV y AV, intermedia a alta con C y baja con ALT; la CP3 presentó correlaciones intermedias y positiva con DPSC e intermedias y negativas con

DPC, %REPC e ICOS; por último la CP4 presentó una correlación intermedia y positiva con NG/V.

Tabla 1.19: Correlación de cada variable morfo-agronómica original con cada CP retenido (valores fenotípicos)

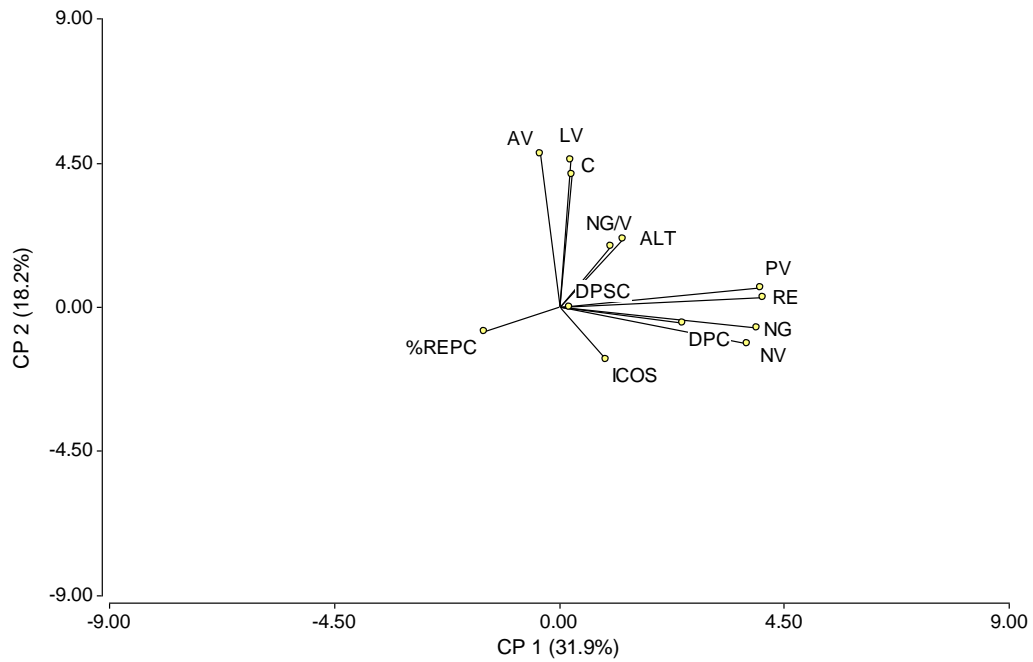
Variables	CP1	CP2	CP3	CP4
RE	0,96	0,05	0,03	-0,02
NG	0,93	-0,12	0,05	0,15
PV	0,95	0,10	0,11	-0,12
NV	0,89	-0,20	0,12	-0,11
NG/V	0,24	0,33	-0,37	0,67
C	0,06	0,74	0,05	-0,21
LV	0,05	0,81	-0,25	0,17
AV	-0,09	0,85	0,03	0,01
ICOS	0,22	-0,29	-0,50	0,44
ALT	0,30	0,38	-0,04	-0,35
DPC	0,58	-0,09	-0,57	-0,26
DPSC	0,05	0,00	0,69	0,36
%REPC	-0,35	-0,14	-0,67	-0,21

RE: rendimiento por parcela; NG: número de granos por parcela; PV: peso total de vainas por parcela; NV: número de vainas por parcela; NG/V: número de granos por vaina; C: calibre del grano; LV: largo de vaina; AV: ancho de vaina; ICOS: índice de cosecha; ALT: altura de planta; DPC: días a primera cosecha; DPSC: días entre primera y segunda cosecha, %REPC: porcentaje de RE en primera cosecha

Al graficar las variables en función de las dos primeras CP (Gráfico 1.8) puede verse que las correlaciones altas y positivas entre las variables RE, NG, PV y NV se sigue manifestando al igual que en los análisis anteriores, agregándose las correlaciones también altas y positivas con DPC, DPSC, ICOS y ALT, sin embargo, en la tabla 1.12a estas dos últimas variables no muestran correlaciones significativas.

Las variables C, AV y LV presenta en el gráfico ángulos cercanos a 90° con el grupo de variables de RE, NG, PV y NV lo cual indicaría que no hay correlación entre estas variables; sin embargo en la Tabla 1.13a se muestra que C y AV tienen correlaciones intermedias y negativas con NG y NV y LV presenta el mismo tipo de correlación con NV.

Gráfico 1.8: Representación de las variables morfo-agronómicas en función de las CP1 y CP2 (valores fenotípicos)



RE: rendimiento; NG: número de granos; PV: peso total de vainas; NV: número de vainas; NG/V: número de granos por vaina; C: calibre del grano; LV: largo y AV: ancho de vaina; ICOS: índice de cosecha; ALT: altura de planta; DPC: días a primera cosecha; DPSC: días entre primera y segunda cosecha, %REPC: porcentaje de RE en primera cosecha

En el estudio de las variables morfo-agronómicas usando los valores genotípicos, reteniendo 4 CP se logra explicar el 81% de la variación presente (Tabla 1.20) y las dos primeras CP explican un 60% de la variancia, siendo estos porcentajes mayores que los logrados con los valores fenotípicos. La correlación cofenética para este análisis fue de 0,968.

Tabla 1.20: Autovalores y proporción de variación explicada para cada componente principal utilizando las variables morfo-agronómicas (valores genotípicos)

Lambda	Valor	Proporción	Prop Acum	Lambda	Valor	Proporción	Prop Acum
1	4,64	0,36	0,36	8	0,24	0,02	0,98
2	3,10	0,24	0,60	9	0,11	0,01	0,99
3	1,77	0,14	0,73	10	0,07	0,01	0,99
4	1,00	0,08	0,81	11	0,05	3,70E-03	1
5	0,89	0,07	0,88	12	0,03	2,00E-03	1
6	0,65	0,05	0,93	13	3,60E-03	2,80E-04	1
7	0,44	0,03	0,96				

La Tabla 1.21 muestra las correlaciones de las variables morfo-agronómicas originales con las CP retenidas.

En ella puede verse que la CP1 además de las correlaciones con RE, NG, PV y NV (que son altas y positivas al igual que con los valores fenotípicos) presenta correlación intermedia a alta con DPC (0,73) e intermedia a baja y negativa con DPSC (-0,47)

La CP2 no se correlaciona en este caso con ALT pero sí con C, LV y AV siendo todas estas correlaciones altas y positivas. La CP3 se correlaciona con NG/V e ICOS de manera positiva y con ALT, negativa. La CP4 se correlaciona únicamente con %REPC.

Tabla 1.21: Correlación de cada variable original con cada CP retenido (valores genotípicos)

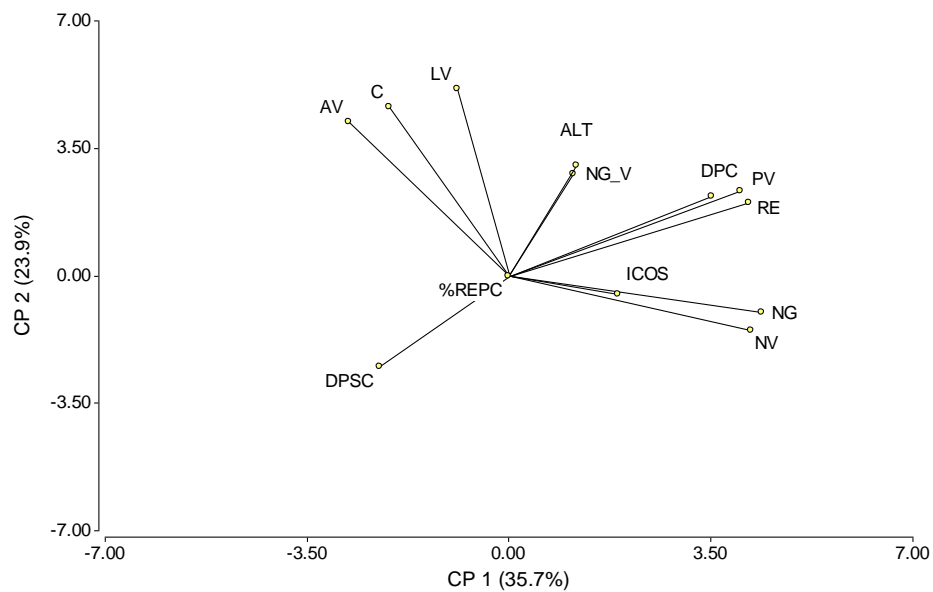
Variables	CP1	CP2	CP3	CP4
RE	0,87	0,34	-0,11	0,00
NG	0,91	-0,17	-0,14	0,00
PV	0,84	0,39	-0,27	0,00
NV	0,88	-0,25	-0,35	0,00
NG/V	0,23	0,48	0,65	0,00
C	-0,43	0,79	-0,25	0,00
LV	-0,19	0,88	0,23	0,00
AV	-0,58	0,72	-0,19	0,00
ICOS	0,39	-0,09	0,72	0,00
ALT	0,25	0,52	-0,56	0,00
DPC	0,73	0,37	0,17	0,00
DPSC	-0,47	-0,42	-0,34	0,00
%REPC	0,00	0,00	0,00	1,00

RE: rendimiento; NG: número de granos; PV: peso total de vainas; NV: número de vainas; NG/V: número de granos por vaina; C: calibre del grano; LV: largo y AV: ancho de vaina; ICOS: índice de cosecha; ALT: altura de planta; DPC: días a primera cosecha; DPSC: días entre primera y segunda cosecha, %REPC: porcentaje de RE en primera cosecha

En el Gráfico 1.9 se representan las variables en función de las dos primeras CP. En él puede verse que la variable RE tiene correlaciones altas y positivas con PV y DPC y altas pero negativa con DPSC; también se aprecia que las correlaciones con NG y NV son positivas, pero de menor valor que con las ya mencionadas y que no presenta correlaciones con las variables LV, AV y C. Todo esto se verifica observando los valores de las correlaciones genotípicas presentados en la Tabla 1.13a.

También puede verificarse que la correlación entre NG y NV es alta y positiva, sin embargo, en el gráfico se muestra además una correlación alta y positiva de NG con ICOS que no puede verificarse con los datos de la Tabla. Esto último puede deberse a que la representación de esta variable en este gráfico no es buena y debería ser analizada mediante la representación de las CP1 y CP3.

Gráfico 1.9: Representación de las variables morfo-agronómicas en función de las CP1 y CP2 (valores genotípicos)



RE: rendimiento; NG: número de granos; PV: peso total de vainas; NV: número de vainas; NG/V: número de granos por vaina; C: calibre del grano; LV: largo y AV: ancho de vaina; ICOS: índice de cosecha; ALT: altura de planta; DPC: días a primera cosecha; DPSC: días entre primera y segunda cosecha, %REPC: porcentaje de RE en primera cosecha

Para el estudio del ACP de las variables relativas a la calidad de grano usando valores fenotípicos, reteniendo 4 CP se logra explicar un 82% de la variabilidad (Tabla 1.22) y las dos primeras CP explican en conjunto un 57% de variabilidad.

La correlación cofenética para este análisis fue de 0,985.

En la Tabla 1.23 pueden verse las correlaciones entre las variables originales y las CP.

Tabla 1.22: Autovalores y proporción de variación explicada para cada componente principal utilizando las variables de calidad de grano (valores fenotípicos)

Lambda	Valor	Proporción	Prop Acum
1	4,97	0,41	0,41
2	1,87	0,16	0,57
3	1,76	0,15	0,72
4	1,22	0,1	0,82
5	0,93	0,08	0,9
6	0,63	0,05	0,95
7	0,36	0,03	0,98
8	0,16	1,00E-02	0,99
9	0,08	1,00E-02	1
10	1,00E-02	7,00E-04	1
11	4,30E-03	3,60E-04	1
12	1,20E-03	9,90E-05	1

Tabla 1.23: Correlación de cada variable original con cada CP retenido (valores fenotípicos)

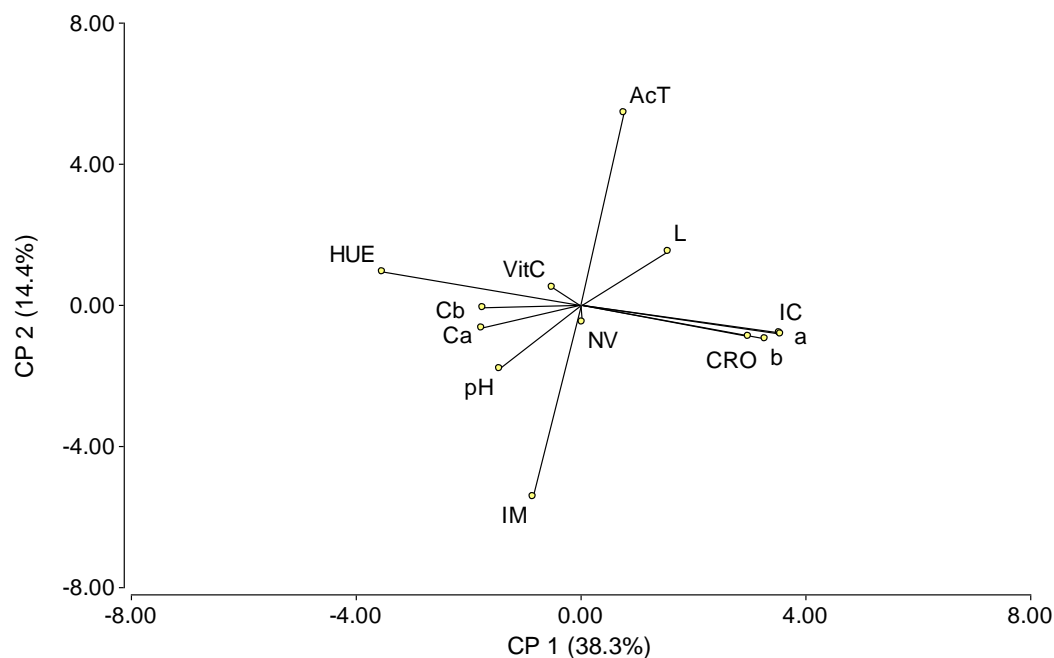
Variables	CP1	CP2	CP3	CP4
AcT	0,21	0,90	0,10	0,21
IM	-0,23	-0,90	-0,03	-0,20
pH	-0,39	-0,28	-0,41	0,56
VitC	-0,13	0,08	0,06	-0,53
L	0,41	0,23	-0,23	-0,54
a	0,95	-0,13	0,13	-0,11
b	0,88	-0,14	0,17	0,29
HUE	-0,94	0,16	-0,16	0,06
CRO	0,80	-0,13	0,18	0,37
IC	0,95	-0,14	0,14	-0,10
Ca	-0,47	-0,09	0,83	0,04
Cb	-0,47	0,01	0,84	0,00

AcT: acidez titulable; IM: índice de madurez; pH: potencial de hidrógeno; VitC: contenido de vitamina C; L (luminosidad), a, b, HUE (tono) y CRO (croma) parámetros de color; IC es el índice colorimétrico y Ca, Cb: contenido de clorofilas a y b respectivamente.

Puede verse que la CP1 presenta correlaciones altas y positivas con a, b, CRO e IC y alta negativa con HUE. La CP2 se correlaciona con AcT (0,90) e IM (-0,90); la CP3 presenta correlación con los contenidos de clorofilas Ca y Cb y la CP4 presenta correlaciones intermedias y positiva con pH e intermedias y negativas con VitC y L.

En el Gráfico 1.10 puede verse que las variables a, b, IC y CRO están positivamente correlacionadas entre sí y negativamente correlacionadas con HUE y que la variable AcT tiene una elevada correlación negativa con IM, lo cual se verifica en la Tabla 1.13b. El resto de las variables no tuvieron buena representación en este gráfico.

Gráfico 1.10: Representación de las variables de calidad de grano originales en función de CP1 y CP2 (valores fenotípicos)



AcT: acidez titulable; IM: índice de madurez; pH: potencial de hidrógeno; VitC: contenido de vitamina C; L (luminosidad), a, y b parámetros del sistema color CIELAB; HUE (tono) y CRO (croma) parámetros del sistema Munsell; IC es el índice colorimétrico y Ca, Cb: contenido de clorofilas a y b respectivamente.

El ACP de las variables de calidad de grano utilizando los valores genotípicos muestra que reteniendo 4 CP se explica un 94% de la variabilidad y que las dos primeras CP explican en conjunto un 69% de la variabilidad (Tabla 1.24). Este análisis presentó una correlación cofenética máxima (1,00) indicando que el modelo reducido representa los datos originales con exactitud.

Tabla 1.24 Autovalores y proporción de variancia explicada para cada componente principal utilizando las variables de calidad de grano (valores genotípicos)

Lambda	Valor	Proporción	Prop Acum
1	6,31	0,53	0,53
2	2,01	0,17	0,69
3	1,96	0,16	0,86
4	1,02	0,08	0,94
5	0,46	0,04	0,98
6	0,1	0,01	0,99
7	0,07	0,01	0,99
8	0,04	3,10E-03	1
9	0,02	1,90E-03	1
10	3,90E-03	3,30E-04	1
11	1,20E-03	1,00E-04	1
12	1,70E-04	1,40E-05	1

En la Tabla 1.25 se muestran las correlaciones de las variables originales con las CP retenidas. Puede verse que la CP1 presenta correlaciones altas y positivas con a, b, CRO e IC; alta y negativa con HUE; intermedia a alta y positiva con L e intermedia a alta y negativa con Cb.

La CP2 presenta correlaciones intermedias con pH (positiva) y Cb (negativa); la CP3 presenta correlaciones altas con AcT (positiva) e IM (negativa) y por último la CP4 presenta una correlación alta y positiva con VitC.

Tabla 1.25: Correlación de cada variable original con cada CP retenido (valores genotípicos)

Variables	CP 1	CP 2	CP 3	CP 4
AcT	0,34	-0,19	0,90	-0,14
IM	-0,41	0,13	-0,85	0,23
pH	-0,43	0,69	-0,28	-0,20
VitC	0,04	0,04	0,27	0,95
L	0,71	0,64	0,11	-0,06
a	0,95	-0,19	-0,18	-0,01
b	0,92	-0,22	-0,24	0,00
HUE	-0,94	0,21	0,23	0,01
CRO	0,89	-0,23	-0,24	0,00
IC	0,96	-0,18	-0,20	0,00
Ca	-0,67	-0,69	-0,16	-0,05
Cb	-0,74	-0,62	-0,07	-0,07

AcT: acidez titulable; IM: índice de madurez; pH: potencial de hidrógeno; VitC: contenido de vitamina C; L (luminosidad), a, y b parámetros del sistema color CIELAB; HUE (tono) y CRO (croma) parámetros del sistema Munsell; IC es el índice colorimétrico y Ca, Cb: contenido de clorofilas a y b respectivamente.

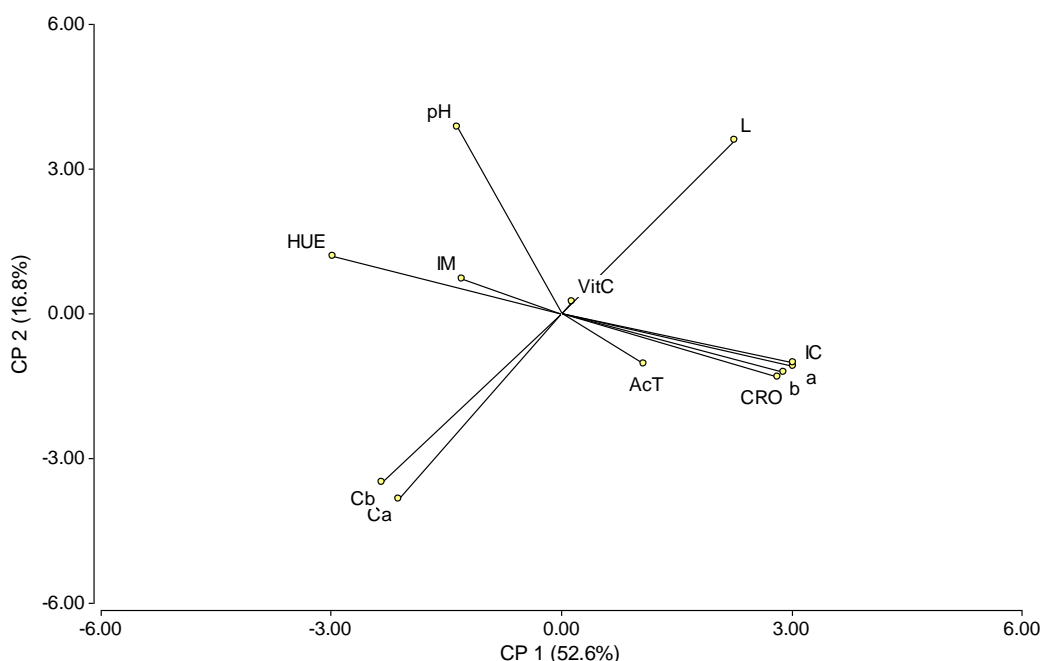
En el gráfico de las variables originales en función de las CP1 y CP2 (Gráfico 1.11) puede verse que los contenidos de Ca y Cb tienen una alta correlación positiva entre sí y negativas con L; al igual que las variables de color a, b, CRO e IC que se correlacionan positivamente entre sí y negativamente con HUE. Esto puede verificarse con los valores de las correlaciones presentados en la Tabla 1.13b.

Por otro lado, las variables pH y HUE muestran una correlación alta y positiva ya que sus respectivos vectores forman un ángulo agudo. Si bien esta correlación puede verificarse por los valores de tabla, la aparente correlación entre pH y L no es significativa.

Las variables cuyos vectores forman ángulos rectos no presentan correlación, sin embargo la ausencia de correlación entre las variables L - HUE, HUE - Ca y CB, Ca y Cb - L no se verifica con los valores de la Tabla 1.13b ya que todas estas correlaciones resultaron significativas.

Las variables IM, AcT y VitC no estuvieron bien representadas en este gráfico y deberían ser analizadas mediante gráficos que involucren a las CP3 y CP4 para una mayor precisión.

Gráfico 1.11: Representación de las variables de calidad de grano originales en función de CP1 y CP2 (valores genotípicos)



AcT: acidez titulable; IM: índice de madurez; pH: potencial de hidrógeno; VitC: contenido de vitamina C; L (luminosidad), a, y b parámetros del sistema color CIELAB; HUE (tono) y CRO (croma) parámetros del sistema Munsell; IC es el índice colorimétrico y Ca, Cb: contenido de clorofilas a y b respectivamente.

Análisis de Conglomerado

Se realizó un Análisis de Conglomerados usando encadenamiento promedio y distancias Euclídeas con los valores fenotípicos, lográndose una correlación cofenética de 0,856 cuando se agruparon las variedades y de 0,906 cuando se agruparon variables.

Al agrupar variedades se conformaron 8 grupos, siendo los grupos 5 y 4 los más distantes entre sí (distancia de 10,32) como puede verse en la Tabla 1.26 y estando ambos conformados por una sola variedad: Rapid y Rois des Conserves respectivamente.

Los grupos más cercanos fueron el 2 y el 6 (distancia de 3,74) estando el grupo 2 conformado por las variedades Trianon y Filigreen afila y el grupo 6 por: Super Scout, Granada, Withan Wonder, Green Sugar, Panga, Leo, Gypsy, Eaton, Bolero, Dante y Avon.

Las variedades más distantes entre sí fueron Early Sweet (grupo 8) y Bolero (grupo 6) con una distancia Euclídea de 12,91 mientras que las variedades más cercanas fueron Suttons y Duke of Albany con una distancia de 3,51 (grupo 7).

Tabla 1.26: Distancias Euclídeas entre grupos (valores fenotípicos)

Grupo	1	2	3	4	5	6	7
2	6,60						
3	5,61	6,39					
4	7,64	6,92	8,41				
5	5,97	5,89	7,27	10,32			
6	5,71	3,74	5,67	8,44	5,84		
7	6,78	6,82	6,03	7,95	8,86	5,61	
8	6,32	7,30	8,31	6,76	7,92	9,09	9,70

Al realizar el Análisis de Conglomerados agrupando las variables se conformaron 10 grupos, formando las variables DPSC, AcT, %REPC, VitC, IM e ICOS grupos de una sola variable (grupos 1, 2, 4, 5, 8 y 9) mientras que los grupos restantes estuvieron formados por: CRO, b, IC, a, L y ALT (grupo 3); C, AV, LV y NG-V (grupo 6); Ca y Cb (grupo 7) y HUE, DPC, pH, NG, RE, PV y NV (grupo 10).

En el gráfico 1.12 pueden verse los dendrogramas de los grupos de variedades (sector A) y los de variables (parte B). Ambos dendrogramas se combinaron para representar un mapa de calor donde el promedio de cada variedad para cada variable se representó mediante un color sólido relativo a la categoría que pertenece (variando de favorable a desfavorable). Los intervalos para cada variable fueron contruidos según la diferencia mínima significativa (Tabla 1 del Anexo). Las variables %REPC, VitC y DPC se dividieron en dos intervalos de valores; IM, pH, NG, RE, PV y Nv se dividieron en tres intervalos; DPSC, AcT, L, AV, Ca, Cb e ICOS se dividieron en cuatro intervalos; IC, a, HUE y DPC se dividieron en 5 intervalos; la variable C se dividió en 8 intervalos mientras que el resto de las variables se dividió en 6 intervalos. Los valores más altos se consideraron favorables para las variables: CRO, b, %REPC, VitC, C, AV, LV, NG/V, Ca, IM, pH, HUE, NG, RE, PV y NV mientras que para el resto de las variables los menores valores fueron los favorables.

Las diferencias entre los valores medios de cada grupo fueron no significativas para NG/V; significativas con $p < 0,05\%$ para %REPC; significativas con $p < 0,01\%$ para RE, PV y VitC y altamente significativas ($p < 0,001$) para el resto de las variables. En la Tabla 1.27 pueden verse los valores promedio de cada grupo para cada variable.

Los grupos que más claramente se diferenciaron fueron el 2 con baja ALT y altos contenidos de Ca y Cb; el grupo 3 con menor AcT y alto IM; el grupo 4 con valores superiores para C, AV y AcT e inferiores para ICOS y DPC; el 5 con valores superiores de NG, NV, ALT y contenidos

de Ca y Cb e inferiores para C; el grupo 6 con menor ALT y altos contenidos de Ca y Cb; el 7 con altos C, AV y ALT y el 8 con altos b y CRO y menor DPC.

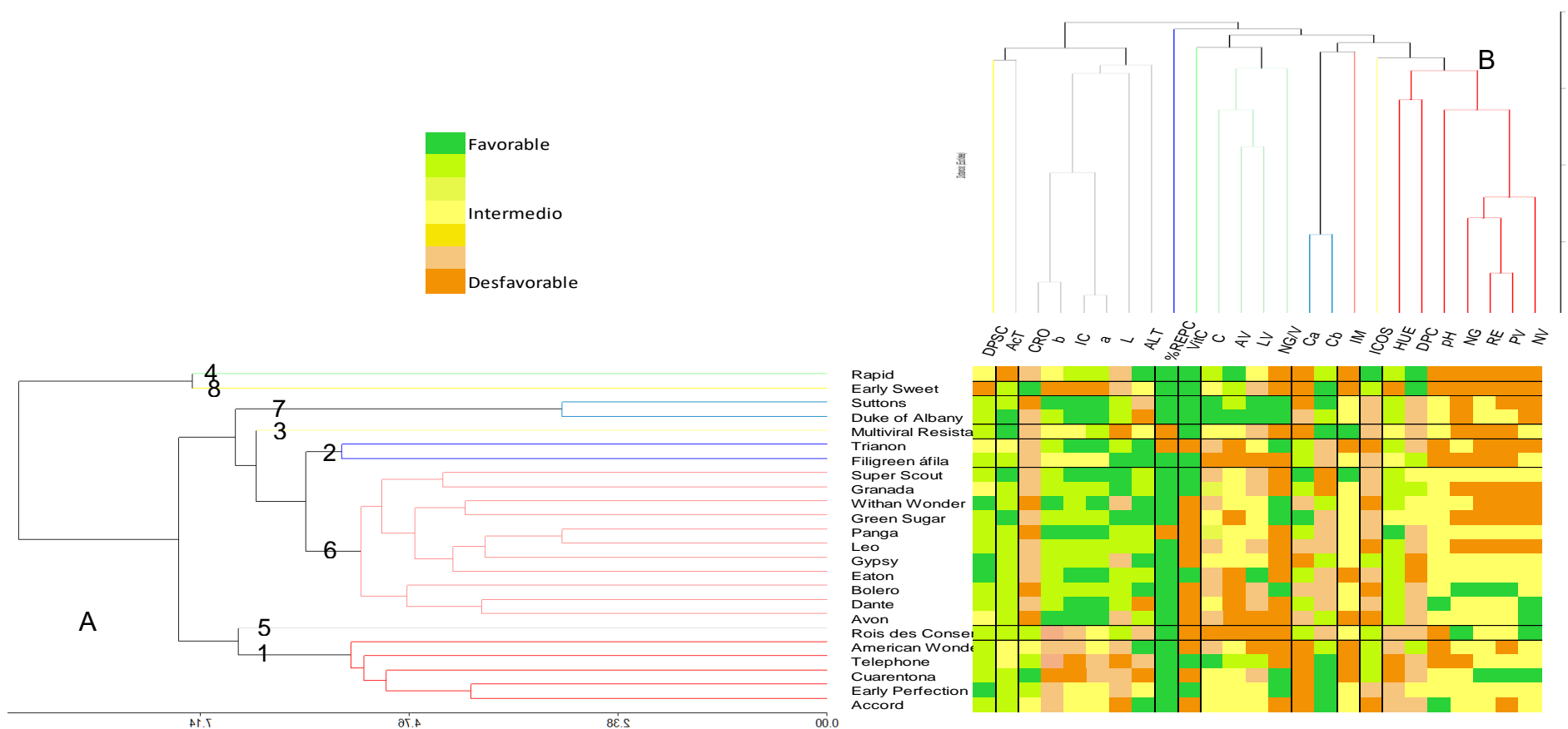
Tabla 1.27: Valores medios de cada grupo para cada variable (valores fenotípicos)

Grupo	1	2	3	4	5	6	7	8
RE	813,14 ^A	488,42 ^{BC}	614,63 ^{ABC}	250,31 ^C	740,43 ^{AB}	748,74 ^A	732,58 ^{AB}	350,17 ^{BC}
NG	1756,01 ^B	1231,70 ^{BCD}	1270,57 ^{BCD}	462,67 ^D	2802,10 ^A	1662,80 ^{BC}	1118,74 ^{BCD}	861,57 ^{CD}
PV	1614,19 ^A	882,43 ^{BC}	1116,19 ^{ABC}	645,38 ^C	1537,95 ^{AB}	1402,99 ^{AB}	1386,08 ^{ABC}	723,17 ^{BC}
NV	333,93 ^B	237,00 ^{CDE}	289,94 ^{BCD}	111,25 ^E	470,63 ^A	300,11 ^{BC}	193,31 ^{DE}	162,00 ^{DE}
NG/V	5,25	5,10	5,31	4,66	4,91	5,36	6,10	4,85
C	10,34 ^B	9,55 ^D	9,93 ^{BCD}	11,21 ^A	8,83 ^E	9,82 ^{CD}	11,52 ^A	10,16 ^{BC}
LV	6,83 ^{BC}	6,11 ^{DE}	6,58 ^{BCD}	7,48 ^B	5,49 ^E	6,92 ^{BC}	9,11 ^A	6,15 ^{CDE}
AV	1,25 ^B	1,09 ^{CD}	1,16 ^{BC}	1,64 ^A	0,94 ^D	1,16 ^C	1,56 ^A	1,36 ^B
ICOS	50,18 ^{AB}	54,27 ^A	54,34 ^A	37,54 ^C	48,53 ^{AB}	53,45 ^A	52,60 ^A	46,64 ^B
ALT	100,12 ^B	71,81 ^{DE}	93,44 ^{BC}	65,38 ^E	129,63 ^A	81,08 ^{CDE}	134,94 ^A	92,44 ^{BCD}
DPC	112,65 ^{AB}	109,71 ^B	116,63 ^A	96,88 ^C	117,25 ^A	114,96 ^A	117,13 ^A	97,25 ^C
DPSC	8,25 ^B	10,92 ^B	8,13 ^B	11,13 ^{AB}	10,13 ^B	8,14 ^B	8,56 ^B	14,25 ^A
%REPC	33,69 ^B	49,09 ^{AB}	63,05 ^A	42,24 ^{AB}	50,22 ^{AB}	46,74 ^{AB}	46,89 ^{AB}	32,45 ^B
AcT	-1,66 ^B	-1,65 ^B	-1,92 ^D	-1,45 ^A	-1,73 ^{BC}	-1,74 ^C	-1,73 ^{BC}	-1,67 ^{BC}
IM	357,73 ^B	365,75 ^B	540,82 ^A	258,01 ^C	423,78 ^{AB}	417,82 ^B	405,61 ^B	355,45 ^{BC}
pH	7,20 ^{AB}	7,01 ^{BC}	7,25 ^{AB}	6,99 ^{BC}	7,05 ^{ABC}	7,26 ^A	7,26 ^A	6,88 ^C
VitC	60,03 ^{BC}	64,77 ^{ABC}	71,86 ^{AB}	71,11 ^{AB}	62,33 ^{ABC}	58,22 ^C	75,16 ^A	66,57 ^{ABC}
L	58,20 ^A	56,80 ^C	58,36 ^A	57,82 ^{AB}	57,15 ^{BC}	57,12 ^C	57,28 ^{BC}	57,74 ^{AB}
a	B-0,64 ^B	-1,90 ^{DE}	-1,50 ^{CD}	-1,63 ^{DE}	-0,73 ^{BC}	-2,20 ^E	-2,27 ^E	0,32 ^A
b	8,78 ^B	7,54 ^C	7,87 ^C	7,70 ^C	8,86 ^B	7,19 ^D	7,13 ^D	9,75 ^A
HUE	94,67 ^C	104,35 ^{AB}	101,10 ^B	104,27 ^{AB}	94,86 ^C	107,27 ^A	107,74 ^A	88,44 ^D
CRO	8,86 ^B	7,87 ^{CD}	8,04 ^C	7,95 ^{CD}	8,91 ^B	7,61 ^D	7,54 ^D	9,78 ^A
IC	-1,34 ^B	-4,53 ^{DE}	-3,31 ^{CD}	-3,87 ^D	-1,46 ^{BC}	E-5,45	-5,57 ^E	0,53 ^A
Ca	8,14 ^B	12,05 ^A	7,81 ^B	8,15 ^B	12,77 ^A	11,23 ^A	9,39 ^B	8,47 ^B
Cb	2,88 ^B	4,66 ^A	2,65 ^B	3,26 ^B	4,44 ^A	4,32 ^A	3,32 ^B	3,00 ^B

Medias con una letra común no son significativamente diferentes ($p > 0.05$)

RE: rendimiento por parcela; NG: número de granos por parcela; PV: peso total de vainas por parcela; NV: número de vainas por parcela; NG/V: número de granos por vaina; C: calibre del grano; LV: largo de vaina; AV: ancho de vaina; ICOS: índice de cosecha; ALT: altura de planta; DPC: días a primera cosecha; DPSC: días entre primera y segunda cosecha, %REPC: porcentaje de RE en primera cosecha; AcT: acidez titulable; IM: índice de madurez; pH: potencial de hidrógeno; VitC: contenido de vitamina C; L (luminosidad), a, y b parámetros del sistema color CIELAB; HUE (tono) y CRO (croma) parámetros del sistema Munsell; IC es el índice colorimétrico y Ca, Cb: contenido de clorofilas a y b respectivamente

Gráfico 1.12: Mapa de calor combinando los dendrogramas de variedades (A) y variables (B); valores fenotípicos



RE: rendimiento por parcela; NG: número de granos por parcela; PV: peso total de vainas por parcela; NV: número de vainas por parcela; NG/V: número de granos por vaina; C: calibre del grano; LV: largo de vaina; AV: ancho de vaina; ICOS: índice de cosecha; ALT: altura de planta; DPC: días a primera cosecha; DPSC: días entre primera y segunda cosecha, %REPC: porcentaje de RE en primera cosecha; AcT: acidez titulable; IM: índice de madurez; pH: potencial de hidrógeno; VitC: contenido de vitamina C; L (luminosidad), a, y b parámetros del sistema color CIELAB; HUE (tono) y CRO (croma) parámetros del sistema Munsell; IC es el índice colorimétrico Ca, Cb: contenido de clorofilas a y b respectivamente

El Análisis de Conglomerados realizado con los valores genotípicos de cada variedad se logró una correlación cofenética de 0,835 al agrupar variedades y de 0,864 al agrupar variables.

En el caso de las variedades, se identificaron 6 grupos, siendo los más distantes los grupos 5 (formado por Duke of Albany y Suttons) y 6 (formado por Early Sweet) con una distancia euclídea de 9,29 (Tabla 1.28) y los más cercanos los 1 (Telephon, Multiviral Resistant, Cuarentona, Early Perfection y Accord) y 3 (Rois des Conserves y American Wonder) con una distancia de 4,73. El grupo 4 estuvo formado por: Trianon, Filigreen áfila, Super Scout, Granada, Withan Wonder, Panga, Leo, Green Sugar, Gypsy, Eaton, Bolero, Dante y Avon y el grupo 2 por una única variedad: Rapid.

Tabla 1.28: Distancias Euclídeas entre grupos (valores genotípicos)

Grupo	1	2	3	4	5
2	7,96				
3	4,73	7,99			
4	6,00	8,05	4,80		
5	6,08	7,83	7,85	5,68	
6	6,50	6,50	6,28	8,63	9,29

Las variedades más distantes fueron Rapid (grupo 4) y Rois des Conserves (grupo 3) con una distancia de 11,48; mientras que las variedades más cercanas fueron Duke of Albany y Suttons con una distancia de 1,16 (grupo 5).

En la tabla 1.29 pueden verse los valores promedios de cada grupo para cada variable y en el Gráfico 1.13 el Mapa de Calor combinando los dendrogramas de variedades (A) y variables (B) construidos según los valores de diferencia mínima significativa (LSD) para cada variable (Tabla 2 del Anexo).

Comparando los valores medios de cada grupo, las variables NG y ALT presentaron diferencias significativas con $p < 0,05$; NV, C, LV, DPC y Ca presentaron diferencias significativas con $p < 0,01$ y AV, ICOS, L, a, b, HUE, CRO, IC y Cb con $p < 0,001$. El resto de las variables no mostraron diferencias significativas entre grupos.

Como puede verse que el grupo 1 presenta valores medios altos para C y bajos para HUE; los grupos 2 y 5 también tienen valores altos para C, junto con LV, AV y HUE y valores bajos de b; el grupo 3 presentó bajos valores de C y HUE; el grupo 4 bajos C y b y el grupo 6 presentó altos promedios para CRO y b y bajos para DPC y HUE.

Las variables formaron 9 grupos: %REPC (grupo 1); CRO, b, IC, a y L (grupo 2); AcT y DPSC (grupo 3); ALT (grupo 4); VitC, LV, AV y C (grupo 5); Ca, Cb y HUE (grupo 6); IM e ICOS (grupo 7); NG/V (grupo 8) y pH, DPC, RE, NG, PV y NV (grupo 9).

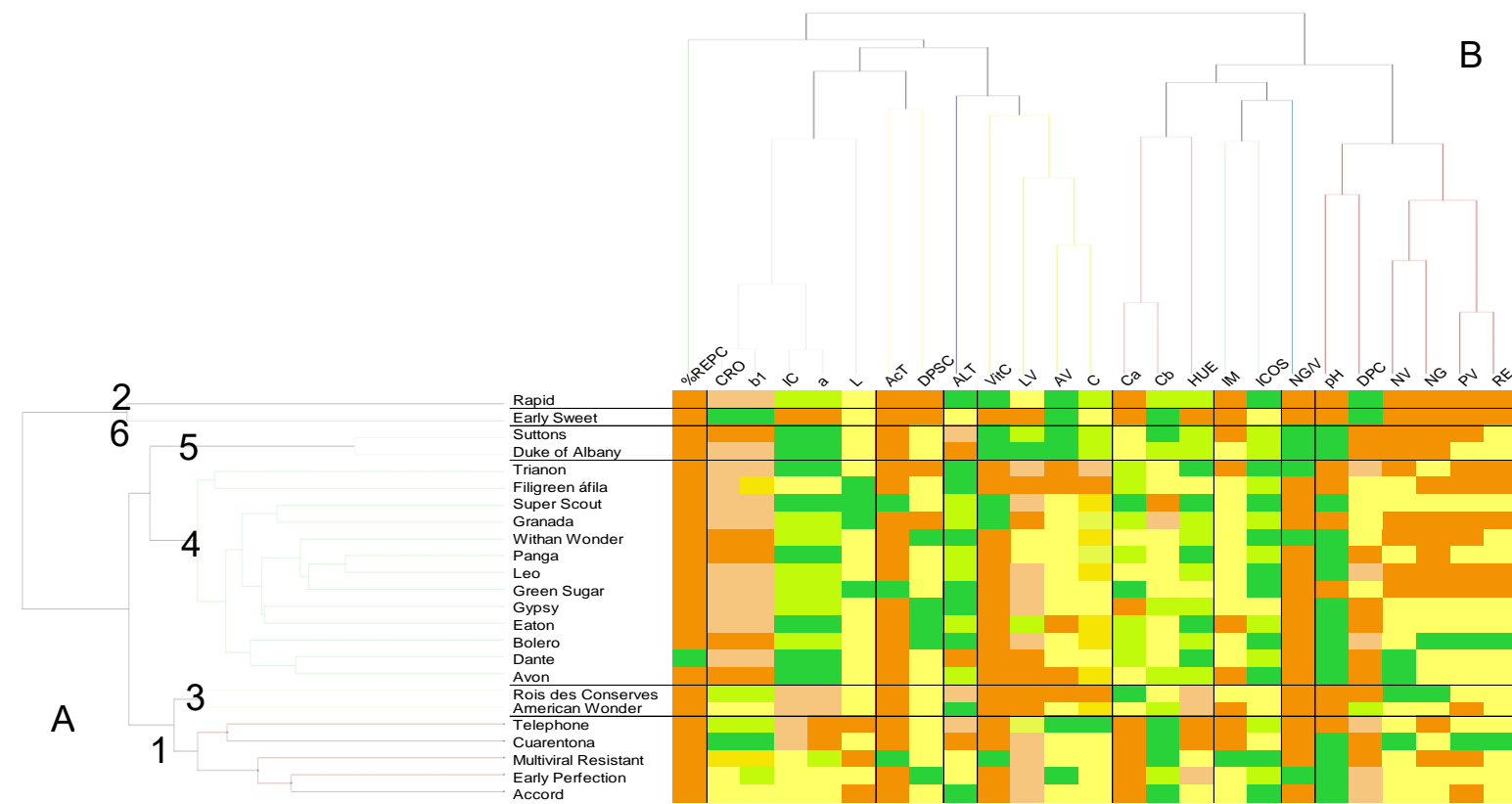
Tabla 1.29: Valores medios de cada grupo para cada variable (valores genotípicos)

Grupo	1	2	3	4	5	6
RE	754,51	423,42	699,44	687,19	713,62	483,51
NG	1599,71 ^{AB}	887,77 ^C	2001,68 ^A	1550,35 ^{AB}	1282,72 ^{BC}	1127,9 ^{BC}
PV	1478,08	911,79	1363,64	1295,38	1357,49	958,6
NV	307,33 ^{AB}	168,71 ^C	372,30 ^A	284,84 ^B	223,39 ^{BC}	202,52 ^{BC}
NG/V	5,34	5,03	5,07	5,29	5,63	5,11
C	10,38 ^A	11,15 ^A	9,29 ^B	9,77 ^B	11,46 ^A	10,16 ^{AB}
LV	6,97 ^B	7,43 ^{AB}	5,77 ^B	6,75 ^B	8,92 ^A	6,22 ^B
AV	1,24 ^C	1,57 ^A	1,08 ^D	1,15 ^D	1,50 ^{AB}	1,33 ^{BC}
ICOS	51,75 ^{AB}	41,43 ^C	48,60 ^B	53,10 ^A	52,35 ^{AB}	48,03 ^B
ALT	104,24 ^{AB}	66,66 ^B	98,97 ^{AB}	79,54 ^B	132,7 ^A	92,35 ^{AB}
DPC	114,82 ^A	99,09 ^B	110,91 ^A	113,6 ^A	116,51 ^A	99,41 ^B
DPSC	8,37	10,31	9,50	8,86	8,74	12,23
%REPC	39,79	42,24	41,39	47,29	46,89	32,45
AcT	-1,73	-1,51	-1,63	-1,72	-1,72	-1,68
IM	400,97	320,55	375,12	400,32	400,21	373,14
pH	7,21	7,07	7,11	7,20	7,23	7,02
VitC	62,49	65,43	61,29	61,52	66,83	63,87
L	58,12 ^A	57,74 ^{AB}	57,53 ^{AB}	57,11 ^B	57,31 ^B	57,68 ^{AB}
a	-0,89 ^B	-1,63 ^{BC}	-0,82 ^{AB}	-2,08 ^C	-2,21 ^C	0,11 ^A
b	8,61 ^B	7,71 ^{BC}	8,63 ^B	7,30 ^C	7,17 ^C	9,63 ^A
HUE	96,64 ^B	104,09 ^A	95,72 ^B	106,16 ^A	107,19 ^A	89,97 ^B
CRO	8,72 ^B	7,96 ^{CD}	8,69 ^{BC}	7,69 ^D	7,58 ^D	9,67 ^A
IC	-1,96 ^{AB}	-3,87 ^{BC}	-1,72 ^{AB}	-5,09 ^C	-5,39 ^C	0,03 ^A
Ca	8,29 ^C	8,48 ^{BC}	10,75 ^{AB}	11,23 ^A	9,52 ^{ABC}	8,75 ^{ABC}
Cb	2,90 ^C	3,35 ^{ABC}	3,92 ^{AB}	4,31 ^A	3,40 ^{ABC}	3,13 ^{BC}

Medias con una letra común no son significativamente diferentes ($p > 0.05$)

RE: rendimiento por parcela; NG: número de granos por parcela; PV: peso total de vainas por parcela; NV: número de vainas por parcela; NG/V: número de granos por vaina; C: calibre del grano; LV: largo de vaina; AV: ancho de vaina; ICOS: índice de cosecha; ALT: altura de planta; DPC: días a primera cosecha; DPSC: días entre primera y segunda cosecha, %REPC: porcentaje de RE en primera cosecha; AcT: acidez titulable; IM: índice de madurez; pH: potencial de hidrógeno; VitC: contenido de vitamina C; L (luminosidad), a, y b parámetros del sistema color CIELAB; HUE (tono) y CRO (croma) parámetros del sistema Munsell; IC es el índice colorimétrico y Ca, Cb: contenido de clorofilas a y b respectivamente

Gráfico 1.13: Mapa de calor combinando los dendogramas de variedades (A) y variables (B); valores genotípicos



RE: rendimiento por parcela; NG: número de granos por parcela; PV: peso total de vainas por parcela; NV: número de vainas por parcela; NG/V: número de granos por vaina; C: calibre del grano; LV: largo de vaina; AV: ancho de vaina; ICOS: índice de cosecha; ALT: altura de planta; DPC: días a primera cosecha; DPSC: días entre primera y segunda cosecha, %REPC: porcentaje de RE en primera cosecha; AcT: acidez titulable; IM: índice de madurez; pH: potencial de hidrógeno; VitC: contenido de vitamina C; L (luminosidad), a, y b parámetros del sistema color CIELAB; HUE (tono) y CRO (croma) parámetros del sistema Munsell; IC es el índice colorimétrico y Ca, Cb: contenido de clorofilas a y b respectivamente

Arboles de clasificación

Se construyó un árbol de clasificación para formar grupos de variedades con características homogéneas utilizando los valores medios fenotípicos. A partir del nodo raíz, se formó un árbol con una profundidad de 4 y 8 nodos finales (hojas). La primera variable que permitió dividir la colección de trabajo en dos grupos fue RE, con un valor umbral de 780,34 g. El grupo con RE más altos se subdividió en dos nodos finales u hojas en base a la variable C, con un valor umbral de 9,99 mm y 3 variedades en cada uno de ellos. El grupo con RE menores se siguió dividiendo en función de la variable %REPC con un valor umbral de 40,24% formando el grupo de menor %REPC dos hojas en función de la variable ALT (valor umbral de 72,82 cm) y 2 y 4 variedades en cada una respectivamente; mientras que el grupo con mayores %REPC se siguió dividiendo en función de las variables NG/V (valor umbral de 5,71), Ca (valor umbral de 12,58) y C (valor umbral de 9,64) formando 5 nodos finales u hojas.

En el gráfico 1.14 se puede ver el árbol de clasificación obtenido y en la Tabla 1.30 se puede ver la forma en que los nodos terminales quedaron definidos y las variedades predictoras e integrantes de cada hoja.

Gráfico 1.14: Árbol de clasificación en base a valores fenotípicos

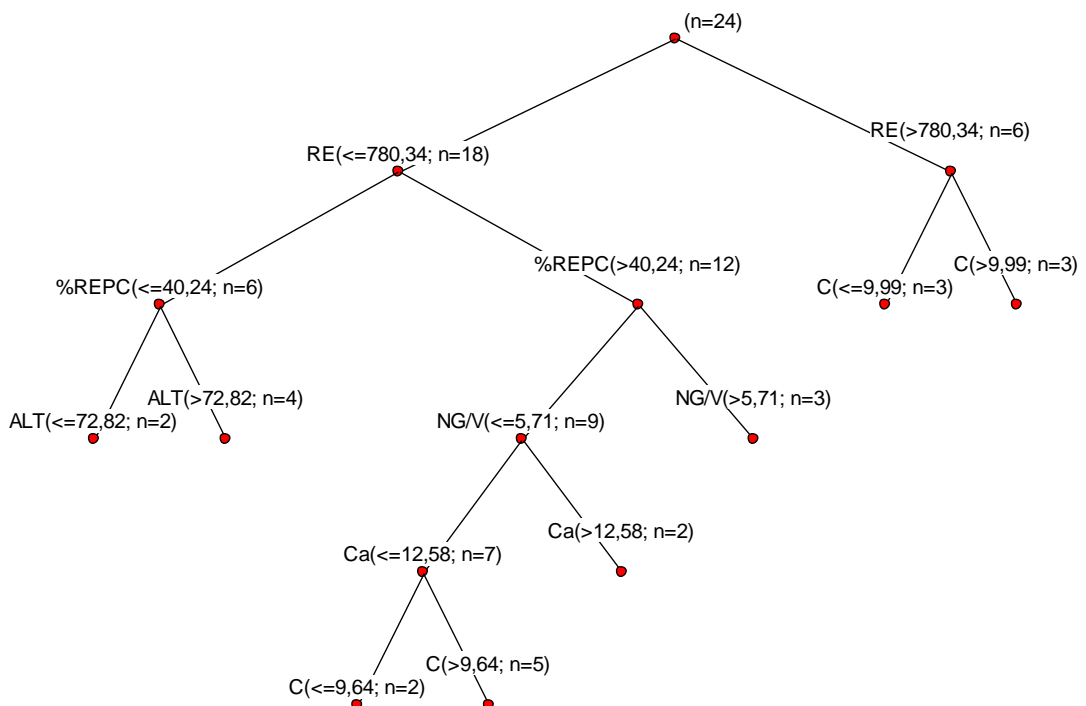
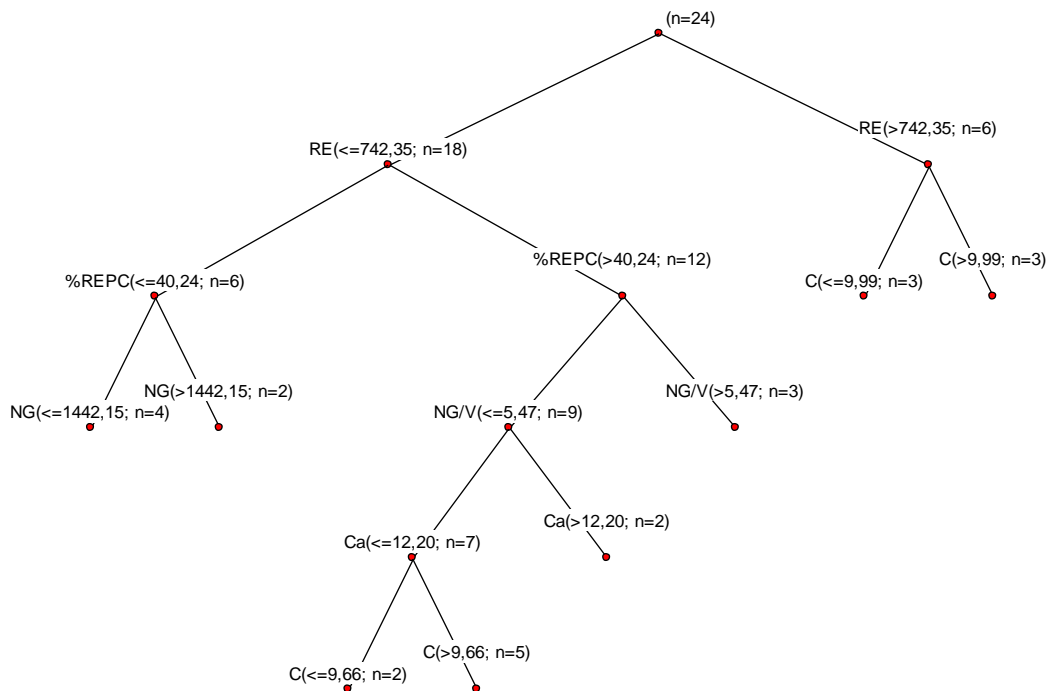


Tabla 1.30: Valores umbrales, variedades predictoras e integrantes de cada nodo (valores fenotípicos)

Nodo	Formación	H	Predicción	n	Integrantes
1.1.1	ALT ($\leq 72,82$)	0,5	Accord	2	American Wonder
1.1.2	ALT ($> 72,82$)	94	Early Sweet	4	Granada, Green Sugar, Telephon
1.2.1.1.1	C ($\leq 9,64$)	0,5	Eaton	2	Filigreen afila
1.2.1.1.2	C ($> 9,64$)	10	Gypsy	5	Rapid, Multiviral resistant, Panga, Leo
1.2.1.2	Ca ($> 12,58$)	0,5	Rois des Conserves	2	Super Scout
1.2.2	NG/V ($> 5,71$)	4,67	Suttons	3	Trianon, Withan Wonder
2.1	C ($\leq 9,99$)	2	Avon	3	Bolero, Cuarentona
2.2	C ($> 9,99$)	2	Dante	3	Early Perfection, Duke of Albany

Por otro lado, al realizar un árbol de clasificación en base a los valores genotípicos (Gráfico 1.15 se logra un árbol casi idéntico al anterior, con profundidad de 4 y 8 nodos finales u hojas).

Gráfico 1.15: Árbol de clasificación en base a valores genotípicos



En la primera rama del árbol puede verse que la última variable en separar los nodos finales es NG, con un valor umbral de 1442,5 en lugar de ALT que es la variable que

definió las dos primeras hojas cuando se usaron los valores fenotípicos. El resto de las variables en definir nodos y hojas fue el mismo, pero con pequeñas diferencias en los valores umbrales.

Los 8 nudos finales u hojas resultaron constituidos cada uno por las mismas variedades (Tabla 1.31).

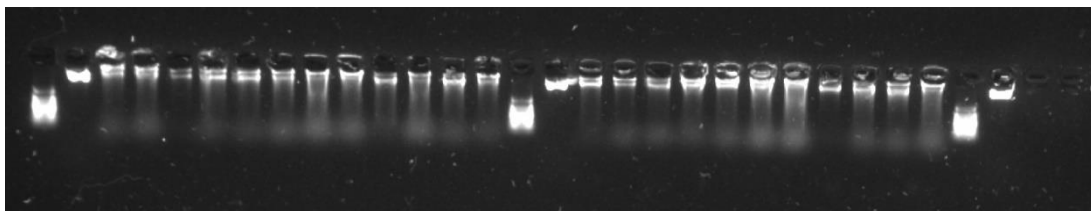
Tabla 1.31: Valores umbrales, variedades predictoras e integrantes de cada nodo (valores genotípicos)

Nodo	Formación	H	Predicción	n	Integrantes
1.1.1	NG(\leq 1442,15)	94	EarlySweet	4	Granada, Green Sugar
1.1.2	NG($>$ 1442,15)	0,5	Accord	2	American Wonder
1.2.1.1.1	C(\leq 9,66)	0,5	Eaton	2	Filigreen afila
1.2.1.1.2	C($>$ 9,66)	10	Gypsy	5	Rapid, Multiviral resistant, Panga, Leo
1.2.1.2	Ca($>$ 12,20)	0,5	Rois des Conserves	2	Super Scout
1.2.2	NG/V($>$ 5,47)	4,67	Suttons	3	Trianon, Withan Wonder
2.1	C(\leq 9,99)	2	Avon	3	Bolero, Cuarentona
2.2	C($>$ 9,99)	2	Dante	3	Early Perfection, Duke of Albany

3.2 Caracterización Molecular

Luego de un tratamiento con RNasa, se evaluó la cantidad y calidad del ADN por electroforesis en geles de agarosa al 1 %. Se comparó la intensidad de las bandas con un estándar de ADN (100 ng/ μ l) analizando las imágenes digitales de los geles con el programa GelAnalyzer v2010 (Figura 1) y se realizaron las diluciones necesarias.

Figura 1.4: evaluación del ADN extraído en gel de agarosa 1%



Las variedades fueron sometidas a análisis molecular mediante marcadores tipo SSR (Figuras 1.5 y 1.6). De los 12 SSR utilizados, 2 no amplificaron, 3 presentaron bandas

monomórficas y 7 mostraron al menos una banda polimórfica (AA5, AA18, AA23, AB23, AC58, AD148 y AD61). Los 6 marcadores tipo SRAP (Figuras 1.7 a 1.6) presentaron bandas polimórficas, siendo Me5Em4 con 54 bandas polimórficas la combinación de cebadores que presentó mayor polimorfismo. En total se obtuvieron 121 bandas polimórficas.

Figura 1.5: Siembra de los productos de amplificación en gel de agarosa 2,5%



Figura 1.6: Resultados del análisis con los microsatélites AA5, AD56, AA23 y AC58

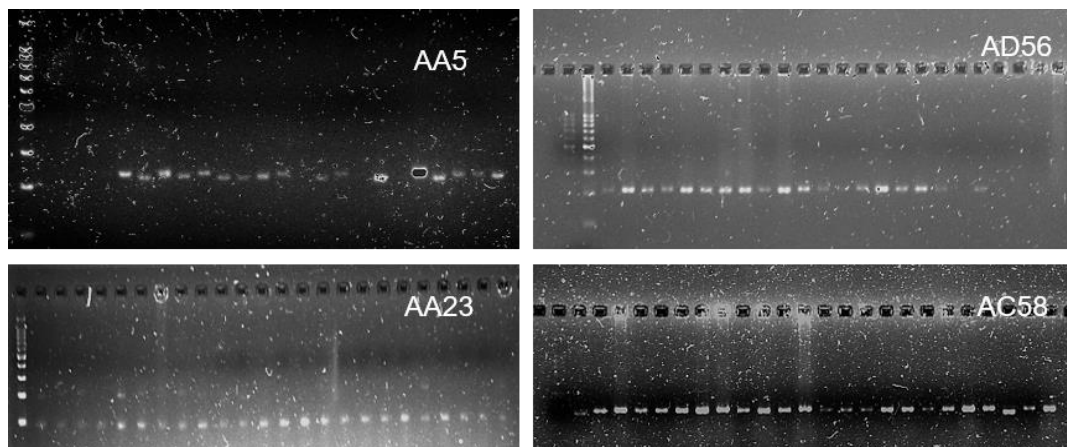


Figura 1.7: Fragmento de gel de poliacridamida al 6 %. Se observan los resultados del análisis SRAP con la combinación Me2Em1

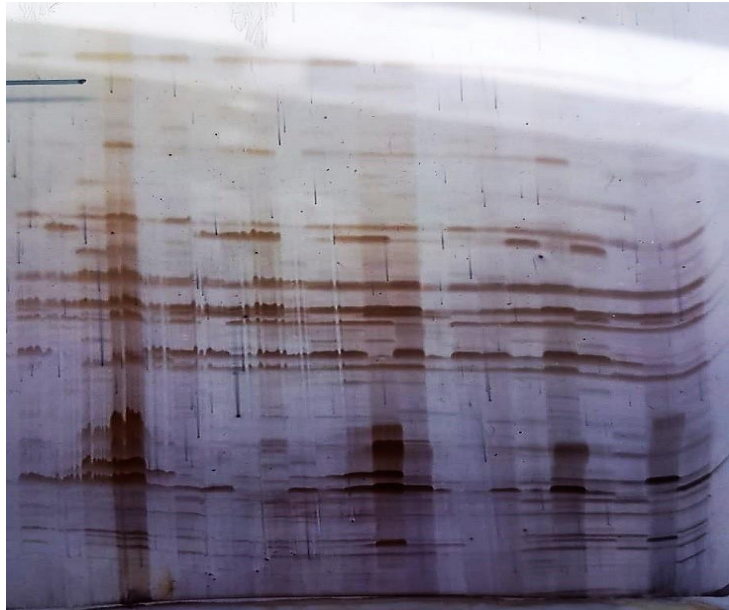


Figura 1.8: Fragmento de gel de poliacridamida al 6 %. Se observan los resultados del análisis SRAP con la combinación Me5Em2



Figura 1.9: Fragmento de gel de poliacridamida al 6 %. Se observan los resultados del análisis SRAP con la combinación Me5Em8



El porcentaje de loci polimórficos encontrado fue del 90%, mientras que los valores de Hetericigosidad esperada variaron entre 0,30 y 0,50 con un valor promedio de $0,46 \pm 0,01$ (Tabla 1.32). El número de alelos efectivos varió entre 1,44 y 2,00 con un promedio de $1,85 \pm 0,03$ y el Índice de Shannon varió entre 0,69 y 1,00 con un valor promedio de $0,93 \pm 0,02$.

Tabla 1.32: Valores de Heterocigosidad esperada (He), número efectivo de alelos (Ae), Índice de Shannon (SH) y Rareza (R) de cada genotipo

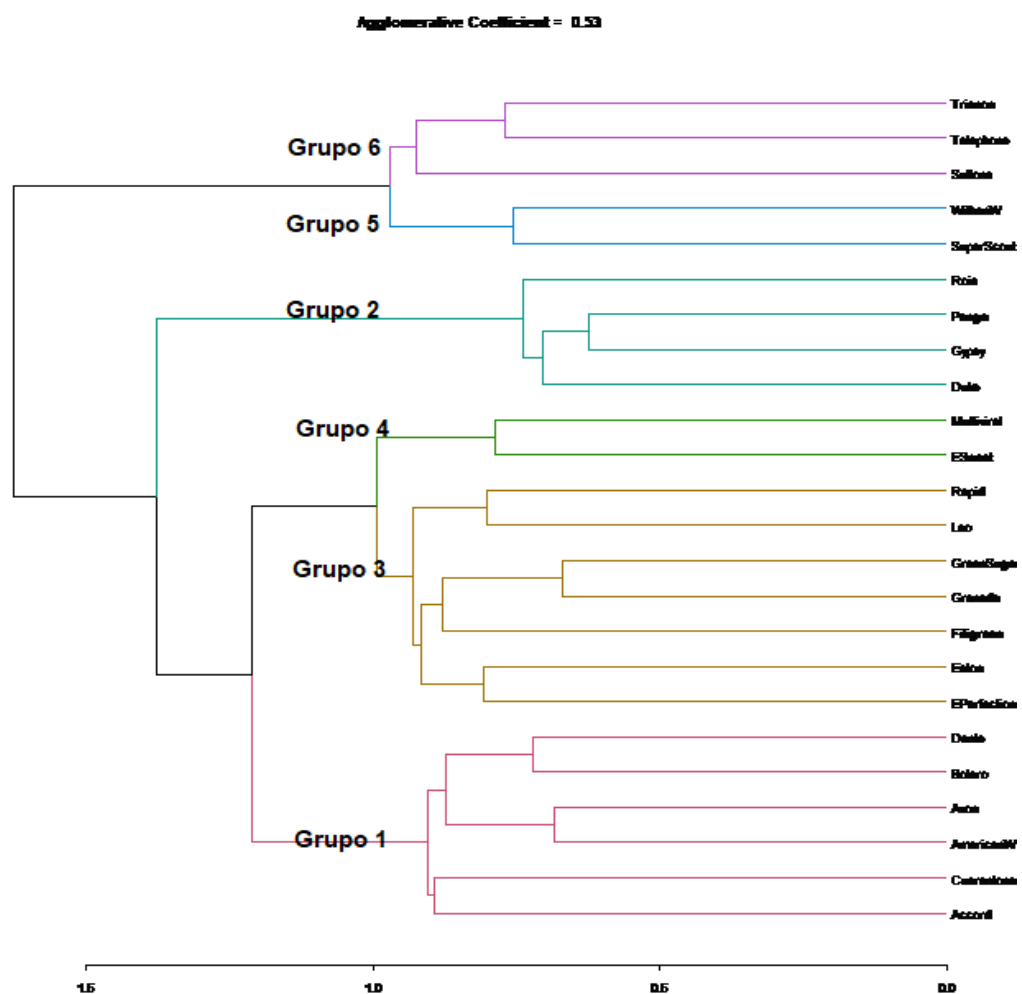
Genotipo	He	Ae	SH	R
Accord	0,48	1,94	0,98	3,94
American Wonder	0,47	1,89	0,95	2,68
Avon	0,48	1,91	0,97	3,12
Bolero	0,48	1,91	0,97	3,17
Cuarentona	0,50	1,99	0,99	3,97
Dante	0,49	1,98	0,99	3,28
Duke of Albany	0,40	1,66	0,85	2,84
Early Perfection	0,44	1,79	0,91	3,33
Early Sweet	0,41	1,71	0,87	3,36
Eaton	0,48	1,94	0,98	3,71
Filigreen afila	0,50	2,00	1,00	4,03
Granada	0,49	1,96	0,99	2,96
Green Sugar	0,49	1,98	0,99	3,07
Gypsy	0,36	1,56	0,78	3,01
Leo	0,50	2,00	1,00	3,45
Multiviral resistant	0,49	1,97	0,99	3,32
Panga	0,38	1,61	0,81	3,05
Rapid	0,48	1,93	0,97	3,30
Rois des Conserves	0,30	1,44	0,69	3,50
Super Scout	0,50	1,99	1,00	4,32
Suttons	0,49	1,97	0,99	4,15
Telephone	0,38	1,62	0,82	3,68
Trianon	0,46	1,85	0,94	3,54
Withan Wonder	0,48	1,93	0,97	3,74
Población	0,46	1,85	0,93	
Desvío Estándar	0,01	0,03	0,02	

En la Tabla 1.32 puede observarse además el valor de Rareza para cada genotipo, definida como la especificidad promedio de los alelos que contiene, que varió entre 4,32 para la variedad Super Scout y 2,68 para American Wonder.

Al realizar un Análisis de Agrupamiento (Gráfico 1.16) pueden diferenciarse 6 grupos: grupo 1 formado por Accord, American Wonder, Avon, Bolero, Cuarentona y Duke of

Albany; grupo 2 formado por Dante, Rois des Conserves, Gypsy y Panga; grupo 3 formado por Early Perfection, Eaton, Filigreen afila, Granada, Green Sugar, Leo y Rapid; grupo 4 formado por Early Sweet y Multiviral resistant; grupo 5 por Super Scout y Withan Wonder y el grupo 6 Formado por Suttons, Telephon y Trianon. La menor distancia fue de 0,43 entre las variedades Panga y Gypsy, mientras que la mayor distancia fue de 0,73 entre las variedades Rois des Conserves y Super Scout.

Gráfico 1.16: Dendrograma obtenido mediante Análisis de Agrupamiento usando el método de mínima variancia de Ward



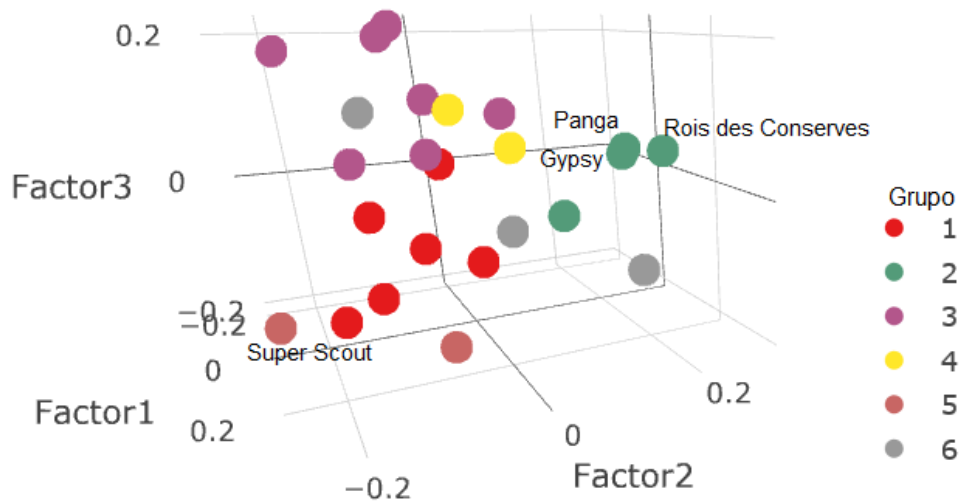
Los valores de diversidad dentro de cada grupo y entre grupos pueden apreciarse en la Tabla 1.33, notándose que el grupo más homogéneo fue el 5 y que hay una diferenciación muy grande entre grupos ya que el valor del estadístico F fue superior a 0,25.

Tabla 1.33: valores de diversidad dentro y entre grupos

Grupo	H_{SI}
1	0,25
2	0,16
3	0,27
4	0,15
5	0,13
6	0,21
F_{ST}	0,44

En el Gráfico 1.17, realizado por escalamiento multidimensional en base a la matriz de distancias obtenida, puede verse una representación de las variedades en tres ejes, coloreadas según el grupo al que pertenecen. Se etiquetaron las variedades más cercanas (Gypsy y Panga) y las más lejanas (Rois des Conserves y Super Scout)

Gráfico 1.17: Escalamiento multidimensional de las 24 variedades



CAPÍTULO 2:

Selección de progenitores para uso en planes de mejoramiento

1. OBJETIVO ESPECÍFICO

- Proponer variedades para actuar como progenitores en hibridaciones tendientes a formar materiales de partida en programas de mejoramiento mediante la determinación de sus valores genotípicos y diferentes índices de similitud y distancia genética

2. MATERIALES Y MÉTODOS

2.1 Material vegetal, variables analizadas y estrategias de cruzamientos

Se definió como objetivo de un plan de mejoramiento obtener una variedad que presente buen rendimiento (altos RE, PV, NG, NV, NG/V, LV, AV e ICOS); adaptado a la cosecha mecánica (bajos ALT y DPSC, alto %REPC); de ciclo corto (bajos DSC) y con buenas características de calidad de grano para el congelado (C intermedio, IC entre -20 y -2, HUE cercano a 120, altos CROMA, IM, L y VitC y baja AcT).

A partir de los análisis de la variabilidad existente en la colección de trabajo formada por las 24 variedades de arveja tipo rugoso (*Pisum sativum* L.) se plantearon tres estrategias de cruzamientos y se seleccionaron, en base a cada una de ellas, aquellas variedades con mayor aptitud para ser usadas como progenitoras.

Las estrategias utilizadas fueron:

Estrategia 1: cruzamientos entre variedades con la mayor distancia genética posible para generar una población segregante (F₂) con alta variabilidad

Estrategia 2: cruzamiento entre variedades sólo con características deseables para obtener una F₂ con variabilidad, pero con una alta frecuencia de alelos favorables

Estrategia 3: cruzamientos complementarios entre variedades con alguna característica deseable para derivar una F₂ con variabilidad pero que incluya genotipos que reúnan dichas características

2.2 Análisis estadístico

2.2.1 Estrategia 1: Distancias genéticas

En función de los valores genotípicos de todas las características morfo-agronómicas y de calidad de grano evaluadas, así como la caracterización molecular, se estimaron las distancias de Gower (Gower, 1971) y se obtuvo una matriz de distancias entre las variedades a fin de identificar aquellas más distantes. Para este fin se utilizó el programa InfoStat (Di Rienzo et al. 2015).

La distancia de Gower se utiliza en el caso de variables mixtas. En esta situación cada variedad está caracterizada por p₁ variables continuas y p₂ variables binarias. Se define el coeficiente de similitud de Gower entre las accesiones i y j de la siguiente manera:

$$S_{ij} = \frac{\sum_{l=1}^p S_{ijl}}{\sum_{l=1}^p m_{ijl}}$$

donde $p = p_1 + p_2$, $s_{ijl} = 1 - |z_{il} - z_{jl}| / R_l$; siendo R_l el rango de la l -ésima variable continua; $s_{ijl} = 1$ en el caso de coincidencia del tipo presencia-presencia para la l -ésima variable binaria; y m_{ijl} siempre toma el valor 1 salvo en las p_2 variables binarias en que toma el valor 0 ante una coincidencia del tipo ausencia-ausencia. A partir de este coeficiente de similaridad (s_{ij}) se define la distancia de Gower entre las accesiones i y j como $\delta_{ij} = [2(1 - s_{ij})]^{1/2}$.

2.2.2 Estrategia 2: Índices de selección

En base al objetivo establecido y considerando que se logra una mayor eficacia al utilizar un número de variables más reducido, se utilizaron las variables RE, ALT, DPC, %REPC, C e IC en la construcción de diferentes índices de selección para determinar cuáles son las mejores variedades para actuar como progenitoras.

Los índices utilizados fueron:

IS

El índice de selección (IS) propuesto por Smith (1936) se basa en la combinación lineal:

$$IS = Y = \beta'p \text{ y } Z = \theta'g$$

Donde $p = [p_1; p_2; \dots p_q]$ y $\beta = [b_1; b_2; \dots b_q]$ son el vector de valores fenotípicos y el vector de coeficientes de Y respectivamente, Z es el valor genotípico, $g = [g_1; g_2; \dots g_q]$ es el vector de valores genotípicos, $y = [1; 2; \dots q]$ es el vector de constantes de los pesos económicos de cada variable.

La selección basada en $Y = \beta'p$ conduce a una respuesta a la selección (R) igual a:

$$R = k\sigma_{ZPYZ} = k\sigma_Z \frac{\theta' \Sigma \beta}{\sqrt{\theta' \Sigma \theta} \sqrt{\beta' S \beta}}$$

Donde Σ y S son matrices de varianza-covarianza para valores fenotípicos y genotípicos respectivamente, k es el diferencial de selección estándar, $\theta' \Sigma \beta$ es la covarianza entre SI y el valor genotípico Z , $\beta' S \beta$ es la varianza de Y , $\theta' \theta$ es la varianza de Z y p_{YZ} es la correlación entre Y y Z .

ESIM (Eigen Selection Index Method)

El método del índice de selección por valores propios (o ESIM por sus siglas en inglés) es un método de selección basado en el IS de Smith (1936) propuesto por Ceron-Rojas et al. (2008a, 2008b) que utiliza la teoría de la descomposición de valores singulares para estimar el vector β que maximiza la correlación p_{ZY} . En este caso, los primeros

elementos del vector propio (β) de $P^{-1}G$ determinan la proporción de cada carácter que contribuye al IS $Y = \beta'p$, también se utiliza el primer valor propio de $P^{-1}G$ en la respuesta a la selección.

MESIM_{GW} (Genome Wide Molecular Eigen Selection Index Method)

El índice de selección por valores propios y moleculares propuesto por Ceron-Rojas y Crossa (2018) es una modificación del índice anterior que incluye datos sobre marcadores moleculares en la estimación del mérito genético y se calcula como:

$$MESIM_{GW} = \beta'_y y + \beta'_m m = [\beta'_y \beta'_m] \begin{bmatrix} y \\ m \end{bmatrix} = \beta' q$$

Donde β'_y y β'_m son los vectores de los pesos de valores fenotípicos y los marcadores; $y' = [y_1 \dots y_t]$ es el vector de los valores fenotípicos, $m' = [m_1 \dots m_t]$ es el vector de los puntajes de los marcadores moleculares; $\beta' = [\beta'_y \beta'_m]$ y $q' = [y' m']$.

2.2.3 Estrategia 3: GT-biplot y GYT-biplot

Mediante el programa GEA-R (Pacheco et al., 2016a) se realizaron análisis de GT-biplot (genotipo por variable) siguiendo la metodología propuesta por Yan y Kang (2003) usando el modelo estadístico:

$$Y_{ij} - \bar{Y}_j / S_j = \lambda_1 \varepsilon_{i1} \eta_{j1} + \lambda_2 \varepsilon_{i2} \eta_{j2} + \varepsilon_{ij}$$

donde:

Y_{ij} es el valor promedio del genotipo i para la variable j

\bar{Y}_j la media general del experimento para la variable j

S_j es el desvío estándar para la variable j .

λ_1 y λ_2 son los valores singulares de Componentes Principales CP1 y CP2 respectivamente

ε_{i1} y ε_{i2} son los valores singulares de CP1 y CP2 respectivamente para el genotipo i

η_{j1} y η_{j2} son los valores singulares de CP1 y CP2 respectivamente para la variable j

ε_{ij} es el error experimental asociado al genotipo i y la variable j

También se realizó un análisis GYT-biplot (genotipo por variable por rendimiento) siguiendo la metodología propuesta por Yan y Frégeau-Reid (2018).

Para este último caso, se construyeron las combinaciones YT (rendimiento-variable) multiplicando los valores de rendimiento por el de cada variable en los casos que mayores valores fueran deseables (ej: RE*NG), y dividiéndolos en los casos contrarios (ej: RE/ALT). Las variables cuyos mayores valores se consideraron favorables fueron: NG, PV, NV, NG/V, %REPC, C, AV, LV, VitC, pH, IM, b, CRO, HUE y Ca.

3. RESULTADOS

Estrategia 1

Las distancias de Gower entre variedades tuvieron un valor máximo de 0,69 entre Rois de Conserves y Super Scout, y un valor mínimo de 0,41 entre Granada y Green Sugar y entre Panga y Gypsy.

Los datos calculados con las distancias de Gower usando tanto los valores genotípicos como los datos de los marcadores moleculares coinciden con los obtenidos mediante la distancia de Roger modificada para marcadores moleculares ya que las variedades Rois de Conserves y Super Scout fueron las más distantes en ambos casos.

Con una distancia muy similar (0,68) pueden elegirse también como variedades distantes a Trianon y Accord.

En la Tabla 2.1 pueden observarse las distancias de Gower entre las variedades estudiadas.

Tabla 2.1: Distancia de Gower entre variedades

	AC	AW	AV	BO	CU	DA	DU	EP	ES	EA	FA	GR	GS	GY	LE	MR	PA	RA	RO	SS	SU	TE	TR
AW	0,49																						
AV	0,55	0,45																					
BO	0,53	0,56	0,50																				
CU	0,57	0,51	0,53	0,58																			
DA	0,56	0,50	0,47	0,47	0,53																		
DU	0,54	0,50	0,51	0,53	0,56	0,51																	
EP	0,57	0,53	0,52	0,59	0,58	0,54	0,51																
ES	0,57	0,51	0,60	0,63	0,60	0,63	0,57	0,53															
EA	0,58	0,55	0,51	0,52	0,65	0,53	0,51	0,53	0,62														
FA	0,61	0,54	0,58	0,57	0,64	0,57	0,62	0,58	0,59	0,58													
GR	0,58	0,50	0,53	0,53	0,63	0,49	0,53	0,55	0,54	0,49	0,50												
GS	0,59	0,54	0,58	0,53	0,59	0,56	0,52	0,53	0,55	0,53	0,51	0,41											
GY	0,54	0,50	0,56	0,53	0,61	0,55	0,44	0,56	0,54	0,54	0,62	0,53	0,52										
LE	0,58	0,53	0,50	0,56	0,57	0,51	0,53	0,55	0,57	0,55	0,56	0,50	0,51	0,55									
MR	0,60	0,53	0,59	0,57	0,58	0,60	0,56	0,55	0,54	0,58	0,59	0,56	0,48	0,54	0,51								
PA	0,58	0,54	0,55	0,55	0,65	0,55	0,45	0,55	0,55	0,51	0,62	0,51	0,54	0,41	0,56	0,53							
RA	0,59	0,56	0,59	0,55	0,65	0,59	0,55	0,59	0,58	0,59	0,60	0,53	0,54	0,52	0,53	0,55	0,57						
RO	0,60	0,57	0,58	0,55	0,66	0,60	0,49	0,56	0,56	0,61	0,64	0,58	0,58	0,46	0,61	0,59	0,48	0,55					
SS	0,67	0,61	0,60	0,66	0,66	0,62	0,65	0,62	0,66	0,64	0,62	0,61	0,59	0,66	0,59	0,60	0,63	0,65	0,69				
SU	0,67	0,63	0,64	0,59	0,63	0,60	0,61	0,63	0,63	0,66	0,63	0,58	0,58	0,61	0,63	0,55	0,61	0,60	0,62	0,58			
TE	0,57	0,56	0,61	0,61	0,63	0,58	0,54	0,57	0,58	0,64	0,66	0,62	0,63	0,52	0,63	0,58	0,48	0,56	0,52	0,63	0,60		
TR	0,68	0,60	0,63	0,65	0,66	0,63	0,58	0,60	0,60	0,66	0,64	0,59	0,57	0,59	0,58	0,53	0,58	0,59	0,59	0,55	0,52	0,54	
WW	0,61	0,58	0,51	0,60	0,64	0,59	0,58	0,56	0,61	0,57	0,63	0,58	0,59	0,56	0,54	0,60	0,57	0,55	0,60	0,51	0,57	0,58	0,52

AC: Accord; AW: American Woner; AV: Avon; BO: Solero; CU: Cuarentona; DA: Dante; DU: Duke of Albany; EP:Early Perfection ;ES: Early Sweet; EA: Eaton; FA: Filigreen afila; GR: Granada; GS: Green Sugar; GY: Gypsy; LE: Leo; MR: Multiviral Resistant; PA: Panga; RA: Rapid; RO: Rois des Conserves; SS: Super Scout; SU: Suttons; TE: Telephone; TR: Trianon y WW: Withan Wonder

Estrategia 2

En la Tabla 2.2 pueden observarse los valores genotípicos y los valores de los distintos índices calculados para cada variedad. Se seleccionó el 5% (2 variedades) superior quedando selectas según IS las variedades Cuarentona y Telephone, según ESIM las variedades Filigreen afila y Rois des Conserves y según MESIM_{GW}, Bolero y Duke of Albany.

Tabla 2.2: Valores genotípicos, promedio general (μ) y valores de los diferentes índices de selección de las 24 variedades de arveja tipo rugoso

Variedad	RE	ALT	DPC	%REPC	C	IC	IS	ESIM	MESIM _{GW}
Accord	676,30	70,96	113,63	32,97	10,10	-2,44	0,34	-0,73	-0,60
American Wonder	677,60	69,19	104,00	32,55	9,67	-1,43	-0,37	0,11	-0,33
Avon	803,35	84,31	117,63	46,29	9,69	-5,56	-0,33	0,27	0,78
Bolero	1209,52	66,50	113,25	45,41	9,52	-4,99	-0,54	0,63	1,81
Cuarentona	1062,76	137,75	118,63	35,03	9,98	-0,29	1,28	-1,75	-0,75
Dante	825,87	139,19	116,75	43,17	10,00	-5,86	-0,44	0,24	1,12
Duke of Albany	799,38	138,00	117,50	42,77	11,53	-5,62	0,71	-0,73	1,34
Early Perfection	908,74	90,56	112,13	35,52	10,21	-2,31	0,38	-0,62	-0,44
Early Sweet	350,17	92,44	97,25	32,45	10,16	0,53	-0,02	-0,14	-2,09
Eaton	745,26	83,37	119,13	48,58	9,53	-5,83	-0,37	0,33	1,07
Filigreen afila	391,65	65,62	107,75	50,83	8,57	-3,10	-0,98	1,09	-0,64
Granada	574,63	78,56	107,25	38,25	10,65	-4,59	-0,35	0,32	-0,86
Green Sugar	530,59	74,69	109,75	36,04	9,98	-3,97	-0,47	0,21	0,13
Gypsy	710,50	61,19	121,13	50,32	9,98	-4,74	0,50	-0,42	-0,45
Leo	550,59	83,00	115,38	51,85	9,75	-4,98	-0,18	0,34	0,20
Multiviral Resistant	614,63	93,44	116,63	63,05	9,93	-3,31	0,78	-0,22	-0,14
Panga	761,30	76,44	115,75	56,01	10,44	-7,08	-0,23	0,67	1,19
Rapid	250,31	65,37	96,88	42,24	11,21	-3,87	-0,47	0,84	-1,34
Rois des Conserves	740,42	129,62	117,25	50,22	8,83	-1,46	0,34	-0,45	-0,67
Super Scout	761,17	81,94	110,63	46,25	9,82	-6,15	-0,96	1,05	0,68
Suttons	665,78	131,87	116,75	51,01	11,52	-5,53	0,85	-0,57	0,58
Telephone	740,27	132,12	114,88	32,39	11,77	-0,22	2,14	-2,42	-1,07
Trianon	498,98	71,25	114,13	58,21	9,41	-5,90	-0,64	1,01	-0,44
Withan Wonder	589,28	60,12	110,25	43,52	9,52	-5,32	-0,97	0,94	0,91
μ	684,96	90,73	112,68	44,37	10,07	-3,92			

IS: índice de selección de Smith, ESIM: índice de selección por valores propios, MESIM_{GW}: índice de selección por valores propios y moleculares, RE: rendimiento por parcela; ALT: altura de planta; DPC: días a primera cosecha; %REPC: rendimiento en % en la primer cosecha, C: calibre de grano; IC: índice de color.

Al comparar los tres índices analizados (Tabla 2.3) puede verse que todos presentaron una alta correlación con el valor genotípico estimado, siendo la más alta para ESIM (1,00) y la más baja para IS (0,85).

Tabla 2.3: Comparación entre los tres índices de selección calculados

		IS	ESIM	MESIM _{GW}
RE	μ individuos selectos	901,52	576,41	1004,45
	Diferencial de selección	216,55	-108,55	319,49
	Ganancia genética esperada	288,39	71,54	632,10
ALT	μ individuos selectos	134,94	73,78	102,25
	Diferencial de selección	44,21	-16,95	11,52
	Ganancia genética esperada	14,07	-15,01	-2,17
DPC	μ individuos selectos	116,75	109,19	115,38
	Diferencial de selección	4,07	-3,49	2,70
	Ganancia genética esperada	8,68	-1,20	-5,11
%REPC	μ individuos selectos	33,71	48,54	44,09
	Diferencial de selección	-10,66	4,17	-0,28
	Ganancia genética esperada	1,35	5,42	-14,85
C	μ individuos selectos	10,87	9,20	10,52
	Diferencial de selección	0,80	-0,88	0,45
	Ganancia genética esperada	-0,11	-0,18	0,38
IC	μ individuos selectos	-0,25	-4,62	-5,30
	Diferencial de selección	3,66	-0,71	-1,39
	Ganancia genética esperada	-0,41	-0,60	1,92
Covariancia índice/valor genotípico		842,31	4,53	160533,84
Variancia índice de selección		42,19	11,58	161443,84
Variancia valor genotípico		23144,75	0,92	167488,83
Correlación índice-valor genotípico		0,85	1,00	0,98

RE: rendimiento por parcela; ALT: altura de planta; DPC: días a primera cosecha; C: calibre de grano; %REPC: rendimiento en la primera cosecha. IC: índice de color

Comparando la ganancia genética esperada, IS fue el peor índice ya que no se destacó en ninguna variable, mientras que ESIM fue superior en 4 de las 6 variables usadas.

MESIM_{GW} superó ampliamente a ESIM en cuanto a la ganancia esperada en RE (632,10 contra 71,54) sin embargo otra variable importante para analizar en este aspecto es el cambio

que se espera lograr en %REPC ya que la cosecha mecánica se realiza en una sola fecha haciendo necesario que la mayor producción posible se concentre en ese momento. Las variedades elegidas mediante MESIM_{GW} logran un gran avance en RE pero %REPC se reduce notoriamente (-14,85%) mientras que con ESIM se logra una menor ganancia esperada en RE pero se alcanza una mayor concentración en la primer cosecha (5,42%). Por otro lado, IS logra una ganancia esperada intermedia tanto para RE como para %REPC (288,39 y 1,35 respectivamente) pero analizando ambas variables en conjunto el RE en la primera cosecha sería el mayor en teoría ya que alcanza un valor de 445,01g, mientras que para ESIM sería 376,66g y para MESIM_{GW} 388,79g.

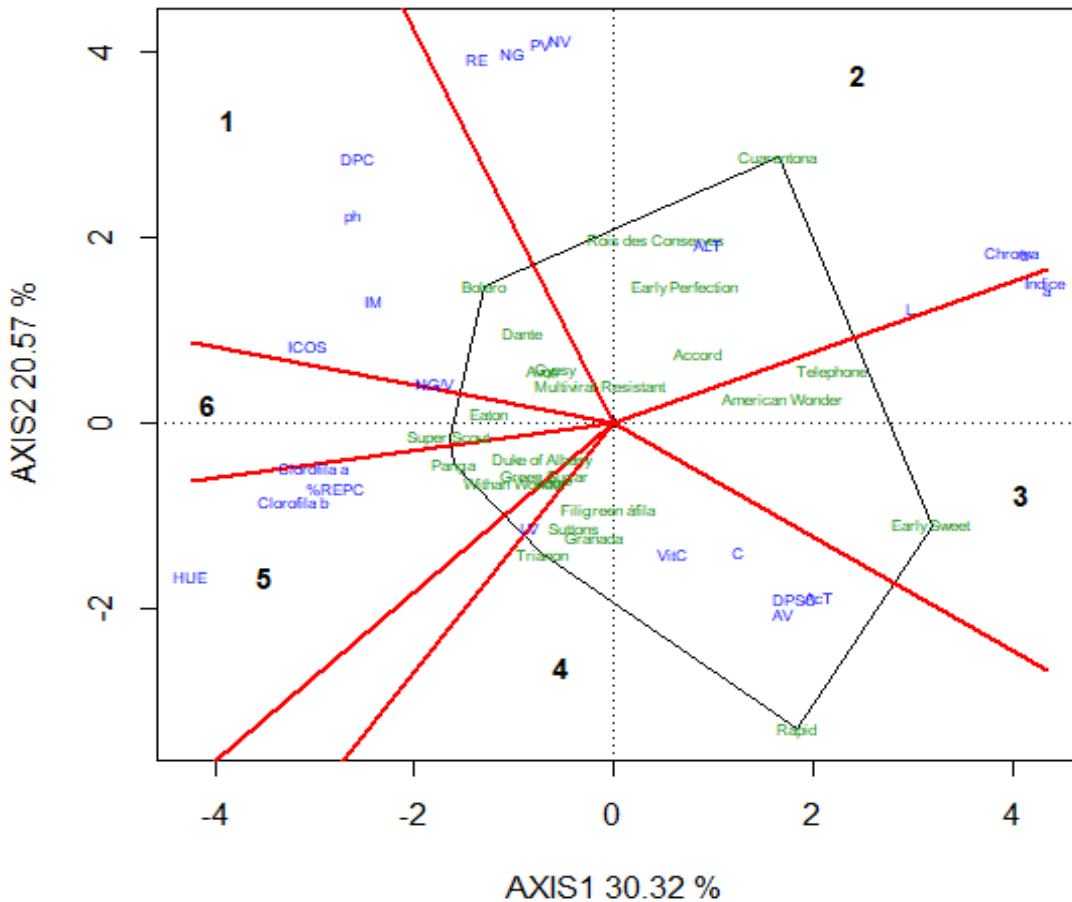
En resumen, el mejor índice de selección es ESIM, y las variedades selectas para usar como progenitoras en programas de mejoramiento según esta estrategia son Filigreen afila y Super Scout.

Estrategia 3

Para encontrar variedades que se destaquen en alguna (o algunas) características se realizó un análisis GT biplot con todas las variedades y todas las variables estudiadas.

En el Gráfico 2.1 puede observarse la vista del polígono Quien Gana Que (*Wich Won What*) obtenido a partir de datos estandarizados, utilizando el modelo GH-Biplot (*Column Metric Preserving*) y centrado en el probador G+GE. El modelo utilizado explica un 50,89% de la variabilidad total (PC1 = 30,32% y PC2 = 20,57%).

Gráfico 2.1: Vista del polígono “Quien Gana Que (*Wich Won What*)” del análisis GT biplot de 24 variedades de arveja tipo rugoso



En este tipo de representación, el ángulo entre los vectores de un genotipo y una variable indica el nivel relativo de dicho genotipo para esa característica. Por ejemplo, la variedad Bolero presentó valores por debajo del promedio para las variables CHROMA. L, a, b, IC, VitC, AcT, DPSC, C y AV ya que su vector forma un ángulo obtuso con los vectores de dichas variables; tuvo valores cercanos al promedio para LV al formar un ángulo cercano a los 90° y presentó valores superiores al promedio para el resto de las variables al formar un ángulo agudo.

Además, al estar en uno de los vértices del polígono, es una variedad con valores extremos para las variables que se ubican en el sector formado por las perpendiculares a los lados adyacentes (sector 1); es decir que se destaca por tener los mayores promedios para DPC, pH, IM e ICOS. Otras variedades en este sector son Dante, Avon, Gypsy y Multiviral Resistant.

En el sector 2 se ubicaron variedades que se destacan por altos RE, NV, PV, NG, ALT, CHROMA y L siendo Cuarentona la más extrema, seguida por Rois des Conserves, Early Perfection y Accord. En el sector 3 las variedades presentaron altos valores de IC y a, siendo Early Sweet la más extrema, seguida por Telephon y American Wonder.

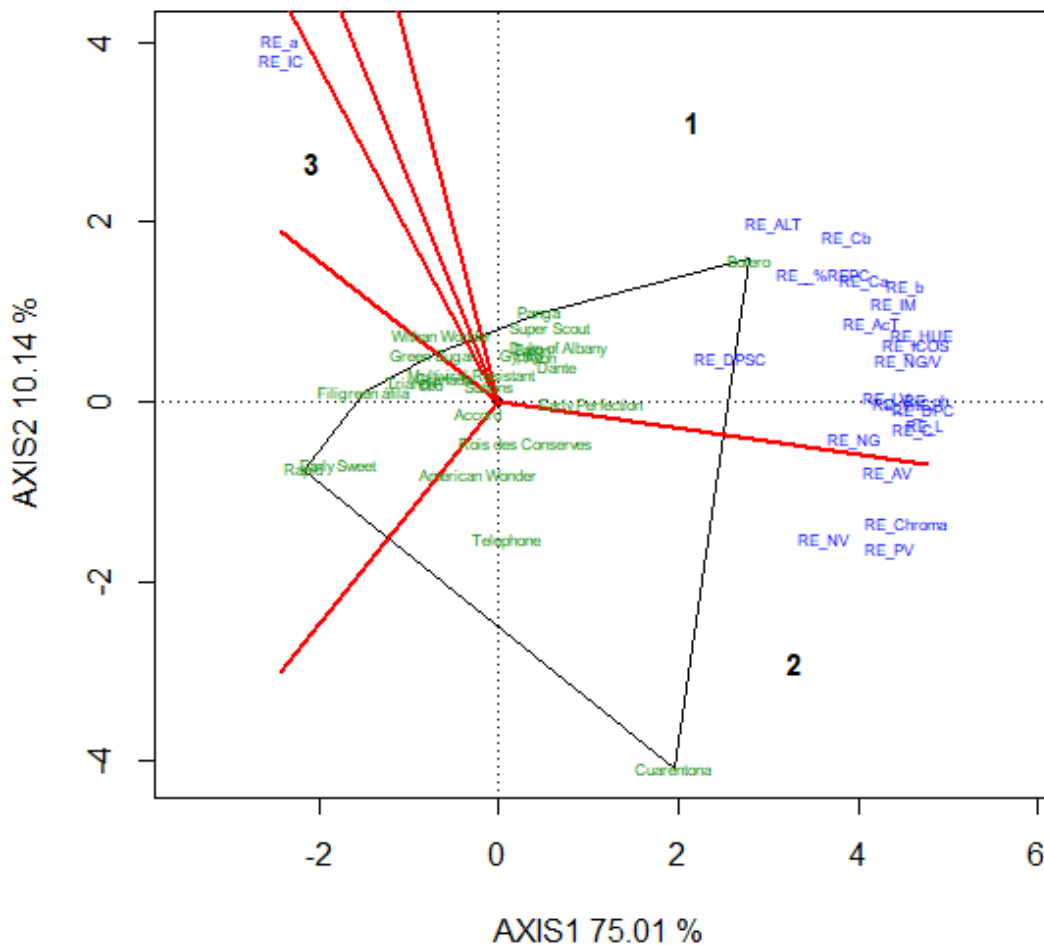
En el sector 4, la variedad más extrema fue Rapid y las variables que se incluyeron fueron AV, C, DPSC, VitC y AcT; mientras que en el sector 5 la variedad más extrema fue Panga y las variables incluidas fueron HUE, %REPC y los contenidos de clorofila a y b.

En el sector 6, la variedad que se ubicó en el vértice fue Super Scout, seguida por Eaton afila; sin embargo, en este sector no quedó incluida ninguna variable y por lo tanto estas dos variedades no se destacan para ningún carácter en particular.

Debido a que el rendimiento es el carácter más importante en todos los planes de mejoramiento, es importante juzgar la superioridad de los genotipos para alguna variable en combinación con el rendimiento. Para tal fin se realizó un análisis de GYT Biplot (en inglés; genotype by yield*trait) usando las combinaciones RE-variable más favorables, multiplicando ambos valores en caso de que un valor alto de la variable en cuestión fuera favorable o dividiéndolos en caso contrario. De este modo pueden buscarse variedades con características favorables y con altos rendimientos.

En el Gráfico 2.2 puede observarse la vista del polígono Quien Gana Que (*Wich Won What*) obtenido a partir de datos estandarizados de las combinaciones RE-variable, utilizando el modelo GH-Biplot (*Column Metric Preserving*) y centrado en el probador G+GE. El modelo utilizado explica un 85,15% de la variabilidad total (PC1 = 75,01% y PC2 = 10,14%).

Gráfico 2.2: Vista del polígono “Quien Gana Que (*Wich Won What*)” del análisis GYT biplot de 24 variedades de arveja tipo rugoso

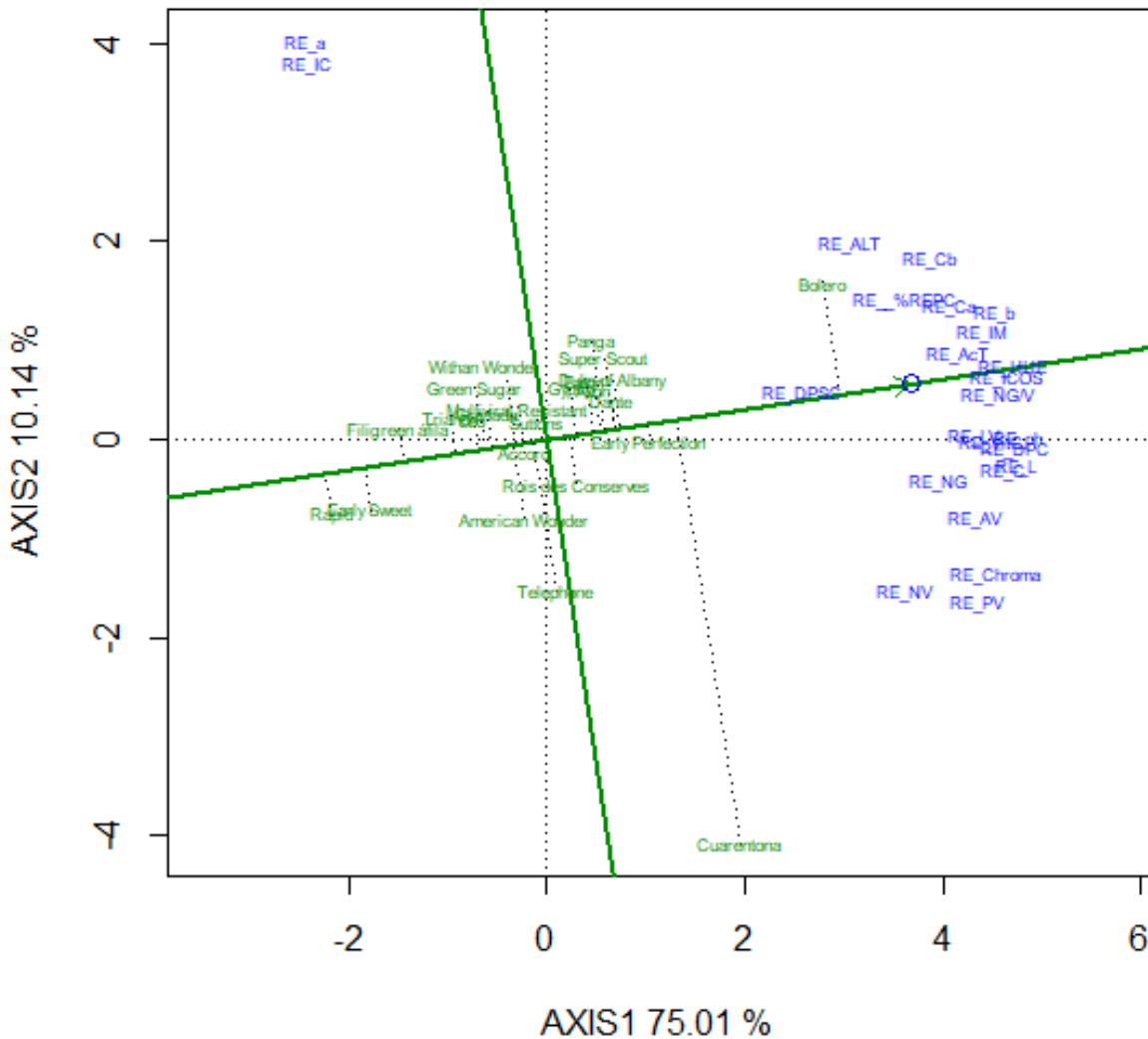


El polígono resultante quedó definido por 7 vértices: Bolero, Cuarentona, Rapid, Filigreen afila, Withan Wonder y Panga y se delimitaron 3 sectores que contenían combinaciones de variables.

El sector 1 agrupa a la mayoría de las combinaciones de las variables con RE excepto con AV, NV, PV y CHROMA (sector 2) y a e IC (sector 3). El vértice de este sector está formado por la variedad Bolero, que es la de mayor difusión en el país para producción para congelado con cosecha mecanizada. En el sector 2 la variedad más extrema es Cuarentona y en el sector 3 Withan Wonder.

Otro aspecto importante a tener en cuenta es la estabilidad en la expresión de las variables. En el Gráfico 2.3 puede evaluarse a los genotipos en función de su performance promedio (en todas las variables) y la estabilidad.

Gráfico 2.3: Performance promedio y estabilidad de las 24 variedades de arveja de tipo rugoso



La línea con una sola flecha que pasa a través del origen del biplot y la combinación rendimiento-variable promedio (círculo pequeño) se denomina eje del probador promedio (ATA). Queda dividida por otra línea perpendicular que sirve para separar los genotipos mejor que el promedio (colocados a su derecha, en el mismo lado que la flecha ATA) de los más pobres que el promedio (colocados en el lado izquierdo). Por otro lado, los genotipos ubicados cerca de ATA (es decir, con proyecciones cortas) tienden a tener perfiles de variables equilibrados, mientras que aquellos ubicados lejos de ATA en cualquier dirección tienden a tener fortalezas y / o debilidades obvias.

Puede verse que Early Perfection es la variedad más armónica en cuanto a la expresión de sus características, seguida por Accord y Suttons, mientras que Cuarentona es la variedad más inestable de todo el conjunto, presentando claras fortalezas en las combinaciones RE-

variable que se ubican debajo de ATA y debilidades en las que se encuentran por encima. En cuanto a la performance promedio a través de todas las variables, Bolero es la mejor, seguida por Cuarentona y Early Perfection en ese orden.

Para esta estrategia resultaron selectas las variedades Bolero y Withan Wonder en el caso de utilizar solo dos progenitores, ya que se complementan en la mayoría de las variables, o se puede incluir también a Early Perfection si se utilizan tres, debido a su alta estabilidad en la expresión de las características, realizando primero un cruzamiento entre Early Perfection y Withan Wonder y cruzando luego la F₁ obtenida por Bolero.

DISCUSIÓN

En arveja de tipo rugoso para consumo fresco o congelado, las variedades comerciales que tienen éxito son aquellas que reúnen características de calidad del producto ampliamente aceptadas por los consumidores finales y características agronómicas que aumenten la eficiencia del sistema productivo. Es por ello que un programa de mejoramiento tendiente a generar nuevas variedades que sean superadoras de las variedades que actualmente dispone el productor, debe en primera instancia, fijar los objetivos de selección teniendo en cuenta no sólo los mayores rendimientos, sino que además se seleccionará por aquellas otras variables que aseguren la aceptación del consumidor (color, calibre, sabor) así como un mejor resultado económico para el productor (ciclo, ideotipo de planta según el sistema de cosecha, estabilidad del rendimiento). Es necesario contar con variabilidad inicial en estas variables que permita llevar adelante la selección, pero al mismo tiempo es importante conocer en profundidad las correlaciones entre las variables objetivo, así como diferentes parámetros genéticos como la heredabilidad y los diferentes componentes de varianza que influirán en el método de selección utilizado y, en definitiva, en el resultado final del programa.

La selección de progenitores en los programas de mejoramiento es el paso que determina el éxito en la obtención de nuevas variedades comerciales. Según Bertan et al. (2007), es en esta etapa, en la que los obtentores inician la selección de un ideotipo de planta en particular que satisfaga las demandas del mercado, y aunque la recombinación puede tener su papel en la amplificación de la variabilidad genética de las poblaciones segregantes, es la capacidad de combinación entre las líneas parentales y su elevada expresión en los rasgos agronómicos, lo que determinará si la descendencia consistirá en líneas élite exitosas.

El cultivo de arveja para congelado en nuestro país se caracteriza por una marcada ausencia de variedades comerciales modernas que posean adaptación local. Es necesario generar nuevas variedades que demuestren buenos rendimientos y calidad en las condiciones agroecológicas de la región pampeana que sean superadoras de las escasas variedades que actualmente dispone el productor.

El sistema de cultivo predominante incluye un esquema de rotaciones y cosecha mecanizada, lo cual implica que una variedad comercial eficiente superadora de las ya existentes debe reunir características específicas en cuanto a altura de planta, ciclo y concentración de la producción además de buenos rendimientos de mercado y calidad del producto.

Se busca un tipo de planta de baja altura para evitar el acame al momento de la cosecha, con ciclo productivo corto para permitir la inclusión de un cultivo de verano siguiente en la rotación y que concentre la mayor parte del potencial de producción en el menor tiempo posible, ya

que la cosecha mecánica se realiza en un único momento a diferencia de la cosecha escalonada manual.

En cuanto a la calidad, la apariencia es uno de los atributos más importantes de los alimentos, productos frescos y procesados, y su comercialización (Grossman y Wisenblit, 1999; Costa et al. 2011;). Es un término integral que incluye tamaño, forma, textura, brillo y color entre otros atributos. El color de la superficie es la primera sensación que el consumidor percibe y utiliza como herramienta para aceptar o rechazar alimentos (León et al., 2006).

El color de un objeto puede describirse mediante varios sistemas de coordenadas de color (Clydesdale 1978; Francis 1980; Hunter y Harold 1987; Minolta 1994). Algunos de los sistemas más populares son Hunter L a b, y CIE LCH. Estos difieren en la simetría del espacio de color y en el sistema de coordenadas utilizado para definir puntos dentro de ese espacio (Pathare et al. 2013).

El sistema Hunter L a b desarrollado en 1948 para la medición fotoeléctrica y el espacio de color CIE propuesto en 1976 proporcionan diferencias de color más uniformes en relación con la percepción de dichas diferencias por el hombre (Quevedo et al. 2010).

El croma (CRO), considerado el atributo cuantitativo de color, se usa para determinar el grado de diferencia de un tono en comparación con un color gris con la misma claridad. Cuanto más altos son los valores de croma, mayor es la intensidad de color de las muestras percibidas por los humanos.

El ángulo de tono (HUE), considerado el atributo cualitativo del color, es el atributo según el cual los colores se han definido tradicionalmente como rojizo, verdoso, etc., y se utiliza para definir la diferencia de un determinado color con referencia al color gris con la misma claridad. Este atributo está relacionado con las diferencias de absorbancia a diferentes longitudes de onda. Un HUE más alto representa un color menos amarillento en los ensayos.

Para tener una estimación más exacta del color tal cual lo percibe el consumidor final, todas las mediciones relativas a esta variable se realizaron luego del escaldado del material cosechado. El escaldado tiene como principal objetivo inactivar enzimas, resaltar el color y ablandar el producto para favorecer su posterior envasado y/o almacenamiento (Gökmen et al., 2005; Mendoza y Herrera, 2012;) y busca principalmente la destrucción de enzimas que afectan color, sabor y contenido vitamínico de frutas y hortalizas antes de ser congelados, deshidratados o enlatados (Lin y Brewer, 2005; Mazzeo et al., 2015)

El color de las arvejas frescas se deriva de pigmentos primarios que imparten dicha cualidad, principalmente las clorofilas solubles en grasa responsables de las tonalidades verdes (Barrett

et al., 2010). El tipo de clorofila más abundante es la "a", encontrándose también un segundo tipo de clorofila, la "b", que estructuralmente se diferencia de la clorofila "a" porque esta última posee un grupo metilo en el carbono 3 del anillo número II, y el tipo "b" contiene en dicha posición un grupo formilo. Es considerada como un pigmento accesorio y gracias a las diferencias estructurales, tienen un espectro de absorción un poco diferente a la variante "a". Como resultado de esta característica difieren en su color: la clorofila "a" es azul - verdosa y la "b" es amarillo - verdosa. Uno de los parámetros modificados durante el escaldado en arvejas frescas es la clorofila, que le otorga el grado de verdor en función de la concentración presente (Macías et al., 2007; Turkmen et al., 2006).

Pinchao et al. (2016) encontraron que, si bien como consecuencia del proceso térmico la clorofila se degrada, el escaldado permite resaltar la tonalidad del color verde de la arveja obteniendo un verde más oscuro con respecto a las muestras sin escaldar, y detectaron diferencias significativas entre variedades de arveja en cuanto a la conservación y contenido de clorofilas.

En cuanto al calibre del grano, en Argentina no existe aún un estándar de comercialización para arveja fresca y por lo tanto no hay una escala de grados por tamaño de grano que determine su precio de comercialización; pero si bien el tamaño no es el parámetro que determina totalmente la calidad, el consumidor lo relaciona con su textura y prefiere calibre de grano que no superen los 10,2 mm, medida que corresponde al grado "medio" según las especificaciones de la FAO (2019).

Tampoco se diferencia el producto comercial en cuanto a otras propiedades de calidad como son el contenido de vitamina C, sólidos solubles totales, acidez titulable o ph, sin embargo, la tendencia general de los consumidores es prestarle más atención a la calidad del producto en función de su precio y este tipo de información está siendo demandada cada día más.

En la colección de trabajo que se utilizó en esta tesis, se incluyó la variedad Bolero, que actualmente se sigue utilizando para la producción con cosecha mecanizada. Esta variedad fue obtenida en el año 1977 por la Asgrow Seed Company en Estados Unidos, y fue inscripta en el Registro Nacional de Cultivares del INASE en 1994. Presenta un alto potencial de RE, baja ALT, granos de C medio y color verde medio y un %REPC de 45,41 (Tabla 1 del Anexo). El resto de las variedades presentaron gran variabilidad para las variables analizadas; por ejemplo se incluyeron materiales con ALT superior al metro, que normalmente se utilizan en sistemas de producción de tipo familiar, con tutorado (Cuarentona, Dante, Duke of Albany, Rois des Conserves, Suttons, Telephon); materiales con C superiores 10,2 mm correspondiente al grado medio (Duke of Albany, Granada, Panga, Rapid, Suttons, Telephon);

de ciclo muy corto (Rapid con 96,88 DPC y Early Sweet con 97,25 DPC) o muy largo (Eaton con 119,13 DPC, Gypsy con 121,13 DPC). También se encontró mucha variabilidad en cuanto al color del grano, con variedades de granos más amarillentos (IC entre 0,53 y -1,46) como American Wonder, Cuarentona, Early Sweet, Rois des Conserves y Telephon y variedades con color de grano verde más intenso como Dante, Eaton, Panga, Super Scout y Trianon (IC entre -5,83 y -7,08). Las variables que presentaron los mayores CV fueron; NG (75,54), PV (70,34), RE (70,26), IC (69,60) y a (67,05). Los menores CV correspondieron a las variables L (1,64), pH (4,49) HUE (8,21), DPC (8,32) y C (9,15) (Tabla 1 del Anexo).

Diversos autores han observado una gran variabilidad en diferentes caracteres agronómicos y de calidad de grano de arveja, principalmente en ALT, días hasta la floración, LV y RE (Azmat et al., 2011; Pallavi et al., 2013). La variabilidad genética es un factor determinante como requisito previo para los programas de mejoramiento tendientes a obtener progenies de alto rendimiento (Tiwari y Lavanya, 2012) y su evaluación permite conocer la fuente de genes para una variable particular dentro del germoplasma disponible. A su vez, conocer los valores de heredabilidad, la estimación de los parámetros genéticos y la asociación entre variables es de primordial importancia para asegurar el éxito del programa (Ajmal et al., 2009; Bozokalfa et al., 2010; Esiyok et al., 2011).

Hedau et al. (2018) analizaron 33 líneas de arveja verde fresca para caracteres de calidad de grano y propiedades agro-morfológicas y encontraron que la magnitud de la variancia genética para todas las variables fue mayor que la variancia ambiental. Los hallazgos son similares a informes anteriores (Singh, 1985; Tiwari y Lavanya, 2012; Jaiswal et al., 2015). Los resultados aquí obtenidos (Tabla 1.10) concuerdan con este hallazgo para las variables Ca; variables relativas al color como a, b, HUE, CRO e IC; y las variables morfo-agronómicas DPC, LV, C y ALT.

Georgieva et al. (2016) encontraron que las estimaciones de las variancias genéticas fueron menores que sus respectivas variancias fenotípicas para ALT, NV y LV. Sin embargo, las estimaciones de las variancias genéticas fueron mayores que las de las variancias ambientales para el AV. Mayor variancia ambiental en RE y ALT indicaron que estas dos variables estaban altamente influenciadas por el ambiente, mientras que los otros caracteres lo estuvieron menos. En contraposición a esto último, en este trabajo de tesis, la variable LV, junto con ALT, presentaron una mayor variancia genética en comparación con la ambiental mientras que para NV y AV se dio la situación inversa; sin embargo para RE el resultado obtenido está en concordancia con lo hallado por estos autores (Tabla 1.10).

Ya en 1953, Burton y DeVane sugirieron que el CVG junto con las estimaciones de heredabilidad proporciona una mejor comprensión del grado de avance que se espera de la selección. La comparación de los caracteres en cuanto a la extensión de la variación genética podría juzgarse mejor por la estimación del coeficiente de variación genotípico (CVG) en relación con su respectivo coeficiente de variación fenotípico (CVF) (Chakraborty y Chakraborty, 2010).

En arveja fresca, Singh et al. (2017) encontraron que los valores de CVF y CVG fueron altos (> 20%) para ALT y el peso de semillas por vaina. Se registraron valores moderados de CVF y CVG (10% - 20%) para días a floración y LV. Se han mostrado valores bajos de CVF y CVG (menos del 10%) para RE, AV, NV y PV indicando un rango estrecho de variación para estos caracteres, con muy poco margen para la selección. Lal et al. (2011) y Singh et al. (2012) también informaron resultados similares.

Siguiendo este criterio, los CVG fueron altos (> 20%) para PV, NG, RE, IC, a y ALT mientras que los CVF fueron altos para %REPC, NG/V, VitC, DPSC, NV, IM, PV, NG, RE, AV, Cb, Ca, IC, a y ALT; CVG intermedios (entre 10% y 20%) para NV, IM, AV, Ca, Cb, LV y b; mientras que los CVF fueron intermedios para AcT, ICOS, LV y b. Ambos coeficientes fueron bajos para el resto de las variables (Tabla 1.10). Puede verse que, si bien hay concordancia para las variables ALT y LV, la variable RE presentó altos CVF y CVG mientras que AV presentó alto CVF por lo tanto estas variables presentaron un rango de variación mayor que el mencionado por Singh et al. (2017). Yadav et al. (2009) informaron que ALT y RE registraron CVG y CVF positivos altos y significativos en arveja seca, al igual que Lavanya et al. (2010), Nawab et al. (2008) y Kumar et al. (2013). Kumar et al. (2015) destacaron que los CVF y CVG fueron altos para SST, azúcares totales y fenoles totales además de PV. Pandey et al. (2015) observó un alto CVG, así como CVF para ALT, PV y NV.

Los altos valores de CVG y CVF del PV encontrados están en concordancia con Gudadinni et al. (2017), quienes observaron valores altos de CVG y CVF para PV (20,84 y 22,12 respectivamente) lo que indica la presencia de alta variación genética. Así mismo, Jeberson et al. (2016) trabajando en arveja seca, encontraron que los CVG y CVF fueron altos en el caso de ALT (24,33; 25,30) y RE (20,53; 21,28), lo que indica la presencia de una gran cantidad de variación entre los genotipos. Para este autor, otros caracteres registraron moderados CVG y CVF como NV (16,98; 21,50), NG/V (12,46; 14,6) y LV (7,45; 9,82).

Bashir et al. (2017) encontraron que existía una variabilidad genética significativa entre los genotipos para los caracteres estudiados y que los CVF fueron ligeramente superiores a sus correspondientes CVG debido a la influencia del medio ambiente en la expresión de los

caracteres. Kumar et al. (2015) observaron que los CVF eran invariablemente más altos que su correspondiente CVG en todas las variables lo que indica la importancia de la influencia ambiental en su expresión. Esta superioridad de los CVF frente a los CVG también fue mencionada por Yadav et al. (2010), Kumar et al. (2013), Pandey et al. (2015) y Kumar et al. (2019).

Por otro lado, Devi et al. (2017) trabajando con 43 cultivares de arveja verde fresca, encontraron los mayores valores de CVF y CVG para DPC y SST, notando además que las diferencias entre ambos coeficientes de variación fueron pequeñas, indicando un mayor efecto genético en la expresión de estos caracteres, con escasa influencia ambiental. Georgieva et al. (2016) observaron una diferencia muy pequeña entre CVG y CVF para AV, NG y RE mientras que Hedau et al. (2018) observaron mínimas diferencias entre el CVG y el CVF junto con un bajo CVE para todos los caracteres estudiados. Similares resultados fueron reportados por Thakur et al. (2016) y Singh SR et al. (2017). Siddika et al. (2013) encontraron las mismas similitudes para todos los caracteres, excepto NG/V, NV y RE.

Bajos valores de CVG y CVF fueron reportados por Khan et al. (2017) para todos los caracteres, Kumar et al. (2019) para ICOS y Kumar et al. (2013) para NG/V, ALT y LV. Dichos autores indicaron que en esta situación es probable que estas variables muestren menor respuesta bajo selección.

Cuando la relación entre el coeficiente de variación genética y ambiental (CVG/CVE) tiende a uno o es superior a uno indica que la varianza genética fue la que más contribuyó a la variación fenotípica del carácter en comparación con la varianza ambiental y existe una situación muy favorable para la ganancia por selección Vencovsky y Barriga (1992).

Puede observarse que en las variables %REPC, NG/V, VitC, DPSC, NV, IM, PV y RE presentan una baja relación entre dichos coeficientes (Tabla 1.10); indicando que las variaciones observadas para estas variables no se debieron principalmente a factores genéticos sino a una elevada influencia del medio ambiente en la expresión de ellos, por lo tanto, la selección de estos caracteres sobre la base del valor fenotípico no será efectiva. Por otro lado, NG, pH, AcT, AV e ICOS presentan relación intermedia, mientras que el resto de las variables presenta una relación cercana o superior a uno, siendo las más altas para C (2,25) y ALT (2,27), indicando que para estas variables la selección en base al fenotipo puede resultar en ganancia por selección.

Otro parámetro poblacional interesante para analizar si el contexto que se presenta permite obtener buenos resultados mediante selección es la heredabilidad. La heredabilidad en sentido amplio es la porción de variación fenotípica que se transmite de progenitor a progenie.

Cuanto mayor sea la variación heredable, mayor será la posibilidad de fijar un carácter mediante métodos de selección (Sharma y Bora, 2011).

Según Singh (2001), los valores de heredabilidad en sentido amplio superiores al 80% pueden considerarse muy altos, los valores del 60 al 79% moderadamente altos, los valores del 40% a 59% medios y los valores inferiores al 40% se consideran bajos.

Con este criterio, Sureja y Sharma (2000), Gupta et al. (2006) y Kumari et al. (2009) observaron altos valores de heredabilidad en sentido amplio en arveja fresca para rasgos como AV y LV; Nawab et al. (2008) para RE; Lavanya et al. (2010) para ALT y RE; Siddika et al. (2013) para ALT, LV y RE; Kumar et al. (2015) para PV y NV; Pandey et al. (2015) para ALT, SST y RE; Thakur et al. (2016) para ALT, LV, NG/V, ICOS y NV; Bashir et al. (2017) para todos los caracteres, excepto PV y RE; Singh et al. (2017) para LV, AV, ALT y NG.; Gudadinni et al. (2017) para PV y ALT; Barcchiya et al. (2018) para ALT, NV, PV, ICOS y RE; Hedau et al. (2018) para PV, DPC, LV e ICOS. Todos estos autores concluyeron que estos resultados, junto con el hecho de que las ganancias por selección predichas también fueron altas, indican la prevalencia de efectos génicos aditivos que ofrecen un buen margen para una selección efectiva en estos caracteres

Devi et al. (2017) encontraron estimaciones de heredabilidad en sentido amplio moderada para PV, TSS y LV. Los resultados fueron corroborados con los hallazgos de Kumar et al. (2004), Rai et al. (2006), Sardana et al. (2007), Sharma y Bora (2011), Tiwari y Lavanya (2012), Selvi et al. (2014), Kumar et al. (2015) y Jeberson et al. (2016).

Georgieva et al. (2016) reportaron valores moderados de heredabilidad para ALT y valores altos de heredabilidad en sentido amplio para LV, AV y RE; sin embargo, estos altos valores estuvieron acompañados por bajos valores de avance genético predicho y por lo tanto concluyeron que existe participación de la acción genética no aditiva (dominancia - epistasis) y que el alto valor de la heredabilidad se debe a la influencia favorable del medio ambiente más que del genotipo. Kumar et al. (2013) observaron la misma situación para NG/V, ALT y LV y Kumar et al. (2017) para LV y AV.

En el presente trabajo, los valores de heredabilidad encontrados fueron moderadamente altos para DPC, b, CRO, C y ALT; medios para Cb, Ca, IC, a, HUE y LV y bajos para el resto de las variables (Tabla 1.10).

De este modo, aquellas variables en las que la varianza genética fue la que más contribuyó a la variación fenotípica del carácter en comparación con la varianza ambiental y que presentan acciones génicas aditivas son las que presentarán respuesta a la selección. En este caso, los

genotipos con valores favorables de caracteres específicos se pueden utilizar como parentales para el programa de hibridación.

Por otro lado, los Análisis de Correlación brindan la oportunidad de estudiar la magnitud y la dirección de asociación de una variable con otra. Dado que la selección generalmente se practica para cambiar dos o más caracteres simultáneamente, la información sobre la interrelación de variables cuantitativas importantes es útil para dirigir la selección, para determinar los índices de selección y para detectar caracteres que pueden no tener valor en sí mismos, pero son útiles como indicadores de otras variables importantes según lo descrito por Robinson et al. (1951).

Si el valor del coeficiente de correlación está cerca de ± 1 es una correlación perfecta; entre $\pm 0,50$ y ± 1 es una fuerte correlación; entre $\pm 0,30$ y $\pm 0,49$ es una correlación media; por debajo de $+ 0,29$ es una baja correlación y si el valor no difiere de cero no hay correlación

Cuando la magnitud del coeficiente de correlación genotípica es mayor que el coeficiente de correlación fenotípico respectivo, indica una fuerte asociación entre los caracteres. Esto puede deberse al efecto del ambiente en la modificación de la expresión del genotipo, alterando así la expresión fenotípica (Nandpuri et al. 1973). En este trabajo de tesis, las correlaciones genotípicas significativas (Tabla 1.13a) fueron menores que las fenotípicas (Tabla 1.12a) para los pares de variables: RE-NG, RE-PV, RE-NV, NG-PV, PV-NV y DPC-ICOS mientras que para el resto de los pares de variables fueron similares o superiores que las fenotípicas para todos los pares de variables que dieron resultados significativos, excepto en los casos de las correlaciones de %REPC con los parámetros de color a, b, HUE, CRO e IC donde las correlaciones fenotípicas fueron significativas y con valores intermedios (Tabla 1.12c) mientras que las genotípicas fueron no significativas (Tabla 1.13c).

Afreen et al. (2017) encontraron que las correlaciones genotípicas fueron mayores que las fenotípicas en 15 variables estudiadas en 21 cultivares. El PV tuvo alta correlación genotípica con DPC; el LV tuvo correlación positiva altamente significativa con AV y NG/V y correlación negativa con ALT y RE; ALT tuvo correlación positiva con RE y negativa con peso de granos por vaina; el NG/V tuvo correlación positiva con AV. Con resultados similares, Devi et al. (2017) y Khan et al. (2017) encontraron coeficientes de correlación genotípica mayores que los fenotípicos, siendo positivos entre RE y las variables NV, LV, NG/V, ICOS, DPC y SST en concordancia con los trabajos presentados anteriormente por Singh V y Singh SP (1999), Singh JD y Singh IP. (2006), Nawab et al. (2008), Sandeep et al. (2011), Singh et al. (2011), Pal y Singh (2012), Siddika et al. (2013) y Jeberson et al. (2016).

Según Bashir et al. (2017) el LV, AV, Ca y ALT mostraron correlación genotípica positiva con RE pero las correlaciones fenotípicas de estas variables fueron no significativas; mientras que para PV y NG/V mostraron correlaciones genotípicas negativas.

Kumar et al. (1998) y Shinde et al. (1998) encontraron correlaciones fenotípicas y genotípicas positivas entre PV y NG/V, NV, LV e ICOS. Estos resultados fueron ampliamente confirmados por los resultados obtenidos por Kaur et al. (2004), Singh y Singh (2005 y 2006), Kumar y Sharma (2006), Nisar et al. (2008), Togay et al. (2008), Espósito et al. (2009), Ghobary (2010), Dhama et al. (2010), Fikresilassie (2012), Kosev y Mikic (2012), Govardhan et al. (2013), Katoch et al. (2015), Bhuvaneshwari et al. (2016) y Thakur et al. (2016), todos ellos en arveja.

Existe evidencia de que los cambios en las condiciones ambientales pueden influir en los parámetros genéticos haciendo que los mismos no permanezcan constantes a lo largo del tiempo, tal como surge del estudio de los modelos teóricos (Via y Lande, 1985 y 1987; Clark, 1987; Turelli, 1988; Barton y Turelli, 1989; de Jong, 1990; Gromko, 1995).

Según Sgrò y Hoffmann (2004), quienes analizaron muchos estudios en multiambientes tanto en insectos como en especies vegetales de los géneros *Impatiens*, *Ipomoea* y *Hordeum*, hay cambios significativos en los valores de los coeficientes de correlación, incluso en el signo de los mismos, en diferentes entornos. Esto plantea la validez de delimitar estrategias de selección en base a los resultados de ensayos en un solo entorno de prueba y sugiere que la interacción genotipo x ambiente debe ser tomada en cuenta al analizar diferentes parámetros genéticos.

Según Yan y Tinker (2006) cuando se realizan estudios de GGE biplot utilizando varios entornos de prueba, los objetivos del análisis de datos son dobles: evaluación de genotipos para identificar genotipos con alto rendimiento y alta estabilidad, y evaluación del entorno de prueba para identificar entornos de prueba que sean tanto informativos (discriminantes) como representativos.

La estabilidad, ya sea del rendimiento como de los distintos parámetros de calidad, es considerada como una cualidad esencial de los sistemas productivos vegetales eficientes, (Finlay y Wilkinson, 1963; Francis y Kannenberg, 1978; Becker y León, 1988; Malosetti et al., 2004) particularmente para hacer frente a los nuevos desafíos impuestos por el cambio climático. Actualmente son muy limitados los estudios de la arquitectura genética de la estabilidad para distintos caracteres en plantas (Kraakman et al., 2004).

Los trabajos de Mühleisen et al. (2014) en cebada y Wang et al. (2015) en centeno concuerdan en que las estimaciones de heredabilidad para la estabilidad del rendimiento de grano fueron

sustancialmente más bajas que las heredabilidades para el rendimiento en sí y subrayan claramente que es más exigente en recursos medir con precisión la estabilidad del rendimiento. En algunos casos, como una forma potencial de reducir la complejidad y recursos utilizados en pruebas de campo, el rendimiento de grano se puede dividir en sus componentes que se pueden determinar con precisión usando plataformas de procesamiento de fenotipado (Busemeyer et al., 2013a, b). Wang et al. (2015) encontraron que la heredabilidad para la estabilidad del peso de mil granos en centeno fue ligeramente mayor en comparación con la estabilidad del rendimiento del grano indicando que el uso de los componentes de estabilidad del rendimiento es una alternativa potencial para la selección indirecta, aunque dichos autores remarcaron también que la magnitud de las estimaciones de heredabilidad fue moderada en todos los casos.

Por otro lado, los análisis de GGE biplot pueden usarse, tal cual se hizo en este trabajo, para evaluar los distintos ambientes o entornos de prueba en cuanto a su capacidad de discriminar entre genotipos y de ser representativos de la variabilidad presente en el conjunto de datos. Sin embargo, como puede verse en la Tabla 1.11, ningún entorno de prueba resultó ideal como ambiente de selección para la mayoría de las variables, aunque puede concluirse que los ambientes con riego (2 y 4) resultaron apropiados para seleccionar genotipos en base a ICOS, DPC, C, L y Cb; mientras que los ambientes sin riego fueron mejores para el resto de las variables. Estos ambientes, al ser discriminantes y representativos, son buenos para seleccionar genotipos con adaptación general según cada variable.

Por otro lado, ambientes discriminantes, pero no representativos son buenos para identificar genotipos con adaptación específica. A modo de ejemplo, genotipos cercanos a los ambientes 2 y 4 serían aquellos que presentan altos RE, NG, PV y NG/V cuando son cultivados con riego, pero no cuando se cultivan en seco o se considera el comportamiento promedio a través de los ambientes.

Sin embargo, para determinar con precisión la estabilidad de distintas variables se requiere un número de ambientes que va desde 10 (Becker, 1987) a 200 (Piepho, 1998) y sería necesario llevar adelante experimentos a campo de mucha mayor escala (y durante más tiempo) para tomar la decisión de usar a la estabilidad como una variable para seleccionar parentales o utilizar los datos de un entorno de prueba en particular. La utilidad de generar distintos entornos de prueba radica en este caso en la posibilidad de calcular los valores genotípicos mediante el procedimiento REML / BLUP (Tabla 2 del Anexo).

La teoría genérica de BLUP como procedimiento óptimo fue difundida desde la década de 1970 por los científicos Charles Henderson, en los Estados Unidos (Henderson 1975, 1976)

y Robin Thompson, en Inglaterra (Thompson 1977, 1979), entre otros. Para la aplicación de BLUP, se necesitan estimaciones confiables de los componentes de varianza. REML es el método óptimo de estimación de componentes de varianza, con datos no balanceados o no, desarrollado por Patterson y Thompson (1971) y Thompson (1973, 1977, 1980).

BLUP supone que los valores genéticos son efectos aleatorios no observables y que se conocen variancias y covarianzas genéticas. Dado que este último supuesto nunca es el caso, esta técnica es en la práctica solo una aproximación de BLUP (Kennedy, 1981). Sin embargo, en condiciones normales, la sustitución de las variaciones desconocidas por sus estimaciones de máxima verosimilitud restringida (REML) da como resultado una aproximación muy cercana de BLUP (Gianola et al., 1986, de Souza et al., 2000). El modelo lineal mixto se considera el enfoque más apropiado para la estimación de los valores BLUPs, debido el hecho de que los genotipos parentales o las líneas puras élite se tratan como efectos fijos y los efectos ambientales y la interacción genotipo x ambiente se tratan de forma aleatoria (Balzarini et al. 2002).

Para Robinson (1991) las principales ventajas prácticas de usar REML / BLUP es que permiten comparar individuos o variedades a lo largo del tiempo (generaciones, años) y espacio (ubicación, bloques); además, permite la corrección simultánea de los efectos ambientales, la estimación de componentes de varianza y la predicción de valores genéticos; y por lo tanto permite tratar con estructuras de datos complejas y puede aplicarse a datos no balanceados y a diseños no ortogonales (Resende. 2016).

Según García-Bertoldo et al. (2015) la estimación de los valores genotípicos mediante BLUP puede ser un método importante en la orientación de los programas de mejoramiento, pues permite predecir valores genéticos sin las influencias del ambiente (Chiorato et al., 2008). Con la inferencia genotípica (media poblacional + BLUP) es posible observar cuales genotipos presentan valores positivos en relación a la media para las características deseadas.

En ensayos de múltiples entornos, se puede explotar la correlación genética entre los rendimientos del mismo genotipo en diferentes entornos. Gauch (1988) popularizó el modelo de Interacción Multiplicativa de Efecto Aditivo Principal (AMMI) para los datos de la interacción genotipo x ambiente y señaló que la retención de un pequeño número de términos multiplicativos conduce a la reducción de los efectos estimados de interacción en comparación con los estimados usando el modelo ANOVA. El modelo AMMI sugerido por Gauch (1988) es un modelo de efectos fijos, donde las estimaciones son más precisas que las estimaciones de mínimos cuadrados ordinarios, mejorando así la precisión de las estimaciones de las medias genotípicas para un entorno (o ambiente) en particular al tomar prestada la fuerza de otros

entornos a través de términos de interacción multiplicativa. Más tarde, Piepho (1994) proporcionó evidencia de que BLUP era más preciso que el modelo AMMI de efectos fijos.

El uso de técnicas multivariadas como el ACP o el Análisis de Conglomerados tienen como objetivo principal resumir grandes cantidades de datos para facilitar su interpretación. El foco de estudio puede estar puesto en las variables analizadas, en los genotipos estudiados o en ambos y según Prieto Guerra (2006) tienden a ser de naturaleza exploratoria en lugar de confirmatoria, ya que permiten examinar los datos sin una hipótesis previamente establecida. Mientras que el Análisis de Conglomerados puede aplicarse a variables cuantitativas y/o cualitativas, el ACP sólo se aplica a variables cuantitativas.

El origen del ACP se remonta a Pearson (1901), pero su aplicación actual fue formalizada por Hotelling (1933), quien también acuñó el término componente principal. Mediante este tipo de análisis, se extrae información de una tabla de datos que representa las observaciones descritas por varias variables dependientes que, en general, están interrelacionadas y se expresa esta información como un conjunto de nuevas variables ortogonales llamadas componentes principales. También representa el patrón de similitud de las observaciones y las variables mostrándolas como puntos en mapas en donde las variables se trazan como puntos en el espacio del componente usando sus cargas como coordenadas, quedando representadas por sus correlaciones, mientras que las observaciones están representadas por sus proyecciones.

Wold et al. (1987) sugiere usar CP con valores propios mayores que uno ya que explican al menos una K ésima parte de la suma total de cuadrados (siendo K el número de variables) y asegura que las CP utilizadas en el modelo tengan contribuciones de al menos dos variables.

Según Abdi y Williams (2010), cuando los datos están perfectamente representados por solo dos componentes, la suma de las cargas al cuadrado es igual a uno y, por lo tanto, en este caso, las cargas se colocarán en un círculo que se denomina círculo de correlaciones. Cuando se necesiten más de dos componentes para representar perfectamente los datos, las variables se posicionarán dentro del círculo de correlaciones presentando vectores más cortos. Cuanto más cerca esté una variable del círculo de correlaciones, mejor podremos reconstruir esta variable a partir de los dos primeros componentes (y más importante es interpretar estos componentes); cuanto más cerca del centro de la gráfica está una variable, menos importante es para los dos primeros componentes.

Por otro lado, los ángulos entre los vectores que representan las variables pueden ser interpretados en términos de las correlaciones entre variables.

La correlación entre las CP y las variables originales es un indicador de cuán importante es una variable particular en la construcción de la componente. La interpretación de esta correlación puede ser más confiable que la interpretación de los coeficientes que conforman los autovectores, ya que la correlación tiene en cuenta diferencias en las varianzas de las variables originales y consecuentemente elimina el sesgo de interpretaciones causadas por diferentes escalas de medición.

En este trabajo, invariablemente el uso de valores genotípicos produjo una correlación cofenética mayor que el uso de valores fenotípicos (aunque este valor fue siempre alto), y se logra una mayor proporción de varianza explicada por el modelo y las dos primeras CP (Tablas 1.14 y 1.16).

Sin embargo, según Björklund (2019), cuanto mayor es el tamaño de la muestra (N) con relación al número de variables (K), más nos acercamos a la distribución real ya que el autovalor más grande (CP1) se sobreestima constantemente, pero el sesgo disminuye con el aumento del tamaño de la muestra, aunque este patrón no cambia si aumentamos el número de variables.

Este problema aumenta con una relación K / N más alta, particularmente cuando la relación es mayor que 1 (Ledoit y Wolf 2004). Idealmente, N debería ser muchas veces mayor que K para minimizar el riesgo de interpretar patrones espurios. Al realizar los análisis con todos los datos en conjunto se están analizando 25 variables en 24 genotipos y por lo tanto el uso de componentes principales puede no ser adecuado.

Tanto con valores fenotípicos como genotípicos se comprueba que las variables morfo-agronómicas (específicamente RE, NG, PV y NV) no están correlacionadas con las de calidad de grano (por ejemplo, las variables relativas al color) como puede observarse en los Gráficos 1.6 y 1.7; y al realizar análisis por separado de los distintos tipos de variables se logran mayores porcentajes de la varianza explicada por las dos primeras CP y se mejora la relación K / N permitiendo hacer una mejor interpretación de los resultados.

De todos modos, la proporción de la varianza total explicada por las dos primeras componentes es intermedia a baja, obteniéndose el mayor valor al usar los valores genotípicos de las variables de calidad de grano (69%) como puede verse en las Tablas 1.18, 1.20, 1.22 y 1.24. Proporciones acumuladas similares fueron encontradas por Espósito et al. (2007b); Umar et al. (2014); Ghixari et al. (2014); Parihar et al. (2015) y Hanci y Cebeci (2019) en arveja seca mientras que otros autores obtuvieron proporciones acumuladas mayores, por ejemplo Leila et al. (2016) con 75,97%.

Con los valores genotípicos, para la caracterización morfo-agronómica las variables que más contribuyen a la CP1 (Tabla 1.21) son el RE y sus componentes (PV, NV y NG) junto con ciclo (DPC) y concentración de la producción (-DPSC); para calidad de grano contribuyen más a la CP1 las variables relativas al color (L, a, b, HUE, CRO e IC) (Tabla 1.25).

Para el caso del Análisis de Conglomerados no existe una regla establecida en cuanto al tamaño de la muestra y el número de variables a incluir, incluso el hecho de que se pueden agrupar tanto casos (genotipos) como variables hace que sea más difícil analizar si esta relación es adecuada o no. Formann (1985) sugirió que el tamaño mínimo de la muestra a analizar debería incluir al menos 2K casos, sin embargo como regla general lo que se analiza es si la dimensionalidad dada por el número de variables no resulta demasiado grande para que los casos estudiados puedan ser agrupados.

El objetivo del Análisis de Conglomerados es clasificar un conjunto de n accesiones o p variables en un número pequeño de grupos o conglomerados, donde la formación de estos grupos puede obedecer a leyes naturales o a cualquier conjunto de características comunes a las accesiones. Es importante aclarar que el Análisis de Conglomerados se aplica sobre una matriz de distancias y no sobre una de similitud (Franco e Hidalgo, 2003).

El método de encadenamiento jerárquico es empleado a gran escala por los fitomejoradores (Bertan et al. 2007), formando un dendrograma sin preocuparse por el número de grupos formados, sobre la base de distancias de pares de genotipos (Cruz y Regazzi 1997). Se caracteriza por sucesivas fusiones para formar los grupos. Algunos de estos grupos tienen mayor rango y cada uno de ellos abarca varios de menor orden permitiendo, de esta manera, seguir en detalle la formación de los conglomerados y conocer el nivel de similitud al que se agrupa cada conjunto de individuos (Dillon y Goldstein, 1984) siguiendo el mismo criterio de maximizar la variación entre los grupos y minimizarla dentro de ellos (Dillon y Goldstein, 1984; Hair et al., 1992).

Diversos autores han realizado Análisis de Conglomerados en arveja, pudiendo agrupar a los genotipos estudiados en grupos homogéneos diferenciados entre sí. Por ejemplo, Parihar et al. (2015) observaron, en arveja seca, una distancia mínima entre grupos de 4,40 unidades y una distancia máxima entre grupos de 190,84 unidades, concluyendo que los genotipos de los conglomerados que tenían más distancia entre sí podrían cruzarse para crear la máxima variabilidad para la selección efectiva al existir la posibilidad de un alto efecto heterótico y dichas hibridaciones serían útiles para ampliar la base genética y producir recombinantes deseables para desarrollar nuevas variedades. Estos autores encontraron además una alta concordancia entre los resultados del ACP y el Análisis de Conglomerados. Sanwal et al.

(2015) encontraron que el valor de distancia intra conglomerado variaba de 0,0 (conglomerados formados por un único genotipo) a 15,94 mientras que la distancia máxima entre conglomerados fue de 61,49 unidades. Sharma et al. (2013) también observaron en sus estudios la máxima variación entre conglomerados; indicando que los genotipos de estos grupos son muy diversos entre sí; ya que, a mayor distancia entre dos grupos, mayor diversidad genética entre genotipos.

Kumar y Kumar (2015), trabajando en arveja verde fresca, lograron diferenciar 4 grupos con una distancia mayor entre grupos que dentro de cada conglomerado, sugiriendo también que la hibridación entre los genotipos de dichos grupos se puede utilizar para obtener los recombinantes superiores en generaciones segregantes. En dicho trabajo se utilizaron las medias de los conglomerados para varios rasgos estudiados a modo descriptivo, resultando el conglomerado II superior en cuanto a número de vainas por planta, longitud de vaina, número de semillas por vaina, porcentaje de descascaramiento, rendimiento de vaina, azúcares totales y sólidos solubles totales, mientras que el conglomerado III fue superior para la altura de la planta y los fenoles totales.

Otros ejemplos en arveja seca incluyen los trabajos de Esposito et al. (2007a), Leila et al. (2016) y Georgieva et al. (2016) que al realizar los Análisis de Conglomerados pudieron dividir a los genotipos en dos grupos contrastantes en cuanto al rendimiento; y el trabajo de Sanwal et al. (2015) en arveja verde que también utilizó la media de cada grupo para cada variable para lograr una descripción de los genotipos estudiados para seleccionar progenitores.

En el presente trabajo, los genotipos pudieron agruparse en 8 grupos usando los valores fenotípicos, con una distancia máxima entre grupos de 10,32 unidades (Tabla 1.26), y 6 grupos usando los valores genotípicos, con una distancia máxima entre grupos de 9,29 unidades (Tabla 1.28). En ambos casos las variedades Rapids y Early Sweet conformaron grupos individuales y las variedades Duke of Albany y Suttons se mantuvieron juntas en un grupo de dos (Gráficos 1.12A para valores fenotípicos y 1.13A para valores genotípicos).

Analizando los valores promedios de cada grupo (Tabla 1.27), puede verse que, para los valores fenotípicos, las variables que permitieron diferencias más a los grupos fueron NG, NV, C, LV, AV, ICOS, ALT, DPC, AcT, b, CRO, Ca y Cb ya que para el resto de las variables el solapamiento de los valores medios hizo muy dificultoso poder identificar grupos con valores medios claramente superiores (o inferiores) al resto.

En el mapa de calor (Gráfico 1.12) puede verse que tratar de describir cada genotipo según los valores medios del grupo al que pertenecen puede ser confuso y llevar a errores en la elección de parentales. Por ejemplo, el grupo con mayores NG y NV es el 5, integrado por

una única variedad (Rois des Conserves) y por lo tanto los valores promedios del grupo son los de la variedad. Cuando miramos en el mapa de calor puede apreciarse que la variedad Bolero, perteneciente al grupo 6 tiene un NG que no difiere significativamente del de Rois des Conserves ya que tiene el mismo color en el gradiente (y por lo tanto las diferencias entre ambas son menores a la diferencia mínima significativa), sin embargo, el NG promedio del grupo 6 es significativamente menor al del 5, siendo sólo superior al grupo 4. En cuanto a NV, las variedades Dante y Avon del grupo 6 y Cuarentona del grupo 1 tampoco difieren de Rois des Conserves aunque los promedios de los respectivos grupo sí.

Otro ejemplo es la variable ALT, donde los grupos 2, 4 y 6 presentan los valores promedios significativamente inferiores, pero al observar el mapa de calor se aprecia que dentro del grupo 6 está la variedad Dante que es la variedad de mayor ALT de todo el ensayo (139,19 cm) y en el grupo 1 están las variedades American Wonder y Accord, también con valores bajos de ALT.

Usando los valores genotípicos, 16 variables presentaron diferencias significativas entre valores medios de grupos (Tabla 1.29), y de ellas sólo la mitad pudo diferenciar claramente grupos con valores superiores o inferiores (C, LV, AV, ICOS, DPC, B, HUE y CRO). En cuanto a las variables productivas, sólo NG y NV presentaron diferencias significativas entre grupos, pero el solapamiento de los valores promedios no permitió definir grupos claramente superiores. Al analizar NG en el mapa de calor (Gráfico 1.13) puede verse que hay grupos con valores desfavorables en todos los genotipos integrantes, por ejemplo, los grupos 2, 5 y 6; un grupo (3) que presenta valores favorables e intermedios y un grupo (1) con valores intermedios y desfavorables; sin embargo, el grupo 4 presentó genotipos con valores en todos los intervalos al igual que con la variable NV.

Es evidente que, al realizar el agrupamiento sobre un gran número de variables, las distancias entre grupos no pueden interpretarse en función de una única variable, sino que deben ser consideradas de manera general.

Con el avance en las tecnologías y sobre todo con el abaratamiento de los costos, el primer paso de cualquier programa de mejoramiento es la evaluación de la variación tanto en caracteres morfológicos como datos moleculares. Aunque a veces los caracteres morfológicos son útiles, pueden verse afectados por las condiciones ambientales. Los marcadores moleculares son útiles para complementar los caracteres morfológicos y fenológicos porque son abundantes, independientes de los efectos ambientales y permiten la identificación del genotipo en las primeras etapas del desarrollo (Tar'an et al. 2005, Bouhadida et al. 2013).

Las regiones genómicas que contienen secuencias simples repetidas (SSR) amplificadas por PCR (*Polymerase Chain Reaction*) constituyen marcadores de ADN altamente polimórficos, conocidos como microsatélites y fueron creados por Litt y Luty en 1989. Cada marcador microsatélite, independientemente del elemento repetido, representa un locus genético multialélico. Los locus SSR son somáticamente estables y poseen expresión co-dominante, es decir, es posible diferenciar los distintos alelos de un locus. Los microsatélites proveen abundante información para calcular distancias entre poblaciones y también entre individuos ya que permiten distinguir los estados de los alelos de cada locus de marcador (datos de alelos por locus) (Bruno y Balzarini, 2009).

Por otro lado, la técnica SRAP (*sequence-related amplified polymorphism*) (Li y Quiros, 2001) ha sido reconocida como un sistema de marcadores moleculares de suma utilidad para la caracterización del germoplasma. Es una técnica simple desarrollada para especies del género Brassica (Li y Quiros, 2001) y utilizada posteriormente para estudios de diversidad genética en arveja (Tar'an et al. 2005, Espósito et al. 2007a, Cupic et al. 2009, Kumari et al. 2013, Guindon et al. 2016, Wu et al. 2017, Trněný et al. 2018, Ferradini et al. 2019, Stavridou et al. 2020).

En la tabla 1.32 puede observarse que con los datos combinados de los marcadores tipo SSR y SRAP se obtuvieron valores de Heterocigosidad esperada (H_e) cercana a 0,5 ($0,46 \pm 0,01$) y de Índice de Shannon (SH) cercano a la unidad ($0,93 \pm 0,02$) a nivel poblacional, indicando estos resultados la presencia de una alta diversidad a nivel genético.

La métrica utilizada en esta tesis, Roger-Modificada, se basa en la correlación de frecuencias alélicas, produce clasificaciones de individuos más parecidas y ligeramente diferentes a las que se podrían obtener por Nei-Estándar o por distancias basadas en índices de similitud (Bruno y Balzarini, 2009). En este caso, la mayor distancia fue de 0,73 entre las variedades Rois des Conserves y Super Scout, mientras que la menor distancia fue de 0,43 entre las variedades Panga y Gypsy.

Las distancias Euclídeas obtenidas con los datos morfo-agronómicos y de calidad de grano no muestran coincidencia con estos datos, ya que con los valores fenotípicos la mayor distancia se dio entre Bolero y Early Sweet (12,91) y la menor entre Suttons y Duke of Albany (3,51) y con los valores genotípicos la mayor entre Rapid y Rois des Conserves (11,48) y la menor, coincidentemente, entre Suttons y Duke of Albany (1,16). Al contrario que en este caso, Cupic et al. (2009), trabajando con distintas subespecies de arveja, encontraron que las distancias genéticas estimadas por los datos de marcadores moleculares (SSR) en comparación con las distancias estimadas por métodos convencionales (pedigrí y rasgos

morfológicos) mostraron mayor similitud con las distancias genéticas estimadas por datos morfológicos.

En el Análisis de Agrupamiento con los datos de los marcadores moleculares se formaron 6 grupos (Gráfico 1.16), altamente diferenciados entre sí. En la tabla 1.33 puede verse que los grupos 1 y 3 presentan una gran diversidad dentro del grupo, la cual puede apreciarse también por la dispersión de los puntos que representan a las variedades que los conforman en el Gráfico de Escalamiento multidimensional (Gráfico 1.17).

Una estrategia propuesta para seleccionar progenitores en base a su distancia es usar ambas clases de datos (morfológicos y moleculares) en conjunto, a través de la distancia de Gower. En este caso, las variedades que resultaron más distantes (Rois des Conserves y Super Scout) coinciden con la caracterización molecular (Tabla 2.1). Según Bertan et al. (2006), en general, el número de datos que se originan a partir de observaciones fenotípicas es mucho menor que los obtenidos a partir de marcadores moleculares, lo que genera cierto sesgo hacia el resultado del análisis molecular, por lo que el resultado revela una alta similitud entre los resultados obtenidos por el análisis en conjunto y los generados solo por datos moleculares.

Espósito et al. (2014), trabajando con 23 líneas parentales de arveja seca, analizaron la capacidad de predecir cruzamientos heteróticos entre las distancias genéticas morfológicas (Euclideas), moleculares (Dice) y ambas combinadas (Gower) entre los padres, comparándola con los cruzamientos heteróticos establecidos por la capacidad de combinación específica en un diseño de línea x probador. Los valores de correlación entre las distancias y la heterosis fueron débiles en todos los casos, sin embargo, el porcentaje de cruces heteróticos que se pueden predecir con éxito fue del 59% con la distancia de Dice, del 65% con las distancias Euclideas y del 66.7% con la distancia de Gower.

Los marcadores moleculares presentan información sobre la diversidad acumulada en el genoma, probablemente no relacionada con los caracteres de aptitud, y también de valor limitado para predecir el rendimiento (Dreisigacker et al., 2005). Por otro lado, si bien permiten obtener la caracterización de los genotipos en poco tiempo, las técnicas involucradas son costosas y requieren de instalaciones especiales. En este contexto parece más adecuado destinar esos recursos a generar mayor diversidad de entornos de pruebas a campo y concentrar los esfuerzos en seleccionar a los parentales en base a sus valores genotípicos y a la estabilidad, que en definitiva es la característica que determina el potencial comercial de las nuevas líneas obtenidas.

Se esperaría que los cruces que involucran los genotipos más diversos manifestaran heterosis máxima y liberación de segregantes transgresivos deseables (Singh y Mishra, 2008 y Nisar et

al., 2008). Cattáneo (2020), trabajando en arveja seca, llegó a la conclusión de que las distancias Euclídeas resultan ser buenas estimadoras de elevados valores de heterosis media y que dicha heterosis es eficaz en la predicción de segregantes transgresivos presentes en la F_2 . Sin embargo la eficacia de generar una población progenie con una alta variabilidad, evaluarla y detectar aquellas líneas recombinantes transgresivas que reúnan las características deseadas puede ser muy baja, y adoptar esta metodología depende, en última instancia, de los recursos económicos asignados al programa de mejoramiento.

Por otro lado, en el mejoramiento de arveja verde para congelar, el producto final debe reunir características morfo-agronómicas y de calidad de grano muy específicas. En caso de querer seleccionar los progenitores teniendo en cuenta la performance individual de cada genotipo, una forma útil de agruparlos es mediante los Árboles de Clasificación, metodología propuesta por Breiman et al. (1984).

Un árbol de regresión o de clasificación es un conjunto de muchas reglas determinadas por un procedimiento de ajuste por particiones binarias recursivas, donde un conjunto de datos es sucesivamente particionado. Estos modelos están pensados para captar comportamientos no aditivos y están relacionados con los conglomerados divisivos ya que, a partir de un solo grupo inicial, se separan dos subgrupos a partir de una de las variables regresoras de manera tal que la heterogeneidad, a nivel de la variable dependiente, sea mínima de acuerdo a la medida de heterogeneidad seleccionada. Los dos subgrupos (nodos) formados se separarán nuevamente si: 1) hay suficiente heterogeneidad para producir una partición de observaciones y/o 2) el tamaño del nodo es superior al mínimo establecido para continuar el algoritmo. El proceso se detiene cuando no se cumple una de estas condiciones. En cada instancia de separación el algoritmo analiza todas las variables regresoras y selecciona, para realizar la partición, aquella que permite conformar grupos más homogéneos dentro y más heterogéneos entre ellos (Di Rienzo et al. 2015).

El objetivo es particionar el conjunto original de datos en grupos homogéneos y a la vez mantener el árbol razonablemente pequeño. Para dividir los datos se requiere un criterio de particionamiento el cual determinará la medida de impureza, esta última establecerá el grado de homogeneidad entre los grupos. Cada grupo es caracterizado por la media de la variable respuesta, el tamaño del grupo y los valores de las variables explicativas que lo definen. Gráficamente, el árbol se representa con el nodo raíz (los datos sin ninguna división) al iniciar y las ramas y hojas debajo, siendo cada hoja el final de un grupo (Pineda 2009).

Según Amat Rodrigo (2017) las ventajas de los Árboles de Clasificación son que son fáciles de interpretar aun cuando las relaciones entre predictores son complejas, no requieren que

se cumpla ningún tipo de distribución específica ni estandarización, no se ven muy influenciados por *outliers*, son muy útiles en la exploración de datos ya que permiten identificar de forma rápida y eficiente las variables (predictores) más importantes de forma automática.

Algunas de sus desventajas son que cuando tratan con predictores continuos pierden parte de su información al categorizarlos en el momento de la división de los nodos, la división lograda es binaria (alto – bajo) sin intervalos intermedios y los predictores continuos tienen mayor probabilidad de contener algún punto de corte óptimo solo por azar y no posibilitan extrapolar fuera del rango observado.

Al construir un Árbol de Clasificación con los valores fenotípicos (Gráfico 1.14) las variables que mejor permitieron particionar al conjunto de genotipos fueron RE, C, %REPC, ALT, NG y Ca; obteniéndose al final 8 hojas o grupos. En este caso es posible decir que las variedades Avon, Bolero y Cuarentona tienen altos RE y C menores, mientras que Dante, Early Perfection y Duke of Albany también tienen altos RE pero C superiores. Otro ejemplo: las variedades Eaton y Filigreen afila tienen menores RE, NG/V, Ca y C y mayor %REPC (Tabla 1.30).

Al usar los valores genotípicos (Gráfico 1.15), las variables utilizadas fueron: RE, %REPC, C, NG, NG/V y Ca. La clasificación lograda es muy similar a la anterior, con la única diferencia que en el grupo de menores RE y %REPC la división final se realiza en base al NG en lugar de ALT (Tabla 1.31).

Según de Souza et al. (2000) el fracaso de cualquier genotipo dado para ser sobresaliente para todos los caracteres, sugiere que antes de elegir a los mejores individuos como padres, el criador debe sopesar cada rasgo cuidadosamente de acuerdo con sus objetivos. Teóricamente, la opción más eficiente es el índice de selección (Falconer, 1989), donde el valor genotípico de cada variable para cada genotipo se pondera adecuadamente de acuerdo con su importancia económica relativa.

En base al ideotipo de planta establecido y considerando que se logra una mayor eficacia al utilizar un número de variables más reducido, se utilizaron las variables RE, ALT, DPC, %REPC, C e IC en la construcción de diferentes índices de selección para determinar cuáles son las mejores variedades para actuar como progenitoras.

Los índices de selección permiten separar genotipos con base en la evaluación simultánea de varios caracteres y presentan la ventaja, además de incluir la ponderación económica, de poder establecer si lo que se busca son valores altos o bajos para cada variable, por ejemplo, fijar como objetivo progenitoras con altos RE y %REPC pero bajos ALT y DPC. El inconveniente en estos casos surge con las variables en las cuales se buscan valores

intermedios, como es el caso de C, o valores en torno a un rango óptimo definido, como es el caso de las variables relativas al color de grano.

Según Cerón-Rojas y Sahagún-Castellanos (2005), la selección de genotipos basada en la evaluación simultánea de dos o más caracteres se ha hecho, principalmente, de acuerdo con el índice de selección desarrollado por Smith en 1936 (IS) como una combinación lineal de los valores fenotípicos de los caracteres de interés, aunque sus requerimientos incluyen la asignación, frecuentemente subjetiva, de los pesos económicos de los valores genotípicos de los caracteres involucrados en la selección.

El valor económico se define como el aumento en las ganancias logradas al mejorar una variable particular en una unidad. Esto significa que, para varias variables, el valor económico total es una combinación lineal de los valores genéticos de estas variables ponderados por sus respectivos valores económicos constituyendo el mérito genético neto de un individuo. Según Cerón-Rojas y Crossa (2018), el mérito genético neto de un individuo no es observable en la práctica; por lo tanto, para seleccionar a un individuo como padre, es necesario considerar su mérito general basado en varios rasgos observables; construyendo un índice de selección de valores fenotípicos observables de manera que la correlación entre éste y el mérito genético neto sea máxima.

Para un conjunto particular de variables, el IS permite un mérito adicional en una variable para compensar defectos leves en otra. Por lo tanto, individuos con mérito muy alto en algunos rasgos son selectos incluso cuando son ligeramente inferiores en otros rasgos (Hazel y Lush 1942).

Otro problema del IS es que cuando se utiliza para seleccionar individuos como padres para el próximo ciclo de selección, la media esperada de los rasgos puede aumentar o disminuir en una dirección positiva o negativa sin control.

La respuesta de selección del IS está asociada con la media del mérito genético neto y se definió como la media de la progenie de los padres seleccionados o la media de la población futura (Cochran 1951). Por otro lado, la ganancia genética esperada del IS por variable, o respuesta de selección de múltiples variables, es la media poblacional de la progenie para cada variable bajo selección. Por tanto, aunque la respuesta de selección del IS está asociada con la media del mérito genético neto, la ganancia genética esperada por variable está asociada con la media de cada variable bajo selección (Cerón-Rojas y Crossa, 2018).

Analizando los resultados obtenidos con IS en esta tesis (Tabla 2.3), puede verse que para las variables ALT y DPC se obtienen ganancias genéticas esperadas positivas, lo cual resulta

desfavorable. En el caso de ALT, un mayor valor implica el riesgo de que el cultivo se vuelque, provocando una menor eficiencia en la cosecha junto con el problema de la presencia de tierra en el producto cosechado que aumenta los costos de procesado (más lavado) y disminuye la calidad del grano, mientras que para DPC, un atraso en la fecha de cosecha implica el riesgo de que la misma coincida con el inicio de la temporada de mayores precipitaciones complicando la entrada de las máquinas al lote con el riesgo de perder calidad de grano, o incluso toda la producción, ya que la ventana de tiempo entre el máximo tamaño de grano y el inicio del llenado (momento en que debe realizarse la cosecha) es muy estrecha.

Para el caso de RE, si se lo analiza en conjunto con %REPC, el IS fue favorable ya que, si bien la ganancia esperada en RE no fue máxima, este aumento de producción puede aprovecharse en un sistema de producción con cosecha mecánica debido a la mayor concentración de la producción en el tiempo. En cuanto al C, como el promedio del conjunto de genotipos analizados está levemente por encima del límite del grado medio preferido por los consumidores, una leve disminución es favorable; al igual que en el caso del IC en el cual una disminución implica que el color del grano se acerca más al verde intenso.

Cerón-Rojas et al. (2006, 2008a, 2016) desarrollaron un índice de selección basado en el ACP denominado "Eigen selection index method (ESIM)" en el cual el primer vector propio de la heredabilidad de rasgos múltiples se usa como su vector de coeficientes, y el primer valor propio de la heredabilidad de rasgos múltiples se usa en la respuesta de selección.

Este índice se basa en la teoría del índice de Smith pero se diferencia en que no requiere que se conozcan los pesos económicos, y debido a sus propiedades asociadas, es posible utilizar la teoría de matrices similares para cambiar la dirección y proporción de los valores de ganancia genética esperados sin afectar la precisión.

ESIM asume que la matriz de varianza-covarianza genotípica multiplicada por el vector de pesos económicos es igual al vector propio de la matriz de varianza-covarianza fenotípica. Debido a que ESIM podría asignar un peso negativo a una variable importante, se debe cambiar el signo de la puntuación del primer componente principal (ponderación) para seleccionar individuos con altos valores en la dirección correcta.

La variabilidad de las variables afecta directamente a ESIM porque el método asigna más peso a los caracteres con mayor varianza fenotípica.

Para calcular el índice ESIM se asignaron signos positivos a las variables RE y %REPC y negativos al resto ya que se pretende lograr una disminución en sus valores.

Analizando los resultados obtenidos (Tabla 2.3), puede verse que se logra la mayor ganancia esperada en %REPC pero la ganancia en RE es la menor; esto puede deberse a que la variable %REPC presentó un mayor CVF comparado con el de RE (52,9 y 49,8 respectivamente) y por lo tanto tuvo mayor peso en la construcción del índice. Con estos resultados, casi un 50% de la producción se concentraría en la primera cosecha, sin embargo, este alto porcentaje no logra compensar el menor incremento en RE, lográndose un RE estimado en la primera cosecha de 376,66g en contraste con 445,01g que se lograrían aplicando IS.

Para las otras variables, se lograron ganancias esperadas en la dirección correcta (disminuciones) siendo para ALT, C e IC las mayores diferencias.

La decisión de selección mejorará si la predicción de los valores genéticos tiene en cuenta toda información disponible, es decir, datos fenotípicos de pruebas de campo, datos de marcadores moleculares e información de pedigrí de las líneas.

Como la información del pedigrí entre las líneas parentales a menudo es incompleta, Bauer et al. (2006) sugirieron integrar similitudes genéticas, que se calculan en base a datos de marcadores moleculares, en la predicción. Posteriormente (Bauer et al., 2008) utilizaron datos de dos años de 152 accesiones de cebada de primavera, también analizadas mediante 23 marcadores SSR, para calcular los valores de reproducción mediante la mejor predicción lineal insesgada (BLUP) reemplazando la matriz de relación genética estándar A, que incluye la covarianza genética aditiva entre individuos por una matriz de similitudes genéticas. Estos autores llegaron a la conclusión de que, si la información del pedigrí entre las líneas parentales está incompleta o no está disponible, la respuesta de selección puede mejorarse utilizando similitudes genéticas en la predicción de valores genéticos para caracteres individuales.

Lande y Thompson (1990) establecieron las bases teóricas de la selección asistida por marcadores moleculares (MAS) para la selección de múltiples caracteres cuantitativos utilizando estudios de simulación por computadora. El procedimiento que propusieron está basado en un índice en el que se combina la información fenotípica con los efectos de los QTL (*Quantitative Trait Loci*) asociados a los marcadores moleculares (MM), también denominados efectos MQTL.

En la construcción del índice de selección de Lande y Thompson (1990) se requiere identificar el ligamiento entre el MM y el QTL en un mapa de QTLs o MMs, estimar los efectos MQTLs y combinar dichos efectos con la información fenotípica para clasificar los individuos.

Cerón-Rojas et al. (2008b) extendieron el ESIM a un ESIM molecular (MESIM), que obtiene el vector de coeficientes basado en el Análisis de Correlación Canónica y la teoría de descomposición de valores singulares. Posteriormente (Cerón-Rojas, 2009), siguiendo la modificación propuesta por Whittaker (2003) en poblaciones endogámicas, sugirió que en lugar de estimar los efectos MQTL para luego construir el índice de selección, se pueden incorporar los marcadores moleculares como variables aleatorias adicionales en el índice, lo cual permite predecir los valores genotípicos en una sola etapa. A tal procedimiento lo llamaron selección del genoma completo (*Genome-Wide Selection* o GWS, por sus siglas en inglés). En GWS se utilizan todos los MM sin importar si éstos están ligados a los efectos aditivos de los QTL y sin estimar los efectos MQTL (Bernardo y Yu, 2008).

Al procedimiento propuesto por Cerón-Rojas (2009) se le llamó índice de selección molecular del genoma completo basado en Eigen análisis, o $MESIM_{GW}$ (por sus siglas en inglés). Utiliza valores genéticos estimados genómicos y valores fenotípicos de manera conjunta para predecir el mérito genético neto. Además, la teoría MESIM se aplica directamente al $MESIM_{GW}$ con cambios menores. Por ejemplo, en lugar de puntuaciones de marcadores, se utilizan los valores genéticos estimados genómicos para predecir el mérito genético neto. La disponibilidad de abundantes marcadores moleculares puede ayudar a lograr un progreso más rápido mediante la selección de todo el genoma que con los métodos de mejoramiento tradicionales o con MAS (Bernardo y Yu 2007).

Analizando los resultados obtenidos (Tabla 2.3), $MESIM_{GW}$ superó ampliamente a los otros dos índices de selección en cuanto a la ganancia esperada en RE, logrando un valor de 632,10 g contra 71,54 g para ESIM y 288,39 g para IS. Sin embargo %REPC se reduce notoriamente (-14,85%) y sólo un 29,52% (en promedio) del RE se concentraría en la primera cosecha en el conjunto de líneas obtenidas a partir del cruzamiento de los progenitores selectos. Analizando ambas variables en conjunto el RE en la primera cosecha sería el mayor para IS en teoría, ya que alcanza un valor de 445,01 g, mientras que para ESIM sería 376,66 g y para $MESIM_{GW}$ 388,79 g.

Para DPC se logra con $MESIM_{GW}$ la mayor reducción (-5,11) permitiendo adelantar la fecha de cosecha significativamente. En ALT también se logra una reducción, aunque ésta es menos que la lograda con ESIM (-2,17 cm contra -15,01 cm).

Analizando todas las variables en conjunto, el mejor índice de selección es ESIM, y las variedades selectas para usar como progenitoras en programas de mejoramiento según esta estrategia son Filigreen afila y Rois des Conserves.

Otra forma de seleccionar progenitores en base a su performance sería mediante la estrategia de cruzamiento complementario, en la cual se seleccionan progenitores que se destacan en alguna o algunas variables para cruzarlos con progenitores que se destacan en otras variables diferentes.

Según Yan y Frégeau-Reid (2008), el requisito para un posible progenitor es que sea sobresaliente en uno o más de los objetivos de mejoramiento; en este caso, un índice de selección más alto es deseable pero no esencial. La estrategia más apropiada para seleccionar padres superiores puede ser la selección independiente para diferentes variables, en contraposición a la selección por niveles de corte independientes o al índice de selección ya que la selección de los niveles deseados (o descarte de los niveles no deseados) de una variable puede significar la selección en contra en los niveles deseados de otra y la selección por índices también puede conducir a la pérdida de materiales con niveles deseables para alguna característica en particular o a la retención de materiales que tienen defectos graves para algunos rasgos.

Un biplot genotipo por variable (GT biplot) es una herramienta eficaz para explorar datos obtenidos en la evaluación de múltiples variables en muchos genotipos (Yan y Rajcan, 2002), ya que permite la visualización de las asociaciones entre variables a través de los genotipos y del perfil de caracteres de cada genotipo.

En este tipo de gráficos, la longitud del vector de un genotipo, que es la distancia entre el genotipo y el origen del biplot, es una medida de la peculiaridad del genotipo (es decir, en qué se diferencia de un genotipo "promedio"). Por tanto, los genotipos con vectores largos son aquellos que tienen niveles extremos para una o más variables y por lo tanto esta metodología constituye una forma rápida y visual para identificar genotipos que tienen perfiles de caracteres útiles y extremos.

En la vista del polígono "Quién Gana Qué (Wich Won What)" del análisis GT biplot realizado con las 24 variedades de arveja de tipo rugoso en esta tesis (Gráfico 2.1), dichos genotipos peculiares son fácilmente identificable ya que son los vértices del polígono formado. Así, los genotipos con niveles más extremos para una o más variables fueron: Cuarentona, Early Sweet y Rapid.

En esta vista se pueden delimitar también sectores formados por las perpendiculares a los lados adyacentes que reúnen genotipos con valores altos para las variables que se ubican en dicho sector, mientras que los sectores opuestos, reúnen genotipos con valores bajos. Para cumplir con los objetivos propuestos para un programa de mejoramiento de arveja verde para

congelar, y en concordancia con las variables utilizadas en la construcción de los índices de selección, puede verse que los sectores con genotipos complementarios son:

- sector 2: genotipos de alto RE y bajo C (Cuarentona, Rois des Conserves, Early Perfection y Accord)
- sector 4: genotipos de bajos ALT y DPC (Rapid, Trianon, Granada, Sutttons y Filigreen afila)
- sector 5: genotipos de alto %REPC y bajo IC (Panga, Withan Wonder, Sutttons y Duke of Albany)

y por lo tanto se debería elegir un genotipo de cada sector para generar un cruzamiento con tres progenitores.

Debido a que el rendimiento es el carácter más importante en todos los planes de mejoramiento, es importante juzgar la superioridad de los genotipos para alguna variable en combinación con el rendimiento. El método de GYT biplot propuesto por Yan y Frégeau-Reid (2018) clasifica los genotipos en función de sus niveles en la combinación de rendimiento con otros caracteres objetivo y al mismo tiempo muestra sus fortalezas y debilidades. Según estos autores, en comparación con los métodos existentes, este enfoque es gráfico, objetivo, eficaz y sencillo.

De esta manera los genotipos se evalúan por sus niveles en la combinación de rendimiento con otras variables en lugar de por sus niveles en variables individuales, multiplicando ambos valores en caso de que un valor alto de la variable en cuestión fuera favorable o dividiéndolos en caso contrario. De este modo pueden buscarse variedades con características favorables y con altos rendimientos.

Al aplicar esta metodología, el modelo explicó un porcentaje mucho mayor de la variabilidad observada (85,15%) en comparación con GT biplot (50,89%). En este caso el polígono resultante quedó definido por 7 vértices (Gráfico 2.2): Bolero, Cuarentona, Rapid, Filigreen afila, Withan Wonder y Panga y se delimitaron 3 sectores que contenían combinaciones de variables. Así, para cumplir los objetivos fijados, deberían elegirse como progenitores complementarios a Bolero (favorable para RE-%REPC, RE-ALT, RE-C y RE-DPC) y Withan Wonder (favorable para RE-IC).

Por otro lado, en la vista de la performance promedio (en todas las variables) y la estabilidad en cuanto a la expresión de las combinaciones RE-variable de los genotipos pueden elegirse aquellos genotipos que presentan una expresión superior al promedio (a la derecha de la perpendicular) además de separar aquellos genotipos con una expresión armónica en el

conjunto de combinaciones (próximos a ATA) de aquellos que presentan fortalezas o debilidades (Gráfico 2.3).

Con esta metodología quedaron selectos los genotipos Bolero, Withan Wonder y Early Perfection. Sólo estos dos últimos genotipos coinciden con la metodología GT biplot ya que pertenecen a los sectores 5 y 2 respectivamente; sin embargo, la variedad Bolero que es la primera elección en el método GTY biplot, no hubiese sido seleccionada con el método GT biplot.

En resumen, con la estrategia de cruzamientos distantes se seleccionaron las variedades Rois de Conserves y Super Scout; con la estrategia de cruzamientos entre líneas elite y el índice de selección ESIM también se seleccionó a Super Scout pero en combinación con Filigreen afila, mientras que para los cruzamientos complementarios resultaron selectas las variedades Bolero y Withan Wonder con la posibilidad de incluir también a Early Perfection.

La estrategia de selección de líneas de segundo ciclo es más eficiente en cuanto a costos y tiempo requerido, seguida por la estrategia de cruzamientos complementarios y por último la estrategia de cruzamientos entre variedades distantes. Sin embargo, para que un programa de mejoramiento se mantenga en el tiempo, es necesario mantener un alto nivel de variabilidad que permita identificar distintos progenitores a ser usados en diferentes momentos. En este caso es recomendable combinar todas estas estrategias utilizando por ejemplo la estrategia de cruzamientos distantes para generar líneas recombinantes que reúnan dos o más características de interés que posteriormente puedan ser usadas como parentales complementarios al mismo tiempo que se obtienen las líneas de segundo ciclo.

CONCLUSIONES

* El Análisis de la Variancia mostró diferencias significativas y altamente significativas entre variedades para la mayoría de las variables excepto para las variables FG y SST que fueron excluidas del análisis. Sólo para las variables NV, LV, AV, AcT, VitC y CRO no se registraron interacciones dobles o triple significativas, mientras que para el resto de las variables sí.

* Las variables %REPC, NG/V, VitC, DPSC, NV, IM, PV y RE presentan una baja relación CVG/CVF; indicando que las variaciones observadas para estas variables no se debieron principalmente a factores genéticos sino a una elevada influencia del medio ambiente en la expresión de ellos, por lo tanto, la selección de estos caracteres sobre la base del valor fenotípico no será efectiva. Por otro lado, NG, pH, AcT, AV e ICOS presentan relación intermedia, mientras que el resto de las variables presenta una relación cercana o superior a uno, siendo las más altas para C (2,25) y ALT (2,27), indicando que para estas variables la selección en base al fenotipo puede resultar en ganancia por selección.

* El estudio de la IGA puso en evidencia que los distintos entornos de prueba generados tienen diferente capacidad informativa (entornos discriminantes) como representatividad según cuál sea la variable analizada, remarcando así la importancia de tener en cuenta su magnitud en el momento de evaluar diferentes genotipos como posibles parentales.

* El cálculo de los valores genotípicos mediante el procedimiento REML / BLUP fue posible ya que se contaba con datos de 4 entornos de prueba y permitió predecir los valores genéticos sin las influencias del ambiente y de la IGA.

* El cálculo de las correlaciones fenotípicas y genotípicas, así como su estudio mediante representaciones gráficas de los ACP con valores fenotípicos y genotípicos se comprueba que las variables morfo-agronómicas (específicamente RE, NG, PV y NV) no están correlacionadas con las de calidad de grano (por ejemplo, las variables relativas al color). También se observó que las correlaciones genotípicas significativas fueron menores que las fenotípicas para los pares de variables: RE-NG, RE-PV, RE-NV, NG-PV, PV-NV y DPC-ICOS

mientras que para el resto de los pares de variables fueron mayores o similares, indicando una fuerte asociación entre los caracteres.

* El Análisis de Conglomerados con valores fenotípicos permitió la conformación de 8 grupos y las variables que permitieron diferenciar los grupos fueron NG, NV, C, LV, AV, ICOS, ALT, DPC, AcT, b, CRO, Ca y Cb. Usando los valores genotípicos se formaron 6 grupos; 16 variables presentaron diferencias significativas entre valores medios de grupos, y de ellas sólo la mitad pudo diferenciar claramente grupos con valores superiores o inferiores (C, LV, AV, ICOS, DPC, B, HUE y CRO).

Como el agrupamiento se realizó sobre un gran número de variables, las distancias entre grupos no pueden interpretarse en función de una única variable, sino que deben ser consideradas de manera general y los valores promedios de cada grupo no son descriptores fieles de los genotipos que los integran.

* El Árbol de Clasificación con valores fenotípicos determinó que las variables que mejor permitieron particionar al conjunto de genotipos fueron RE, C, %REPC, ALT, NG y Ca; obteniéndose al final 8 hojas o grupos. Con el uso de los valores genotípicos, las variables utilizadas son: RE, %REPC, C, NG, NG/V y Ca. La clasificación lograda es muy similar en ambos árboles, con la única diferencia que en el grupo de menores RE y %REPC la división final en el árbol de valores genotípicos se realiza en base al NG en lugar de ALT. Esta metodología permite describir a cada genotipo según las características de la hoja o grupo al que pertenece.

*Se obtuvieron 121 bandas polimórficas y un porcentaje de loci polimórficos del 90% con para la caracterización molecular El análisis de Agrupamiento permitió formar 6 grupos altamente diferenciados.

* La mayor distancia Euclídea con los valores fenotípicos se presentó entre las variedades Bolero y Early Sweet (12,91) y utilizando los valores genotípicos lo fué entre las variedades Rapid y Rois des Conserves (11,48). Con los datos de MM la mayor distancia de Roger-Modificada se dio entre las variedades Rois des Conserves y Super Scout (0,73) al igual que con la distancia de Gower (0,69) usando MM y datos morfo-agronómicos. Esta última

coincidencia puede deberse al desbalance entre la cantidad de datos morfo-agronómicos y la de MM.

* Para la estrategia de cruzamientos entre variedades con la mayor distancia genética posible para generar una población segregante (F_2) con alta variabilidad es preferible utilizar sólo los datos de los valores genotípicos que además pueden utilizarse en otras metodologías de selección de parentales.

* Para una estrategia de cruzamientos entre variedades sólo con características deseables para obtener una F_2 con variabilidad, pero con una alta frecuencia de alelos favorables resultó más apropiado el índice de selección ESIM ya que permitió obtener una ganancia esperada favorable en la mayor cantidad de variables objetivo (ALT, %REPC, C e IC).

* La caracterización por MM no resultó de utilidad en la selección de progenitores y se sugiere que es más eficiente destinar los recursos a mejorar la evaluación de caracteres morfológicos generando más entornos de prueba que permitan estimar los valores genotípicos y evaluar la estabilidad de los genotipos.

* El análisis de GTY biplot resultó adecuado para la estrategia de cruzamientos complementarios, ya que permitió identificar genotipos que además de buen RE se destacaron en una o más variable objetivo.

* La estrategia de selección de líneas de segundo ciclo es más eficiente en cuanto a costos y tiempo requerido, seguida por la estrategia de cruzamientos complementarios y por último la estrategia de cruzamientos entre variedades distantes. Sin embargo, para que un programa de mejoramiento se mantenga en el tiempo, es recomendable combinar todas estas estrategias utilizando por ejemplo la estrategia de cruzamientos distantes para generar líneas recombinantes que reúnan dos o más características de interés que posteriormente puedan ser usadas como parentales complementarios, al mismo tiempo que se obtienen las líneas de segundo ciclo.

BIBLIOGRAFÍA

- Abdi H, Williams LJ. 2010. Principal component analysis. WIREs Computational Statistics 2: 433–459. <https://doi.org/10.1002/wics.101>
- Abi-Ghanem R, Carpenter-Boggs L, Smith JL. 2011. Cultivar effects on nitrogen fixation in peas and lentils. *Biol. Fertil. Soils.* 47:115-120.
- Afreen S., Kumar Singh A., Prasad D. 2017. Character Association for Yield and Yield Attributing Traits in Diverse Genotypes of Garden Pea (*Pisum sativum* var *hortense* L.). *Environment & Ecology* 35 (2C): 1400—1404.
- Ajmal SU, Zakir N, Mujahid MY. 2009. Estimation of genetic parameters and character association in wheat. *J Agric. Biol. Sci.* 1: 15-18.
- Alvarado G, López M, Vargas M, Pacheco A, Rodríguez F, Burgueño J, Crossa J. 2016. META-R (Multi Environment Trial Analysis whit R for Windows.) Version 6.0 International Maize and Wheat Improvement Center. <http://hdl.handle.net/11529/10201>
- Amat Rodrigo J. 2017. Árboles de decisión, random forest, gradient boosting y C5.0, available under a Attribution 4.0 International (CC BY 4.0) at https://www.cienciadedatos.net/documentos/33_arboles_decision_random_forest_gradient_boosting_C50.html
- Ambrose MJ. 2004. A novel allele at the afila (*Af*) locus and new alleles at the tendril-less (*Tl*) locus, *Pisum Gen.* 36: pp:1-2.
- Ambrose, MJ. 2008. Vegetables II: Fabaceae, Liliaceae, Solanaceae, and Umbelliferae, Prohens, J., Nuez, F. (Eds.) Handbook of plant breeding. Springer, New York. chapter 1: Garden pea. pp 3-27.
- Amini F, Mirlohi A, Majidi MM, ShojaieFar S, Kölliker R. 2011. Improved polycross breeding of tall fescue through marker-based parental selection. *Plant Breeding* 130, 701–707. <https://doi.org/10.1111/j.1439-0523.2011.01884.x>
- AOAC. 2000. Official Methods of Analysis., Horwitz W (Ed) 17th Edition. The Association of Official Analytical Chemists. Gaithersburg, MD. USA. 2200pp, Methods 981, 12, 942 y 15.
- Ashana AN, Pandey VK. 1980. Genetic divergence in linseed. *Indian J. Genet. Pl. Breed.* 40: 247-250.

- Azmat MA, Nawab NN, Khan AA, Ashraf M, Niaz S, Mahmood K. 2011. Characterization of Pea Germplasm. *International Journal of Vegetable Science* 17, 246–258. <https://doi.org/10.1080/19315260.2010.544380>
- Balzarini MS, Milligan B, Kang MS. 2002. Best linear unbiased prediction: a mixed-model approach in multienvironment trials. In: Kang MS (ed.), *Crop Improvement: challenges in the twenty-first century*, Haworth Press, Inc., New York
- Baranger A, Aubert G, Arnau G, Lainé AL, Deniot G, Potier J, Weinachter C, Lejeune-Hénaut I, Lallemand J, Burstin J. 2004. Genetic diversity within *Pisum sativum* using protein- and PCR-based markers. *Theor Appl Genet.* May;108(7):1309-21. <https://doi.org/10.1007/s00122-003-1540-5> Epub 2004 Jan 15. PMID: 14727027.
- Barcchiya J, Naidu A, Mehta A, Upadhyay A. 2018. Genetic variability, heritability and genetic advance for yield and yield components in pea (*Pisum sativum* L.). *International Journal of Chemical Studies* 6(2): 3324-3327.
- Barrett DM, Beaulieu JC, Shewfelt R. 2010. Color, flavor, texture, and nutritional quality of fresh-cut fruits and vegetables: desirable levels, instrumental and sensory measurement, and the effects of processing. *Critical Reviews in Food Science and Nutrition* 50(5): 369–389.
- Barton NH, Turelli M. 1989. Evolutionary quantitative genetics: how little do we know? *Annu Rev Genet* 23: 337–370.
- Bashir IB, Ishtiaq SI, Fiaz SF, Sajjad M.S. 2017. Association of yield attributing traits in pea (*Pisum sativum* L.) germplasm. *Banat's Journal of Biotechnology* VIII: 43–49. [https://doi.org/10.7904/2068-4738-VIII\(15\)-43](https://doi.org/10.7904/2068-4738-VIII(15)-43)
- Bassam BJ, Caetano-Anolles G, Gresshoff PM. 1991. Fast and sensitive silver staining of DNA in polyacrylamide gels. *Analytical Biochemistry* 196: 80-83.
- Bauer AM, Léon J. 2018. Selecting parental inbred lines by breeding values – some news Institute of Crop Science and Resource Conservation, Chair of Plant Breeding, Univ. of Bonn, Germany.
- Bauer AM, Reetz TC, Léon J. 2006. Estimation of Breeding Values of Inbred Lines using Best Linear Unbiased Prediction (BLUP) and Genetic Similarities. *Crop Science* 46, 2685. <https://doi.org/10.2135/cropsci2006.01.0019>

- Bauer AM, Reetz TC, León J. 2008. Predicting breeding values of spring barley accessions by using the singular value decomposition of genetic similarities. *Plant Breeding* 127: 274–278. <https://doi.org/10.1111/j.1439-0523.2007.01459.x>
- Becker HC, León J. 1988. Stability analysis in plant breeding. *Plant Breeding* 101: 1–23.
- Becker HC. 1987. Para la heredabilidad de las medidas estadísticas para la seguridad del rendimiento (Zur Heritabilität statistischer Maßzahlen für die Ertragssicherheit. Vortrag). *Conferencia sobre fitomejoramiento* 12: 134–144. [Google Scholar]
- Bernal I. 1993. Análisis de los Alimentos. Academia Colombiana de Ciencias Exactas, Físicas y Naturales. Colección Julio Carrizosa Valenzuela No2. Santa Fe de Bogotá. pp: 1–14.
- Bernardo R, Yu J. 2007. Prospects for genomewide selection for quantitative traits in maize. *Crop Science* 47: 1082-1090.
- Bertan R, Carvalho OIFD, Oliveira ACD. 2007. Parental Selection Strategies in Plant Breeding Programs. Review Article. *J. Crop Sci. Biotech.* 10 (4): 211- 222
- Bertan R., Carvalho OIFD, Oliveira ACD. 2006. Parental Selection Strategies in Plant Breeding Programs. *J. Crop Sci. Biotech.* 10 (4): 211-222.
- Bhuvaneswari S, Sharma SK, Punitha P, Shashidhar KS, Naveenkumar KL, Prakash N. 2016. Evaluation of morphological diversity of field pea [*Pisum sativum* subsp.*arvense* (L.)] germplasm under sub-tropical climate of Manipur. *Legume Research - An International Journal* 40(2): 215-223. <https://doi.org/10.18805/lr.v0iOF.10756>
- Björklund M. 2019. Be careful with your principal components. *Evolution* 73: 2151–2158. <https://doi.org/10.1111/evo.13835>
- Blixt S. 1972. Mutation genetics in *Pisum*. *Agri. Hortique. Genetica* 30:1-293.
- Blixt, S. 1974. The pea, p. 181–221. In: R.C. King (ed.). *Handbook of genetics*. Vol. 2. Plenum Press, New York.
- Bouhadida M, Srarfi F, Saadi I, Kharrat M. 2013. Molecular characterization of pea (*Pisum sativum* L.) using microsatellite markers. *Journal of Applied Chemistry* 5: 57-61.
- Bourion V, Rizvi SM, Fournier S, de Larambergue H, Galmiche F, Marget P, Duc G, Burstin J. 2010. Genetic dissection of nitrogen nutrition in pea through a QTL approach of root, nodule, and shoot variability. *Theor Applied Genet* 121(1): 71–86. <https://doi.org/10.1007/s00122-010-1292-y>

- Bozokalfa MK, Esiyok D, Ilbi H, Kaygisiz AT. 2010. Estimates of genetic variability and association studies in quantitative plant traits of *Eruca* spp. landraces. *Genetika* 42(3): 501-512.
- Breiman L, Friedman JH, Olshen RA, Stone CJ. 1984. *Classification and Regression Trees*. 1st ed. Boca Raton, Florida: Chapman Hall/CRC. <https://www.crcpress.com/Classification-and-Regression-Trees/Breiman-Friedman-Stone-Olshen/p/book/9780412048418>.
- Brown J, Caligari PDS. 2008. *An introduction to plant breeding*. Blackwell Pub. Ltd. Oxford, UK. 209 pp.
- Bruno C, Balzarini M. 2009. Distancias genéticas entre perfiles moleculares obtenidos desde marcadores multilocus multialélicos. *Rev. FCA UNCuyo*. XLI(3): 171-182.
- Burstin J, Deniot G, Potier J, Weinachter C, Aubert G, Baranger A. 2001. Microsatellite polymorphism in *Pisum sativum*. *Plant Breeding* 120:311-317.
- Burstin J, Marget P, Huart M, et al. 2007. Developmental genes have pleiotropic effects on plant morphology and source capacity, eventually impacting on seed protein content and productivity in pea. *Plant Physiol* 144(2): 768–781.
- Burstin J, Rameau C, Bourion V, Tayeh N. 2018. The PeaMUST project: defining ideotypes for the pea crop development. *OCL* 25, D604. <https://doi.org/10.1051/ocl/2018056>
- Burstin J, Salloignon P, Chabert-Martinello M, Magnin-Robert JM, Siol M, Jacquin F, Chauveau A, Pont C, Aubert G, Delaitre C, Truntzer C, Duc G. 2015. Genetic diversity and trait genomic prediction in a pea diversity panel. *BMC Genomics* 16 (105): 1-17. <https://doi.org/10.1186/s12864-015-1266-1>
- Burton GW, DeVane EH. 1953. Estimating heritability in tall fescue (*Festuca arundinacea*) from replicated clonal material. *Agronomy Journal*. 45: 478-481.
- Burton GW. 1952. Quantitative inheritance in grasses. *Proc. Sixth International Grassland Congress 1*: 297–283. State College. Aug 17–23. National Publishing Company. Washington DC.
- Busemeyer L, Mentrup D, Möller K, et al. 2013a. Breedvision—A multi-sensor platform for non-destructive field-based phenotyping in plant breeding. *Sensors* 13(3): 2830-2847. <https://doi.org/10.3390/s130302830>
- Busemeyer L, Ruckelshausen A, Möller K, Melchinger AE, Alheit KV, Maurer HP, Hahn V, Weissmann EA, Reif JC, Würschum T. 2013b. Precision phenotyping of biomass

- accumulation in triticale reveals temporal genetic patterns of regulation. *Scientific Reports* 3, 2442. <https://doi.org/10.1038/srep02442>
- Cerón-Rojas JJ, Crossa J, Sahagún-Castellanos J, Castillo-González F, Santacruz-Varela A. 2006. A selection index method based on eigen analysis. *Crop Sci* 46: 1711–1721.
- Cerón-Rojas JJ, Crossa J, Toledo FH, Sahagún-Castellanos J. 2016. A predetermined proportional gains eigen selection index method. *Crop Sci* 56: 2436–2447.
- Céron-Rojas JJ, Crossa J. 2018. *Linear Selection Indices in Modern Plant Breeding*. Springer International Publishing, Cham. 256 pp. <https://doi.org/10.1007/978-3-319-91223-3>
- Cerón-Rojas JJ, Sahagún-Castellanos J, Castillo-González F, Santacruz-Varela A, Crossa J. 2008a. A restricted selection index method based on eigenanalysis. *J Agric Biol Environ Stat* 13(4): 421–438.
- Cerón-Rojas JJ, Sahagún-Castellanos J, Castillo-González F, Santacruz-Varela A, Benítez-Riquelme I, Crossa J. 2008b. A molecular selection index method based on eigenanalysis. *Genetics* 180: 547–557.
- Cerón-Rojas JJ, Sahagún-Castellanos J. 2005. Un índice de selección basado en Componentes Principales. *Agrociencia* 39(6): 667-677.
- Cerón-Rojas, J.J. 2009. Índices de selección molecular Un nuevo enfoque. Campus Montecillo Postgrado De Recursos Genéticos Y Productividad Genética. Tesis. 108pp.
- Chakraborty R Chakraborty S. 2010. Genetic variability and correlation of some morphometric traits with grain yield in bold grained rice (*Oryza sativa* L.) gene pool of Barak valley. *American-Eurasian Journal of Sustainable Agriculture* 4(1): 26-29.
- Chaudhary DK, Sharma RR. 2003. Genetic variability, correlation and path analysis for green pod yield and its components in garden pea. *Indian J. Hort.* 60(3):251–256.
- Chiorato AF, Carbonell SAM, Dias LAS, Resende MDV. 2008. Prediction of genotypic values and estimation of genetic parameters in common bean. *Braz. Arch. Biol. Technol.* 51: 465-472.
- Ciancaglini P, Santos HL, Daghasanli KRP, Thedei G Jr. 2001. Using a classical method of vitamin C quantification as a tool for discussion of its role in the body. *Biochemistry and Molecular Biology Education* 29: 110–114. <https://doi.org/10.1111/j.1539-3429.2001.tb00088.x>
- Clark AG. 1987. Senescence and the genetic correlation hangup. *Am Nat* 129: 932–940.

- Clydesdale FM. 1978. Colorimetry—methodology and applications. *Critical Reviews in Food Science and Nutrition*, 10(3): 243–301.
- Cochran WG. 1951. Improvement by means of selection. In: Neyman J (ed) *Proceedings of thesecond Berkeley symposium on mathematical statistics and probability*. University of California Press, Berkeley, CA, pp 449–470.
- Conover W. 1999. *Practical Non parametric Statistics*. .John Wiley & Sons Inc. NewYork. 608 pp.
- Cooper M, De Lacy IH, Basford KE. 1996. Relationships among analytical methods used to analyze genotypic adaptation in multi-environment trials. In: M. Cooper and G.L. Hammer (Eds). *Plant adaptation and crop improvement*. CAB Int. Wallingford, UK. pp: 193–224.
- Costa C, Antonucci F, Pallottino F, Aguzzi J, Sun D, Menesatti P. 2011. Shape analysis of agricultural products: a review of recent research advances and potential application to computer vision. *Food and Bioprocess Technology* 4(5): 673–692.
- Cote R, Gerrath JM, Posluszny U, Grodzinski B. 1992. Comparative leaf development of conventional and semileafless peas (*Pisum sativum*). *Can J Bot* 70: 571–580.
- Cotteril P, James J. 1984. Number of offsprings and plot sizes required for progeny testing. *Silvae Genetica* 33(6): 203 – 208.
- Cox DJ, Frey KJ. 1984. Combining Ability and the Selection of Parents for Interspecific Oat Matings. *Crop Science* 24: 963-967.
<https://doi.org/10.2135/cropsci1984.0011183X002400050033x>
- Coyne CJ, McGee RJ, Redden RJ, Ambrose MJ, Furman BJ, Miles CA. 2011. Genetic Adjustment to Changing Climates: Pea. In *Crop Adaptation to Climate Change*; Yadav SS, Redden RJ, Hatfield JL, Lotze-Campen H, Hall AE, Eds.; Wiley Blackwell: Chichester, UK, 2011; Chapter 8, pp. 238–250.
- Cruz CD, Regazzi AJ. 1997. *Biometrical models applied to plant breeding (in Portuguese)*. Viçosa: Editora UFV. 390 pp.
- Cupic T, Tucak M, Popovic S, Bolaric S, Grljusic S, Kozumplik V. 2009. Genetic diversity of pea (*Pisum sativum* L.) genotypes assessed by pedigree, morphological and molecular data. *Journal of Food, Agriculture & Environment* 7(3&4): 343-348.
- Davies DR. 1977. Restructuring the pea plant. *Sci. Prog. Oxford* (64): pp 201-214.

- De Bernardi L. 2016, Informe de: Arvejas (*Pisum sativum* L.). Subsecretaría de Mercados Agropecuarios, Ministerio de Agroindustria, Argentina, 14 pp ,https://agroindustria.gob.ar/new/0-0/programas/dma/granos/informe_arvejas_2016_mayo.pdf
- de Jong G. 1990. Quantitative genetics of reaction norms. *J Evol Biol* 3: 447–468.
- de Souza VAB, Byrne DH, Taylor JF. 2000. Predicted Breeding Values for Nine Plant and Fruit Characteristics of 28 Peach Genotypes, *J. Amer. Soc. Hort. Sci.* 125(4): 460–465.
- Devi J, Mishra GP, Sanwal SK, Dubey RK, Singh PM, Singh B. 2018. Development and characterization of penta-flowering and triple-flowering genotypes in garden pea (*Pisum sativum* L. var. *hortense*). *PLoS ONE* 13, e0201235. <https://doi.org/10.1371/journal.pone.0201235>
- Devi S, Kumar M, Thakur K, Bharat NK, Dogra RK, Nagar A. 2017. Variability, Correlation and Path Analysis in Pea (*Pisum Sativum* L.) Genotypes under Western Himalayan conditions. *Chem Sci Rev Lett.* 6(21): 555-560.
- Dhama SK, Tyagi NK, Singh PB. 2010. Interrelationship and path analysis for seed yield and its component characters under eight environments in pea (*Pisum sativum* L.). *Legume Research* 33 (2): 87-94.
- Di Rienzo JA, Casanoves F, Balzarini MG, Gonzalez L, Tablada M, Robledo CW. 2015. InfoStat versión 2015, Grupo InfoStat, FCA, Universidad Nacional de Córdoba, Argentina, URL <http://www.infostat.com.ar>
- Dillon WR, Goldsten M. 1984. *Multivariate analysis: Methods and applications*. Wiley, Nueva York. 587 pp.
- Doyle JJ, Doyle JL. 1990. Isolation of plant DNA from fresh tissue. *Focus* 12: 13-15,
- Dreisigacker S, Melchinger AE, Zhang P, Ammar K, Flachenecker C, Hoisington D, Warburton ML. 2005. Hybrid performance and heterosis in spring bread wheat, and their relations to SSR-based genetic distances and coefficients of parentage. *Euphytica* 144: 51–59.
- Drijfhout E. 1972. Analysis of the uniformity of maturity of one-, two-, three-podded pea varieties. *Euphytica* 21: 460--467.
- Esiyok D, Bozokalfa MK, Ascioğul TK. 2011. Variability, heritability and association analysis in plant traits of swiss chard (*Beta vulgaris* subsp. *cicla*), *Genetika* 43(2): 239-252.

- Espósito MA, Bermejo C, Gatti I, Guindón MF, Cravero V, COUNTRY EL. 2014. Prediction of heterotic crosses for yield in *Pisum sativum* L. *Scientia Horticulturae* 177, 53–62. <https://doi.org/10.1016/j.scienta.2014.07.033>
- Espósito MA, Martin EA, Cravero VP, Liberatti D, López Anido FS, COUNTRY EL. 2009. Relationships among agronomic traits and seed yield in pea. *BAG. Journal basic and applied Genetics*, 20(1), 1–8.
- Espósito MA, Milanesi LA, Martin EA, Cravero VP, Lopez Anido FS, COUNTRY EL 2007b. Principal component analysis based on morphological characters in pea (*Pisum sativum* L.). *Int. J. Plant Breed.* 1(2):135- 137.
- Espósito MA, Milanesi LA, Martin EA, Cravero VP, Lopez Anido FS, COUNTRY EL. 2007a. Analysis Based on Morphological, Protein and SRAP Markers in Pea (*Pisum sativum* L). *International Journal of Plant Breeding* 1: 129-134.
- Falconer DS. 1989. *Introduction to Quantitative Genetics*. Harlow, Essex: Longman Group (eds) UK. 438 pp.
- FAO (2019) STANDARD FOR QUICK FROZEN PEAS CXS 41-1981* Adopted in 1981. Amended in 2019. http://www.fao.org/fao-who-codexalimentarius/sh-proxy/en/?Ink=1&url=https%253A%252F%252Fworkspace.fao.org%252Fsites%252Fcodex%252Fstandards%252FCXS%2B41-1981%252FCXS_041e.pdf
- FAO: Food and Agriculture Organization of the United Nations ([© FAO]. 2020. Cultivos: Guisante verde <http://www.fao.org/faostat/es/#data/QC/visualize> 12/5/2020
- Fasahat P, Rajabi A, Rad JM, Derera J. 2016. Principles and Utilization of Combining Ability in Plant Breeding. *Biom Biostat Int J* 4(1): 00-85. <https://doi.org/10.15406/bbij.2016.04.00085>
- Ferradini N, Torricelli R, Terzaroli N, Albertini E, Russi L. 2019, The Genetic Structure of the Field Pea Landrace “Roveja di Civita di Cascia”. *Sustainability* 11: 6493. <https://doi.org/10.3390/su11226493>
- Fikreselassie M. 2012. Variability, heritability and association of some morpho–agronomic traits in field pea (*Pisum sativum* L.) genotypes. *Pakistan Journal of Biological Science* 15(8), 358–366.
- Finlay KW, Wilkinson GN. 1963. The analysis of adaptation in a plant-breeding programme. *Crop and Pasture Science* 14:742–754.

- Formann AK. 1985. Constrained latent class models: Theory and applications. *British Journal of Mathematical and Statistical Psychology* 38: 87-111.
- Fourmont R. 1956. Les Variétés de Pois (*Pisum sativum* L.) Cultivés em France. Ministère de l'Agriculture. Institut National de la Recherche Agronomique INRA, Paris. 253 pp.
- Francis F. 1980. Colour quality evaluation of horticultural crops. *HortScience*, 15(1): 14–15.
- Francis TR, Kannenberg LW. 1978. Yield stability studies in short-season maize. I. A descriptive method for grouping genotypes. *Canadian Journal of Plant Science* 58: 1029–1034.
- Franco TL, Hidalgo R (eds.). 2003. Análisis Estadístico de Datos de Caracterización Morfológica de Recursos Fitogenéticos. Boletín técnico no. 8, Instituto Internacional de Recursos Fitogenéticos (IPGRI), Cali, Colombia. 89 p.
- Gangadhar BHM, Mishra RK. 2016. Comparative study of EST-SSR, SSR, RAPD, and ISSR and their transferability analysis in pea, chickpea and mungbean. *European Academic research* IV(2):1346-1352.
- Garcia-Bertoldo J, de Lima-Countinho G, Pelisser A, Favreto R, Paz-da Silva R. 2015. El valor genotípico en la selección de líneas de frijol. *Agrociencia* 49: 559–572.
- Gauch HG. 1988. Model selection and validation for yield trials with interaction. *Biometrics* 44: 705–715.
- Georgieva N, Nikolova I, Kosev V. 2016. Evaluation of genetic divergence and heritability in pea (*Pisum sativum* L.). *J. BioSci. Biotechnol.* 5(1): 61-67.
- Ghixari B, Vrapci H, Hobdari V. 2014. Morphological characterization of pea (*Pisum sativum* L) genotypes stored in Albanian genebank. *Albanian J. Agric. Sci (special edition)*: 169-173.
- Ghobary HMM. 2010. Study of relationship between yield and some yield components in garden pea (*Pisum sativum* L.) by using correlation and path analysis. *Journal of Agricultural Research* 36: 351–360.
- Gianola D, Foulley JL, Fernando RL. 1986. Prediction of breeding values when variances are not known. *Genetique Selection Evolution* 18: 485–498.
- Gökmen V, Sava K, Bahçeci A, Serpen, Acar J. 2005. Study of lipoxygenase and peroxidase as blanching indicator enzymes in peas: Change of enzyme activity, ascorbic acid and

- chlorophylls during frozen storage. *LWT - Food Science and Technology* 38(8): 903-908.
<https://doi.org/10.1016/j.lwt.2004.06.018>
- Goldenberg J B 1965. "Afila", a new mutation in pea (*Pisum sativum* L.). *Bol. Genet.* I: 27-28.
- González García MR. 2001. Interacción genotipo x ambiente en guisante proteaginoso (*Pisum sativum* L.) Tesis doctoral Universidad de Valladolid, Departamento de Producción Vegetal y Silvopascicultura. Valladolid, España. 299pp.
<http://www.cervantesvirtual.com/nd/ark:/59851/bmcgx491>
- Gordon GH. 1980. A method of parental selection and cross prediction using incomplete partial diallels. *Theoret. Appl. Genetics* 56, 225–232. <https://doi.org/10.1007/BF00295453>
- Govardhan G, Lal GM, Vinoth R, Reddy PA. 2013. Character association studies in M2 generation of fieldpea (*Pisum sativum* var. *arvense* L.). *International Journal of Applied Biology and Pharmaceutical Technology* 4: 161–163.
- Gritton ET. 1986. Pea breeding. In: Bassett M J (ed.) *Breeding Vegetable Crops*, AVI Pub. Comp. Inc., Connecticut, U.S.A. pp. 283–319.
- Gromko MH. 1995. Unpredictability of correlated response to selection: pleiotropy and sampling interact. *Evolution* 49: 685–693.
- Grossman RL, Wisenblit, JZ. 1999. What we know about consumers' color choices. *Journal of Marketing Practice: Applied Marketing Science*, 5(3): 78–88.
- Gudadinni P, Bahadur V, Ligade P, Topno SE, Prasad VM. 2017. Study on Genetic Variability, Heritability and Genetic Advance in Garden Pea (*Pisum sativum* var. *hortense* L.). *International Journal of Current Microbiology and Applied Sciences* 6: 2384–2391.
<https://doi.org/10.20546/ijcmas.2017.608.282>
- Guindon MF, Martin E, Zayas A, Cointry E, Cravero V. 2016. Evaluation of SRAP markers for mapping of *Pisum sativum* L. *Crop Breeding and Applied Biotechnology* 16: 182-188.
- Gupta AJ, Singh YV. 2006. Genetic divergence study in garden pea (*Pisum sativum* L.). *Indian J. Genet. and Pl. Breed.* 66: 341-342.
- Guttman L. 1954. Some necessary conditions for common factor analysis. *Psychometrika* XIX: 149-61.
- Haghazari A, Azimi MR. 2003. Further Investigation on the Orange Cotyledons in Pea (*Pisum sativum* L.). *J. Agric. Sci. Technol.* Vol5: 135-141.

- Hair JF, Anderson RE, Tatham RL, Black WC. 1992. Multivariate data analysis. MacMillan Publ. Co. Nueva York. 544 p.
- Hance ST, Grey W, Weeden NF. 2004. Identification of tolerance to *Fusarium solani* in *Pisum sativum* ssp. *elatius*. *Pisum Genet* 36: 9–13.
- Hanci F, Cebeci E. 2019. Determination of morphological variability of different *Pisum* genotypes using principal component analysis. *Legume Research-An International Journal* (42):162-167. <https://doi.org/10.18805/LR-438>
- Hansche PE. 1983. Response to selection in: JN Moore and J Janick (eds) *Methods in fruit breeding*. Purdue Univ. Press, West Lafayette, Ind. pp: 154-171
- Hansmann E. 1973. Pigment Analysis. In: *Handbook of Phycological Methods: Culture Methods and Growth Measurements*. Janet Stein (Ed.) Cambridge Press pp: 359-68.
- Hazel LN, Lush JL. 1942. The efficiency of three methods of selection. *J Hered* 33: 393–399
- Hazel LN. 1943. The genetic basis for constructing selection indexes. *Genetics* 28:476–490
- Hedau, NK, Pal RS, Sood S, Vasudeo CG, Kant L, Pattanayak A. 2018. Biochemical characterization and variability in garden pea (*Pisum sativum* var. *hortense*) under cool hilly weather conditions. *Indian Journal of Agricultural Sciences* 88(9): 1442–1448.
- Hedley C, Ambrose M. 1981. Designing "leafless" plants for improving yields of the dried pea crop. *Adv. Agronomy* 34: 225-227.
- Henderson CR. 1975. Best linear unbiased prediction under a selection model. *Biometrics* 31:423–447
- Henderson CR. 1976. A simple method for computing the inverse of a numerator relationship matrix used in the prediction of breeding values. *Biometrics* 32: 69–82
- Henderson CR. 1984. *Applications of Linear Models in Animal Breeding*. Guelph University Press, Ontario, Canada.
- Hendrick UP. 1928. Peas of New York, in: *Vegetables of New York*, vol:1, Parte: 1. JB Lyon Co. (Eds.). Albany, New York.
- Hesse CO. 1975. Peaches in: J Janick and JN Moore (eds). *Methods in fruit breeding*. Purdue Univ. Press, West Lafayette, Ind. pp: 285-335
- Hoey BK, Crowe KR, Jones VM, Polans NO. 1996. A phylogenetic analysis of *Pisum* based on morphological characters, allozymes and RAPD markers. *Theor. Appl. Genet.* 92:92–100.

- Hofer JMI, Ellis THN. 1998. The genetic control of pattern in gin pea leaves. *Trends in Plant Science* 3: 439-444.
- Holdsworth WL, Gazave E, Cheng P, Myers JR, Gore MA, Coyne CJ, McGee RJ, Mazourek M. 2017. A community resource for exploring and utilizing genetic diversity in the USDA pea single plant plus collection. *Horticulture Research* 4, 17017. <https://doi.org/10.1038/hortres.2017.17>
- Hotelling H. 1933. Analysis of a complex of statistical variables into principal components. *J Educ Psychol*, 25: 417–441.
- Hunter RS, Harold R W. 1987. *The measurement of appearance*. Hoboken, 2nd Edition. Wiley-Interscience, New York. 411 pp.
- Im S, Fernando RL, Gianola D. 1989. Likelihood inferences in animal breeding under selection: a missing-data theory view point. *Genet Sel Evol (Paris)* 21:399–414
- Jain S, Kumar A, Mamidi S, McPhee K. 2014. Genetic diversity and population structure among Pea (*Pisum sativum* L.) cultivars as revealed by Simple Sequence Repeats and novel genic markers. *Mol Biotechnol* 56: 925-938.
- Jaiswal NK, Gupta AK, Dewangan H, Lavanya GR. 2015. Genetic variability analysis in field pea (*Pisum sativum* L.). *International Journal of Science and Research* 4(1): 2006–7.
- Jeberson MS, Shashidhar KS, Iyanar K. 2016. Estimation of genetic variability, expected genetic advance, correlation and path analysis in field pea (*Pisum sativum* L.). *Electronic Journal of Plant Breeding* 7, 1074. <https://doi.org/10.5958/0975-928X.2016.00147.2>
- Jha A, Arganosa G, Tar'an B, Diederichsen A, Warkentin T. Characterization of 169 diverse pea germplasm accessions for agronomic performance, *Mycosphaerella* blight resistance and nutritional profile. *Genet Resour Crop Evol* 2013; 60: 747–761.
- Jiménez-Cuesta M, Cuquerella J, Martínez-Jávega J. 1981. Determination of a color index for citrus fruit degreening. In *Proc. of the International Society of Citriculture*, Vol. 2: 750-753
- Kaiser HF. 1961. A note on Guttman's lower bound for the number of common factors- *British Journal of Psychology* 14: 1-2.
- Katoch V, Singh P, Devi MB, Sharma A, Sharma GD, Sharma JK. 2015. Study of genetic variability, character association, path analysis and selection parameters for heterotic recombinant inbred lines of garden peas (*Pisum sativum* var. *Hortense* L.) under mid-hill conditions of Himachal Pradesh, India. *Legume Research - An International Journal* 39(2): 163-169. <https://doi.org/10.18805/lr.v0iOF.6775>

- Kaur H, Singh M, Brar PS. 2004. Correlation and path analysis in garden pea (*Pisum sativum* L.). *Crop Improvement* 34(2): 186-91.
- Kennedy BW. 1981. Variance component estimation and prediction of breeding values. *Can. J. Genet. Cytol.* 23: 565–578.
- Khan RA, Mahmud F, Reza MA, Mahbub M, Shirazy BJ, Rahman MM. 2017. Genetic Diversity, Correlation and Path Analysis for Yield and Yield Components of Pea (*Pisum sativum* L.). *World Journal of Agricultural Sciences* 13 (1): 11-16. <https://doi.org/10.5829/idosi.wjas.2017.11.16>
- Kosev V, Mikić A. 2012. Short communication. Assessing relationships between seed yield components in spring-sown field pea (*Pisum sativum* L.) cultivars in Bulgaria by correlation and path analysis. *Spanish Journal of Agricultural Research* 10, 1075. <https://doi.org/10.5424/sjar/2012104-3025>
- Kraakman ATW, Niks RE, Van den Berg PMMM, Piet S, Van Eeuwijk FA. 2004. Linkage disequilibrium mapping of yield and yield stability in modern spring barley cultivars. *Genetics* 168: 435–446.
- Kujala V. 1953. Felderbse, bei welcher die ganze Blattspreite in Ranken umgewandelt ist. *Arch. Soc. Zool. Bot. Fenn. Vanamo* 8: 44-45.
- Kumar A, Jain BP. 2003. Genetic variability in pea (*Pisum sativum* L.) *J. Res., Birsa Agric. Univ.* 15(1):55–59.
- Kumar A, Singh SA, Moharana DP, Singh V, Singh P, Singh B. 2017. Genetic Evaluation for Yield and Yield Attributes in Garden pea (*Pisum sativum* var. *hortense* L.) under North Indian Gangetic Plain Conditions. *International Journal of Current Microbiology and Applied Sciences* 6: 1399–1404. <https://doi.org/10.20546/ijcmas.2017.602.158>
- Kumar AVR, Sharma RR. 2006. Character association studies in garden pea. *Indian J. Hort.* 63(2):185–187.
- Kumar B, Kumar A, Singh AK, Lavanya GR. 2013. Selection strategy for seed yield and maturity in field pea (*Pisum sativum* L. *arvense*) *Glob. J. Crop, Soil Sci. Plant Breed.* 1 (1): 129-133.
- Kumar B, Ram L, Singh JD, Singh B. 2003. Correlation and path coefficient analyses in pea (*Pisum sativum* L.). *Prog. Agric.* 3(1/2):141–142.
- Kumar D, Malik B P S, Raj L. (1998). Genetic variability and correlation studies in field pea (*Pisum sativum* L.). *Legume Research* 21(1): 23-29.

- Kumar N, Mishra S, Pandey S, Mishra D. 2019. Studies on phenotypic and genotypic coefficient of variation (PCV and GCV) between different characters in Pea (*Pisum sativum* L.) genotypes in sodic condition. *Journal of Pharmacognosy and Phytochemistry* 8(1): 349-351.
- Kumar P, Partap PS, Rana MK. 2004. Correlation studies in garden pea (*Pisum sativum* L.). *Haryana Journal of Horticultural Sciences* 33: 243-245.
- Kumar R, Kumar M, Dogra RK, Bharat NK. 2015. Variability and character association studies in garden pea (*Pisum sativum* var. *hortense* L.) during winter season at mid hills of Himachal Pradesh. *Legume Research - An International Journal* 38: 164. <https://doi.org/10.5958/0976-0571.2015.00051.X>
- Kumar R, Kumar M. 2015. Estimation of genetic divergence in garden pea (*Pisum sativum* var. *hortense* L.) germplasm to facilitate the selection of potential parents for hybridization programme. *Legume Research - An International Journal* 39(5): 709-712. <https://doi.org/10.18805/lr.v0iOF.6851>
- Kumari N, Srivastava JP, Singh B. 2009. Heritability and genetic advance in vegetable pea (*Pisum sativum* L.). *Ann. Hort.* 2(2): 224-225.
- Kumari P, Basal N, Singh AK, Rai VP, Srivastava CP, Singh PK. 2013. Genetic diversity studies in pea (*Pisum sativum* L.) using simple sequence repeat markers. *Genet. Mol. Res.* X (X): XXX-XXX: 1-11. DOI <http://dx.doi.org/10.4238/2013>
- Lal GM, Meena ML, Kunj CM. 2011. Assessment of genetic variability and interrelation between yield and its contributing components in field pea (*Pisum sativum* L.). *Env. Eco.* 29(3A): 1235-1239.
- Lande R, Thompson R. 1990. Efficiency of marker-assisted selection in the improvement of quantitative traits. *Genetics* 124: 743.
- Lavanya GR, Singh D, Vinoth R. 2010. Genetic variability, character association and component analysis in fieldpea, *Pisum sativum* var. *arvense*. *Madras Agric J.* 97(10-12): 329-331.
- Ledoit O, Wolf M. 2004. A well-conditioned estimator for large dimensional covariance matrices. *J. Mult. Analysis* 88: 365–411.
- Leila O, Farida A, Hafida R-B, Aissa A. 2016. Agro-morphological diversity within field pea (*Pisum sativum* L.) genotypes. *African Journal of Agricultural Research* 11: 4039–4047. <https://doi.org/10.5897/AJAR2016.11454>

- Leon K, Mery D, Pedreschi F, Leon J. 2006. Color measurement in L* a* b* units from RGB digital images. *Food Research International* 39(10): 1084–1091.
- Li G, Quiros CF. 2001. Sequence-related amplified polymorphism (SRAP), a new marker system based on a simple PCR reaction: Its application to mapping and gene tagging in Brassica. *Theoretical and Applied Genetics* 103: 455-461.
- Li SH, Klotz JH. 1978. Components of Variance Estimation for the Split-Plot Design. *Journal of the American Statistical Association* 73: 147–152. <https://doi.org/10.2307/2286536>
- Lin S, Brewer NS. 2005. Effects of blanching method on the quality characteristics of frozen peas. *Journal of Food Quality*, 28(4): 350-360. <https://doi.org/10.1111/j.1745-4557.2005.00038.x>
- Loridon K, McPhee K, Morin J, Dubreuil P, Pilet-Nayel, ML, Aubert G, Rameau C, Baranger A, Coyne C, Lejeune-Henaut I y Burstin J. 2005. Microsatellite marker polymorphism and mapping in pea (*Pisum sativum* L.). *Theor ApplmGenet* 111: 1022–1031.
- Macías SM, Mantell C, Rodríguez M, Martínez de la Ossa E, Lubían L, Montero O. 2007. Supercritical fluid extraction of carotenoids and chlorophyll a from *Synechococcus* sp. *Journal of Supercritical Fluids* 39: 323-329. <https://doi.org/10.1016/j.supflu.2006.03.008>
- Makasheva RK. 1979. Gorokh (pea). In: Korovina ON (ed) *Cultivated Flora of the USSR*. Kolos Publisher. Leningrad pp: 1-324.
- Malosetti M, Voltas J, Romagosa I, Ullrich SE, Van Eeuwijk FA. 2004. Mixed models including environmental covariables for studying QTL by environment interaction. *Euphytica* 137: 139–145.
- Martin-Sanz A, Caminero C, Jing R, Flavell AJ, Perez De La Vega M. 2011. Genetic diversity among Spanish pea (*Pisum sativum* L.) landraces, pea cultivars and the World *Pisum* sp. core collection assessed by retrotransposon-based insertion polymorphisms (RBIPs). *Span J Agric Res* 9(1): 166-178.
- Marx GA. 1987. A suite of mutants that modify pattern formation in pea leaves. *Plant Molecular Biology Reporter* 5: 311-335.
- Masry A, Fayad A, Taher D. 2019. Genetic Improvements in Pea (*Pisum sativum* L.) Through Irradiation by Gama Rays. *Journal of Plant Production* 10, 1089–1093. <https://doi.org/10.21608/jpp.2019.77742>
- Mateo Box J. 1955. Guisantes: variedades y cultivo. *Manuales Tecnicos*. Ministerio de Agricultura Madrid 19 pp: 1-187.

- Maxted N, Ambrose MJ. 2001. Peas (*Pisum* L) In: Maxted N, Bennett SJ (eds). Plant genetic resources of legumes in the Mediterranean. Kluwer Academic Publishers. The Netherlands. pp: 181–190.
- Mazzeo T, Paciulli M, Chiavaro E, Visconti A, Fogliano V, Ganino T, Pellegrini N. 2015. Impact of the industrial freezing process on selected vegetables -Part II. Colour and bioactive compounds. Food Res. Int. 75: 89-97. <https://doi.org/10.1016/j.foodres.2015.05.036>
- Mendoza R, Herrera AO. 2012. Cinética de Inactivación de la Enzima Peroxidasa, Color y Textura en Papa Criolla (*Solanum tuberosum* Grupo phureja) sometida a tres Condiciones de Escaldado., Inf. Tecnol. 23(4): 73-82. <https://doi.org/10.4067/S0718-07642012000400009>
- Messmer M, Wilbois KP, Baier C, Schäfer F, Arncken C, Drexler D, Hildermann I. 2015. Técnicas de Mejora Vegetal Una valoración desde la Agricultura Ecológica. editor Research Institute of Organic Agriculture (FiBL) Ed. SEAE. 48 pp. ISBN: 978-3-03736-218-1
- Minolta K. 1994. Precise color communication. Ramsey, NJ: Minolta Co.
- Mishra RK, Gangadhar BH, Nookaraju A, Kumar S, Park SW. 2012. Development of EST-derived SSR markers in pea (*Pisum sativum*) and their potential utility for genetic mapping and transferability. Plant Breeding 131: 118- 124.
- Mühleisen J, Piepho HP, Maurer HP, Zhao Y, Reif JC. 2014. Exploitation of yield stability in barley. Theoretical and Applied Genetics 127: 1949–1962.
- Nandpuri KS, Kumar JC, Singh H. 1973. Heritability and interrelationship of some quantitative characters in pea. P.A.U.J. Res. 10: 309-315.
- Nawab NN, Subhani GM, Mahmood K, Shakil Q, Saeed A. 2008. Genetic variability, correlation and path analysis studies in Garden pea (*Pisum sativum*, L). J.Agric. Res. 46(4): 333-340.
- Nisar M, Ghafoor A, Ahmad H, Khan MR, Qureshi AS, Ali H, Islam M. 2008. Evaluation of genetic diversity of pea germplasm through phenotypic trait analysis. Pak. J. Bot., 40(5): 2081-2086.
- Nisar M. 2017. Molecular characterization of edible pea through EST-SSR markers. Turkish Journal of Botany 41: 1608-17.
- Nleya KM, Minnaar A, de Kock HL. 2014. Relating physico-chemical properties of frozen green peas (*Pisum sativum* L.) to sensory quality: Sensory and physico-chemical properties of

- frozen green peas. *Journal of the Science of Food and Agriculture* 94: 857–865
<https://doi.org/10.1002/jsfa.6315>
- Pacheco A, Alvarado G, Rodríguez F, Crossa J, Burgueño J. 2016b. BIO-R (Biodiversity Analysis with R for Windows.) Version 1.0, International Maize and Wheat Improvement Center. <https://data.cimmyt.org/dataset.xhtml?persistentId=hdl:11529/10820>
- Pacheco A, Vargas M, Alvarado G, Rodríguez F, López M, Crossa J, Burgueño J. 2016a. GEA-R (Genotype x Environment Analysis with R for Windows.) Version 4.0. International Maize and Wheat Improvement Center. <http://hdl.handle.net/11529/10203>
- Pal AK, Singh S. 2012. Correlation and path analysis in garden pea (*Pisum sativum* L. var. *hortense*). *Asian Journal of Horticulture* 7: 569-573.
- Pallavi A, Singh K, Pandey K. 2013. Estimation of Heritability on Pea (*Pisum sativum* L.) *Advances in Bioresearch* 4(4): 89-92.
- Pandey P, Singh N, Rawat M. 2015. Study of genetic variation, heritability and correlation in vegetable pea (*Pisum Sativum* L.). *The Bioscan (Supplement on Genetics and Plant Breeding)* 10(4): 2131-2133.
- Parihar A, Dixit G, Pathak V, Singh D. 2015. Assessment of the genetic components and trait associations in diverse set of fieldpea (*Pisum sativum* L.) genotypes. *Bangladesh Journal of Botany* 43(3): 323-330. <https://doi.org/10.3329/bjb.v43i3.21605>
- Parsons TR, Strickland JDH. 1963. Discussion of spectrophotometric determination of marine-plant pigments, with revised equations for ascertaining chlorophylls and carotenoids. *J Marine Res* 21: 155-163.
- Pathare PB, Opara UL, Al-Said FA.-J. 2013. Colour Measurement and Analysis in Fresh and Processed Foods: A Review. *Food and Bioprocess Technology* 6: 36–60.
<https://doi.org/10.1007/s11947-012-0867-9>
- Patterson HD, Thompson R. 1971. Recovery of inter-block information when block sizes are unequal. *Biometrika* 58: 545–554.
- Pearson K. 1901. On lines and planes of closest fit to systems of points in space. *Philos Mag A* 6: 559–572.
- Pepper W, Namkoong G. 1978. Comparing efficiency of balanced mating designs for progeny testing. *Silvae Genet.* 27(3–4): 161–169.

- Piepho HP, Möhring J, Melchinger AE, Büchse A. 2008. BLUP for phenotypic selection in plant breeding and variety testing. *Euphytica* 161: 209–228. <https://doi.org/10.1007/s10681-007-9449-8>
- Piepho HP, Möhring J. 2006. Selection in cultivar trials—is it ignorable? *Crop Sci* 46:192–201
- Piepho HP. 1994. Best linear unbiased prediction (BLUP) for regional yield trials: A comparison to additive main effects multiplicative interaction (AMMI) analysis. *Theor Appl Genet* 89: 647–654.
- Piepho HP. 1998. Methods for comparing the yield stability of cropping systems. *Journal of Agronomy and Crop Science* 180: 193–213.
- Pinchao YA, Andrade JC, Osorio O. 2016. Procesamiento de Arvejas (*Pisum sativum* L.). Parte 4: Optimización del Proceso de Escaldado de Arvejas (*Pisum sativum* L.) Variedades Sureña y Andina en base a la Inactivación de Peroxidasa. *Información tecnológica* 27: 43–52. <https://doi.org/10.4067/S0718-07642016000400005>
- Pineda SCS. 2009. Comparación de Arboles de Regresión y Clasificación y regresión logística. Escuela de Estadística, Facultad de Ciencias. Universidad Nacional de Colombia Sede Medellín. Tesis. 60pp.
- Pollak EJ, van der Werf J, Quaas RL 1984. Selection bias and multiple trait evaluation. *J Dairy Sci* 67:1590–1595
- Prieto Guerra RE. 2006. Técnicas estadísticas de clasificación: un ejemplo de Análisis de Cluster. Universidad Autónoma del Estado de Hidalgo. Pachuca, HGO. Tesis. 177 pp.
- Quevedo R, Aguilera J, Pedreschi F. 2010. Color of salmon fillets by computer vision and sensory panel. *Food and Bioprocess Technology*, 3(5): 637–643.
- Rai M, Verma A, Kumar R, Vishwanath H. 2006. Multivariate genetic analysis of pea (*Pisum sativum* L.). *Vegetable Science* 33: 149-154.
- Ramesh C, Tewatia AS. 2002. Character association and path analysis studies in garden peas (*Pisum sativum* L.). *Haryana J. Hort. Sci.* 31(1/2):94–97.
- Ramos A. 1996. El guisante. En: *El Cultivo de las Leguminosas de Grano en Castilla y León*. F Franco, A Ramos (eds.). Junta de Castilla y León, Consejería de Agricultura y Ganadería. Valladolid, pp: 79-140.

- Resende MDV. 2016. Software Selegen-REML/BLUP: a useful tool for plant breeding. *Crop Breeding and Applied Biotechnology* 16: 330–339. <https://doi.org/10.1590/1984-70332016v16n4a49>
- Robinson GK, 1991. That BLUP is a good thing: The estimation of random effects. *Statistical Science* 6: 15–51.
- Robinson HF, Comstock RE, Harvey PH. 1951. Genotypic and phenotypic correlations in corn and their implications in selection. *J. Agron.* 43: 282—287
- Rodríguez GR, Moyseenko JB, Robbins MD, Morejón NH, Francis DM, Evander Knaap. 2010. Tomato Analyzer: a useful software application to collect accurate and detailed morphological and colorimetric data from two-dimensional objects. *J Vis Exp* 37. <http://dx.doi.org/10.3791/1856>
- Saha KC, Haque M, Khan MH, Saleh A, Ali MY, Bhuyin MR. 2016. Multivariate analysis for yield and its contributing traits in garden pea (*Pisum sativum* L.). *Journal of Agricultural and Crop Research* Vol. 4(8), pp. 124-128,
- Sandeep KT, Reddy DM, Reddy KH, Sudhakar P. 2011. Targeting of traits through assessment of inter relationship and path analysis between yield and yield components for grain yield improvement in single cross hybrids of maize (*Zea mays*). *Int. J. of App Biol and Phar. Tech.* 2(3): 123-129.
- Sanwal SK, Kumar R, Singh B. 2016. VRP±500 (IC610501; INGR15009), a garden pea (*Pisum sativum*) germplasm with triple pods at every node. *Indian J Plant Genet Res.* 29: 83-93.
- Sanwal SK, Singh B, Singh V, Mann A. 2015. Multivariate analysis and its implication in breeding of desired plant type in garden pea (*Pisum sativum*). *Indian Journal of Agricultural Sciences* 85 (10): 1298–1302.
- Sardana S, Mahajan RK, Gautam NK, Ram B. 2007. Genetic variability in pea (*Pisum sativum* L.) germplasm for utilization. *SABRAO Journal of Breeding and Genetics* 39(1): 31-41.
- Sarıkamış G, Yanmaz R, Ermiş S, Bakır M, Yksel C. 2010. Genetic characterization of pea (*Pisum sativum*) germplasm from Turkey using morphological and SSR markers. *Genetics and Molecular Research* 9, 591–600. <https://doi.org/10.4238/vol9-1gmr762>
- Searle SR, Casella G, McCulloch CE. 1992. *Variance Components*. John Wiley & Sons, Inc. New York. 507 pp. <http://dx.doi.org/10.1002/9780470316856>
- Selvi BS, Rajangam J, Muthuselvi R. 2014. Genetic variability and heritability studies for quantitative traits in pea (*Pisum sativum* L.). *Plant Arch.* 14: 955-959.

- Sepehya S, Bhardwaj SK, Dhiman S. 2015. Quality attributes of garden pea (*Pisum sativum* L.) as influenced by integrated nutrient management under midhill conditions. *Journal of Krishi Vigyan* 3(2): 78–83.
- Sgrò CM, Hoffmann AA. 2004. Genetic correlations, tradeoffs and environmental variation. *Heredity* 93: 241–248. <https://doi.org/10.1038/sj.hdy.6800532>
- Shapiro SS, Wilk MB. 1965. An analysis of variance test for normality (complete samples). *Biometrika* 52: 591-611.
- Sharma A, Bhardwaj A, Katoch V, Sharma J. 2013. Assessment of genetic diversity of garden pea (*Pisum sativum*) as perspective to isolate horticulturally desirable transgressive segregants. *Indian Journal of Agricultural Sciences* 83: 1 334–9
- Sharma AK, Singh SP, Sharma MK. 2003. Genetic variability, heritability and character association in pea (*Pisum sativum* L.). *Crop Res. Hisar, India* 26(1): 135–139.
- Sharma R. 2017. Characterization of pea germplasm using EST-SSR markers and biochemical traits. Tesis. School of Biotechnology Sher-e-Kashmir University of Agricultural Sciences & Technology of Jammu. 49 pp.
- Sharma VK, Bora L. 2011. Studies on genetic variability and heterosis in vegetable pea (*Pisum sativum* L.) under high hills condition of Uttarakhand, India. *African Journal of Agricultural Research* 8: 1891-195.
- Shinde KG, Lawande KE, Patil BT, Nirmal SV. 1998. Correlation studies in pea (*Pisum sativum* L.). *Advances in Plant Sciences* 11(2): 177-180.
- Siddika A, Aminul AKM, Mian MAK, Ahmed JU. 2013. Genetic Variability in Advanced Generations of Vegetable Pea (*Pisum sativum* L.). *International Journal of Plant Breeding* 7(2): 124-128.
- Singh A, Singh S, Babu JDP. 2011. Heritability, character association and path analysis studies in early segregating population of field pea (*Pisum sativum* L. var. *arvense*). *International Journal of Plant Breeding and Genetics* 5: 86– 92.
- Singh B. 2001. *Plant Breeding: Principles and Methods*, 6th ed., Kalyani Publishers, New Delhi, India. 654 pp. <https://archive.org/details/in.ernet.dli.2015.271669>
- Singh BK, Sutradhar M, Singh AK, Singh SK. 2017. Evaluation of genetic variability, correlation and path coefficients analysis for yield attributing traits in field pea [*Pisum sativum* (L.) var. *arvense*]. *Research on Crops* 18, 316. <https://doi.org/10.5958/2348-7542.2017.00054.7>

- Singh D, Mishra VK. 2008. Studies on genetic divergence in pea (*Pisum sativum* L.). Agricultural Science Digest 28: 77–8.
- Singh G, Singh M, Singh V, Singh B. 2003. Genetic variability, heritability and genetic advance in pea (*Pisum sativum* L.). Prog. Agric., India 3(1/2):70–73.
- Singh H. 1986. Genetic variability, heritability and drought indices analysis in Brassica species. J. Oilseeds Res. 3 (2):170-177.
- Singh JD, Singh IP. 2005. Studies on correlation and path coefficient analysis in field pea (*Pisum sativum* L.). National Journal of Plant Improvement 7(1): 59–60.
- Singh JD, Singh IP. 2006. Genetic variability, heritability expected genetic advance and character association in field pea (*Pisum sativum* L.). Legume Res. 29(1): 65-67.
- Singh M, Kumar Y, Brar PS, Kaur R. 2003. Genetic variability in pea. J. Res. Punjab Agric. Univ. 40(2):191–194.
- Singh M, Malik S, Singh MK, Kumar KVS, Dev P, Kumar V. 2012. Studies of variability, heritability and genetic advance in field pea (*Pisum sativum* L.). Prog. Agric. 12(1): 219-222.
- Singh RK. 1985. Genotypic and phenotypic variability correlations in pea. Indian Journal of Agricultural Sciences 55 (3): 147–50.
- Singh SR, Ahmed N, Singh DB, Srivastva KK, Abid Mir RKS. 2017. Genetic variability determination in garden pea (*Pisum sativum* L sub sp. *hortense* Asch. and Graebn.) by using the multivariate analysis. Legume Research - An International Journal 40(3): 416-422. <https://doi.org/10.18805/lr.v0i0.7300>
- Singh V, Singh SP. 1999. Variability and correlation studies in pea (*Pisum sativum* L.). Annals Agri. Bio. Res. 4(1): 87-91.
- Smart J. 1990. Grain Legumes: Evolution and Genetic Resources. Cambridge University Press, Cambridge, UK. p 278.
- Smith HF. 1936. A discriminant function for plant selection. Ann Eugen 7:240–250
- Smith LG, Hake S. 1994. Molecular genetic approaches to leaf development: Knotted and beyond. Canadian Journal of Botany 72: 617-625.
- Smýkal P, Aubert G, Burstin J, Coyne CJ, Ellis NTH, Flavell AJ, Ford R, Hýbl M, Macas J, Neumann P, McPhee KE, Redden RJ, Rubiales D, Weller JL, Warkentin TD. 2012. Pea

- (*Pisum sativum* L.) in the Genomic Era. *Agronomy* 2: 74-115;
<https://doi.org/10.3390/agronomy2020074>
- Smýkal P, Coyne C, Redden R, Maxted N. 2013. Peas en: Genetic and Genomic Resources of Grain Legume Improvement. Edited by Mohar Singh, Hari D. Upadhyaya, Ishwari Singh Bisht- Elsevier, London, UK
- Smýkal P, Coyne CJ, Ford R, Redden R, Flavell AJ, Hybl M, Warkentin T, Burstin J, Due G, Ambrose M, Ellis THN. 2008. Effort towards a world pea (*Pisum sativum* L.) germplasm core collection: the case for common markers and data compatibility. *Pisum Genet* 2008; 40: 11–14.
- Smýkal P, Kenicer G, Flavell AJ, Corander J, Kosterin O, Redden RJ, Ford R, Coyne CJ, Maxted N, Ambrose MJ, Ellis THL. 2011. Phylogeny, phylogeography and genetic diversity of the *Pisum* genus. *Plant Genet Res* 9: 4-18.
- Sneddon JL, Squibbs FL. 1958. Classification of garden peas. *J Nat Inst Agric Bot* 8: 378-422.
- Snoad B. 1974. A preliminary assessment of 'leafless peas', *Euphytica*, 23, 257-265.
- Solov'eva VK. 1958. New varieties of shelling peas. *Agrobiologiya* 5: 124–126.
- Stavridou E, Lagiotis G, Karapetsi L, Osathanunkul M, Madesis P. 2020. DNA Fingerprinting and Species Identification Uncovers the Genetic Diversity of Katsouni Pea in the Greek Islands Amorgos and Schinoussa. *Plants* 9(4): 479.
<https://doi.org/10.3390/plants9040479>
- Sureja AK, Sharma RR. 2000. Genetic variability and heritability studies in garden pea (*Pisum sativum* L.). *Indian J. of Hort.* 57(3): 243-247.
- Tams SH, Melchinger AE, Bauer E. 2005. Genetic similarity among European winter triticale elite germplasms assessed with AFLP and comparisons with SSR and pedigree data. *Plant Breed.* 124:154–160.
- Tar'an B, Zhang C, Warkentin T, Tullu A, Vandenberg A. 2005. Genetic diversity among varieties and wild species accessions of pea (*Pisum sativum* L.) based on molecular markers, and morphological and physiological characters. *Genome.* 48(2): 257-272.
<https://doi.org/10.1139/g04-114>
- Thakur S, Thakur R, Mehta DK. 2016. Genetic variability and association studies for green pod yield and component horticultural traits in garden pea under high hill dry temperate conditions of Tabo Valley of Spiti District of Himachal Pradesh. *International Journal of Science, Environment and Technology* 5(4): 1987–1992.

- Thompson R. 1973. The Estimation of Variance and Covariance Components with an Application when Records are Subject to Culling. *Biometrics* 29(3): 527-550. <https://doi.org/10.2307/2529174>
- Thompson R. 1977. The Estimation of Heritability with Unbalanced Data: I. Observations Available on Parents and Offspring. *Biometrics* 33(3): 485-495. <https://doi.org/10.2307/2529363>
- Thompson R. 1979. Sire evaluation. *Biometrics* 35: 339–353
- Thompson R. 1980. Maximum likelihood estimation of variance components, *Series Statistics* 11(4): 545-561. <https://doi.org/10.1080/02331888008801560>
- Tiwari G, Lavanya GR. 2012. Genetic variability, character association and component analysis in F4 generation of field pea (*Pisum sativum* var. *arvense* L.) *Karnataka Journal of Agricultural Sciences* 25 (2): 173–5.
- Togay N, Togay Y, Yildirim B, Dogan Y. 2008. Relationships between yield and some yield components in Pea (*Pisum sativum* ssp. *arvense* L.) genotypes by using correlation and path analysis. *African Journal of Biotechnology* 7(23): 4285-4287.
- Trněný O, Brus J, Hradilová I, Rathore A, Das RR, Kopecký P, Coyne CJ, Reeves P, Richards C, Smýkal P. 2018. Molecular Evidence for Two Domestication Events in the Pea Crop. *Genes* 9: 535. <https://doi.org/10.3390/genes9110535>
- Turelli M. 1988. Phenotypic evolution, constant covariances and the maintenance of additive genetic variance. *Evolution* 42: 1342–1347.
- Turkmen NP, Sari F, Sedat VY. 2006. Effects of cooking methods on chlorophylls, pheophytins and colour of selected green vegetables. *International Journal of Food Science and Technology* 41: 281-288. <https://doi.org/10.1111/j.1365-2621.2005.01061.x>
- Uddin MJ, Choudhury MAZ. 1994. Genetic divergence in mustard. *Bangladesh J. Genet. Pl. Breed.* 7(2):23-27.
- Umar HMI, Ur-rehman S, Bilal M, Atif S, Naqvi H, Manzoor SA, Ghafoor A, Khalid M, Iqbal MT, Qayyoom A, Ahmad F, Irshad MA. 2014. Evaluation of genetic diversity in pea (*Pisum sativum*) based on morpho-agronomic characteristics for yield and yield associated traits. *J. Biodivers. Environ. Sci.* 4(5): 323-328.
- Vavilov NI. 1926. Estudios sobre el origen de las plantas cultivadas (en Ruso) *Bulletin of Applied Botany and Plant Breeding*, 14: 1-245.

- Vencovsky R, Barriga P. 1992. Genética Biométrica no fitomelhoramiento. Ribeirao Preto, Revista Brasileira de Genética, 496pp.
- Via S, Lande R. 1985. Genotype–environment interaction and the evolution of phenotypic plasticity. *Evolution* 39: 505–522.
- Via S, Lande R. 1987. Evolution of genetic variability in a spatially heterogeneous environment: effects of genotype–environment interaction. *Genet Res* 49: 147–156.
- Villalba M, Yepes I, Arrázola Paternina GS. 2006. Caracterización fisicoquímica de frutas de la zona del Sinú para su agroindustrialización. *Temas Agrarios* 11, 15. <https://doi.org/10.21897/rta.v11i1.636>
- Wang Y, Mette MF, Miedaner T, Wilde P, Reif JC, Zhao Y. 2015. First insights into the genotype-phenotype map of phenotypic stability in rye. *Journal of experimental botany*, 66(11): 3275–3284. <https://doi.org/10.1093/jxb/erv145>
- White TL, Hodge GR. 1989. Predicting breeding values with applications in forest tree improvement. Kluwer Academic Publishers: London, Dordrecht. 367 pp. <https://doi.org/10.1007/978-94-015-7833-2>
- Whittaker JC. 2003. Marker-assisted selection and introgression. In: *Handbook of Statistical Genetics*. Vol. I, ed. 2, D. J. Balding, M. Bishop y C. Cannings (eds.). John Wiley & Sons, Chichester, U. K. pp: 554-574-
- Wold S, Esbensen K, Geladi P. 1987. Principal Component Analysis. *Chemometrics and Intelligent Laboratory Systems*, 2: 37-52
- Wu X., Li N., Hao J, Hu J, Zhang X, Blair MW. 2017. Genetic Diversity of Chinese and Global Pea (*Pisum sativum* L.) Collections. *Crop Science* 57: 1574-1584. <https://doi.org/10.2135/cropsci2016.04.0271>
- Xu SU, Gong YM, Mao WH, Hu QZ, Zhang GW, Fu W, Xian QQ. 2012. Development and characterization of 41 novel EST-SSR markers for *Pisum sativum* (Leguminosae) *American Journal of Botany* e149-e153.
- Yadav P, Singh A, Srivastava C. 2010. Genetic variability and character association in diverse collection of indian and exotic germplasm lines of pea (*Pisum sativum* L.). *Veg. Sci.* 37(1): 75-77.
- Yadav P, Srivastava C, Kant R, Singh A. 2009. Studies on genetic variability, heritability and character association in field pea. *Crop Res*, 38(1):184-188.

- Yan W, Frégeau-Reid J. 2008. Breeding Line Selection Based on Multiple Traits. *Crop Science* 48: 417. <https://doi.org/10.2135/cropsci2007.05.0254>
- Yan W, Frégeau-Reid J. 2018. Genotype by Yield*Trait (GYT) Biplot: A Novel Approach for Genotype Selection Based on Multiple Traits. *Scientific Reports* 8(1): 8242. <https://doi.org/10.1038/s41598-018-26688-8>.
- Yan W, Hunt LA, Sheng Q, Szlavnic Z. 2000. Cultivar Evaluation and Mega-Environment Investigation Based on the GGE Biplot. *Crop Science* 40: 597–605. <https://doi.org/10.2135/cropsci2000.403597x>
- Yan W, Kang MS. 2003. GGE biplot analysis: A graphical tool for breeders. En: Kang MS (ed.) *Geneticists and Agronomist*. CRC Press, Boca Raton, FL, USA. 271pp.
- Yan W, Rajcan I. 2002. Biplot evaluation of test sites and trait relations of soybean in Ontario. *Crop Sci.* 42: 11–20.
- Yan W, Tinker NA. 2006. Biplot analysis of multi-environment trial data: Principles and applications. *Canadian Journal of Plant Science* 86: 623–645. <https://doi.org/10.4141/P05-169>
- Yan W. 2001. GGEbiplot—A Windows Application for Graphical Analysis of Multienvironment Trial Data and Other Types of Two-Way Data. *Agronomy Journal* 93, 1111. <https://doi.org/10.2134/agronj2001.9351111x>
- Yan WK, Hunt LA, Johnson P, Stewart G, Lu X. 2002. Onfarm strip trials vs. replicated performance trials for cultivar evaluation. *Crop Sci* 42:385–392
- Yao MZ, Chen L, Liang YR. 2008. Genetic diversity among tea cultivars from China, Japan and Kenya revealed by ISSR markers and its implication for parental selection in tea breeding programmes. *Plant Breeding* 127, 166–172. <https://doi.org/10.1111/j.1439-0523.2007.01448.x>
- Ye G, Eagles HA, Dieters MJ. 2004. Parental selection using known genes for inbred line development. In: C.K. Black, J.F. Panozzo, and G.J. Rebetzke (eds.). *Proceedings 54th Australian Cereal Chemistry Conference and 11th Wheat Breeders Assembly*. Royal Australian Chemical Institute, North Melbourne, pp. 245-248.
- Zohary D, Hopf M. 2000. *Domestication of plants in the Old World* 3rd ed, NewYork: Oxford University Press pp: 1-316.
- Zong X, Redden R, Liu Q, Wang S, Guan J, Liu J, Xu Y, Liu X, Gu J, Yan L, Ades P Ford R. 2009. Analysis of a diverse global *Pisum* sp. collection and comparison to a Chinese

local *P. sativum* collection with microsatellite markers. Theor Appl Genet 118: 193–204.
<https://doi.org/10.1007/s00122-008-0887-z>

ANEXO

Tabla1: Valores fenotípicos medios, desvío estándar (DE), promedio general (μ), coeficiente de variación (CV) y diferencia mínima significativa (LSD) para cada variable

Variedad	RE	D,E,	NG	D,E,	PV	D,E,	NV	D,E,
Accord	676,30	273,85	1539,27	579,49	1216,09	568,75	292,00	103,36
American Wonder	677,60	613,83	1824,02	1789,73	1254,66	1109,07	363,00	306,72
Avon	803,35	324,20	2042,52	930,58	1427,77	528,29	422,13	169,98
Bolero	1209,52	917,77	2796,59	1929,47	2076,95	1445,05	348,63	189,40
Cuarentona	1062,76	912,13	2084,74	1391,25	2263,80	1983,56	415,13	271,62
Dante	825,88	489,98	1849,62	909,00	1678,17	986,11	413,00	213,38
Duke of Albany	799,39	318,15	1200,25	406,68	1485,60	509,40	194,75	66,65
Early Perfection	908,74	431,62	2104,11	1142,17	1801,75	900,01	347,75	174,75
Early Sweet	350,17	249,63	861,57	588,47	723,17	449,92	162,00	94,37
Eaton	745,26	510,15	1759,54	1397,17	1450,97	993,38	301,50	171,03
Filigreen áfila	391,65	209,66	1255,27	692,44	715,17	369,45	247,88	132,68
Granada	574,63	322,82	997,36	601,90	1040,90	618,55	222,13	101,92
Green Sugar	530,60	442,86	1193,96	948,07	978,53	841,93	218,25	172,89
Gypsy	710,50	445,77	1563,67	1084,72	1521,67	1001,94	317,50	177,18
Leo	550,60	288,82	1041,39	517,07	1002,64	565,77	225,00	125,32
Multiviral Resistant	614,63	399,33	1270,57	963,07	1116,19	708,31	289,94	180,77
Panga	761,30	486,79	1383,07	1082,41	1384,37	737,18	246,13	112,92
Rapid	250,31	156,52	462,67	267,90	645,38	372,50	111,25	61,22
Rois des Conserves	740,43	536,64	2802,10	2127,25	1537,95	1108,05	470,63	272,47
Super Scout	761,17	563,04	1607,99	1220,89	1459,85	1179,73	304,08	221,18
Suttons	665,78	294,40	1037,24	451,21	1286,56	526,48	191,88	61,38
Telephone	740,27	406,90	1227,90	754,38	1534,64	804,23	251,75	117,92
Trianon	498,98	144,84	1442,48	529,58	891,23	315,83	241,00	67,73
Withan Wonder	589,28	372,21	1389,65	1068,36	1048,97	694,92	204,88	135,31
μ	684,96		1530,73		1314,29		283,42	
CV	70,26		75,54		70,34		63,93	
LSD	366,31		906,51		676,83		134,42	

RE: rendimiento por parcela; NG: número de granos por parcela; PV: peso total de vainas por parcela; NV: número de vainas por parcela.

Tabla 1: continuación

Variedad	NG/V	D,E,	C	D,E,	FG	D,E,	LV	D,E,
Accord	5,25	0,63	10,10	0,54	1,07	0,01	6,82	0,65
American Wonder	4,58	0,84	9,67	0,53	1,07	0,02	5,83	0,65
Avon	5,14	1,46	9,69	0,47	1,06	0,02	5,73	1,16
Bolero	5,73	0,98	9,52	0,68	1,08	0,02	6,62	0,61
Cuarentona	5,56	1,36	9,98	0,64	1,07	0,02	6,41	0,58
Dante	4,54	0,65	10,00	0,29	1,08	0,01	6,21	0,44
Duke of Albany	6,17	1,10	11,53	0,60	1,07	0,02	9,47	0,69
Early Perfection	6,02	1,25	10,21	0,66	1,06	0,02	7,04	0,48
Early Sweet	4,85	1,01	10,16	0,30	1,08	0,02	6,15	0,36
Eaton	5,52	1,99	9,53	0,47	1,06	0,01	8,86	0,54
Filigreen áfila	5,01	0,50	8,57	0,51	1,06	0,02	5,05	0,43
Granada	4,39	0,83	10,65	0,24	1,08	0,02	6,28	0,52
Green Sugar	5,58	0,52	9,98	0,43	1,08	0,01	7,02	0,54
Gypsy	5,03	1,46	9,98	0,49	1,07	0,02	6,89	0,65
Leo	4,89	0,94	9,75	0,74	1,06	0,02	6,63	0,39
Multiviral Resistant	5,31	1,07	9,93	0,31	1,06	0,01	6,58	0,62
Panga	5,24	1,73	10,44	0,74	1,09	0,02	7,29	0,65
Rapid	4,66	1,71	11,21	0,41	1,06	0,02	7,48	2,14
Rois des Conserves	4,91	1,16	8,83	0,37	1,08	0,02	5,49	2,32
SuperScout	5,36	0,65	9,82	0,53	1,06	0,02	6,75	0,60
Suttons	6,04	1,56	11,52	0,44	1,06	0,05	8,74	0,76
Telephone	4,84	1,41	11,77	0,53	1,07	0,04	8,08	0,64
Trianon	5,91	0,85	9,41	0,42	1,08	0,03	7,01	0,75
Withan Wonder	6,56	0,70	9,52	0,71	1,06	0,02	7,15	0,33
μ	5,29		10,07		1,07		6,90	
CV	23,26		9,15		2,14		19,17	
LSD	1,15		0,41		-		0,86	

NG/V: número de granos por vaina; C: calibre del grano; FG: forma del grano; LV: largo de vaina.

Tabla1: Continuación

Variedad	AV	D,E,	ICOS	D,E,	ALT	D,E,	DPC	D,E,
Accord	1,15	0,14	56,85	10,02	70,96	16,12	113,63	1,19
American Wonder	1,16	0,19	46,34	7,94	69,19	12,77	104,00	15,57
Avon	1,06	0,04	55,92	4,41	84,31	22,32	117,63	7,67
Bolero	1,13	0,11	56,79	2,93	66,50	9,95	113,25	4,77
Cuarentona	1,24	0,13	48,44	3,03	137,75	20,54	118,63	4,66
Dante	1,12	0,06	49,22	4,01	139,19	37,90	116,75	7,23
Duke of Albany	1,57	0,12	53,17	8,02	138,00	21,66	117,50	5,45
Early Perfection	1,30	0,16	50,28	4,11	90,56	20,70	112,13	2,59
Early Sweet	1,36	0,04	46,64	7,03	92,44	25,68	97,25	12,93
Eaton	1,05	0,11	51,04	1,99	83,38	15,11	119,13	5,36
Filigree náfila	1,06	0,10	53,78	5,02	65,63	17,89	107,75	10,95
Granada	1,16	0,39	53,72	2,60	78,56	12,24	107,25	9,53
Green Sugar	1,11	0,12	54,93	2,17	74,69	21,52	109,75	8,50
Gypsy	1,26	0,13	47,49	2,34	61,19	8,10	121,13	2,95
Leo	1,21	0,17	55,26	9,98	83,00	15,23	115,38	9,15
Multiviral Resistant	1,16	0,06	54,34	4,94	93,44	15,44	116,63	5,37
Panga	1,25	0,18	53,16	7,12	76,44	6,54	115,75	5,65
Rapid	1,64	0,53	37,54	4,10	65,38	12,68	96,88	9,78
Rois des Conserves	0,94	0,43	48,53	3,54	129,63	8,77	117,25	4,27
Super Scout	1,16	0,08	54,70	8,40	81,94	12,64	110,63	3,66
Suttons	1,54	0,14	52,03	6,00	131,88	20,58	116,75	4,71
Telephone	1,39	0,11	48,99	6,97	132,13	14,56	114,88	2,59
Trianon	1,06	0,09	55,31	7,73	71,25	14,06	114,13	6,71
Withan Wonder	1,22	0,19	55,96	3,73	60,13	15,52	110,25	8,33
μ	1,22		51,68		90,73		112,68	
CV	20,72		13,64		35,06		8,32	
LSD	0,20		5,81		15,17		5,44	

AV: ancho de vaina; ICOS: índice de cosecha; ALT: altura de planta; DPC: días a primer cosecha

Tabla1: Continuación

Variedad	DPSC	D,E,	%REPC	D,E,	SST	D,E,	AcT	D,E,
Accord	8,13	2,03	32,97	15,55	7,33	1,21	0,02	0,02
American Wonder	8,50	2,07	32,55	17,10	8,09	1,41	0,03	0,01
Avon	9,88	3,31	46,29	25,99	7,29	2,00	0,03	0,03
Bolero	6,63	0,92	45,41	24,66	7,56	1,01	0,02	0,00
Cuarentona	7,13	3,72	35,03	17,22	6,60	0,86	0,02	0,01
Dante	9,63	1,51	43,17	10,88	7,29	0,86	0,02	0,00
Duke of Albany	7,75	3,11	42,77	16,17	7,01	0,91	0,02	0,00
Early Perfection	5,38	2,77	35,52	29,30	8,47	1,19	0,02	0,00
Early Sweet	13,25	5,42	32,45	13,31	7,36	1,48	0,02	0,01
Eaton	5,88	2,64	48,58	30,44	7,30	1,40	0,02	0,00
Filigreen áfila	8,00	3,89	50,83	30,38	7,90	1,53	0,02	0,01
Granada	10,25	7,01	38,25	34,63	6,99	1,26	0,02	0,01
Green Sugar	8,13	1,89	36,04	18,37	6,89	0,63	0,02	0,01
Gypsy	3,38	3,62	50,32	34,54	7,12	1,66	0,02	0,01
Leo	7,13	4,09	51,85	22,68	7,39	0,89	0,02	0,01
Multiviral Resistant	7,13	0,99	63,05	15,72	6,46	0,79	0,01	0,00
Panga	6,75	2,87	56,01	23,51	7,01	2,00	0,02	0,00
Rapid	10,13	2,59	42,24	22,89	9,08	1,03	0,04	0,01
Rois des Conserves	9,13	2,10	50,22	20,28	7,58	1,07	0,02	0,01
SuperScout	7,63	3,42	46,25	32,41	7,49	1,72	0,02	0,01
Suttons	7,38	1,41	51,01	22,15	8,00	1,25	0,02	0,01
Telephone	7,13	1,36	32,39	16,37	7,75	1,96	0,02	0,01
Trianon	11,50	2,62	58,21	22,61	8,24	1,42	0,03	0,01
Withan Wonder	6,38	3,54	43,52	33,50	7,81	1,90	0,02	0,01
μ	8,01		44,37		7,50		0,02	
CV	45,17		54,23		18,83		48,28	
LSD	3,15		23,28		-		0,13	

DPSC: días entre primer y segunda cosecha, %REPC: porcentaje de RE en primer cosecha, AcT: acidez titulable; IM: índice de madurez

Tabla 1: Continuación

Variedad	IM	D,E,	pH	D,E,	VitC	D,E,	L	D,E,
Accord	396,35	128,49	7,38	0,36	55,26	20,17	58,52	0,83
American Wonder	294,42	63,82	7,05	0,34	59,28	5,64	57,96	0,37
Avon	361,82	158,68	7,32	0,42	61,34	23,92	57,67	0,57
Bolero	405,92	120,09	7,26	0,34	62,33	11,71	56,93	0,77
Cuarentona	343,09	94,51	7,27	0,39	56,28	13,43	58,11	1,03
Dante	451,98	120,95	7,37	0,28	58,09	7,20	57,11	0,48
Duke of Albany	433,85	48,93	7,35	0,39	72,02	15,51	57,06	1,22
Early Perfection	413,05	108,05	7,23	0,23	65,31	8,69	58,15	0,80
Early Sweet	355,45	113,66	6,88	0,16	66,57	16,42	57,74	0,31
Eaton	352,33	94,92	7,31	0,41	68,25	13,97	57,23	0,68
Filigreen áfila	426,70	105,67	6,86	0,25	63,80	14,70	56,44	0,57
Granada	386,94	145,75	7,14	0,34	70,45	16,03	56,74	0,25
Green Sugar	472,56	135,63	7,13	0,35	46,38	10,51	56,59	0,37
Gypsy	398,08	68,21	7,33	0,33	53,09	25,19	57,62	0,84
Leo	385,07	108,29	7,23	0,36	52,82	14,07	57,22	0,61
Multiviral Resistant	540,82	117,54	7,25	0,30	71,86	23,30	58,36	0,41
Panga	427,48	151,86	7,26	0,17	54,67	18,58	56,91	0,54
Rapid	258,01	61,58	6,99	0,24	71,11	6,70	57,82	1,52
Rois des Conserves	423,78	137,86	7,05	0,26	62,33	18,77	57,15	0,63
SuperScout	490,73	181,71	7,25	0,19	68,58	20,65	56,22	0,58
Suttons	377,36	124,18	7,18	0,25	78,31	20,71	57,51	1,07
Telephone	341,72	104,08	7,05	0,23	64,03	32,30	58,27	0,62
Trianon	283,62	116,09	7,05	0,30	60,06	8,21	57,23	0,79
Withan Wonder	432,19	97,54	7,19	0,28	56,67	15,83	57,68	1,00
μ	393,89		7,18		62,45		57,43	
CV	32,26		4,49		28,43		1,64	
LSD	113,05		0,24		16,82		0,67	

IM: índice de madurez; pH: potencial de hidrógeno; VitC: contenido de vitamina C; L (luminosidad)

Tabla1: Continuación

Variedad	a	D,E,	b	D,E,	HUE	D,E,	CRO	D,E,
Accord	-1,17	0,55	8,39	0,81	98,41	4,03	8,52	0,75
AmericanWonder	-0,71	0,39	8,50	0,25	94,89	2,64	8,55	0,25
Avon	-2,22	0,74	6,98	0,32	107,81	5,92	7,39	0,23
Bolero	-1,96	1,17	7,16	0,70	105,61	9,53	7,55	0,54
Cuarentona	-0,14	0,53	9,58	0,53	91,10	3,30	9,62	0,51
Dante	-2,41	0,76	7,32	0,44	108,57	5,90	7,79	0,31
DukeofAlbany	-2,36	0,52	7,38	0,26	107,90	4,12	7,80	0,18
EarlyPerfection	-1,14	0,44	8,62	0,36	97,78	3,08	8,73	0,32
EarlySweet	0,32	0,44	9,75	0,80	88,44	2,34	9,78	0,82
Eaton	-2,36	1,12	7,27	0,55	108,33	8,58	7,75	0,38
Filigreenáfila	-1,34	1,08	7,77	0,20	99,95	7,91	7,97	0,08
Granada	-1,92	0,88	7,56	0,59	104,51	6,69	7,88	0,48
GreenSugar	-1,66	1,28	7,39	0,27	102,50	9,61	7,69	0,31
Gypsy	-2,00	0,35	7,39	0,59	106,03	2,43	7,72	0,61
Leo	-2,02	0,92	7,35	0,54	105,86	7,57	7,72	0,29
MultiviralResistant	-1,50	0,42	7,87	0,42	101,10	3,47	8,04	0,34
Panga	-2,75	0,46	6,84	0,34	111,97	3,31	7,41	0,37
Rapid	-1,63	0,75	7,70	1,05	104,27	6,48	7,95	0,95
RoisdesConserves	-0,73	0,48	8,86	0,29	94,86	3,19	8,91	0,27
SuperScout	-2,55	0,62	7,39	0,30	108,99	4,12	7,86	0,38
Suttons	-2,19	0,69	6,88	0,40	107,58	4,97	7,29	0,48
Telephone	-0,06	0,59	8,82	0,83	91,16	4,73	8,91	0,74
Trianon	-2,43	0,86	7,29	0,38	108,58	6,42	7,76	0,33
WithanWonder	-2,08	0,86	6,82	0,49	107,02	6,94	7,21	0,50
μ	-1,63		7,79		102,63		8,07	
CV	67,05		12,38		8,21		10,09	
LSD	0,67		0,52		5,18		0,46	

a, y b parámetros del sistema color CIELAB; HUE (tono) y CRO (croma): parámetros de color del sistema Munsell; Ca y Cb: contenido de clorofilas a y b respectivamente.

Tabla1: Continuación

Variedad	IC	D,E,	Ca	D,E,	Cb	D,E,
Accord	-2,44	1,23	6,94	2,27	2,61	1,00
AmericanWonder	-1,43	0,80	8,92	1,77	3,44	1,26
Avon	-5,56	1,94	9,23	0,96	3,53	0,41
Bolero	-4,99	3,12	10,93	2,21	4,47	0,97
Cuarentona	-0,29	0,98	8,37	2,91	2,83	0,94
Dante	-5,86	1,99	11,38	2,41	4,27	0,72
DukeofAlbany	-5,62	1,34	9,93	0,79	3,61	0,50
EarlyPerfection	-2,31	0,95	8,61	1,91	3,20	0,88
EarlySweet	0,53	0,72	8,47	1,87	3,00	0,60
Eaton	-5,83	2,76	12,40	2,80	4,62	1,34
Filigreenáfila	-3,10	2,52	11,89	2,57	4,36	1,03
Granada	-4,59	2,19	11,85	2,82	5,09	1,68
GreenSugar	-3,97	3,06	13,21	1,47	4,78	0,92
Gypsy	-4,74	0,98	8,70	2,16	3,36	0,91
Leo	-4,98	2,58	10,56	2,72	4,15	1,23
MultiviralResistant	-3,31	1,08	7,81	3,05	2,65	1,00
Panga	-7,08	1,23	11,45	1,79	4,30	0,76
Rapid	-3,87	1,85	8,15	1,62	3,26	0,45
RoisdesConserve	-1,46	0,97	12,77	2,39	4,44	1,32
SuperScout	-6,15	1,48	14,45	1,28	5,69	0,67
Suttons	-5,53	1,65	8,85	1,96	3,04	0,57
Telephone	-0,22	1,41	7,88	2,21	2,34	0,79
Trianon	-5,90	2,20	12,42	2,02	4,54	0,81
WithanWonder	-5,32	2,25	10,04	2,84	4,04	1,62
μ	-3,92		10,22		3,82	
CV	69,60		28,02		33,01	
LSD	1,68		2,04		0,88	

IC: índice de color; Ca y Cb: contenido de clorofilas a y b respectivamente.

Tabla 2: Valores genotípicos, promedio general (μ), coeficiente de variación (CV) y diferencia mínima significativa (LSD) para cada variable

Genotipo	RE	NG	PV	NV	NG/V	C	LV	AV
Accord	679,75	1535,87	1255,2	289,14	5,28	10,1	6,82	1,16
AmericanWonder	680,53	1707,28	1278,41	336,44	5,00	9,69	5,92	1,17
Avon	756,2	1838,82	1382,57	375,84	5,23	9,71	5,83	1,08
Bolero	1000,61	2292,76	1773,2	326,87	5,47	9,55	6,64	1,14
Cuarentona	912,3	1864,23	1885,63	371,17	5,41	9,98	6,45	1,24
Dante	769,75	1722,7	1533,25	369,76	4,98	10,00	6,27	1,14
DukeofAlbany	753,81	1331,78	1417,37	224,34	5,66	11,46	9,25	1,51
EarlyPerfection	819,62	1875,89	1607,61	326,28	5,59	10,20	7,02	1,28
EarlySweet	483,51	1127,9	958,6	202,52	5,11	10,16	6,22	1,33
Eaton	721,25	1668,47	1396,54	295,47	5,39	9,55	8,70	1,08
Filigreenáfila	508,46	1364,9	953,78	259,74	5,17	8,64	5,21	1,08
Granada	618,57	1209,65	1149,78	242,58	4,92	10,63	6,33	1,17
GreenSugar	592,07	1328	1112,26	240	5,41	9,99	7,01	1,13
Gypsy	700,33	1550,56	1439,08	306,13	5,18	9,98	6,89	1,25
Leo	604,11	1236,16	1126,76	244,5	5,12	9,77	6,65	1,21
MultiviralResistant	642,64	1374,12	1195,09	287,76	5,30	9,94	6,60	1,17
Panga	730,9	1441,84	1356,46	258,57	5,27	10,42	7,26	1,24
Rapid	423,42	887,77	911,79	168,71	5,03	11,15	7,43	1,57
RoisdesConserves	718,34	2296,07	1448,87	408,15	5,14	8,89	5,61	0,98
SuperScout	730,82	1577,24	1401,88	297,19	5,32	9,83	6,77	1,17
Suttons	673,42	1233,65	1297,61	222,43	5,60	11,45	8,59	1,49
Telephone	718,24	1348,43	1446,88	262,32	5,10	11,69	7,98	1,36
Trianon	573,05	1477,61	1059,73	255,16	5,55	9,44	7,00	1,08
WithanWonder	627,39	1445,8	1154,64	231,09	5,82	9,54	7,13	1,22
μ	684,96	1530,73	1314,29	283,42	5,29	10,07	6,90	1,22
CV	48,36	50,22	44,68	41,95	19,99	3,36	12,29	16,19
LSD	212,32	562,47	409,80	88,36	0,56	0,40	0,61	0,13

RE: rendimiento por parcela; NG: número de granos por parcela; PV: peso total de vainas por parcela; NV: número de vainas por parcela; NG/V: número de granos por vaina; C: calibre del grano; LV: largo de vaina; AV: ancho de vaina

Tabla 2: Continuación

Genotipo	ICOS	ALT	DPC	DPSC	%REPC	AcT	IM	pH	VitC
Accord	55,43	71,97	113,49	9,08	32,97	-1,71	395,22	7,29	59,98
AmericanWonder	47,81	70,28	105,21	9,31	32,55	-1,59	340,21	7,11	61,36
Avon	54,75	84,64	116,93	10,15	46,29	-1,67	376,58	7,26	62,07
Bolero	55,39	67,73	113,17	8,16	45,41	-1,72	400,38	7,22	62,41
Cuarentona	49,33	135,36	117,79	8,46	35,03	-1,7	366,47	7,23	60,33
Dante	49,9	136,73	116,18	10,00	43,17	-1,77	425,24	7,29	60,95
DukeofAlbany	52,76	135,6	116,83	8,85	42,77	-1,77	415,45	7,27	65,75
EarlyPerfection	50,66	90,57	112,2	7,39	35,52	-1,69	404,23	7,21	63,44
EarlySweet	48,03	92,35	99,41	12,23	32,45	-1,68	373,14	7,02	63,87
Eaton	51,21	83,75	118,22	7,70	48,58	-1,68	371,46	7,25	64,45
Filigreenáfila	53,2	66,9	108,44	9,00	50,83	-1,72	411,6	7,01	62,91
Granada	53,16	79,18	108,01	10,38	38,25	-1,71	390,14	7,16	65,2
GreenSugar	54,03	75,5	110,16	9,08	36,04	-1,79	436,35	7,15	56,92
Gypsy	48,64	62,69	119,94	6,16	50,32	-1,74	396,15	7,26	59,23
Leo	54,28	83,39	115,00	8,46	51,85	-1,7	389,13	7,21	59,14
MultiviralResistant	53,61	93,30	116,07	8,46	63,05	-1,87	473,19	7,22	65,69
Panga	52,75	77,16	115,32	8,23	56,01	-1,76	412,02	7,23	59,77
Rapid	41,43	66,66	99,09	10,31	42,24	-1,51	320,55	7,07	65,43
RoisesConserves	49,39	127,65	116,61	9,69	50,22	-1,73	410,02	7,11	62,41
SuperScout	53,87	82,38	110,91	8,77	46,25	-1,78	446,15	7,22	64,56
Suttons	51,94	129,79	116,18	8,62	51,01	-1,67	384,97	7,18	67,91
Telephone	49,73	130,02	114,57	8,46	32,39	-1,66	365,73	7,11	63,00
Trianon	54,31	72,24	113,92	11,15	58,21	-1,56	334,38	7,11	61,63
WithanWonder	54,78	61,68	110,59	8,00	43,52	-1,74	414,56	7,19	60,46
μ	51,68	90,73	112,68	9,01	44,37	-1,70	393,89	7,18	62,45
CV	9,83	12,99	3,94	30,76	38,65	7,91	27,01	2,66	25,76
LSD	4,04	13,91	4,83	2,02	29,52	0,09	65,53	0,15	7,26

ICOS: índice de cosecha; ALT: altura de planta; DPC: días a primer cosecha; DPSC: días entre primer y segunda cosecha, %REPC: porcentaje de RE en primer cosecha, AcT: acidez titulable; IM: índice de madurez; pH: potencial de hidrógeno; VitC: contenido de vitamina C

Tabla 2: Continuación

Genotype	L	a	b1	HUE	CRO	IC	Ca	Cb
Accord	58,32	-1,22	8,36	98,87	8,49	-2,6	7,46	2,80
AmericanWonder	57,86	-0,81	8,46	95,73	8,52	-1,71	9,13	3,50
Avon	57,62	-2,15	7,02	107,25	7,44	-5,38	9,39	3,57
Bolero	57,02	-1,92	7,2	105,29	7,58	-4,87	10,82	4,37
Cuarentona	57,99	-0,3	9,48	92,35	9,52	-0,69	8,66	2,98
Dante	57,17	-2,33	7,35	107,93	7,81	-5,65	11,19	4,19
DukeofAlbany	57,13	-2,28	7,41	107,33	7,81	-5,43	9,97	3,64
EarlyPerfection	58,01	-1,19	8,57	98,31	8,69	-2,49	8,87	3,30
EarlySweet	57,68	0,11	9,63	89,97	9,67	0,03	8,75	3,13
Eaton	57,27	-2,28	7,3	107,71	7,77	-5,62	12,05	4,49
Filigreenáfila	56,62	-1,37	7,77	100,24	7,98	-3,19	11,62	4,27
Granada	56,87	-1,89	7,58	104,3	7,89	-4,52	11,59	4,89
GreenSugar	56,74	-1,65	7,41	102,52	7,71	-3,97	12,73	4,63
Gypsy	57,58	-1,96	7,42	105,66	7,74	-4,65	8,94	3,43
Leo	57,26	-1,98	7,38	105,51	7,74	-4,86	10,51	4,09
MultiviralResistant	58,19	-1,51	7,86	101,27	8,04	-3,38	8,19	2,84
Panga	57,01	-2,63	6,9	110,96	7,45	-6,73	11,25	4,23
Rapid	57,74	-1,63	7,71	104,09	7,96	-3,87	8,48	3,35
RoisdesConserves	57,2	-0,83	8,8	95,7	8,86	-1,73	12,36	4,34
SuperScout	56,44	-2,45	7,41	108,3	7,87	-5,9	13,77	5,39
Suttons	57,49	-2,13	6,93	107,04	7,34	-5,35	9,07	3,16
Telephone	58,11	-0,23	8,76	92,4	8,85	-0,63	8,25	2,58
Trianon	57,26	-2,34	7,32	107,93	7,78	-5,68	12,07	4,42
WithanWonder	57,63	-2,03	6,88	106,54	7,26	-5,16	10,06	4,00
μ	57,43	-1,63	7,79	102,63	8,07	-3,92	10,22	3,82
CV	0,93	34,97	6,05	4,27	5,20	35,65	16,99	20,26
LSD	0,52	0,57	0,41	4,40	0,36	1,44	1,57	0,68

L (luminosidad), a, y b parámetros del sistema color CIELAB; HUE (tono) y CRO (croma): parámetros de color del sistema Munsell; IC: índice de color; Ca y Cb: contenido de clorofilas a y b respectivamente.