BIBLIOTECA VIRTUAL
MIGUEL DE CERVANTES

Universidad de Valladolid

Interacción genotipo x ambiente en guisante proteaginoso (*Pisum sativum* L.)

María Rosa González García

Tesis de Doctorado

Facultad: E. T. S. Ingenierías Agrarias

Directores: Dr. Pedro Martín Peña
Dr. Luis Ayerbe Mateo-Sagasta

2001

UNIVERSIDAD DE VALLADOLID

DEPARTAMENTO DE PRODUCCIÓN VEGETAL Y SILVOPASCICULTURA

BIBLIOTECA VIRTUAL MIGUEL DE CERVANTES

INTERACCIÓN GENOTIPO X AMBIENTE EN GUISANTE PROTEAGINOSO (*Pisum sativum* L.)

TESIS DOCTORAL

María Rosa González García

Ingeniero Agrónomo

Palencia, 2001

ÍNDICE

MEMORIA

1. INTRODUCCIÓN

1.1. Importancia económica de las leguminosas grano y del guisante proteaginoso **2**
1.1.1. Las leguminosas grano y el guisante proteaginoso en el mundo 2
1.1.2. Las leguminosas grano y el guisante proteaginoso en España 5

1.2. Aspectos botánicos y fisiológicos del guisante **7**
1.2.1. Origen y sistemática 7
1.2.2. Morfología 8
1.2.3. Desarrollo radicular y nodulación 10
1.2.4. Perfil reproductivo 11
1.2.5. Producción de materia seca 12
1.2.6. Desarrollo del fruto 13
1.2.7. Estados fenológicos 14
1.2.8. Composición del grano 16
1.2.8.1. Proteína y compuestos antinutritivos 16
1.2.8.2. Hidratos de carbono 18
1.2.8.3. Lípidos 19
1.2.8.4. Otros componentes 19

1.3. Agronomía del guisante proteaginoso **20**
1.3.1. Exigencias del cultivo 20
1.3.2. Preparación del suelo 21
1.3.3. Elección de variedad 21
1.3.4. Siembra 22
1.3.5. Abonado y riego 22
1.3.6. Control fitosanitario 23
1.3.6.1. Enfermedades 23
1.3.6.2. Plagas 26
1.3.6.3. Malas hierbas 28
1.3.7. Recolección 28

1.4. Mejora genética del guisante proteaginoso **29**

1.5. Influencia del genotipo y del ambiente sobre el desarrollo vegetativo y reproductor del guisante **33**
1.5.1. Efectos sobre el desarrollo fenológico 33
1.5.2. Efectos sobre el rendimiento y el reparto entre sus componentes 37

1.6. La interacción genotipo x ambiente **40**
1.6.1. Definición y complejidad biológica de la interacción genotipo x ambiente 40
1.6.2. Interés del estudio de la interacción GxA en mejora 42
1.6.3. Estabilidad y adaptabilidad 43
1.6.3.1. Definiciones 43
1.6.3.2. Origen genético de la estabilidad 46
1.6.3.3. La adaptación ecogeográfica de las variedades 48
1.6.4. Evaluación de la interacción GxA 53
1.6.4.1. Métodos no paramétricos 54
1.6.4.2. Métodos uniparamétricos 56
1.6.4.2.1. Modelos que tienen en cuenta únicamente el efecto genotípico. 57
1.6.4.2.2. Modelos que tienen en cuenta los efectos de la interacción genotipo x ambiente 57
1.6.4.2.2.1. Ecovalencia, varianza de la estabilidad e índice de superioridad 58
1.6.4.2.2.2. Análisis de regresión conjunta 58

BIBLIOTECA VIRTUAL MIGUEL DE CERVANTES

1.6.4.3. Métodos multiparamétricos 62
1.6.4.3.1. Análisis de componentes principales 63
1.6.4.3.2. Análisis multiplicativo (AMMI) 64
1.6.4.3.2.1. Descripción y utilidades del AMMI 64
1.6.4.3.2.2. Validación del AMMI 67
1.6.4.3.2.3. Relaciones entre covariables y parámetros del análisis multiplicativo 67
1.6.4.3.2.4. Análisis sistemático del rendimiento 68
1.6.4.3.3. Análisis de regresión factorial 71
1.6.4.3.4. Análisis de grupos 73

1.7. Objetivos 75

2. MATERIAL Y MÉTODOS

2.1. Material vegetal 76

2.2. Diseño experimental 77

2.3. Localización de las parcelas de ensayo. Suelo y clima. 78

2.4. Meteorología. 80

2.5. Prácticas culturales 87
2.5.1. Labores preparatorias del terreno 87
2.5.2. Siembra 87
2.5.3. Labores posteriores 87

2.6. Controles y observaciones 88
2.6.1. Seguimiento de los estados de desarrollo. 88
2.6.2. Componentes del rendimiento y perfil reproductivo 89
2.6.3. Calidad de la semilla 91

2.7. Estudio de parámetros fenológicos 91

2.8. Estudio del efecto genotípico, ambiental y de la interacción GxA en el rendimiento y sus componentes 92
2.8.1. Variables estudiadas 92
2.8.2. Covariables 92
2.8.2.1. Covariables genotípicas 92
2.8.2.2. Covariables ambientales 94
2.8.3. Métodos de análisis 95
2.8.3.1. Análisis de varianza en ambientes individuales 95
2.8.3.2. Descomposición del efecto ambiental 95
2.8.3.3. Descomposición del efecto genotípico. Estudio de contrastes 96
2.8.3.4. Correlaciones entre covariables genotípicas y ambientales 96
2.8.3.5. Análisis de la interacción GxA 97
2.8.3.5.1. Análisis de varianza combinado 97
2.8.3.5.2. Métodos no paramétricos 97
2.8.3.5.2.1. Método de ordenaciones estratificada 97
2.8.3.5.2.2. Método de consistencia de comportamiento 98
2.8.3.5.3. Métodos paramétricos univariantes 98
2.8.3.5.3.1. Ecovalencia 98
2.8.3.5.3.2. Medida de Lin y Binns 98
2.8.3.5.3.3. Análisis de regresión conjunta. 99
2.8.3.5.4. Métodos multivariantes 101
2.8.3.5.4.1. Análisis de los efectos principales aditivos e interacción multiplicativa (AMMI). 101
2.8.3.5.4.2. Análisis de regresión factorial 105
2.8.3.5.4.3. Análisis de grupos 107
2.8.4. Procesamiento informático de datos 107

BIBLIOTECA VIRTUAL MIGUEL DE CERVANTES

3. RESULTADOS Y DISCUSIÓN

3.1. Parámetros fenológicos 108

3.2. Estudio del rendimiento y sus componentes en ambientes individuales 123

3.3. Descomposición del efecto ambiental 132
3.3.1. Efectos de los factores ambientales sobre el rendimiento y sus componentes 132
3.3.2. Comparación de las medias de rendimiento en grano en distintos ambientes 141

3.4. Descomposición del efecto genotípico 145

3.5. Covariables genotípicas y ambientales 152
3.5.1. Selección de covariables 152
3.5.2. Correlaciones entre las covariables genotípicas 155
3.5.3. Correlaciones entre las covariables ambientales 163

3.6. Análisis de la interacción genotipo x ambiente 171
3.6.1. Cuantificación del efecto de la interacción GxA sobre el rendimiento y sus componentes 171
3.6.2. Métodos no paramétricos 174
3.6.2.1. Ordenación estratificada de rangos 174
3.6.2.2. Estudio de la consistencia del comportamiento 176
3.6.3. Métodos paramétricos: análisis univariante de la estabilidad 181
3.6.3.1. Ecovalencia 181
3.6.3.2. Medida de Lin y Binns 182
3.6.3.3. Análisis de varianza y regresión conjunta 184
3.6.4. Métodos multivariantes 189
3.6.4.1. Análisis multiplicativo (AMMI) 189
3.6.4.1.1. Rendimiento en grano 191
3.6.4.1.2. Productividad total de biomasa 199
3.6.4.1.3. Vainas por metro cuadrado 203
3.6.4.1.4. Índice de cosecha 206
3.6.4.1.5. Peso de cien semillas 210
3.6.4.1.6. Granos por vaina 214
3.6.4.2. Análisis de regresión factorial 217
3.6.4.2.1. Rendimiento en grano 217
3.6.4.2.2. Productividad total de biomasa 224
3.6.4.2.3. Vainas por metro cuadrado 226
3.6.4.2.4. Índice de cosecha 227
3.6.4.2.5. Peso de cien semillas 228
3.6.4.2.6. Granos por vaina 229
3.6.5. Clasificación de genotipos y ambientes mediante análisis de grupos 229
3.6.5.1. Parámetros fenológicos 230
3.6.5.2. Rendimiento y sus componentes 237
3.6.5.2.1. Clasificación de los genotipos 237
3.6.5.2.2. Clasificación de los ambientes 244
3.6.6. Estudio comparativo de los métodos de análisis de la interacción GxA 250
3.6.6.1. Ordenación de los genotipos según la magnitud y estabilidad de sus valores medios 250
3.6.6.2. Eficiencia y utilidades de los modelos de análisis de la interacción GxA 258
3.6.6.3. Interpretación conjunta de los resultados del análisis de la interacción GxA 264

4. CONCLUSIONES 268

5. BIBLIOGRAFÍA 272

1. INTRODUCCIÓN

Bajo el término leguminosa de grano se incluye un conjunto de especies que pertenecen a la familia Fabaceae (Papilionaceae, en la sistemática antigua) y que se cultivan principalmente por sus semillas, con interés tanto en la alimentación humana como animal, debido a su alto contenido en proteína (Moreno, 1983).

En el caso concreto del guisante (*Pisum sativum* L.), existen dos tipos de cultivo según el objeto de la producción: aquél en que los frutos se recogen en verde y se destinan al consumo humano tras un proceso de congelación rápida o enlatado, y aquél en que se cosechan en la madurez, pudiendo destinar el grano tanto al consumo humano como a la fabricación de piensos.

Se conoce desde antiguo que el cultivo de leguminosas enriquece el suelo, debido a la fijación biológica del nitrógeno atmosférico que realizan las bacterias *Rhizobium leguminosarum* Baldwin y Fred, en simbiosis con estas especies. La inclusión de las leguminosas en las rotaciones de cultivo, además de incrementar la fertilidad del terreno, mejoran la estructura del suelo y contribuyen al saneamiento de los cultivos. Por todo ello, el papel de las leguminosas en la diversificación de los sistemas de cultivo y en el mantenimiento de la fertilidad del suelo en el marco de una agricultura sostenible, tiene un peso cada vez mayor en la política agrícola en los países desarrollados (Gowda *et al*., 1997).

Durante mucho tiempo el consumo humano de leguminosas en la UE ha permanecido estable, mientras que el consumo de carne se ha incrementado rápidamente. La producción animal requiere dietas ricas en proteína, por lo que la demanda de semillas proteaginosas se ha triplicado en los últimos veinticinco años (Carrouée *et al*., 1997). Más del 70% de las necesidades de proteína vegetal de la UE están hoy día cubiertas con importaciones de terceros países, fundamentalmente de soja procedente de Estados Unidos.

Con todo, el cultivo de leguminosas dentro de una agricultura cada vez más racional y respetuosa con el medio ambiente, y como alternativa al monocultivo de cereales, tiene hoy un interés indiscutible.

En España, el cultivo de leguminosas grano, y entre ellas el guisante, no goza de la importancia económica que tiene en otros países de nuestro entorno. Nos hallamos en esta situación porque durante años la mejora genética de estas especies ha estado discriminada frente a la de otras como es el caso de los cereales, sin desarrollarse nuevas variedades de mayor productividad y capacidad de adaptación a nuestras condiciones ecológicas, como ha ocurrido en otros países. En España, donde disponemos de abundantes recursos fitogenéticos de leguminosas, la investigación en este campo tiene horizontes muy amplios.

BIBLIOTECA VIRTUAL MIGUEL DE CERVANTES

1.1. Importancia económica de las leguminosas grano y del guisante proteaginoso

1.1.1. Las leguminosas grano y el guisante proteaginoso en el mundo

Bajo la denominación genérica "leguminosas" se incluyen numerosas especies de características similares, pero con destinos muy diferentes, tanto en consumo humano como animal: grano seco, grano verde, aceite, pienso, heno y/o forraje... En los cómputos estadísticos a nivel mundial se consideran leguminosas-grano aquellas que son aprovechadas en grano seco para consumo humano o animal. El cacahuete y la soja, siendo también leguminosas, se incluyen dentro del grupo de las plantas oleaginosas. Las judías, habas y guisantes verdes para consumo humano en fresco se incluyen dentro de los cultivos hortícolas.

En la legislación europea se hace una diferenciación clara entre las leguminosas, designando como proteaginosas a guisantes, habas, haboncillos y altramuces, y como leguminosas grano a lentejas, garbanzos y vicias. La política agrícola comunitaria establece distinta reglamentación y régimen de ayudas al cultivo en un caso y otro. Los datos a que se hace referencia a continuación corresponden al conjunto de leguminosas grano.

Según el Anuario de Estadística de la FAO del año 1999, se aprecia un lento incremento de la superficie de cultivo de leguminosas grano a nivel mundial. En el trienio 89-91 la superficie cultivada fue de 68 millones de ha, pasando en 1996 a cerca de 72 millones de ha. Los datos provisionales de 1999 se sitúan en torno a los 71 millones de hectáreas. Por su parte, la superficie cultivada de soja a nivel mundial fue aproximadamente de 70 millones de ha en 1998.

La producción de leguminosas grano no ha crecido en tanta proporción como lo ha hecho la de otros cultivos. No obstante, si en el trienio 79-81 la producción mundial media fue de 31 millones de toneladas, en 1994 se alcanzaron cerca de 57 millones de toneladas. En 1999 se superan los 59 millones de toneladas.

India es el principal país productor de leguminosas grano, con el 27% de la producción mundial en 1999, seguido de China, Canadá, Brasil, Francia, Australia y Nigeria.

En Europa, la producción se ha multiplicado por 6 y los rendimientos por 2 entre 1979 y 1994. Sin embargo, según datos de la FAO, en Asia prácticamente no ha habido incremento de la producción y de los rendimientos en ese mismo periodo.

El guisante seco, guisante proteaginoso o guisante grano, constituye la principal leguminosa que se cultiva en invierno. En 1999 los guisantes proteaginosos representaban el 8,4% de la superficie mundial total dedicada a leguminosas grano (tabla 1). Es la Unión Europea el principal productor de guisante, con unas 900.000 ha de cultivo, y casi el 35% de la producción mundial en 1999.

La producción de guisante grano a nivel mundial está disminuyendo en estos últimos años debido principalmente al retroceso de la superficie dedicada al cultivo en Rusia y China. Sin embargo, la producción en la Unión Europea ha sufrido un enorme incremento. Mientras que a principios de los 80 la producción media era de 411.000 t, a finales de la década se llegaron a superar los 4 millones de toneladas, una cifra que se mantiene en la actualidad.

Francia aporta entre el 65 y el 75% de la producción de guisante grano de la UE. Francia ha sabido defender estas producciones dentro de la UE, perfectamente introducidas en la fabricación de piensos, con una tasa de utilización del 20% (Franco, 1999), siendo el país con el déficit de proteínas pienso más bajo de la UE, el 41%. En el otro extremo, España asume el déficit más alto: el 71%.

Tabla 1: Superficie (S) y producción (P) de leguminosas grano y guisantes secos en el mundo, la UE y España en los años 1979-81, 1989-91, 1996 y 1999.

		1979-81		1989-91		1996		1999	
		S (miles ha)	P (miles t)	S (miles ha)	P (miles t)	S (miles ha)	P (miles t)	S (miles ha)	P (miles t)
Leguminosas grano	**Mundo**	46.600	36.000	68.257	55.542	71.600	55.300	70.600	59.300
	UE	780	1 147	1 854	5.348	1.831	4.669	1.751	5.400
	España	514	365	315	238	710	486	499	292
Guisantes secos	**Mundo**	7.513	8.178	8.905	14.878	6.343	10.841	6.093	11.268
	UE	123	411	927	4.174	856	3.475	887	4.046
	España	5	5	8	10	82	84	42	48

Fuente: FAO, 2000.

La política agraria comunitaria ha intentado fomentar en los últimos años el cultivo de leguminosas en Europa para paliar el fuerte déficit de proteína vegetal y no depender de los suministros de soja procedente de Estados Unidos. Este fomento del cultivo comienza en 1973, año del embargo de exportaciones de soja decretado por el gobierno norteamericano, con dos objetivos claros:

- Estímulo de la investigación en leguminosas grano.
- Regulación del sector para promover la expansión del cultivo, garantizando unos precios mínimos a los agricultores y unas ayudas compensatorias a los productores de piensos compuestos. Se dotó, además, una subvención por hectárea destinada al cultivo de habas, haboncillos, guisantes y altramuces que todavía se mantiene.

Las leguminosas denominadas proteaginosas en la normativa europea (habas, haboncillos, guisantes y altramuces dulces) se integran, dentro de la nueva Política Agrícola Común (PAC), en el conjunto de los cultivos herbáceos. El agricultor recibe un pago directo de base que para el período 2000-2006 es de 66 euros/t, más una prima adicional de 6,5 euros/t para garantizar su rentabilidad relativa frente a los restantes cultivos herbáceos. Para las proteaginosas no existe precio de intervención, como ocurre en el caso de los cereales.

El cultivo de las denominadas leguminosas grano dentro de la PAC (lentejas, garbanzos, vezas y yeros), recibe ayudas compensatorias. Cada comarca tiene asignado un rendimiento medio, que sirve para calcular la cuantía de estas ayudas. La superficie máxima garantizada en toda la UE es de 400.000 ha, un valor que en la actualidad se supera contabilizando únicamente la superficie sembrada en España.

1.1.2. Las leguminosas grano y el guisante proteaginoso en España

En España, la superficie dedicada a leguminosas grano, que superaba el millón de ha en los años 60, no ha llegado al medio millón de ha en 1999. La tabla 2 muestra las superficies y producciones de leguminosas en los últimos años (datos de los Anuarios de Estadística Agraria del MAPA). Actualmente, la veza grano es la leguminosa que más se cultiva, con un rendimiento medio muy bajo, tan sólo 600 Kg/ha.

Según Moreno (1983), existe un desequilibrio en las alternativas de secano, donde el cereal ocupa la mayor superficie, llegándose incluso al monocultivo en muchas zonas. Por otro lado, los rendimientos de los cultivos de leguminosas grano en las últimas décadas se han mantenido, en contra de lo que sucede en otros cultivos, como es el caso del trigo, la cebada y el maíz (Ramos, 1996), debido tanto al perfeccionamiento de las técnicas agrícolas como a la obtención de nuevas variedades.

Tabla 2: Superficie y producción de leguminosas grano en España (años 1996-1999).

	Superficie (ha)				Producción (t)			
	1996	1997	1998	1999	1996	1997	1998	1999
Judías	35.000	30.100	22.400	20.200	29.400	26.500	22.100	22.900
Habas secas	10.500	12.700	8.900	11.500	11.200	12.100	9.300	8.600
Lentejas	41.100	37.500	27.400	24.800	27.200	21.400	16.200	11.100
Garbanzos	140.700	117.200	115.000	86.800	91.500	65.900	65.900	35.200
Guisantes secos	82.100	73.900	56.500	42.500	84.100	70.400	73.300	47.800
Veza	332.200	274.600	200.500	198.000	198.100	151.500	126.800	106.600
Altramuz dulce	25.100	14.800	13.700	13.500	17.400	10.400	10.500	9.200
Yeros	34.600	52.400	88.000	102.200	26.800	32.100	58.700	42.200
TOTAL	**701.300**	**613.200**	**532.400**	**499.500**	**485.700**	**390.300**	**382.800**	**292.400**

Fuente: Anuario de Estadística Agroalimentaria (MAPA, 1999).

La figura 1 representa la evolución de la superficie cultivada de guisante proteaginoso en España desde 1961 hasta 1999. Se observa que hasta 1979 esta superficie fue disminuyendo de forma constante hasta unas 5.000 ha. En 1994, como consecuencia de la reforma de la PAC, la superficie experimentó un extraordinario incremento. A partir de 1996 la tendencia creciente se ha roto, cayendo la superficie en 20.000 ha en los últimos 4 años.

En 1994 las importaciones españolas de guisante proteaginoso (MAPA, 1999) tuvieron también un importante incremento, pasando de 90.000 t a 436.000 t, un valor que se mantiene en la actualidad.

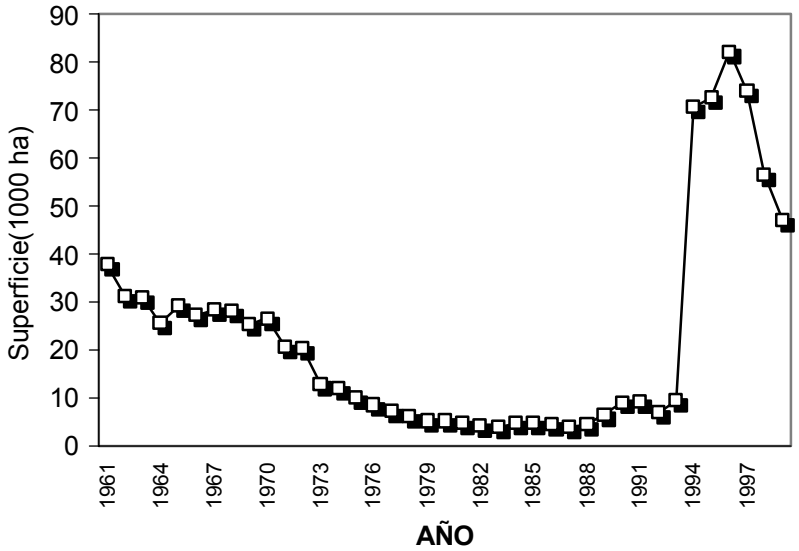


Figura 1. Evolución de la superficie dedicada al cultivo de guisante en España (años 1961-1999)

En la figura 2 se representan los rendimientos medios del cultivo de guisante en España, Francia y la U.E. En los años 1969-1999 el rendimiento en España se ha mantenido prácticamente constante en torno a los 1.000 Kg/ha, los rendimientos más bajos de toda Europa (MAPA, 1999). En este periodo los rendimientos en Francia se han duplicado (valores actuales de 5.500 Kg/ha), siguiendo una tendencia general a nivel europeo.

Los bajos rendimientos en España se deben en gran parte a que, desgraciadamente, el aumento de superficies dedicada a guisante proteaginoso

no se ha visto acompañado de la presencia en el mercado de variedades comerciales adaptadas a nuestras condiciones específicas de clima semiárido (Ramos, 1996).

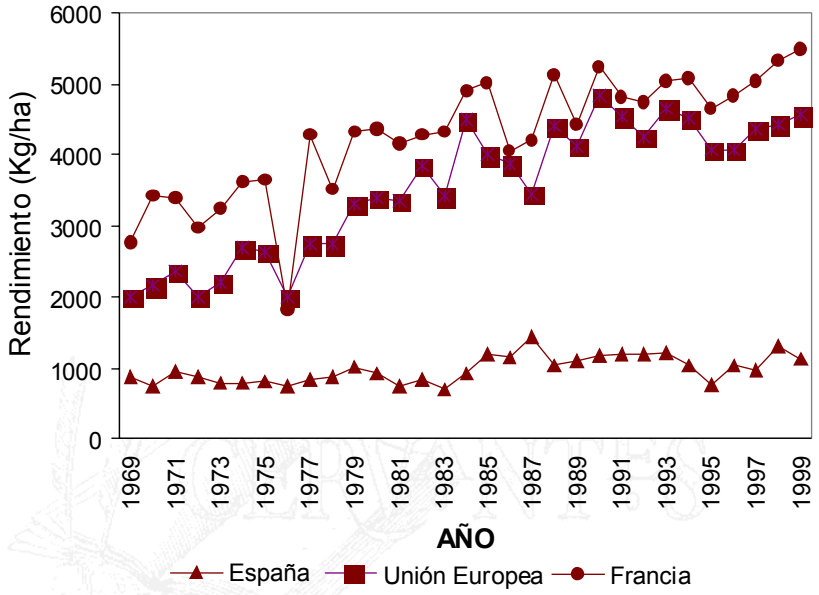


Figura 2. Evolución del rendimiento de guisante proteaginoso en España, Unión Europea y Francia en los últimos 30 años.

1.2. Aspectos botánicos y fisiológicos del guisante

1.2.1. Origen y sistemática

Los guisantes han formado parte de la dieta humana y animal desde la prehistoria, como suministradores de proteína para complementar a los cereales (Ramos, 1996). Los guisantes ya eran cultivados hace 8000 años en el Mediterráneo Oriental y en el Próximo Oriente.

Formas "salvajes" y primitivas de guisante aparecen en una amplísima región. Se reconocen así cuatro posibles centros de origen (Davies, 1976; Sutcliffe y Pate, 1977): el abisínico (Etiopía), el mediterráneo (Turquía, Grecia, Yugoslavia, Líbano), el del Próximo Oriente (Irán, Irak, Cáucaso) y el de Asia Central (noroeste de la India, Pakistan, Afganistan y Rusia).

Las distintas formas explotadas por el hombre desde el Neolítico son probablemente de origen mediterráneo, y es posible que se trajeran a Europa desde Palestina o Egipto. Aunque es poco probable que el guisante haya sido utilizado ampliamente en tiempos anteriores a los griegos o los romanos, desde entonces ha sido introducido en casi todas las regiones templadas del mundo.

Dentro de la familia *Fabaceae,* la especie *Pisum sativum* L. contiene dos subespecies: *P. sativum* L *subsp. sativum* y *P. Pisum sativum L. subsp. elatius (Steven ex M. Bieb.) Asch. and Graebn.* (base de datos GRIN, de la USDA). Ambas tienen una dotación cromosómica 2n = 14. El guisante cultivado pertenece a la subespecie *sativum*, dentro de la cuál se encuentran tres variedades botánicas: var. *sativum* o guisante de grano, var. *arvense* (L.) o guisante forrajero, y var. *macrocarpon* Ser o arveja cometodo.

1.2.2. Morfología

La asociación "Pisum Genetics Association" considera como genotipo estándar el propuesto por Blixt en 1978 (Marx, 1985).

El guisante es una planta trepadora, anual, normalmente con un solo tallo dominante (figura 3). Los primeros dos o tres nudos poseen hojas escamosas trífidas. Los nudos inmediatos superiores tienen hojas con un par de folíolos, incrementándose el número de estos pares de foliolos en los nudos superiores. En las hojas superiores, los foliolos terminales, y algunas veces los subterminales, están modificados como zarcillos. Todas las hojas poseen dos estípulas insertas en la base del pecíolo.

Los genes más importantes que modifican el tamaño o la forma de las hojas son el gen *af*, que transforma los foliolos en zarcillos, y el gen *st,* que reduce el tamaño de la estípula. La presencia simultánea de ambos (*af af st st*) da origen a las plantas afilas, que generalmente son menos productivas que las líneas de genotipo normal.

Al guisante afilo de estípula grande (*af af St St*) se le denomina también semiafilo (figura 4). Las plantas del tipo semiafilo, al igual que las de tipo afilo, tienen mayor capacidad para mantenerse erguidas que las de tipo normal. Sin embargo, su capacidad productiva no es menor, dependiendo esto de las características genéticas de la variedad, en cualquier caso.

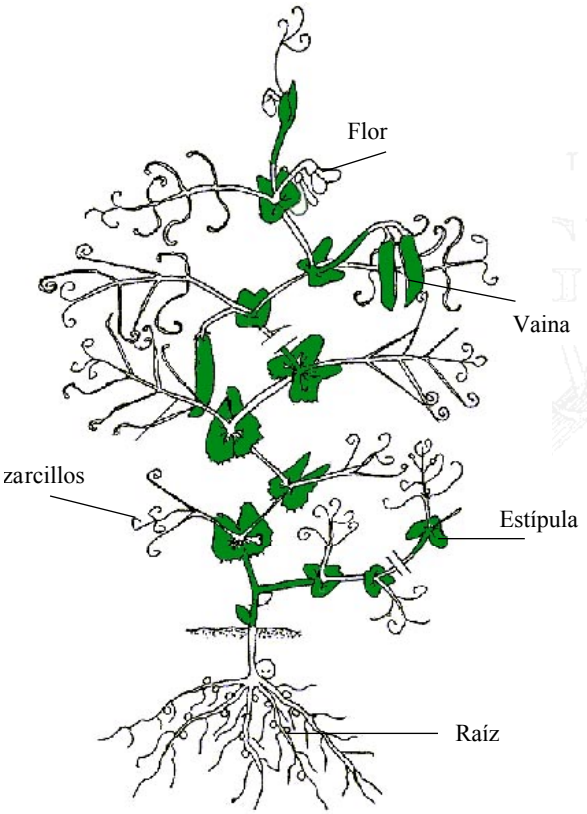
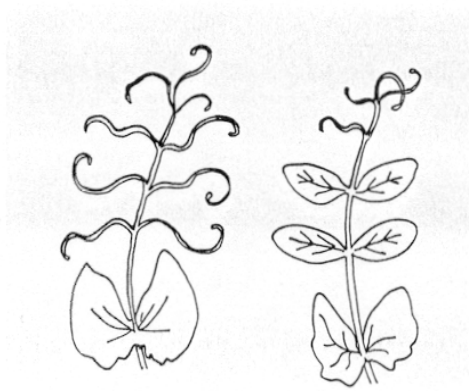


Figura 3. Morfología de la planta de guisante.


Forma semiafila: estípulas normales, foliolos reemplazados por zarcillos (gen "af")

Forma con hojas normales: estípulas normales y presencia de foliolos.

Figura 4. Hojas de guisante: tipo semiafilo y normal.

El guisante posee inflorescencias axilares que constan de una o más flores, que van apareciendo de modo escalonado. Las variedades tempranas tienden a ser enanas, a florecer en los nudos inferiores, y a tener menos nudos reproductivos que las tardías.

Existen dos tipos de guisante: de flores blancas y de flores coloreadas. Las variedades de flores blancas dan lugar a semillas amarillas o azul-verdosas, que no contienen taninos. Prácticamente todos los guisantes utilizados en Europa, tanto para consumo humano como para alimentación animal, son de flores blancas. Las variedades de flores coloreadas dan lugar a semillas de colores

oscuros, y siempre contienen taninos. El cultivo de este tipo de guisantes está quedando relegado exclusivamente a la producción de forraje.

El fruto del guisante es una vaina. El exocarpio está formado por una sola capa de células epidérmicas de pared gruesa. El mesocarpio, también llamado pergamino, posee grandes células parenquimatosas de paredes finas. El endocarpio es fibroso.

El tamaño de las vainas es muy variable, pueden ser pequeñas (longitud entre 3 y 4,5 cm), medianas (entre 4,5 y 6 cm), grandes (entre 6 y 10 cm) y muy grandes (entre 10 y 15 cm).

Las semillas tienen dos cotiledones, envueltos en una testa de tejido materno. Se conocen unos cincuenta genes que influyen en la forma, tamaño y color de las semillas (Ramos, 1996).

Las variedades comestibles suelen tener vainas grandes, cilíndricas o aplanadas. Las variedades de grano rugoso se suelen consumir en verde, mientras que los tipos lisos se usan como guisantes secos.

1.2.3. Desarrollo radicular y nodulación

La raíz principal del guisante alcanza normalmente unos 80 cm de profundidad (Gent *et al*., 1988). Algunas raíces laterales muestran un crecimiento potencial más fuerte que otras, y penetran casi tan profundamente en el suelo como las primarias (Pate, 1975). La tasa de ramificación del sistema radicular depende, en cualquier caso, de la variedad y de la densidad de plantas en el terreno.

Las nodulaciones son más abundantes en los primeros 10 a 30 cm de profundidad del suelo, donde son más favorables las condiciones de aireación. La infección por *Rhizobium leguminosarum* Baldwin et Fred tiene lugar a través de los pelos radiculares, y por tanto la iniciación de los nódulos está ligada inevitablemente a la expansión del sistema radicular (Pate, 1975). La nodulación

de las raíces primarias y de las primeras laterales ocurre a expensas de las reservas nutricias de los cotiledones.

El mayor número de nódulos se produce hacia la mitad del crecimiento vegetativo, y es en torno a ese momento cuando se registra la relación más alta del peso de los nódulos respecto al peso total de la planta. Durante el crecimiento posterior hay un aumento en la media de tamaño y eficiencia de los nódulos, que alcanza un máximo durante la floración.

Durante la maduración del fruto hay una pérdida importante de nódulos y un deterioro significativo de la raíz (Salter y Drew, 1965).

Como ocurre con otras leguminosas, la nodulación en el guisante exige unos contenidos altos de calcio en el suelo.

1.2.4. Perfil reproductivo

El guisante tiene un crecimiento indeterminado, es decir, forma nudos sucesivos a intervalos regulares en el tallo de modo continuo hasta el final de su ciclo biológico. La forma más simple para estimar el estado fisiológico medio de una población de plantas de guisante es la de tomar el número medio de pisos por tallo con todos sus órganos formados, a partir de la primera hoja o a partir del primer piso floral (Carrouée y Duchêne, 1994).

Teniendo en cuenta que la floración es secuencial, el número de nudos iniciados desde la primera floración hasta la senescencia del ápice del tallo es un factor primordial en la determinación del rendimiento. El periodo reproductivo está definido tanto por la longitud del día como por factores genéticos de la propia planta, susceptibles de ser explotados en mejora (Pate, 1975).

Normalmente aparecen dos flores por piso, sobre un total de 8-12 pisos en cada planta. El nudo que corresponde al primer piso floral es variable dependiendo de la precocidad de las variedades y de la fecha de siembra.

El número de flores es máximo en el primer piso floral y va disminuyendo lentamente hasta el sexto o séptimo por encima de aquél (Ney, 1994), disminuye rápidamente a partir de ahí. El número de vainas por nudo tiene una distribución diferente; es máximo en el tercer o cuarto piso floral y desciende progresivamente en los sucesivos.

1.2.5. Producción de materia seca

Las hojas de guisante, igual que las de otras especies, alcanzan su máxima actividad fotosintética en el momento de su expansión completa, perdiendo después actividad a una velocidad más rápida que la pérdida de clorofila (Smillie, 1962). La actividad respiratoria tiende a disminuir con la edad de la hoja.

Existen diferencias varietales respecto a la máxima proporción de CO_2 asimilado por unidad de superficie en las hojas recién expandidas (Mahon, 1990). Dentro de una misma variedad esta proporción no resulta diferente para las hojas en crecimiento en diferentes niveles del tallo (Harvey, 1971). Las estípulas parecen ser tan eficaces en la fotosíntesis como lo son los folíolos (Flinn, 1969).

Es interesante estudiar la proporción de materia seca que aporta cada órgano a la planta y la evolución de estos aportes a lo largo del ciclo, es decir, su importancia como fuentes o sumideros de fotoasimilados. Casi la mitad del carbono obtenido por la planta en la fotosíntesis se pierde por la respiración de la raíz durante el estado de prefloración. La materia seca requerida por los frutos en desarrollo es aportada mayoritariamente por las hojas maduras.

En la madurez, el peso del fruto representa un 40-60% del peso seco total de la planta.

La paja de guisante, o conjunto de tallos y hojas que quedan tras la cosecha de las semillas maduras, es aprovechable por el ganado ovino y vacuno. Su valor nutritivo es cercano al de un heno tardío de leguminosa, siendo su contenido en

proteína muy variable en función del genotipo y las condiciones de cultivo (Carrouée y Lesouder, 1992).

1.2.6. Desarrollo del fruto

La fecundación en el guisante es autógama, completándose antes de que la flor esté completamente abierta. Todos los óvulos suelen ser fecundados aunque las semillas terminales pueden abortar.

Los pisos florales intermedios dan lugar a un mayor número de vainas. El número de nudos con vaina decrece al incrementarse la densidad de plantas en el terreno, debido a fenómenos de competencia (Gent *et al*., 1988).

El número medio de semillas por vaina es 5 ó 6, aunque varía con la variedad y las condiciones de cultivo (Gent *et al*., 1988). Cuando este número se sitúa entre 3 y 4 se considera bajo, medio entre 5 y 6, y alto entre 7 y 12. Por otra parte, la colocación de las semillas dentro de la vaina puede ser: espaciada (las semillas adyacentes prácticamente no se tocan), medio compacta (las semillas se tocan, pero no se comprimen), comprimidas (las semillas se tocan una a otra y se comprimen), y muy comprimidas (entre 3 y 6 semillas pegadas, tipo carterpillar).

Durante el desarrollo del fruto, las vainas incrementan primero en longitud y anchura y luego en grosor, alcanzando su peso fresco máximo antes de que las semillas comiencen a ser realmente activas en el almacenado de reservas. En la etapa final de la maduración, las vainas pueden aportar hasta un 20-25% de los requerimientos de la semilla en carbono y nitrógeno (Flinn y Pate, 1968).

En las variedades locales antiguas, las vainas se hacen dehiscentes rápidamente a medida que llegan a la madurez. En algunos cultivares modernos, la dehiscencia supone todavía un problema grave en el cultivo de guisante. Los genes *p* y *v* alteran la forma de la vaina haciendo que no aparezcan las células parenquimatosas del pergamino, responsables de la dehiscencia de la vaina, por lo que son de gran interés en mejora.

El peso de 100 semillas varia entre 13 g y más de 30 g. Esta característica no es fija para una determinada variedad, existiendo una gran influencia ambiental. Las variedades de siembra invernal tienen normalmente grano más pequeño (pesos de 100 semillas entre 15 y 20 g) que las de siembra primaveral (pesos de hasta 35 g). El mayor tamaño de la semilla supone un incremento del coste de establecimiento del cultivo.

1.2.7. Estados fenológicos

Se comentan a continuación los estados fenológicos definidos por el UNIP-ITCF (1991) para el guisante. La figura 5 muestra un esquema de estos estados.

NASCENCIA

Estado definido cuando el 80% de las plántulas tienen ya una hoja verdadera

COMIENZO DE LA FLORACIÓN

El 50% de las plantas tienen al menos una flor abierta.

COMIENZO DEL ESTADO LÍMITE DE ABORTO

El 50% de las plantas tienen al menos una vaina que ha franqueado el estado límite de aborto, a partir del cuál ya no puede abortar. Para cualquier tipo de variedades -grano grueso o pequeño-, este estado se produce cuando al menos un grano tiene 6-8 mm de diámetro, o bien cuando su contenido en agua es inferior al 85% (Ney y Turc, 1994).

En la variedad Solara (Ney y Turc, 1994), se ha demostrado que la duración del periodo entre floración y principio del estado límite de aborto es constante cuando la dotación térmica se sitúa alrededor de 270 grados-día. Por el contrario, factores estresantes como una deficiencia en la nutrición nitrogenada (Duthion y Sagan, 1994) o falta de agua en dicho periodo (Turc y Ney, 1994) reducen esta duración.

FINAL DE LA FLORACIÓN

Definido cuando el 50% de las plantas no tienen ya flores abiertas. La planta no produce más pisos florales y las últimas flores se marchitan.

FINAL DEL ESTADO LÍMITE DE ABORTO

Se define cuando, en el 50% de las plantas, la totalidad de las vainas han superado el estado límite de aborto.

La progresión del estado límite de aborto a lo largo del tallo se ha estudiado en la variedad Solara (Ney y Turc, 1994) observándose que es constante si no existen condiciones limitantes. Esta progresión es más rápida que la progresión de la floración a lo largo del tallo.

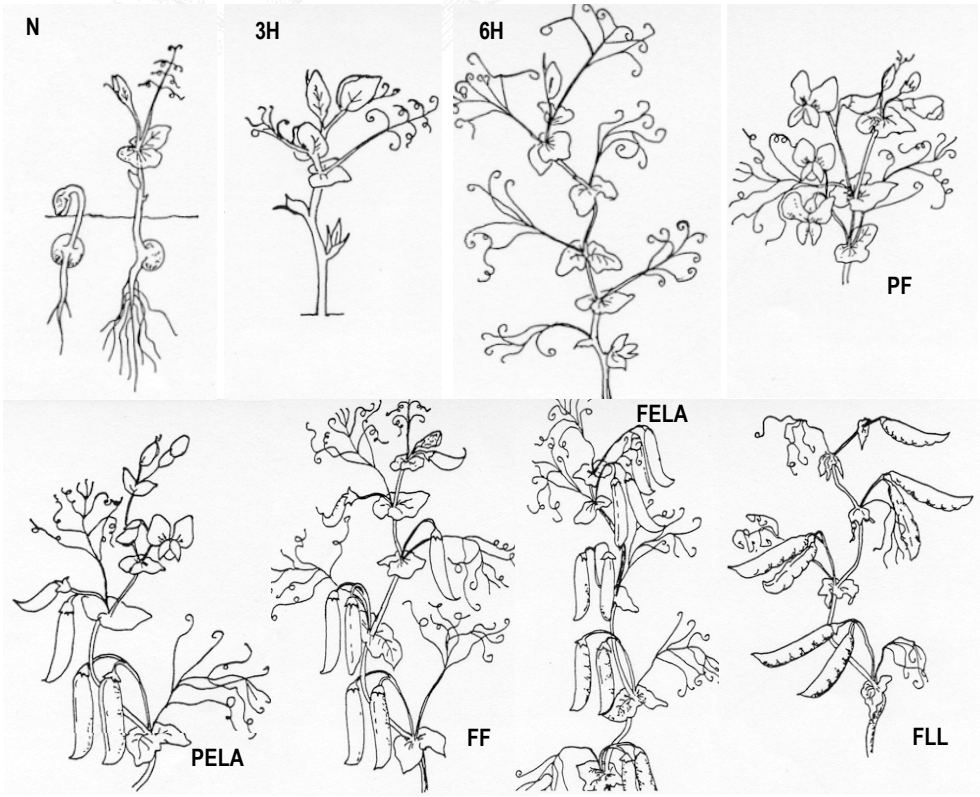


Figura 5. Estados fenológicos del guisante: nascencia (N), tres hojas (3H), seis hojas (6H), comienzo de la floración (PF), comienzo del estado límite de aborto (PELA), final de la floración (FF), final del estado límite de aborto (FELA), madurez fisiológica (FLL).

MADUREZ FISIOLÓGICA

Las vainas cambian a color amarillo. Las semillas finalizan su llenado y el contenido de agua pasa a ser inferior al 55%. La progresión de la madurez es rápida a lo largo del tallo.

1.2.8. Composición del grano.

La semilla de guisante tiene una composición media de un 55% de almidón, 22% de proteína y 2% de lípidos. La materia seca restante es principalmente fibra.

1.2.8.1. Proteína y compuestos antinutritivos

El contenido en proteína es muy variable según el genotipo. Se han encontrado concentraciones entre el 16% y el 33% sobre materia seca (Matthews y Down, 1974, citado por Matthews y Arthur, 1985). Numerosos trabajos, sin embargo, achacan gran parte de esa variación al efecto del medio ambiente (Cousin, 1983). En cualquier caso, la herencia del contenido proteico parece estar controlado por numerosos genes. (Matthews y Arthur, 1985).

Carrouée y Duchêne (1993) han estudiado la repercusión de diversas técnicas y condiciones de cultivo sobre el contenido proteico de variedades de guisante. Condiciones de sequía al comienzo de la floración seguida de una temporada de riego abundante provoca bajos contenidos en proteína. El riego puede tener un efecto desigual sobre el contenido en proteína, en función del momento y la dosis de aplicación.

Las densidades de siembra muy bajas, la excesiva compactación del suelo, o ataques parasitarios a los nódulos de la raíz, tienen un efecto negativo sobre el contenido en proteínas. Las siembras muy precoces, en general, dan lugar a contenidos proteicos elevados, superiores a los obtenidos con siembras primaverales.

La calidad de la proteína en la alimentación de animales monogástricos depende de su composición, principalmente en aminoácidos esenciales y en factores antinutritivos. Las proteínas del guisante son principalmente albúminas (21%), globulinas (66%) y gluteninas (12%), por lo que dan un perfil pobre en aminoácidos azufrados y rico en lisina. Esta composición en aminoácidos es nutricionalmente complementaria a la de los cereales (Marquardt y Bell, 1988).

La digestibilidad aparente de las proteínas del guisante es asimismo muy variable, lo que hace suponer grandes oscilaciones en su composición aminoacídica, como demuestra Reddy *et al*. (1979) para la metionina. La digestibilidad aparente media de la proteína es de un 84%, con valores más altos en las variedades lisas de tipo proteaginoso.

Los guisantes, como muchas otras leguminosas, contienen factores antitrípsicos y lectinas (hemoaglutininas). Estos factores son de naturaleza proteica y pueden ser desnaturalizadas a altas temperaturas, como ocurre en la cocción y extrusión.

Los factores antitrípsicos están localizados preferentemente en los cotiledones, en los que la actividad inhibidora de la tripsina (AIT) llega a ser unas 13 veces superior a la de la cubierta seminal. La actividad antitrípsica es altamente dependiente de la variedad (Valdebouze y Gaborit, 1985). Las variedades de guisante se han clasificado en cuatro categorías según su actividad antitrípsica media (Carrouée *et al*., 1994):

- Actividad muy baja: 2 a 4 U.T.I./mg M.S.
- Actividad baja: 4 a 7 U.T.I./mg M.S.
- Actividad media: 7 a 10 U.T.I./mg M.S.
- Actividad alta: 10 a 13 U.T.I./mg M.S.

donde U.T.I. son las unidades de tripsina inhibida según el método AOCS BA 12-75.

La proporción de variedades con actividad antitrípsica media-alta es más importante entre los tipos de invierno que en el resto, debido a la utilización de genitores específicos de estos tipos como donadores de resistencia al frío. Sin embargo estos caracteres no están genéticamente ligados, existiendo en la actualidad genitores con baja actividad antitrípsica y resistentes al frío.

Las lectinas, denominadas también fitohemoaglutininas, son compuestos glicoproteicos que interfieren en los procesos digestivos. Se ha detectado gran variabilidad en cuanto al contenido en lectinas del guisante, que parece ser muy superior al de otras leguminosas, como las habas (Ramos, 1996)

Además de los ya mencionados, existen otros factores antinutritivos de naturaleza no proteica que están presentes en la mayor parte de las leguminosas grano, tales como taninos, vicina y convicina, alcaloides, oligosacáridos, saponinas, ácido oxálico, inhibidores de la amilasa, etc. (Carrouée *et al*., 1994). El guisante contiene en sus tegumentos una apreciable cantidad de taninos que ejercen un importante efecto depresor sobre la actividad enzimática intestinal (Griffiths, 1982).

1.2.8.2. Hidratos de carbono

La riqueza en hidratos de carbono del grano de guisante es elevada, El contenido en almidón alcanza valores del 44 al 49% en las variedades lisas, mientras que en las variedades rugosas oscila entre el 28 y el 33% sobre sustancia seca.

El contenido en azúcares solubles es también variable: entre el 6,3 y 8,0% para las variedades lisas, y entre el 10,2 y 10,6% para las rugosas, expresado sobre sustancia seca. La sacarosa representa una fracción de los azúcares totales de alrededor del 30% en las variedades de grano rugoso, y del 38% en las variedades de grano liso.

Los alfa-galactósidos (principalmente rafinosa, estaquiosa y verbascosa) se encuentran en baja cantidad (Mercier, 1979). Estos galactósidos, principalmente

la estaquiosa, parecen ser los responsables de provocar flatulencias en algunas especies animales, sobre todo en porcino, aunque a ello contribuirían también ciertas fibras (Champ *et al*., 1991).

La celulosa y la lignina se encuentran en cantidades bastante bajas en la semilla. El resto de fibras son principalmente sustancias pécticas (arabinogalactanos y rhamnogalacturonanos) de los cotiledones y asociaciones de celulosa-hemicelulosas de las cáscaras (Carrouée *et al*., 1994). No existe una relación clara entre el contenido en fibra y los contenidos en proteínas o en almidón (Metayer *et al*., 1992).

1.2.8.3. Lípidos

El contenido medio en extracto etéreo de la semilla de guisante es bajo, menor del 2%. Esto hace que el riesgo de que contenga peróxidos que puedan oxidarlo provocando inapetencia en el ganado sea escaso.

Los triglicéridos representan el 90% de los lípidos totales. Son de carácter poliinsaturado, y en ellos predomina el ácido linoléico (Grosjean, 1985). Se ha detectado una escasa variabilidad genética tanto en la cantidad como en la composición del extracto etéreo en guisantes lisos (Welch y Griffiths, 1984).

1.2.8.4. Otros componentes

Las tablas 3 y 4 muestran los contenidos medios en vitaminas y minerales del grano del guisante proteaginoso. El guisante es rico en vitaminas del complejo B.

Además de los citados anteriormente, los guisantes contienen otros componentes de muy variada naturaleza, algunos de las cuales son factores antinutritivos (Savage, 1989): saponinas, ácido oxálico, inhibidores de la amilasa, los taninos, etc.

Tabla 3: El contenido medio en minerales del guisante proteaginoso en mg/kg de materia seca.

Mineral	mg/Kg de m.s.
Calcio	900
Fósforo	4 000
Magnesio	21 000
Potasio	11 000
Na	50
Mn	13
Zn	34
Cu	8

Fuente: Picard, 1984.

Tabla 4: Composición media de los guisantes proteaginosos en vitaminas.

Elemento	Contenido
Caroteno (ug)	250
Vitamina D (ug)	0
Tiamina (mg)	0,6
Rivoflavina (mg)	0,3
Ác. nicotínico (mg)	3
Vitamina C	trazas
Vitamina B6 (mg)	0,1
Vitamina B12 (mg)	0
Ác. fólico (mg)	33
Ác. pantoténico (mg)	2,0

Fuente: Mefance y Widdowson, 1978, citado por Carrouée *et al.*, 1994

BIBLIOTECA VIRTUAL MIGUEL DE CERVANTES

1.3. Agronomía del guisante proteaginoso

1.3.1. Exigencias del cultivo

El guisante puede crecer en una amplia gama de suelos, aunque deben descartarse los muy ligeros, incapaces de retener la humedad, como los excesivamente compactos, que no van a permitir la necesaria aireación de la zona radicular (Ramos, 1996).

El guisante proteaginoso se adapta a una banda de pH entre 5,5 y 8, como la mayor parte de los grandes cultivos. En suelos con altos niveles de calcio activo pueden aparecer problemas de clorosis férrica.

La bacteria *Rhizobium leguminosarum* Baldwin et Fred, que permite fijar a la planta del guisante el nitrógeno atmosférico en los nódulos de las raíces, está presente en los suelos españoles y la inoculación no es en general necesaria.

La distinción entre guisantes de invierno y guisantes de primavera hace referencia únicamente a su resistencia al frío. Cualquier guisante de invierno podrá ser sembrado en primavera, siendo capaz de completar su ciclo. Sin embargo, la siembra otoñal permite un ciclo más largo del cultivo, lo que generalmente está asociado con mayores producciones. Por ello, la mejora de la resistencia al frío tiene un enorme interés en nuestras zonas de cultivo.

1.3.2. Preparación del suelo

La preparación del suelo para la siembra pretende cubrir tres objetivos (Ramos, 1996):

- Preparar un lecho para las semillas que asegure una nascencia homogénea, así como una buena selectividad y eficacia de los herbicidas de preemergencia. El lecho debe ser homogéneo para que la siembra se efectúe a una profundidad de 4-6 cm.
- Dejar un suelo poroso favorable al enraizamiento y a la instalación de las bacterias fijadoras de nitrógeno.
- Dejar un suelo perfectamente nivelado para facilitar la recolección, sin montículos, roderas y caballones, que provocan pérdidas importantes de grano. La recogida de piedras o de tierra por las barras de corte puede provocar averías importantes en la cosechadora.

Las técnicas de laboreo deben adaptarse a las condiciones particulares de cada región y a cada tipo de suelo. El alzado del rastrojo del cultivo anterior debe de hacerse lo antes posible, para favorecer la descomposición de la paja y evitar el nacimiento de malas hierbas.

1.3.3. Elección de variedad

Existe una amplia lista de variedades registradas, tanto de invierno como de primavera. Los Planes de Experimentación Agraria de cada Comunidad Autónoma pueden proporcionar información sobre las variedades más recomendables para cada zona. A la hora de decidirse por una variedad, es importante tener en cuenta los siguientes criterios (Ramos, 1996):

- Productividad.
- Calidad del grano: contenido en proteínas, presencia de factores antinutritivos.
- Peso de 1.000 granos, que determina la cantidad de semilla a emplear en la siembra.

- Precocidad de floración.
- Tolerancia al frío, importante en aquellas zonas en las que las siembras deben de ser otoñales.
- Resistencia a enfermedades. La resistencia para las tres enfermedades más importantes en el guisante, *Ascochyta pinodes* L.K. Jones, *Botrytis cinerea* Pers y *Pseudomonas syringae* pv *pisi* (Sackett), es baja.

1.3.4. Siembra

La dosis de siembra, de gran repercusión en el coste del cultivo, debe tener en cuenta las pérdidas que se registran en la nascencia y la densidad de plantas óptima económica. Las dosis serán más altas en las siembras primaverales, donde se necesita un recubrimiento más rápido de la parcela que en las siembras invernales.

En siembras primaverales, y con semillas de tamaño no excesivo, se puede utilizar una sembradora de cereales. Se utiliza la misma separación entre surcos que en cereales, entre 12 y 17 cm.

En siembras otoñales es preferible utilizar una sembradora monograno, pues permite conseguir una distribución regular de las plantas en el terreno, garantizando así una nascencia mejor y más uniforme, y una mayor resistencia al frío. La separación entre surcos podría situarse en este caso entre 25 y 40 cm, según zonas y tipos de suelo.

Cuando pueda haber piedras u obstáculos en superficie en la recolección, es conveniente dar un pase de rulo después de la siembra para eliminarlos. Esta operación debe realizarse con suelo seco, preferiblemente antes de la nascencia de las plantas.

1.3.5. Abonado y riego

El guisante, como regla general, no precisa abonado nitrogenado, ya que puede satisfacer sus necesidades con el nitrógeno aportado por los nódulos de

sus raíces y con el existente en el suelo. No obstante, se suelen recomendar aplicaciones de unas 20 unidades/ha en cobertera antes de la nodulación. Aportes más cuantiosos o más tardíos podrían redundar en una disminución de la fijación simbiótica. En ensayos realizados en el Servicio de Investigación Agraria de la Junta de Castilla y León no se apreciaron diferencias de productividad entre parcelas de guisante sometidas a distintos niveles de fertilización nitrogenada (Ramos 1996).

Los guisantes responden a la fertilización fosfórica de forma muy positiva cuando los suelos son deficientes en este elemento, como sucede en los de acusado carácter calizo o en los muy ácidos (fósforo retrogradado).

Las extracciones del cultivo en fósforo y potasio se estiman en 16-22 Kg de P_2O_5 y 40-45 Kg de K_2O por tonelada de cosecha (UNIP-ITCF, 1991).

Las necesidades de agua del guisante proteaginoso son similares a las de los cereales de invierno. Es conveniente regar pronto si las lluvias no cubren las necesidades hídricas de la planta, suspendiendo el riego en el momento en que las vainas han sobrepasado el estado límite de aborto.

1.3.6. Control fitosanitario

Siguiendo a Ramos (1996) y UNIP-ITCF (1991), se comentan a continuación las técnicas de control de los principales parásitos del guisante.

1.3.6.1. Enfermedades

PODREDUMBRE DE LA SEMILLA

En preemergencia los hongos *Pythium* spp.*, Ascochyta* spp. *y Botrytis cinerea* Pers., causan podredumbre de la semilla, de la plúmula y la radícula en la zona de inserción con los cotiledones. La enfermedad se manifiesta principalmente en las siembras más tempranas, cuando condiciones ambientales de frío y humedad producen un desarrollo retardado de las plantas.

Los tratamientos fúngicos convencionales de la semilla son muy efectivos contra estos parásitos.

MILDIU

El primer ataque del parásito (*Peronospora viciae* (Berk.) Casp.) puede producirse en suelos infectados en cualquier momento del ciclo de la planta, con temperaturas entre 5 y 18ºC y humedad relativa por encima del 85%. En estas condiciones, la superficie inferior de los foliolos se recubre con el micelio grisáceo o gris-marrón del hongo, a menudo con un tono violáceo. La infección secundaria se manifiesta por manchas amarillo-verdosas aisladas en la parte superior de los foliolos.

En zonas de riesgo, la incidencia de la enfermedad puede reducirse tratando las semillas con fungicidas del tipo oxadixyl o cymoxanil. El tratamiento en cultivo no es tan efectivo.

No se conocen variedades genéticamente resistentes a mildiu, aunque sí con distintos niveles de tolerancia.

ANTRACNOSIS

Esta enfermedad la producen los hongos *Ascochyta pisi* Lib. y *Mycosphaerella pinodes* (Berk. y Bloxam) Vestergr. que se transmiten por semilla. Los síntomas más característicos son la presencia de manchas marrones en toda la planta, de forma circular en el caso de *Ascochyta*, e irregulares en el caso de *Mycosphaerella*. Cuando las manchas afectan a las vainas, el hongo puede infectar a las semillas y ocasionar una severa decoloración de las mismas.

Los dos hongos causan reducción de cosechas por pérdida de semillas y por disminución de la eficiencia fotosintética de la planta. La mejor forma de luchar contra la antracnosis es la utilización de semilla sana. El tratamiento de las semillas con thiabendazol es efectivo cuando los niveles de infección no son muy altos.

FUSARIOSIS

La podredumbre del tallo es provocada por el hongo *Fusarium solani* (Mart.) Sacc. f. sp. *pisi* (F.R. Jones) Snyder y Hans. La enfermedad aparece frecuentemente hacia el final de la floración o durante la formación de las vainas. Por rodales, las hojas más bajas amarillean, el cuello de las plantas se torna de color rojizo, las raíces se pudren y las plantas acaban muriendo. Los daños se multiplican con temperaturas elevadas y déficit hídrico en el suelo.

El marchitamiento del guisante es una enfermedad vascular producida por *Fusarium oxysporum* Schlechtend. *f. sp. pisi* (J.C. Hall) Snyder y Hanna, existiendo distintas cepas que pueden producir sintomatologías y niveles de daños muy variables. Los síntomas más generales consisten en un agrisamiento del follaje, que progresa rápidamente en la planta de abajo a arriba. Las hojas acaban por enrollarse hacia abajo a lo largo de la vena.

Como medio de lucha contra estas enfermedades es recomendable efectuar una adecuada rotación de cultivos, evitar la utilización de semilla contaminada y/o emplear variedades genéticamente resistentes.

VIROSIS

Hay más de sesenta virosis que pueden afectar al guisante. Las más importantes son las siguientes:

"Pea early browing": bronceado temprano del guisante
"Pea enation mosaic virus": virus enanizante del guisante.
"Pea mild mosaic virus": mosaico del guisante.
"Bean yelow mosaic virus": amarilleamiento apical.
"Pea seed borne mosaic" (PSbMV): mosaico de la semilla del guisante.

La mayor parte de las virosis se transmiten por áfidos a partir de plantas infectadas de guisante, alfalfa, trébol rojo y vezas. En todos los casos la lucha contra las virosis pasa por el control preventivo de los vectores de la enfermedad.

BACTERIOSIS

Se han descrito razas diferentes de roya (*Pseudomonas syringae pv pisi* (Sackett) Young *et al*.), que atacan al guisante, existiendo fuentes de resistencia genética al menos a cinco de ellas. La bacteriosis se transmite a través de la semilla infectada y de los restos de cosecha que permanecen en el suelo.

La enfermedad se manifiesta con manchas de color verde oscuro en las hojas, que aparecen generalmente después de fuertes lluvias. Las lesiones acaban desecando los tejidos y dejando manchas moteadas de color marrón oscuro.

BIBLIOTECA VIRTUAL MIGUEL DE CERVANTES

1.3.6.2. Plagas

AVES

Palomas, cuervos y otras muchas especies de aves pueden causar graves daños al cultivo del guisante. Desde la siembra a la nascencia se comen los granos, reduciendo así la densidad de plantas. Después de la floración se comen las hojas jóvenes y el ápice. Desde el inicio del estado lechoso hasta la cosecha, abren las vainas y comen granos.

Como método de protección frente a las aves están los espantapájaros, detonadores, o los repelentes químicos, como la antraquinona.

SITONA

Los adultos del curculiónido sitona (*Sitona lineatus* L.) comen los foliolos de las plántulas, con mordiscos semicirculares en el borde de las hojas muy característicos. Estos adultos ponen varios cientos de huevos que, después de una incubación de 2-3 semanas, dan lugar a larvas que penetran en el suelo y se alimentan de los nódulos de las raíces, produciendo daños considerables en la producción. Según Cantot (1989) la acción de 8-10 larvas de sitona por raíz pueden llegar a destruir el 90% de los nódulos.

La destrucción de los adultos con insecticidas adecuados es la forma habitual de lucha contra esta plaga.

PULGÓN VERDE

El pulgón verde (*Acyrthosiphon pisum* Harris) produce daños directos en el guisante, como son abortos florales, deformación de las vainas jóvenes, debilitamiento general de la planta, menor peso del grano, etc.

Badenhausser *et al*. (1991) en experimentos de infestación artificial en campo entre floración y llenado del grano con poblaciones de más de 300 áfidos/planta no encontraron modificaciones sustanciales en los componentes del rendimiento asociadas al ataque de la plaga. Sin duda, los daños más graves que pueden producir los pulgones son los indirectos: transmisión de virosis como la amarillez apical o el enanismo.

POLILLA DEL GUISANTE

La oruga de este Lepidóptero (*Cydia nigricana)* penetra en las vainas, donde se alimenta de los granos, llenándola de deyecciones que deprecian el producto. La oruga finaliza su desarrollo en 3-4 semanas, momento en el que sale de la vaina y pupa en el suelo, dónde permanece hasta la primavera siguiente.

El mejor momento para combatir esta plaga es el período que media entre la eclosión de los huevos y la entrada de las larvas en las vainas. Es conveniente tratar la cosecha en plena floración y repetir el tratamiento 10-15 días más tarde.

GORGOJO

El gorgojo (*Bruchus pisorun* L.) tiene una sola generación anual, pasando el invierno en estado de adulto. En primavera se dirige a los cultivos, depositando la hembra los huevos en las vainas. Al nacer, las larvas perforan la vaina y se alojan en los granos que acaban de formarse. En el grano se transforma en ninfa, saliendo de él ya en forma de adulto.

El gorgojo causa daños importantes en el grano, que pierde peso y capacidad germinativa (Cubero y Moreno, 1983).

La lucha contra el gorgojo se puede realizar en el campo, con tratamientos insecticidas cuando el gorgojo está haciendo la puesta. Si el grano va agorgojado al granero, debe desinfectarse con productos como el fosfuro de aluminio.

1.3.6.3. Malas hierbas

El empleo de herbicidas en el cultivo del guisante, planta muy poco competitiva, es ineludible. Afortunadamente, el número de herbicidas autorizados en este cultivo ha aumentado espectacularmente en los últimos años. Existe hoy una amplia gama de productos tanto para presiembra y preemergencia, como para postemergencia.

1.3.7. Recolección

La recolección se realiza habitualmente con una cosechadora de cereales adaptada.

No debe cosecharse antes de que la humedad del grano esté por debajo del 13%. Debe evitarse la recolección en las horas centrales del día para que no se produzca un desgrane excesivo de las vainas.

1.4. Mejora genética del guisante proteaginoso

La mejora del guisante proteaginoso, como recogen Heath y Hebblethwaite (1984), debe ir encaminada, ante todo, a superar la enorme irregularidad interanual del rendimiento. Esta irregularidad viene provocada por circunstancias como:

- Encamado del cultivo.
- Excesiva variación en el desarrollo de unas plantas frente a otras, lo que a menudo es provocada por una emergencia de las plántulas pobre y desigual.
- Suministro irregular del nitrógeno fijado en los nódulos en condiciones ecológicas adversas.
- Perdida de semilla antes y durante la cosecha (dehiscencia de las vainas).
- La combinación de un sistema radicular excesivamente superficial y un crecimiento indeterminado da como resultado una extremada sensibilidad a las condiciones de humedad del suelo. En un año seco, disminuye el número de nudos con vaina mientras que en un año húmedo, el excesivo crecimiento vegetativo puede llevar a la planta a una utilización poco eficaz de los fotoasimilados.

El guisante presenta un "mal diseño" para su utilización como planta productora de grano (Heath y Hebblethwaite, 1984). Para mejorar las características productivas y elevar los rendimientos del guisante es imprescindible un esfuerzo conjunto de investigación de mejoradores, fisiólogos y agrónomos.

Como en otras leguminosas grano, la elevación de la estabilidad del rendimiento en el guisante proteaginoso es un objetivo de mejora de primer orden. Los rendimientos en guisante son sensibles a numerosos factores ambientales como el estrés hídrico, frío invernal, y altas temperaturas en el periodo de floración y fructificación (Salter, 1963; Pumphrey *et al*., 1979; Ridge y Pye, 1985; Jeuffroy *et al*., 1990).

Las variedades de guisante sin hojas se mantienen, con ayuda de los zarcillos, más erguidas y son menos susceptibles al encamado (Stelling, 1989; Biarnès-Dumoulin *et al*., 1996). El incremento de la resistencia al encamado hace posible aprovechar el efecto positivo de mayores niveles de fertilización y altas densidades de siembra sobre los rendimientos. Por otra parte, las plantas resistentes al encamado son menos sensibles a enfermedades.

La densidad de siembra es un importante factor que afecta al rendimiento en grano y en forraje de las leguminosas grano (Sützel y Aufhammer, 1992; Martín *et al*., 1994; Aydögdu y Açikgöz, 1995; Nofsinger y Santen, 1995). El rendimiento en biomasa de variedades con hojas decrece al elevar la densidad de siembra, mientras que las variedades afilas tienden a ser más productivas (Jannink *et al.*, 1996). En este aspecto, las variedades semiafilas se parecen más a las variedades con hojas que a las afilas (Heath y Hebblethwaite, 1987).

El incremento del índice de área foliar en estados tempranos de crecimiento, asociado al aumento de la densidad de siembra o la mejora en la fertilización es, en principio, favorable, pero puede provocar una reducción de la actividad fotosintética debido al solapamiento de la masa foliar. La superficie y disposición de las hojas son caracteres interesantes en mejora del guisante para incrementar la penetración de la luz en la vegetación.

Para establecer un plan de mejora de guisante deben evaluarse los componentes del rendimiento y las características de la planta que puedan tener repercusión en su productividad: producción de biomasa total, número de vainas por unidad de superficie, índice de cosecha, peso del grano, número de granos por vaina, altura de la planta, duración de su periodo de floración, precocidad, número de tallos reproductivos por unidad de superficie, número de nudos con vaina en el tallo principal, etc. Muehlbauer *et al*. (1985) recomiendan tomar una actitud cuidadosa antes de interpretar los resultados de cada uno de los caracteres que influyen en el rendimiento. Las heredabilidades y correlaciones genotípicas dependen del rango de genotipos incluidos en el estudio. Además, esas características están modificadas por la agronomía y el entorno.

El rendimiento del guisante se ve especialmente perjudicado por la sequía que se produce inmediatamente antes o durante el periodo de floración (Salter, 1963; Maurer *et al*., 1968; Ney *et al*., 1994) Esta situación se produce de modo sistemático en las zonas de cultivo semiáridas, pero también puede tener incidencia en otras zonas.

La mejora para resistencia a sequía requiere un conocimiento amplio de los mecanismos de tolerancia al déficit hídrico de la planta: escape (madurez temprana), ajuste osmótico, etc. Debe conocerse el efecto de factores ambientales que interfieren en la resistencia a la sequía y la heredabilidad natural de los mecanismos de adaptación implicados, de modo que puedan definirse los criterios de selección y las estrategias de mejora más adecuadas. La selección para resistencia a sequía se ve dificultada por la existencia de una fuerte interacción genotipo x ambiente (Biarnès-Dumoulin *et al*., 1996)

Respecto a la resistencia a los distintos tipos de estrés abiótico, es importante, en nuestras condiciones de cultivo, tratar además de la resistencia a sequía y altas temperaturas, la tolerancia al frío (Ramos, 1996). La siembra otoñal permite un ciclo más largo del cultivo, lo que generalmente está asociado con mayores producciones.

También es importante estudiar el material genético desde el punto de vista de la resistencia a estreses bióticos: enfermedades (*Ascochyta pinodes* L.K. Jones y *Pseudomonas syringae pv. pisi* Sackett) y plagas (Sitona lineatus L. y *Bruchus pisorum* L.).

Respecto a la mejora de la cantidad y composición de la proteína del grano, Cousin (1983) no ha encontrado correlación alguna de este parámetro con el rendimiento en guisante proteaginoso. Por el contrario, Kwon y Torrie (1964) en soja, y Hamdi *et al*. (1991) en lenteja, han detectado correlaciones negativas. En las leguminosas la correlación negativa entre producción y contenido en proteínas no está, ni mucho menos, tan clara como en el caso de los cereales. Mientras para algunos autores las posibilidades de lograr un incremento simultáneo de la

productividad y del contenido proteico son restringidas (Bingefors *et al*., 1979, citado por Matthews y Arthur, 1985), sin embargo para otros (de Haro, 1983) ese objetivo, salvo en el caso de la soja, es perfectamente alcanzable. En cualquier caso, gran parte de la variación del contenido en proteína del grano se debe a causas ambientales (Cousin, 1983; Carrouée y Duchêne,1993).

Existe una gran variabilidad en el ratio albúmina/globulina y vicilina/legumina en el grano y diferencias en la composición de aminoácidos de estas fracciones proteicas (Gueguen y Barbot, 1988), que podrían explotarse en la mejora del perfil aminoacídico. Sin embargo, Schroeder (1982) encontró una correlación negativa entre las proporciones de las fracciones de albúmina y legumina, ambas ricas en aminoácidos azufrados. La mejora genética de la composición proteica también puede abordarse mediante la transferencia de genes exógenos para proteínas ricas en aminoácidos azufrados (Lumen, 1990).

Los objetivos del Proyecto de Investigación "Obtención de nuevas variedades de guisante proteaginoso adaptadas a condiciones semiáridas" que lleva a cabo el SIA de la Junta de Castilla y León y el Área de Agricultura Sostenible del Centro de Recursos Fitogenéticos del INIA (Madrid), desde 1990 hasta la actualidad, son los siguientes:

- Incrementar el rendimiento potencial, que en España es muy bajo, comparado con el que han alcanzado otros cultivos como los cereales a través de la mejora.
- Obtener variedades resistentes al frío y a enfermedades favorecidas por las condiciones invernales de bajas temperaturas y elevada humedad (*Pseudomonas syringae pv. pisi* (Sackett)). Estas variedades, adaptadas a la siembra de otoño pueden aprovechar la humedad del suelo durante los meses de invierno, alargando su ciclo y elevando el rendimiento.
- Obtener material vegetal resistente a la sequía en las etapas más críticas del desarrollo del guisante, estudiándose los caracteres relacionados, para conseguir estabilidad de rendimiento aun en condiciones limitantes.

- Obtener variedades aptas para ser cosechadas mecánicamente y que presenten la mínima dehiscencia. La primera condición se cumple con las variedades semiafilas.
- Estudiar la resistencia a *Bruchus pisorum* L. (gorgojo) y su heredabilidad.
- Encontrar fuentes de mejora de bajo contenido en tripsina y factores antinutritivos del grano.

1.5. Influencia del genotipo y del ambiente sobre el desarrollo vegetativo y reproductor del guisante

1.5.1. Efectos sobre el desarrollo fenológico

El conocimiento de la fisiología de las plantas permite predecir mejor la adaptación de los cultivares y su rendimiento (Wallace, 1985; Summerfield *et al*., 1991). Los parámetros que controlan el crecimiento y desarrollo de las plantas son, además del genotipo, características ambientales como el fotoperiodo, la temperatura, y la disponibilidad de agua y nutrientes minerales. Se han propuesto distintos modelos teóricos que expresan el desarrollo del guisante como una función de parámetros ambientales (Paton, 1968; Grimm *et al*., 1993).

Las condiciones térmicas durante el desarrollo reproductivo influyen en gran medida en el rendimiento de las cosechas. Existen numerosos estudios donde se relacionan distintos componentes del rendimiento en *Pisum sativum* L. con los grados-día acumulados entre un estado fenológico y otro. El número de grados-día acumulados entre inicio y final de la floración calculado a partir del promedio entre temperatura diaria mínima y máxima con una temperatura base de 0º C (Ney y Turc, 1993) es un índice altamente correlacionado con el rendimiento y sus componentes.

De una forma general, la fecha de comienzo de la floración varía poco para un genotipo dado en una condición agrícola determinada. La posición del primer nudo floral puede predecirse de forma relativamente satisfactoria (Truong y Duthion, 1993) en relación a condiciones ambientales. El primer nudo reproductor

desciende en caso de fotoperiodo largo y de exposición a temperaturas frías. Roche (1996) propone un modelo de cálculo del número de pisos reproductivos en función de varios parámetros de desarrollo.

Ney y Dumoulin (1994) estudiaron el proceso de llenado del grano en genotipos con distinto tamaño de la semilla, bajo condiciones ambientales diversas, y no encontraron diferencias en el número de días entre el comienzo de la floración y el comienzo del estado límite de aborto del primer nudo floral. Tampoco observaron diferencias entre la duración del llenado del grano de distintos genotipos, aunque si detectaron diferencias en función de las condiciones ambientales. Según estos autores, la duración del proceso fisiológico del llenado del grano está poco controlada genéticamente.

Muchos trabajos realizados en guisante han identificado factores que afectan a la tasa de aborto del fruto. Por ejemplo, un enriquecimiento en CO_2 de la atmósfera (Hardman y Brun, 1971) o una iluminación muy intensa (Johnston *et al*., 1969; Turc, 1988) reducen el aborto de semillas. Por el contrario, el sombreado (Johnston *et al*., 1969), una densidad de siembra muy alta (Meadley y Milbourn, 1970) o una defoliación de la planta (Heitholt *et al*., 1986) tienden a aumentar la proporción de semillas que abortan.

Desde el punto de vista de su fenomenología (Roche, 1996), el desarrollo reproductivo puede ser caracterizado por tres parámetros: la velocidad de desarrollo de los nudos, la diferencia de velocidad entre la floración y el desarrollo de los nudos, y la diferencia de tiempo que separa el desarrollo del primer nudo reproductivo de su floración.

Es interesante estudiar el efecto de distintos tipos de estrés sobre la planta en función del momento del ciclo biológico en que se produce. Por ejemplo, un estrés hídrico que intervenga en el periodo en que se determina el número de granos por vaina, provocará únicamente el aborto de los que no hayan pasado el estado límite de aborto. Existe una gran variabilidad genética respecto a la dinámica de formación de las semillas en distintas condiciones hídricas del medio (Ney y Dumoulin, 1994).

La maduración en guisante es controlada por las respuestas al fotoperiodo y a la vernalización (Aitken, 1978; Berry y Aitken, 1979). Ambas respuestas están correlacionadas, de modo que en un rango restringido de fechas de siembra-localidades no es posible separarlas como independientes. La sensibilidad al fotoperiodo de la mayor parte de los cultivares aumenta con las altas temperaturas, en experimentos en ambiente controlado (Berry y Aitken, 1979).

La disparidad entre las fechas de floración entre cultivares tempranos y tardíos se acrecienta con siembras más tardías, al menos en experimentos con ambientes controlados (Berry y Aitken, 1979). Según Ridge y Pye (1985), en experimentos en campo, la respuesta de variedades de maduración tardía al incremento del fotoperiodo puede verse limitada por el efecto de altas temperaturas en el caso de siembras tardías.

Berry y Aitken (1979) cultivaron seis variedades de guisante, con floración temprana y tardía, en 16 ambientes diferentes, con varias combinaciones de temperatura diaria (6, 12, 18 y 25 ºC) y fotoperiodo (8, 12, 16 o 24h de luz al día). En el caso de la variedad más temprana, el número de días desde la siembra hasta la aparición de la primera flor fue inversamente proporcional a la temperatura, e independiente del fotoperiodo. La sensibilidad al fotoperiodo de las otras 5 variedades sí dependió de la temperatura, siendo tanto más sensibles cuanto mayor era la dotación térmica. La duración del periodo desde la iniciación floral hasta la aparición de la primera flor fue independiente de la variedad y del fotoperiodo, con lo que las diferencias varietales en la fecha de floración son anteriores a la iniciación floral. Estas diferencias se manifestaron en épocas distintas de iniciación floral en el fotoperiodo de 24 horas, respuesta diferente al fotoperiodo con temperaturas bajas, y una interacción fotoperiodo-temperatura significativa. Los autores relacionaron estos factores con los genes de floración *Lf*, *Sn* y *Hr*.

French y Kan (1997) registraron las fechas de plena (50%) y final de floración en ensayos de líneas de mejora de guisante realizados durante varios años en una zona del oeste de Australia, con clima mediterráneo. La fecha del 50% de

floración se produjo entre los 70 y 100 días después de la siembra. La duración de la floración varió entre 20 y 40 días. En un experimento separado, se estudió el desarrollo reproductivo de varios genotipos de guisante que diferían únicamente en genes que afectan el tiempo de floración, poniéndose de manifiesto que las correlaciones genéticas entre el rendimiento en grano y la duración de la floración fueron bajas (0,1-0,3) aunque positivas.

Por otra parte, French y Kan (1997) han constatado una fuerte correlación negativa entre la fecha de 50% de floración y la duración de la floración. Parece ser que en la duración de la floración predomina el control genético sobre el control ambiental.

El hecho de que las líneas de floración temprana florecen (y forman vainas) en periodos más cortos que las líneas de floración tardía fue observado por French y Kan (1997) en un experimento con líneas isogénicas para los loci *Sn*, *Dne* y *Lf*. Los alelos que inducían floración temprana también redujeron el número de nudos reproductivos y el rendimiento en grano.

Ensayando cultivares y líneas avanzadas de mejora en distintos ambientes, Moore y O'Brien (1997) han estudiado el efecto interactivo de las temperaturas y la duración de la floración sobre el rendimiento en grano. Los rendimientos más altos se obtuvieron en los cultivares que florecieron durante más tiempo.

La respuesta fenológica del guisante al estrés hídrico durante la floración ha sido estudiada por Ney *et al*., (1994). Observaron que el estrés hídrico temprano no modificaba el desarrollo de la planta, salvo para la progresión de la floración a lo largo del tallo, la cual se detenía prematuramente. El número de días entre floración y principio del estado límite de aborto, y la duración del llenado del grano no variaron en ningún nudo. Si la condición de sequía afectaba al grano después del final del estado límite de aborto no se observaba ningún efecto sobre el rendimiento en grano, sin embargo, si el estrés se produce antes, el rendimiento se veía mermado en una proporción dependiente de la intensidad de dicho estrés. Los resultados de Ney *et al*., (1994) también sugirieren que la planta responde a

la sequía reduciendo el número de semillas o movilizando sus reservas para mantener una velocidad de crecimiento de la semilla constante.

1.5.2. Efectos sobre el rendimiento y el reparto entre sus componentes

El rendimiento del guisante es muy sensible a las altas temperatura y estrés hídrico en floración. En Canadá y Australia, Fletcher *et al*. (1966), y Aitken, (1978) apreciaron en las siembras tardías una reducción del rendimiento directamente achacable a las elevadas temperaturas en el periodo de floración. Sin embargo, en zonas de clima mediterráneo, dónde el guisante se presenta como un cultivo alternativo a las rotaciones tradicionales de cereales, el adelanto de la siembra para huir de las temperaturas elevadas en floración y el estrés hídrico incrementa el riesgo de sufrir daños por heladas.

En experimentos realizados en Australia, Ridge y Pye (1985) estudiaron el efecto de las temperaturas extremas durante la floración sobre el rendimiento de distintas variedades de guisante cultivados en ambiente mediterráneo. Variando la fecha de siembra y eliminando situaciones de estrés hídrico, comprobaron que las heladas en fechas cercanas al inicio de la floración y las temperaturas altas durante este periodo explican hasta el 68% de la variación del rendimiento en grano. Una floración más temprana, en ausencia de daños de frío, se traduce siempre en una mejora del rendimiento.

El componente del rendimiento más afectado por la sequía en el guisante es el número de vainas por unidad de superficie (Rodríguez-Maribona *et al*., 1993), de manera que cualquier genotipo con capacidad para controlar su descenso en condiciones de estrés hídrico, puede considerarse automáticamente como resistente a la sequía. El número de vainas por unidad de superficie puede disminuir por una pérdida en el número de yemas florales producidas, o por abortos en el desarrollo del fruto y la semilla. En ambos casos puede mediar el equilibrio hormonal de la planta.

La resistencia a la sequía no es un carácter aislado, sino el resultado de la presencia de muchos caracteres, que combinados permiten lograr unos rendimientos suficientes y estables con escasas dotaciones hídricas (Blum, 1988). Sobre la resistencia a la sequía en el guisante influyen caracteres tan diversos como el tipo de hoja, el desarrollo radical, el peso de 100 semillas, y la capacidad de ajuste osmótico (Morgan *et al*., 1986; Rodríguez-Maribona *et al*., 1992).

En numerosas especies existe una relación entre el número de semillas por tallo y la ganancia en materia seca de un órgano o de la planta entera durante todo o parte del periodo de formación de la semilla (Boiffin *et al*., 1976; Pigeaire, 1984).

El rendimiento de las especies agrícolas que se cultivan por sus semillas se determina en dos componentes: número de semillas por unidad de superficie, y peso de la semilla. Generalmente se admite que un bajo número de semillas por unidad de superficie puede ser compensado por un aumento del peso medio de una semilla. Se ha encontrando gran variabilidad en la intensidad de esta compensación (Adams, 1967; McAllister y Krober, 1958; Pandey y Torrie, 1978), aunque para la mayoría de los autores es muy reducida (Munier-Jolain y Ney, 1994; Ney *et al*., 1994). En cualquier caso, se ha puesto de manifiesto que el tamaño potencial de la semilla puede ser un factor limitante del rendimiento. Con tamaño del grano por debajo de cierto nivel, la totalidad del nitrógeno demandado por las semillas presentes en la planta no es exportado hacia ellas, quedando en la paja un exceso de este elemento después de la recolección (Munier-Jolain y Ney, 1994). Durante el llenado del grano, la planta de guisante debe estar equilibrada en cuanto a número y tamaño de las semillas en función de su potencial, de forma que se obtenga el máximo rendimiento en la utilización de los recursos de la planta, minimizando así el contenido de nitrógeno en los residuos en la recolección.

El número de pisos florales es un componente importante del número final de granos por tallo. En ocasiones, el número de granos está limitado por un número de pisos demasiado pequeño. Por otra parte, el número de granos cosechados

para cada uno de los pisos del tallo depende del número total de pisos que haya. Así, se pueden encontrar en el campo los perfiles altos, con muchos nudos florales y pocos granos sobre los nudos inferiores, y los perfiles bajos, con pocos nudos y muchos granos en los primeros nudos florales. No es siempre deseable tener un gran número de pisos florales en las poblaciones de guisante, puesto que las hace más sensibles a la sequía o a enfermedades criptogámicas. Además, la formación de un número elevado de pisos florales retarda la fecha de formación de vainas (estado límite de aborto), con lo cuál es mayor el riesgo de estrés hídrico o elevadas temperaturas. Por ello, es necesario obtener variedades de guisantes con no demasiados pisos florales, y racionalizar las técnicas culturales para evitar un desarrollo vegetativo excesivo (Turc *et al*., 1996).

Ney y Turc (1993), estudiando el perfil del número de semillas a lo largo del tallo principal, observaron que el pico de producción se sitúa en un nivel distinto dependiendo del genotipo. Así, en la variedad Finale se sitúa en el nudo 16, y en los genotipos tardíos en los nudos 25 a 28. Otros genotipos tienen picos de producción en nudos intermedios.

Para Jeuffoy (1994), la producción de un mayor número de semillas está estrechamente unida al crecimiento precoz de las vainas.

Taweekul *et al*., (1997) expusieron a las variedades de guisante Whero (crecimiento indeterminado) y Beacon (crecimiento determinado), a luz solar completa y a un 40% de sombra, estudiando el efecto sobre el rendimiento de estos tratamientos. El rendimiento fue entre un 18 y un 31% superior en las parcelas sin sombreo, siendo también más elevado el índice de cosecha y el peso de 100 semillas.

Singh (1985) estudió el rendimiento en grano, altura de plantas, número de vainas por planta y número de ramificaciones por planta en 30 variedades de guisante, observando un alto grado de variabilidad y heredabilidad genética, en sentido amplio, de estos caracteres. Parámetros como el número de días de nascencia hasta el 50% de floración y hasta la madurez, la altura de la planta, el número de vainas por planta y el número de ramificaciones primarias por planta

se asocian positivamente con el rendimiento en grano, indicando su eficacia en la selección de variedades más productivas.

Pandey y Gritton (1975) cultivaron un conjunto de líneas de guisante y todas las posibles generaciones F1 entre ellas en cinco ambientes distintos para estudiar las varianzas genotípicas y fenotípicas, y las correlaciones entre variables relacionadas de productividad. Genotipos y ambientes tuvieron efectos altamente significativos para todas las variables. Se obtuvieron coeficientes de correlación genotípicos y fenotípicos significativamente positivos entre vainas por planta y semillas por planta, semillas por vaina y semillas por planta, y entre estos dos variables y el rendimiento en grano. La correlación genotípica entre peso de la semilla y rendimiento fue alta, pero la correlación fenotípica fue baja.

La altura de planta es un carácter que se ha correlacionado positivamente con el número de vainas y el rendimiento unitario de la planta (Pandey y Gritton, 1975). Sin embargo, el crecimiento indeterminado no es un carácter favorable en guisante porque acarrea un desarrollo excesivo de la masa foliar, además de coexistencia de granos con distinto grado de madurez que interfiere en la recolección.

1.6. La interacción genotipo x ambiente

1.6.1. Definición y complejidad biológica de la interacción genotipo x ambiente

La interacción genotipo x ambiente (GxA) surge cuando una variación ambiental tiene distinto efecto sobre genotipos diferentes o, a la inversa, cuando un mismo genotipo responde de distinta manera en diversos ambientes. En otras palabras, se dice que existe interacción GxA cuando no se puede asociar una desviación producida por un ambiente específico a una variable dada sin tener en cuenta el genotipo sobre el cual aquella actúa (Romagosa y Fox, 1993). Fox *et al*. (1997) definen la interacción genotipo x ambiente como la expresión genotípica

diferencial a través de los ambientes. La comparación de medias en distintos ambientes es adecuada únicamente para evaluar la adaptación del material vegetal en ensayos en que la interacción GxA no es significativa. Sin embargo, cuando lo es, la selección de genotipos en un ambiente dado puede ocasionar un comportamiento desastroso en otro.

La amplitud de la adaptación de los genotipos, sus niveles de rendimiento, calidad, y resistencia a distinto tipo de estrés (sea biótico o abiótico), debe ser contrastada mediante ensayos multilocales (Crossa *et al*., 1990).

Los términos "lugar" o "localidad" indican variación espacial. "Ambiente" es un término general que cubre todas las condiciones bajo las cuales crecen las plantas, y puede englobar lugares, años, prácticas de manejo o una combinación de estos factores. Comúnmente cada lugar/año es considerado un ambiente separado.

Se puede hablar de "adaptación" en el contexto de variación espacial de la expresión de un genotipo, y de "estabilidad" para la variación en un lugar dado, a través de años o bajo distintas prácticas de cultivo. En cualquier caso, podemos referirnos a las dos dimensiones, espacial y temporal, de forma conjunta por ser expresiones del mismo fenómeno.

Según Allard (1999), los efectos fenotípicos no están normalmente relacionados con los genes de un modo directo. Más bien resultan de una sucesión de relaciones físico-químicas e interacciones iniciadas por ciertos genes, pero modificadas por un sistema complejo de reacciones controladas o modificadas por otros genes, y por el ambiente externo, hasta determinar el "fenotipo final". La complejidad biológica de la interacción GxA ha sido puesta de manifiesto en numerosos trabajos (Baker, 1971; Molina-Cano *et al*., 1990; Romagosa *et al*., 1993).

1.6.2. Interés del estudio de la interacción GxA en mejora

Los mejoradores pretenden, por un lado, superar el nivel de adaptación de las variedades existentes. Por otro, es interesante descubrir los ambientes en los cuales una futura variedad puede cultivarse satisfactoriamente.

Gran parte del éxito de las nuevas variedades de muchos cultivos radica tanto en su amplia adaptación ecogeográfica como en su favorable respuesta a determinadas técnicas de cultivo (Romagosa y Fox, 1993) como el riego, la fertilización, la siembra en alta densidad, o la mecanización de determinadas labores. En zonas agrícolas menos favorecidas, la estabilidad de la producción en un cultivo es más importante que la posibilidad de alcanzar elevados rendimientos basados en altos inputs. La interacción genotipo x ambiente hace ver la importancia del efecto ambiental en la adaptación y el comportamiento varietal. Su estudio ayuda a incrementar la eficiencia de la mejora.

Para los mejoradores, la diversidad agroecológica de ambientes de cultivo es un "arma de doble filo" (Romagosa y Fox, 1993). La diversidad complica la mejora y testado de genotipos mejorados con adaptación adecuada, pero también permite la identificación de condiciones ambientales extremas que garanticen una presión de selección para estrés intensos.

Los mejoradores deben disponer de una metodología adecuada para cuantificar e interpretar la interacción GxA, contribuyendo así a diseñar estrategias de mejora de la adaptación (Charmet *et al*., 1993; May y Zobub, 1993). El estudio de la interacción GxA es un elemento fundamental en aspectos como:

1. Evaluación de adaptación amplia o específica.
2. Elección de localidades para llevar a cabo procesos de selección.
3. Selección en generaciones tempranas cuando se realiza en ambientes con estrés y sin estrés.

4. Eliminación de un amplio número de genotipos entre los testigos de muchos ambientes, permitiendo aconsejar menos líneas para intensificar los ensayos básicos de selección.

1.6.3. Estabilidad y adaptabilidad

1.6.3.1. Definiciones

El seleccionador busca los genotipos que presentan una buena estabilidad. La estabilidad del rendimiento es un concepto de primer orden en mejora vegetal. Existe un gran número de modelos estadísticos para el análisis de la estabilidad y la interacción GxA (Brancourt-Hulmel *et al*., 1997). No existe una única definición de estabilidad. Se emplean términos como estabilidad fenotípica, estabilidad del rendimiento, adaptación y adaptabilidad, con un significado diferente en cada caso.

Adaptabilidad es la propiedad o habilidad de un genotipo o población de genotipos que permite la alteración de las normas de adaptación en respuesta a distintas presiones de selección (Simmonds, 1962), mientras que adaptación es un estado de adecuación a un ambiente dado. Simmonds (1962) distingue entre los siguientes conceptos:

- Adaptación específica de un genotipo, es la adaptación concreta del genotipo correspondiente a un ambiente limitado.
- Adaptación genotípica general es la capacidad de un genotipo para producir en un rango de fenotipos compatibles con un rango de ambientes determinado.
- Adaptación específica de una población, es la parte de la adaptación específica de una población heterogénea que es atribuible a la interacción entre los componentes más que a la adaptación de los componentes por si mismos.
- Adaptación general de una población es la capacidad de poblaciones heterogéneas para adaptarse a variedad de ambientes.

La estabilidad fenotípica caracteriza la importancia de las fluctuaciones del rendimiento observadas para un mismo genotipo cultivado en diferentes ambientes. Cuanto más estable es un genotipo, menor es su variación fenotípica. Las fluctuaciones observadas dependen de los efectos del ambiente por un lado, y de la existencia de interacción GxA por otro: los genotipos no reaccionan o se comportan de la misma forma en un ambiente que en otro.

Becker (1981) distinguió dos tipos de estabilidad genotípica. Por una parte, la "estabilidad biológica", con un sentido homeostático, mediante la cual un genotipo mantiene un rendimiento constante en distintos ambientes. Esta estabilidad homeostática no es interesante en la agricultura moderna, donde los genotipos deberían responder a condiciones del medio mejoradas. La necesidad de obtener elevadas respuestas genotípicas a ambientes favorables conduce al concepto de "estabilidad agronómica", por el cuál un genotipo es considerado estable si rinde relativamente bien respecto al potencial productivo de los ambientes testados, mostrando una baja interacción en términos de ecovalencia. La ecovalencia (Wricke, 1962, 1964) es definida como la contribución de un genotipo concreto a la suma de cuadrados total de la interacción GxA en un análisis de varianza.

Los conceptos dinámico (Becker y León, 1988) o agronómico (Becker, 1981) de estabilidad son equivalentes. El concepto estático definido por León (1985) coincide con el concepto biológico de Becker (1981).

Los genotipos que muestran una elevada estabilidad agronómica para un amplio rango de ambientes, se dice que presentan adaptabilidad general o amplia (Finlay y Willkinson, 1963). Por el contrario, si la estabilidad agronómica es manifestada sobre un rango limitado de ambientes, se dice que el genotipo tiene adaptación específica o estrecha. En este sentido se puede hablar de genotipos especialistas y de genotipos generalistas.

La interacción GxA se considera cuantitativamente (Allard y Bradshaw, 1964; Romagosa y Fox, 1993) si el orden de las respuestas de los genotipos no cambia de un ambiente a otro, esto es, si la respuesta diferencial de un genotipo comparada con otro es simplemente una cuestión de escalas. Las interacciones

cuantitativas son menos importantes para los mejoradores que las interacciones cualitativas (Baker, 1988), ya que estas últimas complican la selección y la identificación de los mejores genotipos. Por el contrario, cuando las interacciones no se cruzan (figura 6), los genotipos con media superior pueden ser recomendados para todos los ambientes.

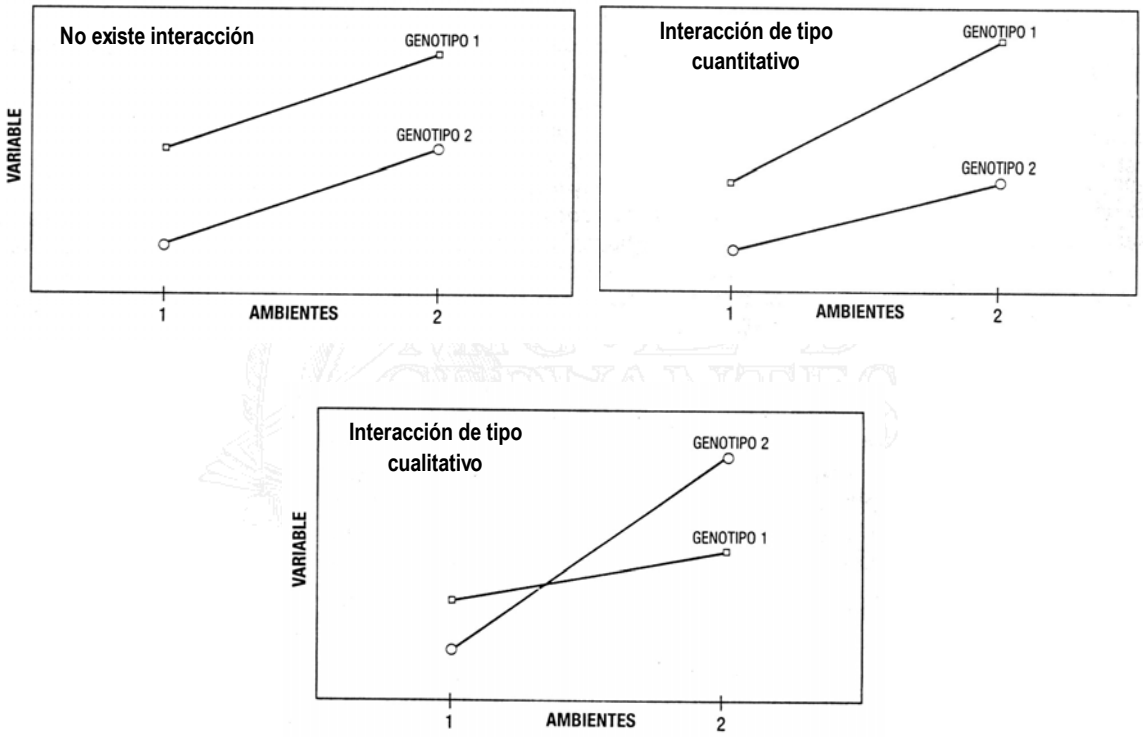


Figura 6. Tipos de interacción para dos genotipos hipotéticos en dos ambientes distintos.

Lin *et al*. (1986) y Lin y Binns, (1988, 1989) definen cuatro conceptos estadísticos de estabilidad. En base a los datos de un análisis de la varianza (ANOVA) de un ensayo de variedades, un genotipo se considera estable:

Tipo 1: si su varianza entre ambientes es pequeña.

Tipo 2: si su respuesta a los ambientes es paralela a la respuesta media de todos los genotipos del ensayo.

Tipo 3: si la suma de cuadrados residual de la regresión sobre el índice ambiental es pequeña.

Tipo 4: si su cuadrado medio dentro de ambientes, esto es, si su variabilidad para cualquier ambiente en diferentes años, es pequeña.

La estabilidad de tipo 1 es análoga al concepto de homeostasis y corresponde a la definición de estabilidad bajo un concepto biológico. El tipo 2 es equivalente al concepto agronómico.

La estabilidad de tipo 3 está basada en el concepto de estabilidad de Eberhart y Russell (1966), y se fundamenta en que la variabilidad de un genotipo con respecto al ambiente puede ser dividida en dos partes: una predecible que corresponde a una posible regresión entre genotipos y ambientes, y otra impredecible, correspondiente a los cuadrados medios de la desviación estadística respecto a la regresión lineal. Un genotipo se consideraría estable si la suma residual de cuadrados es pequeña.

La estabilidad de tipo 4 puede medir la capacidad de un genotipo, en sentido homeostático, para resistir variaciones ambientales impredecibles, algo que no estiman los otros tres tipos de estabilidad. Para determinar el tipo 4 se requiere incluir en el ensayo un factor “tiempo” añadido al término variedad x localidad, puesto que sólo entonces podremos separar la variación predecible, proveniente del factor “suelo”, de la variación impredecible derivada del factor “tiempo”.

1.6.3.2. Origen genético de la estabilidad

La estabilidad según Gallais (1992a) tiene dos orígenes: por un lado el "poder tampón" derivado de la estructura genética de ciertos genotipos, y por otro, la existencia de genes específicos de adaptación.

Diversos trabajos han asociado una mayor estabilidad a las estructuras genéticas heterogéneas (una población, una mezcla de híbridos, una variedad multilínea, una variedad multiclon...) que a las poblaciones homogéneas (una línea parental, un híbrido...). En sorgo, los trabajos de Haussmann y Geiger (1994) han constatado mayor estabilidad en mezclas de híbridos o líneas que en líneas puras. En judía, Stelling *et al*. (1994) también encontraron mayor estabilidad en poblaciones heterogéneas.

Es conocido el efecto de la base genética del híbrido sobre su estabilidad y su comportamiento en las especies alógamas, donde la selección de variedades híbridas se practica desde hace mucho tiempo. Eberhart y Russell (1969) en maíz, y Ombakho y Miller (1994) en sorgo, observaron mayor estabilidad en los híbridos dobles respecto a los híbridos simples.

Tanto en plantas alógamas como en las autógamas, la ventaja del híbrido es debida al hecho de que el genotipo, por su heterosis, puede acumular mayor número de alelos favorables dominantes, controlando la adaptación a los diferentes ambientes (Gallais, 1992b). En este caso, la homeostasis se puede fijar, siendo imposible saber cuando es debida a las genes de alelos codominantes situados en un mismo locus.

El efecto de la heterogeneidad y heterogocidad es variable entre especies. Stelling *et al*. (1994) observaron diferencias interespecíficas importantes de estos efectos en alubia, colza, maíz y sorgo.

La estabilidad puede ser debida a la presencia de genes de adaptación. Efectivamente, la resistencia a una enfermedad que afecta al rendimiento puede ser considerada como un gen de adaptación: si existe ataque de dicha enfermedad en un ambiente dado, el genotipo resistente tendrá un mayor rendimiento que el genotipo sensible. Otros factores genéticos de adaptación a un ambiente pueden constituir de igual forma un factor de estabilidad, como la tolerancia a diferentes tipos de estrés, el vigor inicial, la altura, la precocidad en floración, el enanismo... (Hoogendoorn *et al*., 1988; Baril, 1992; Nachit *et al*., 1992a, 1992b; Worland, 1996).

Ceccarelli *et al*. (1992) demostraron que los alelos que controlan un alto rendimiento en cebada en ambientes poco productivos son, al menos parcialmente, diferentes de los que controlan un alto rendimiento en ambientes productivos. Antes de definir un programa de selección, es necesario conocer si los alelos que controlan el rendimiento en las dos situaciones son diferentes (Romagosa y Fox, 1993).

1.6.3.3. La adaptación ecogeográfica de las variedades

En ensayos en los que los mismos genotipos y localidades se repiten durante varios años o campañas, el término GxA del análisis de varianza puede dividirse en los componentes genotipo x localidad, genotipo x año y genotipo x localidad x año. Si genotipo x localidad es la componente dominante, entonces la adaptación específica puede explotarse subdividiendo las zonas de producción en regiones homogéneas (pero no necesariamente contiguas) que minimicen GxA dentro de las regiones, y sirvan de base para la recomendación de genotipos. Esta subdivisión está siempre condicionada por los genotipos empleados.

Cuando genotipo x año y genotipo x localidad x año dominan, el estudio de GxA no se puede simplificar en una subdivisión espacial de regiones. Es importante que los ensayos cubran un rango representativo de condiciones ambientales (variación espacial y temporal) para determinar las respuestas genotípicas.

Para Allard y Bradshaw (1964), las interacciones que contenían el término genotipo x año son particularmente interesantes de cara a los programas de mejora.

A veces, los experimentos de selección de un mejorador en un año pueden tener poca relación con los realizados el próximo (Fox *et al*., 1985). Para eliminar el problema de muestras asociadas con variación interanual deberían realizarse ensayos repetidos durante varios ciclos de cultivo. Sin embargo, para ahorrar tiempo, los mejoradores optan por sustituir variación temporal por variación espacial, asumiendo que la realización de ensayos adicionales en un amplio rango geográfico asegura en cierto modo un grado paralelo de amortiguación de la variación temporal. La hipótesis de que variación espacial y temporal tienen un mecanismo común ha sido validada en experimentos con sorgo (Barah *et al*., 1981) y arroz (Flinn y Garrity, 1989).

En determinados sistemas agrícolas, el rendimiento máximo *per se* puede no ser tan importante como la probabilidad de alcanzar un cierto nivel de rendimiento

mínimo. Esto complica un compromiso entre estabilidad homeostática y agronómica, esto es, entre respuesta de rendimientos y variación limitada del rendimiento en distintos ambientes. Menz (1980), realizando ensayos de trigo a nivel internacional, observó un mayor riesgo en la eficiencia de los genotipos cuando tenían rendimientos medio-altos, con muy pocas excepciones.

Binswanger y Barah (1980) propusieron una metodología para separar cómodamente entre rendimiento promedio de un genotipo y variabilidad interanual del mismo, aunque no extendieron la técnica para el riesgo de eficiencia entre localidades. Esta metodología es una potente herramienta para comparar los mecanismos de estabilidad temporal y espacial. Según estos autores, ambos mecanismos están muy relacionados, considerando que la estabilidad espacial es una respuesta a las condiciones meteorológicas en las distintas localidades. Sin embargo, la estabilidad espacial y temporal difieren cuando condiciones específicas de estrés tienen lugar en las localidades, especialmente si están relacionadas con las características del suelo. Binswanger y Barah (1980) no consideraron las posibles interacciones entre condiciones meteorológicas y factores específicos de localidad, manifestadas en términos de alta interacción localidad x año y genotipo x localidad x año.

Fox y Rosielle (1982a) han sugerido un modelo que utiliza una combinación de referencia de genotipos, para manejar variaciones estacionales impredecibles. Un mejorador podría definir a largo plazo ambientes objetivo mediante los rendimientos relativos ordenados de esta combinación de genotipos de referencia, cultivados durante varios años. Es necesario cultivar los genotipos de referencia en cada ensayo de selección, de modo que pueda determinarse la proximidad de la combinación específica localidad-año a largo plazo, en términos de GxA. Entonces, los resultados de cada lugar en un año podrían tenerse en cuenta de acuerdo con la representatividad del lugar o proximidad al objetivo. El concepto de "pruebas genotípicas", o cultivares con conocida respuesta diferencial a estímulos ambientales, sigue el enfoque de los genotipos de referencia. Mediante el análisis de la respuesta de cada prueba genotípica se puede determinar la influencia de condiciones ambientales.

Hay una gran controversia entre la utilización de ensayos amplios de líneas avanzadas *versus* la exposición de los genotipos a unos pocos lugares clave con estrés definidos. En realidad, los dos enfoques son complementarios entre sí. Los progresos genéticos se minimizan para estreses no reconocidos. Un caso de resistencia a nematodos en trigos australianos (Rathjen y Pederson, 1986) es un ejemplo de la acumulación de resistencia no específica, en una "localidad aberrante" con tal factor no reconocido. "Localidades aberrantes" pueden ser más útiles en mejora de cultivos a largo plazo, que "localidades clave", especialmente cuando se descubren la explicación biológica del comportamiento anormal.

BIBLIOTECA VIRTUAL

Teniendo como objetivo en un programa de mejora conseguir una adaptación amplia, puede plantearse la siguiente cuestión: ¿Permite la selección en ambientes óptimos (altos inputs) identificar genotipos adaptados a un mayor número de ambientes limitantes?. Para la mayoría de los autores, la profundización en el conocimiento de la biología de las especies cultivadas es el arma más potente para elegir las estrategias adecuadas. Ceccarelli (1989) opina que la adaptación amplia no existe entre diferentes ambientes macroagroecológicos, y que la selección para alto rendimiento potencial no permite incrementar el rendimiento con inputs bajos. De modo similar, Lawn (1988) indicó que rendimiento alto y estabilidad agronómica son conceptos mutuamente excluyentes sobre un amplio rango de ambientes. Patel *et al*. (1987) encontraron que cuando poblaciones de cebada eran cultivadas cada año en lugares diversos, representando diferentes zonas de adaptación, la selección natural actuaba bajando los rendimientos.

Sin embargo, para algunos mejoradores la acumulación de tolerancias a un cierto número de estrés es la clave para conseguir una adaptación amplia, con lo cuál, la selección en ambientes múltiples es la mejor vía para obtener genotipos estables. Los genotipos de trigo obtenidos por el CIMMYT y seleccionados en ambientes de altos input en lugares representativos de las principales áreas de cultivo de trigo en todo el mundo, fueron superiores en rendimientos que los genotipos desarrollados localmente, con o sin germoplasma del CIMMYT (Pfeiffer y Braun, 1989). La pobre adaptación de los genotipos del CIMMYT a ambientes

específicos se ha debido generalmente a una mayor susceptibilidad a enfermedades, y no a ineficiencia biológica del material vegetal. En oposición a esto, Ceccarelli *et al*. (1987) concluyen que los genotipos de cebada mejorados para condiciones extremas deberían seleccionarse en esas condiciones desfavorables.

El éxito de los trigos del CIMMYT es el resultado de una combinación entre potencial de rendimiento alto y adaptación amplia. Esta combinación implica (Romagosa y Fox, 1993):

- Un amplio número de cruzamientos.
- Ensayos de líneas avanzadas a nivel internacional.
- Continua alternancia de ciclos de selección en ambientes que permiten una alta expresión del potencial de rendimiento, pero que difieren en altitud, latitud, fotoperiodo, temperatura, precipitación, tipo de suelo e incidencia de plagas y enfermedades.

La expresión genotípica está influida por los ambientes de selección en generaciones tempranas (Campbell y Laferer, 1977). La competencia entre plantas en poblaciones segregantes dentro del campo de cultivo no es, con frecuencia, representativa de la que se produce en condiciones de producción comercial. Los mejoradores usan bajas densidades de plantas, más manejables para la selección. La elección de los lugares dónde llevar a cabo la selección es particularmente importante en el caso de áreas de producción con niveles variables de estrés abiótico.

Bajas correlaciones genéticas entre lugares donde están instalados los campos de selección y una red de ensayos recomendada, más extensa y representativa comercialmente, han llegado incluso a recomendar el abandono de estaciones de mejora (Rathjen y Pederson, 1986).

La realización de programas de mejora para ambientes de bajos inputs de modo independiente, se basa en la hipótesis de que los rendimientos en ambientes con bajos y altos inputs tienen un control genético distinto, y en la

mayor precisión en la selección cuando se utilizan ambientes de contraste (Atlin y Frey, 1989). Por otra parte, puede interesar también incorporar nuevos alelos que sean superiores en las dos situaciones.

Atlin y Frey (1989) obtuvieron correlaciones genéticas muy escasas entre ambientes de altos y bajos inputs. En un estudio teórico, Roseille y Hamblin (1981) concluyeron que la selección en ambientes de estrés, donde la varianza genética es pequeña, tendrá como resultado una disminución del rendimiento medio en ambientes sin estrés. La selección para productividad puede generalmente incrementar el rendimiento medio en los dos ambientes (estrés y no estrés) a menos que la correlación genética entre rendimientos en ambientes con estrés y no estrés sea altamente negativa. Richards (1982, citado por Romagosa y Fox, 1993) encontró que la selección en ambientes sin limitación hídrica fue superior a la selección bajo estrés de humedad en el desarrollo de germoplasma de trigo que combinaba potencial genético alto para rendimiento con tolerancia a estrés hídrico.

La eficiencia en mejora puede ser incrementada mediante la selección en generaciones tempranas en base a caracteres básicos, integrando los conocimientos actuales de la fisiología y genética de los cultivos. Para Whan *et al*. (1991), se ha hecho en el pasado un énfasis desproporcionado en estudios fisiológicos que han aportado poco o nada al planteamiento de los programas de mejora de plantas. Para ser aplicadas en mejora, las teorías generadas por los fisiólogos deben ser validadas en poblaciones de material segregante.

La eficacia de la selección en poblaciones segregantes depende de la identificación de ambientes objetivo, en base a la existencia de impedimentos bióticos y abióticos al crecimiento de las plantas, y su frecuencia (Ludlow y Muchow, 1989). Por otra parte, condiciones de estrés generadas artificialmente, de uso generalizado en el estudio de reacciones a plagas y enfermedades, pueden sustituir parcialmente a los ensayos multilocales y multianuales (Blum *et al*., 1983; Eisemann *et al*., 1990).

1.6.4. Evaluación de la interacción GxA

En un análisis del comportamiento de una serie de genotipos en diferentes ambientes, la interacción GxA se define estadísticamente como la parte residual del modelo aditivo (Scheffé, 1959).

Generalmente, sólo una pequeña parte de la interacción GxA puede ser atribuida a determinantes ambientales conocidos. La mayor parte de la interacción no puede ser explicada en los análisis estadísticos de los ensayos de rendimiento, y pasa a formar parte del término que se conoce como "error experimental". En este contexto se utiliza el término "estabilidad fenotípica" para referirse a las fluctuaciones de la expresión fenotípica del rendimiento mientras el genotipo permanece constante.

El análisis de la interacción GxA ha sido objeto de numerosos trabajos en mejora de plantas (ver revisiones de Freeman, 1973, 1990; Vincourt *et al*., 1984; Lin *et al*., 1986; Westcott, 1986; Becker y León, 1988; Ceccarelli, 1989; Crossa, 1990; Gallais, 1992a, 1992b; Gauch, 1992; Romagosa y Fox, 1993; Van Eeuwijk *et al*., 1996; Kang y Gauch, 1996; Brancourt-Hulmel *et al*., 1997).

Para Zobel *et al*. (1988) un análisis estadístico de ensayos de rendimiento debe reunir los siguientes requisitos:

- Frugalidad: el modelo debe contener pocos grados de libertad respecto del total
- Efectividad: el modelo debe explicar la mayor parte de la suma de cuadrados total, dejando un residuo con más grados de libertad pero con suma de cuadrados pequeña.
- Significación: el modelo debe ser agronómicamente significativo, dando una idea de la estructura de los datos.

Se han propuesto un gran número de modelos estadísticos para estimar la estabilidad fenotípica o analizar la interacción GxA. Estos métodos estadísticos se pueden clasificar en paramétricos (que incluyen los modelos de efectos fijos y los

modelos mixtos) y los no paramétricos. Los métodos paramétricos de efectos fijos se pueden dividir en muchas categorías según el número de parámetros asociados a cada genotipo. Los métodos uniparamétricos hacen intervenir un solo parámetro de estabilidad para describir los genotipos, mientras que los métodos multiparamétricos hacen intervenir varios.

Los métodos uniparamétricos, relacionados con el concepto agronómico de estabilidad, son más simples que los multiparamétricos.

Los métodos no paramétricos, desarrollados más recientemente, están basados en ordenaciones de los valores de los genotipos y no necesitan cumplir ninguna condición sobre la distribución de los datos observados, en términos estadísticos (homogeneidad de varianzas).

Las técnicas de análisis multivariante suministran una información amplia sobre la respuesta de los genotipos a los ambientes.

1.6.4.1. Métodos no paramétricos

Los métodos no paramétricos constituyen una alternativa a los métodos paramétricos (Hühn, 1996). La mayor parte de ellos se basan en establecer diferentes ordenaciones o rangos de los genotipos en cada ambiente en función de los valores observados, teniéndose en cuenta al mismo tiempo los efectos del genotipo y los efectos de la interacción GxA. La estabilidad fenotípica puede ser medida independientemente de los efectos genotípicos sin más que utilizar para la ordenación los valores corregidos, restando a los observados la media marginal de cada genotipo y la media total del ensayo (Hühn *et al*., 1993); de este modo, el número de orden de cada genotipo solo depende de la interacción GxA y del error experimental.

El mejorador puede conocer con estos métodos los mejores genotipos en cada ambiente, estableciendo un orden de los que mejor resultado han obtenido para la variable que le interesa. Es interesante, además, conocer en cuántos ambientes un genotipo ha sido el mejor.

Los métodos no paramétricos detectan únicamente las interacciones de tipo cualitativo y confunden las interacciones cuantitativas con la ausencia de interacción (Brancourt-Hulmel *et al*., 1997). No obstante, estos métodos tienen importantes ventajas (Romagosa y Fox, 1993):

1. Existe una mayor libertad para asumir efectos principales aditivos, homogeneidad de varianzas y respuestas lineales al incremento del rendimiento ambiental potencial. Cuando utilizamos las pruebas de significación para estadísticos paramétricos que nos miden la estabilidad, realizamos implícitamente suposiciones sobre sus distribuciones y sobre la homogeneidad de sus varianzas. En muchos casos dichas hipótesis previas ni siquiera se prueban. Sin embargo, con medidas no-paramétricas de estabilidad no tenemos que tener en cuenta suposiciones de este tipo. Un genotipo será estable si su posición en el ordenamiento general es similar en los distintos ambientes.
2. Los estadísticos no paramétricos son menos sensibles que los paramétricos a los errores de medida. La adición u omisión de una o varias observaciones no causa grandes variaciones en el resultado final.
3. Las medidas de adaptación no se ven influidas por el comportamiento genotípico en ambientes extremos.

El método de análisis de "rangos estratificados" (Fox *et al*., 1990) consiste en contar el número de ambientes del ensayo para los cuales un genotipo ocupa los primeros ordenes, los medios o los bajos. Un genotipo con la mayoría de los números de orden en el tercio superior se considera ampliamente adaptado.

El método de "consistencia de comportamiento" (Ketata *et al*., 1989) es un análisis no paramétrico que se basa en el estudio de la posición media del genotipo y su desviación estándar. Representando gráficamente estas dos variables para todos los genotipos, se pueden seleccionar aquellos que ocupan una posición media alta y poseen una desviación estándar pequeña como los que muestran adaptación general (consistentemente superiores). Los genotipos de mayor adaptación específica (inconsistentemente superiores) se identifican con

aquellos que ocupan posiciones altas pero tienen desviaciones estándar elevadas.

El método de Kang (1988) permite seleccionar genotipos estables de alto rendimiento de una forma sencilla. Se establecen las ordenaciones de los rendimientos medios de los genotipos, dándole el valor de orden igual a 1 al genotipo de mayor producción. De igual forma se establecen las ordenaciones de las varianzas de la estabilidad, definida por Shukla (1972), asignando la posición 1 al genotipo con menor valor. Los dos números de orden se suman, de forma que los valores más bajos de esta suma corresponden a los genotipos más deseables.

1.6.4.2. Métodos uniparamétricos

La estabilidad fenotípica en su concepto estático fue medida por primera vez por Roemer (1917), utilizando la varianza para cada genotipo respecto de todos los ambientes del ensayo. Este valor, denominado varianza ambiental, detecta todas las desviaciones respecto de la media genotípica.

Este concepto estático de estabilidad puede ser útil para caracteres de calidad, resistencia a enfermedades y a estreses abióticos (frío, sequía...), pero no para seleccionar genotipos de alto rendimiento. La estabilidad media en base a este concepto va normalmente asociada a rendimientos relativamente bajos. Por ello, para estudios de estabilidad del rendimiento, se recomienda el concepto dinámico.

Frecuentemente, en relación con el rendimiento y otros caracteres cuantitativos, muchos genotipos reaccionan de forma similar a condiciones ambientales favorables o desfavorables. Esta respuesta al ambiente produce variaciones de la media para el carácter considerado. De acuerdo con el concepto dinámico, sólo las desviaciones de un genotipo, respecto a todos los ambientes, se consideran como contribuyentes de inestabilidad en relación con esta reacción general. La respuesta general, es decir, la media de todos los genotipos en un

determinado ambiente, puede ser interpretada como un efecto o índice ambiental (Cubero y Flores, 1994).

1.6.4.2.1. Modelos que tienen en cuenta únicamente el efecto genotípico.

A partir de un modelo de análisis de varianza que solo tiene en cuenta el efecto genotípico ($Y_i = \mu + \alpha_i + \varepsilon_i$, dónde Y_i es el valor medido , μ la media general, α_i el efecto genotípico y ε_i el error) es posible definir parámetros que permiten apreciar la estabilidad de un genotipo, tales como la varianza ambiental o el coeficiente de variación ambiental.

La varianza ambiental definida por Roemer (1917) es: $S^2_{xi} = \frac{\sum_j (Y_{ij} - \bar{Y}_{i.})^2}{(a-1)}$

Y_{ij} = valor de la variable considerada del genotipo i en el ambiente j.

$\bar{Y}_{i.}$ = valor medio de la variable considerada del genotipo i en todos los ambientes.

a = número total de ambientes.

El coeficiente de variación ambiental (Francis y Kannenberg, 1978) se define como el cociente, expresado en forma de porcentaje, entre la desviación estándar (S_i) y la media: $CV_i = \frac{S_i}{\bar{Y}_{i.}}$

1.6.4.2.2. Modelos que tienen en cuenta los efectos de la interacción genotipo x ambiente

Se emplea el modelo de análisis de varianza siguiente:

$$Y_{ij} = \mu + \alpha_i + \beta_j + \alpha\beta_{ij} + \varepsilon_{ij}$$

dónde Y_{ij} es el valor medido , μ la media general, α_i el efecto genotípico, β_j el efecto ambiental, $\alpha\beta_{ij}$ la interacción del genotipo i con el ambiente j y ε_{ij} el error.

Estos métodos se basan en el concepto dinámico (Becker y León, 1988) o agronómico (Becker, 1981) de la estabilidad, según el cual un genotipo es estable

si su respuesta al ambiente no presenta desviaciones con respecto a la respuesta al ambiente del conjunto de genotipos estudiados.

Siguiendo estos métodos se consideran a continuación los conceptos de ecovalencia, la varianza de Shukla, el índice de superioridad, y la regresión conjunta.

1.6.4.2.2.1. Ecovalencia, varianza de la estabilidad e índice de superioridad

Wricke (1962) define el término ecovalencia (W_i) como la contribución de cada genotipo, en todos los ambientes, a la suma de cuadrados de la interacción GxA. Si la ecovalencia es pequeña, la estabilidad agronómica es alta.

Shukla (1972) propuso como varianza de la estabilidad una estima insesgada de la varianza de la interacción para cada genotipo, obtenida a partir de una combinación lineal de la ecovalencia.

El índice de Lin y Binns (1988) constituye una medida única de la superioridad del comportamiento de un genotipo, definiéndose como el cuadrado medio de la distancia entre la respuesta de un genotipo y el genotipo de máxima respuesta, en un ambiente dado. Con esta medida, la máxima respuesta en un ambiente se convierte en el testigo a considerar.

1.6.4.2.2.2. Análisis de regresión conjunta

El método fue descrito por Mooers (1921), y Yates y Cochran (1938), y desarrollado posteriormente por Finlay y Wilkinson (1963), Eberhart y Russell (1966) y Perkins y Jinks (1968). Ha sido una de las técnicas más usadas para analizar la interacción GxA en el rendimiento de numerosas especies, y abordar los problemas de la estabilidad (Brancourt-Hulmel y Lecomte, 1994; Jalaluddin y Harrison, 1993; Parisot-Baril, 1992; Gray, 1982; Nguyen *et al*., 1980; Argillier *et al*., 1994; Baril *et al*., 1995; Zobel *et al*., 1988).

El módelo de análisis de varianza y regresión conjunta es el siguiente:

$$Y_{ij} = \mu + \alpha_i + \beta_j + \varphi_i\beta_j + \theta_{ij} + \varepsilon_{ij}$$

donde: Y_{ij} es el resultado del genotipo i en el ambiente j; μ es la media general; α es la desviación media genotípica; β la desviación media ambiental; φ_i el coeficiente de regresión genotípica; θ_{ij} el residual de la interacción GxA; y ε_{ij} el error.

Freeman y Perkins (1971) propusieron el uso de regresiones con variables externas relacionadas con el ambiente, las cuales son independientes de los datos, tomando la regresión del rendimiento medio para todos los genotipos en cada ambiente como una media de la estabilidad evaluada. Para Hardwick y Wood (1972) la regresión múltiple de estas variables ambientales es útil para estudiar las causas fisiológicas de la regresión observada de medias de genotipo sobre medias ambientales.

La forma más frecuente de caracterizar la estabilidad fenotípica a través de los ambientes es mediante el coeficiente de regresión de cada genotipo sobre la media ambiental ($b_i = \varphi_i$). Yates y Cochran (1938) utilizaron la media total de todos los genotipos en un ambiente determinado como índice ambiental, es decir, como medida del ambiente. Estos autores estudiaban el comportamiento de un cierto genotipo o grupo de genotipos por medio de la regresión lineal de las medias del genotipo en cada ambiente en función de dichos índices o valores ambientales. El uso de ésta técnica como base para el análisis de varianza asociado a tests de hipótesis fue discutido por Mandel (1961), quien demostró que se trata de una extensión de la prueba de Tukey (1949) con un grado de libertad, en el caso de no aditividad.

Para determinar la estabilidad se puede tener en cuenta las pendientes o coeficientes de regresión de cada genotipo (b_i). Finlay y Wilkinson (1963) consideraron, sin embargo, que este parámetro no es suficiente, sugiriendo que la media total de cada genotipo también debería entrar en el estudio de la

estabilidad. Así, los genotipos con pendiente cercana a 1 y alto rendimiento se consideran como bien adaptados a todos los ambientes.

Como complemento al coeficiente de regresión, el cuadrado medio residual de las desviaciones de la regresión S^2_{di}, describe la contribución de cada genotipo a la interacción GxA (Eberhart y Russell, 1966). Cuando el ajuste al modelo lineal es bueno, S^2_{di} y la ecovalencia están altamente correlacionadas (Becker, 1981).

Los estadísticos del método de regresión, b_i y S^2_{di}, han sido utilizados de diferentes formas. Mientras S^2_{di} está fuertemente relacionado con la parte impredecible de la variabilidad de un genotipo, el coeficiente de regresión b_i caracteriza la respuesta específica de los genotipos al efecto ambiental, pudiéndose considerar como un parámetro de respuesta. Un genotipo será tanto más estable cuanto más próximo a cero sea su valor de S^2_{di}. Por otro lado, los genotipos que muestran una respuesta media a los cambios ambientales tendrán pendientes próximas a 1.

Pinthus (1973) propuso utilizar el coeficiente de determinación como estimador de la estabilidad de un genotipo, en lugar del cuadrado medio residual de las desviaciones de la regresión S^2_{di}.

Freeman (1973) divide los grados de libertad y la suma de cuadrados de la interacción GxA en dos componentes, uno para comprobar la heterogeneidad de las regresiones, y otro que recoge las desviaciones de la regresión. El componente de heterogeneidad puede compararse con el cuadrado medio de las desviaciones para estudiar qué parte de la interacción GxA observada es explicada por las regresiones. De la heterogeneidad de las regresiones se puede extraer (Eagles *et al.*, 1977) un componente con un grado de libertad que nos indicaría la tendencia de las líneas de regresión a converger en un punto (alta correlación entre los coeficientes de regresión y las medias genotípicas).

A pesar de que los métodos de regresión conjunta han sido ampliamente utilizados, presentan algunos inconvenientes (Crossa, 1990; Gauch, 1992; Romagosa y Fox, 1993), entre los que cabe destacar:

1. La media genotípica no es independiente de las medias marginales de los ambientes. Al realizar la regresión de una variable sobre otra, no siendo ambas independientes, se viola uno de los requisitos fundamentales del análisis de regresión. Esta interdependencia es un problema cuando el número de genotipos es pequeño, pudiéndose considerar despreciable si ese número es superior a 15. Como solución a este problema, Freeman y Perkins (1971) propusieron que la regresión podría basarse sobre medias independientes, pudiéndose realizar así los cálculos omitiendo sucesivamente en la media marginal de los ambientes el genotipo para el que se hace la regresión de cada caso, o bien, añadiendo genotipos testigo al ensayo.
2. El porcentaje de la interacción explicada mediante estos métodos es pequeño, lo que es debido a que el modelo utiliza pocos grados de libertad. La regresión es más eficaz a medida que se incrementa el número de genotipos (Finlay y Wilkinson, 1963).

El método de regresión conjunta tiene muchas limitaciones cuando los ambientes testados son restringidos en número y diversidad, y cuando los genotipos incluidos están ya altamente seleccionados, y no son suficientemente representativos para adecuar el modelo al azar a una regresión lineal (Romagosa y Fox, 1993).

Knight (1970) discutió el problema de la interpretación biológica de los resultados de estudios de regresión, concluyendo que la respuesta del rendimiento de diferentes genotipos a niveles de un factor ambiental simple, tal como temperatura o aporte de nutrientes, es curva y no lineal. Schnell y Schnidt (1975) propusieron que la regresión cuadrática es mejor que la regresión lineal para el estudio del rendimiento y la adaptación de híbridos de maíz.

En la regresión lineal convencional, Verma *et al.* (1978) dividen los ambientes en dos grupos según el signo del índice ambiental, o media global de todos los genotipos en un ambiente determinado: los de bajo rendimiento (o signo negativo) y los de alto rendimiento (signo positivo). La idea de evaluar mediante una recta la respuesta de un genotipo a la mejora de condiciones ambientales es interesante, pero tiene una importante limitación: la yuxtaposición de ambientes distintos con similares rendimientos medios en la abscisa (Knight, 1970). Esta yuxtaposición produce grandes desviaciones de las líneas de regresión, que a menudo se presentan sin estudiar previamente su adecuación a los datos experimentales. La proporción de GxA explicada por la regresión suministra más información que la significación estadística del término de heterogeneidad de la regresión. Para que el modelo sea útil, esta proporción debería ser al menos del 50% (Romagosa y Fox, 1993).

La mayor parte de los trabajos que ha empleado los análisis de regresión han utilizado datos de rendimiento. En base a esta variable, las variedades han sido clasificadas como de respuesta estable, media y alta a la mejora de las condiciones ambientales. Sin embargo, es igualmente importante considerar la estabilidad para otros caracteres como la época de floración, duración de la floración y maduración, tamaño del grano, número de ramificaciones secundarias, etc. Algunos componentes del rendimiento se compensan mutuamente, contribuyendo a su estabilidad.

1.6.4.3. Métodos multiparamétricos

Los métodos multivariantes o multiparamétricos son apropiados para analizar matrices de dos dimensiones, como las que contienen datos de genotipos y ambientes. La respuesta de cualquier genotipo al ambiente puede representarse en un espacio con tantas dimensiones como número de ambientes se consideren, siendo las coordenadas para un eje los rendimientos (o cualquier otro carácter que se considere) genotípico de un ambiente.

Existen dos grupos de técnicas multiparamétricas (Cubero y Flores, 1994):

- Técnicas de ordenación, tales como el análisis de componentes principales y el análisis factorial.
- Técnicas de clasificación, como el análisis de grupos y el análisis discriminante.

Estas técnicas (Kempton, 1984; Zobel *et al.*, 1988; Nachit *et al.*, 1992a) son más efectivas que las univariantes en el análisis de la interacción GxA. Para evaluar las diferencias de respuesta de los genotipos en distintos ambientes es interesante complementar las técnicas de ordenación y de clasificación (Abou-El Fittouch *et al.*, 1969).

1.6.4.3.1. Análisis de componentes principales

El análisis de componentes principales (ACP) es uno de los métodos multivariantes más utilizados, y de los más antiguos. En esencia, el método trata de simplificar la estructura de los datos para poder explicar en pocas componentes la mayor parte de la información que contienen las variables. Es útil tanto para la caracterización de condiciones ambientales como para la clasificación de variedades por estabilidad de rendimiento (Okuno *et al.*, 1971).

La expresión matemática del ACP es la siguiente:

$$Y_{ij} = \mu + \sum_{n=1}^{n=N} \lambda_n \gamma_{in} \delta_{nj} + \theta_{ij} + \varepsilon_{ij}$$

donde,

Y_{ij} = medida de una determinada variable para un genotipo i en un ambiente j.

μ = media general.

γ_{in} = vector propio unitario genotípico asociado a λ_n.

δ_{nj} = vector propio unitario ambiental asociado a λ_n.

λ_n = valor singular para el eje n.

N = número de ejes incluidos en el modelo.

θ_{ij} = residuo del modelo cuando no se usan todos los posibles ejes.

ε_{ij} = error del genotipo i en el ambiente j.

Los vectores propios son unitarios, de tal forma que $\sum_{n=1}^{n=N} \gamma_{in}^2 = \sum_{n=1}^{n=N} \delta_{nj}^2 = 1$; γ_{in}, δ_{nj} son adimensionales. λ_n tiene las unidades de la variable medida.

Con pocos vectores se puede explicar en ciertos casos gran cantidad de la variación total. Estudiando los componentes de los nuevos ejes puede establecerse cuáles han sido los ambientes que más han contribuido a conseguir la separación mostrada por el eje en cuestión. Estos ambientes serán aquellos para los cuales el coeficiente correspondiente es mayor en valor absoluto.

La principal dificultad del estudio de la interacción GxA mediante este método está en la interpretación de los componentes principales extraídos, ya que puede ocurrir que éstos no muestren ninguna relación directa con las condiciones ambientales.

El modelo multiplicativo, que se comenta a continuación, no es más que un caso particular de análisis de componentes principales (Gauch, 1988).

1.6.4.3.2. Análisis multiplicativo (AMMI)

1.6.4.3.2.1. Descripción y utilidades del AMMI

El modelo multiplicativo AMMI (del inglés "Additive main effects and multiplicative interaction") incluye, en primer lugar, un análisis de varianza para calcular los efectos aditivos de genotipo y ambiente, estudiándose después los efectos no aditivos mediante un análisis de componentes principales. En el análisis se representan gráficamente en un plano los genotipos y los ambientes de modo simultáneo (Kempton, 1984).

Este modelo multivariante fue propuesto por Gollob (1968) y Mandel (1969, 1971) para el estudio de una matriz bidimensional GxA. La expresión matemática del análisis AMMI es la siguiente:

$$Y_{ij} = \mu + \alpha_i + \beta_j + \sum_{n=1}^{n=N} \lambda_n \gamma_{in} \delta_{nj} + \theta_{ij} + \varepsilon_{ij}$$

donde,

Y_{ij} = nivel expresado de la medida por un genotipo determinado en un ambiente específicos.

μ = media general de las observaciones.

α_i = desviación de la media general debido al genotipo. Es el efecto genotípico aditivo, o efecto principal del genotipo, en el nivel expresado de la medida.

β_j = desviación de la media general debido al ambiente. Es el efecto ambiental aditivo, o efecto principal del ambiente, en el nivel expresado de la medida.

γ_{in} = efecto multiplicativo debido al genotipo i respecto del eje n.

δ_{nj} = efecto multiplicativo del ambiente j respecto del eje n.

λ_n = valor singular, un factor de escala que hace que el término $\sum_{n=1}^{n=N} \lambda_n \gamma_{in} \delta_{nj}$ se aproxime al efecto total de la interacción GxA. Su cuadrado iguala la suma de cuadrados contabilizada por los ejes de componentes principales (ECP_n).

N = número de ejes de componentes principales considerados en el modelo AMMI. A menudo, se elige N para optimizar la validación predictiva del modelo; otras, se incluyen los ejes que son significativos a un nivel específico (validación postdictiva). Los ejes de la interacción se denominan sucesivamente 1, 2, ... N, de modo que la suma de cuadrados respecto a la suma de cuadrados total de la interacción GxA represente un porcentaje progresivamente menor.

θ_{ij} = residuo de la interacción GxA o suma de cuadrados de los ejes que no están incluidos en el modelo.

ε_{ijr} = error del genotipo i en el ambiente j.

En el AMMI se realiza un análisis de componentes principales aplicado exclusivamente a la suma de cuadrados de la interacción total en el ANOVA.

Las estimas en un ambiente dado en el análisis AMMI se realizan utilizando también la información de los otros ambientes del ensayo, mientras que en las otras estrategias de estudio de la interacción GxA, un ambiente no tiene influencia en las estimas realizadas en cualquier otro (Cubero y Flores, 1994). Para Gauch (1990) ésta es una de las razones por las cuales las estimas realizadas con el AMMI son más precisas que las realizadas por medio del modelo de tratamientos medios, es decir, cuando la estima del rendimiento se realiza como la media de

las *L* repeticiones de cada genotipo en cada ambiente. El modelo AMMI considera todas las observaciones *gxaxL*, mientras que el modelo de tratamientos medios se enfoca exclusivamente sobre las *L* repeticiones y descarta las *L*(*gxa*-1) observaciones restantes.

Desde el punto de vista biológico el efecto de un ambiente perjudicado por algún tipo de estrés, entre otros ambientes sin éste problema, podría ser anulado por el conjunto de los restantes. Según Crossa *et al.* (1991), la mayoría de las causas biológicas implicadas en la interacción GxA podrían quedar relegadas al termino residual del análisis AMMI.

A modo de resumen, como ventajas del análisis AMMI respecto a los demás métodos de estudio de la interacción GxA se pueden enumerar las siguientes (Cubero y Flores, 1994):

1. Se trata de un método potente de diagnosis, ya que permite la posibilidad de estudiar submodelos representativos de los datos totales del ensayo.
2. Aporta una gran cantidad de información sobre la naturaleza de la interacción GxA, permitiendo clasificar tanto los genotipos como los ambientes según sus patrones de comportamiento.
3. Se obtiene la misma precisión en la estima de rendimiento que con otros tipos de análisis con un número de repeticiones de 2 a 5 veces mayor.

El método AMMI ha sido aplicado al estudio de la interacción GxA en cultivos muy diversos. Son ejemplos de ello los trabajos de Crossa *et al.* (1991), Nachit *et al.* (1992b, 1992c), y Annicchiarico (1997a) en trigo; Romagosa *et al*. (1993) en cebada; Cornelius (1993) en maíz; Moreno-González y Crossa (1997) en triticale; Saindon y Schaalje (1993) en judía; Zobel *et al.* (1988) en soja; Shafii *et al*. (1992) en colza; Baril *et al*. (1997) en eucalipto... No se han publicado estudios donde se hayan aplicado estos métodos en guisante proteaginoso.

1.6.4.3.2.2. Validación del AMMI

Según el procedimiento postdictivo (Gauch, 1988; Gauch y Zobel, 1988), el modelo AMMI de mayor precisión es aquél que incluye los ejes de componentes principales cuyo porcentaje de variación explicada de la interacción GxA es significativa mediante una prueba F.

En la mayoría de los análisis AMMI citados en la bibliografía, el modelo más apropiado fue el de uno o dos ejes de componentes principales. Únicamente dos de los 31 análisis revisados por Gauch y Zobel (1996) seleccionan el modelo AMMI0, con ningún eje.

Gauch y Zobel (1988) indicaron la posibilidad de utilizar el modelo AMMI con un enfoque predictivo, y no sólo postdictivo. Bajo un enfoque predictivo, los datos se dividen en dos partes: los que van a servir para elaborar el modelo y los que se reservan para la prueba de validez. A partir de los datos del modelo se obtienen los valores esperados, que luego se comparan con los de validación.

1.6.4.3.2.3. Relaciones entre covariables y parámetros del análisis multiplicativo

El estudio del impacto de las covariables genotípicas y ambientales en la interacción GxA se lleva a cabo a partir del análisis multiplicativo de los valores de las variables de rendimiento (este análisis únicamente se puede hacer a partir de una matriz de datos de doble entrada). Se calculan, a continuación, las correlaciones de los parámetros de este análisis multiplicativo con los datos genotípicos y ambientales externos.

Annicchiarico y Perenzin (1994) aplicaron el AMMI en trigo panadero, teniendo en cuenta factores ambientales como la lluvia recogida, temperaturas medias de máximas y mínimas, y número de días de helada en el mes anterior a la fecha media de espigado. El primer eje del análisis multiplicativo estuvo altamente correlacionado con el número de días de helada, mientras el segundo eje lo estaba con el estrés hídrico del cultivo al final del ciclo. La representación de los

dos primeros ejes factoriales separa cuatro grupos de ambientes, identificados con cuatro zonas geográficas concretas de Italia incluidas en el estudio.

En estudios llevados a cabo con alfalfa, Annicchiarico (1992) relacionó el primer eje del análisis multiplicativo del rendimiento con el contenido de arcilla del suelo y la precipitación en verano. Con la representación de los dos primeros ejes factoriales identificó distintas regiones, pudiéndose recomendar los cultivares mejor adaptados a cada una de ellas.

Nachit *et al.* (1992c) correlacionaron en trigo duro el efecto ambiental aditivo y el primer eje factorial del análisis multiplicativo con 11 factores ambientales diferentes. El efecto aditivo se correlacionó fundamentalmente con la altitud, fertilización nitrogenada y balance hídrico. El primer eje factorial, con la altitud y dotación de riego.

En soja, Zobel *et al.* (1988) y Smit *et al.* (1992), encontraron que los valores de los genotipos respecto al primer eje de componentes principales reflejaban grupos de madurez, mientras los valores correspondientes a los ambientes reflejaban grados-día acumulados en el periodo de crecimiento.

Nachit *et al*. (1992b) asociaron los parámetros genotípicos del AMMI con características morfo-fisiológicas del material vegetal en trigo duro. Wallace y Masaya (1988), Wallace *et al.* (1991) y Zobel y Wallace (1994) explicaron mediante el análisis AMMI aspectos fisiológicos de la producción en judía, particularmente la interacción del fotoperiodo y la temperatura sobre los días hasta floración, al balance de biomasa y al rendimiento en grano.

1.6.4.3.2.4. Análisis sistemático del rendimiento

El análisis sistemático de rendimiento (YSA), desarrollado por Wallace *et al*. en 1993, tiene como principal objetivo la cuantificación de las interconexiones entre los niveles de las tres principales componentes en la determinación del rendimiento del cultivo: la velocidad de acumulación de biomasa, el índice de cosecha y la duración del ciclo de la planta. El YSA también cuantifica los

subcomponentes de estos tres componentes principales en función de nueve variables cuantitativas: días hasta floración, días hasta madurez (tecnológica), biomasa aérea producida, rendimiento, días de llenado del grano, rendimiento acumulado/día hasta el llenado del grano, rendimiento acumulado/día hasta madurez, biomasa total acumulada/día, índice de cosecha. Las cinco últimas se calculan a partir de las cuatro mencionadas en primer lugar.

Este tipo de análisis es muy interesante para incrementar la eficacia en la selección en mejora de cultivos de alto rendimiento (Wallace *et al.,* 1993), como el trigo o el arroz, para las cuales se ha maximizado enormemente el índice de cosecha. En ellos, la mejora debe incidir en otros componentes del rendimiento (Gauch y Zobel (1996).

Las correlaciones entre los genotipos a través de los ambientes cuantificados que se comparan permiten evaluar las interconexiones en el reparto entre componentes del rendimiento debidas al sistema genético y debidas a las modulaciones ambientales del mismo. Mediante el YSA puede cuantificarse la interacción GxA sobre los niveles fenotípicos expresados de las nueve variables consideradas. Para ello, se han propuesto diferentes métodos estadísticos (Cooper y DeLacy, 1994; Kang y Gauch, 1996; Cooper y Hammer, 1996).

El AMMI (Zobel, 1990; Gauch, 1990) ha mostrado una gran eficiencia en el control de la interacción GxA sobre las componentes fisiológico-genéticos implicados en la acumulación del rendimiento (Wallace *et al*., 1991). El AMMI captura mayor proporción de la interacción de lo que lo hace el análisis de regresión lineal (Finlay y Wilkinson, 1963), tan ampliamente utilizado (Yau, 1995; Gauch y Zobel, 1996, 1997).

Williams y Saxena (1991) y Williams (1992) midieron la biomasa producida y el rendimiento en grano en judía, en función de la integral térmica o grados-día por encima del cero de crecimiento acumulados de siembra a madurez. Wallace *et al.* (1993) relacionaron mediante el AMMI la genética y fisiología de la judía con su rendimiento. Yan y Wallace (1996) establecieron un modelo de predicción del

desarrollo fenológico en cinco cultivos diferentes, en función de la interacción entre fotoperiodo y temperatura.

La biomasa acumulada está relacionada con la duración del periodo de actividad biológica de la planta, además de la disponibilidad de CO_2, de agua y de nutrientes minerales. Tanto el genotipo como el ambiente determinan el tiempo necesario para alcanzar la floración y la madurez. Por otra parte, las variaciones de temperatura y/o humedad en la estación de crecimiento limitan el tiempo disponible para el desarrollo del genotipo hasta el momento de la cosecha.

Algunos genotipos están dotados genéticamente para floración y madurez tempranas, mientras que otros requieren largos periodos de tiempo para completar el ciclo. Los días requeridos por cada genotipo y/o los días disponibles para el desarrollo y maduración del cultivo son un dato esencial para completar el análisis sistemático del rendimiento.

Mediante el YSA/AMMI es posible cubrir los objetivos siguientes (Wallace y Yan, 1998):

1. Identificar los genotipos más productivos, comparando el rendimiento medio de cada uno de ellos.
2. Cuantificar el control genético aditivo sobre las diferencias de rendimiento entre los genotipos.
3. Cuantificar el control aditivo para cada genotipo sobre los diferentes niveles promedio de cada uno de los 8 componentes fisiológico-genéticos implicados en el proceso de acumulación de rendimiento. Para ello es necesario comparar dichos niveles promedio en todos los ambientes considerados.
4. Estudiar las interconexiones del sistema (correlaciones) establecidas entre los cambios en el nivel de rendimientos del genotipo y los cambios esperados en función del nivel de cada uno de los ocho componentes fisiológico-genéticos del rendimiento.

Un YSA de un ensayo de rendimiento multilocal permite alcanzar 3 objetivos más:

5. Analizar el control aditivo de cada ambiente sobre las diferencias en rendimiento, y sobre las diferencias en el nivel de cada uno de los ocho componentes fisiológico-genéticos. Se requiere comparar cada uno de los rendimientos (y componentes) promedio de cada ambiente a través de todos los genotipos comparados.
6. Analizar el control multiplicativo debido a cada genotipo y debido a cada ambiente sobre el rendimiento a través del efecto de la interacción GxA, y sobre el nivel de cada uno de los ocho componentes fisiológico-genéticos.
7. Estudiar el nivel de control de la interacción GxA sobre el rendimiento de cada genotipo en cada ambiente determinado (esto requiere conseguir previamente los objetivos 5 y 6).

1.6.4.3.3. Análisis de regresión factorial

El análisis de regresión factorial es una generalización del análisis de regresión conjunta. El método, desarrollado por Denis (1980, 1988), mejora la interpretación de la base biológica de la interacción GxA con ayuda de covariables ambientales y genotípicas.

Los modelos de regresión factorial son lineales, y estiman la sensibilidad diferencial de los genotipos respecto a variables externas específicas, pudiéndose evaluar estadísticamente mediante test de hipótesis la influencia de aquellas sobre la interacción GxA en el rendimiento (Vargas *et al.*, 1999).

En un conjunto amplio de trabajos (Brancourt-Hulmel *et al.,* 1997), este método explica entre el 50 y 70% de la suma de cuadrados de la interacción, con un porcentaje de grados de libertad comprendido entre 20 y 40.

En los análisis debe introducirse la mayor cantidad de información posible (Van Eeuwijk *et al.*, 1996). Para los genotipos se miden datos cuantitativos en invernadero o en laboratorio, y para los ambientes, es interesante tener en cuenta tanto las características edáficas como los datos de elementos climáticos. Sin embargo, habitualmente en los modelos de análisis se incluyen más covariables ambientales que genotípicas, ya que son más fáciles de medir. Por otra parte, los

modelos que asumen covariables ambientales permiten predecir los comportamientos genotípicos en un medio no ensayado, conociendo los valores de las covariables para dicho ambiente.

Entre las variables climáticas estudiadas con mayor profusión se encuentran el balance hídrico del suelo (Charmet *et al.*, 1993; Biarnès-Dumoulin *et al.*, 1996) y las temperaturas, a menudo asociadas con las precipitaciones (Rameau y Denis, 1992; Charmet *et al.*, 1993; Van Eeuwijk y Elgersma, 1993). Otras variables del ambiente analizadas se refieren a las características físicas y fertilidad del suelo (Gorman *et al*., 1989; Baril *et al.*, 1995), las prácticas culturales, o los agentes parasitarios (Baril, 1992).

Aplicando el método de regresión múltiple en sorgo, Saeed y Francis (1984) encontraron que las temperaturas y las lluvias registradas durante el desarrollo reproductivo de la planta estaban estrechamente asociadas con la interacción GxA para el rendimiento. En ray-grass (Charmet *et al*., 1993), un modelo de regresión factorial mostró que el promedio de temperaturas diarias máximas en julio y el balance entre precipitaciones y evapotranspiración potencial en el periodo junio-agosto explicaban una gran parte de la interacción GxA, permitiendo comprender mejor la adaptación de los genotipos a ambientes específicos. En espárrago, la interacción GxA fue explicada por Rameau y Denis (1992) en función de la latitud de las localidades testadas, y las temperaturas medias durante los 5 meses que precedían a la recolección. En este caso, las temperaturas durante el periodo de dormición tuvieron un efecto variable en la fisiología de las plantas dependiendo del genotipo.

Entre las covariables genotípicas analizadas, la precocidad de floración parece un factor importante para explicar la interacción GxA (Argillier *et al.*, 1994; Biarnès-Dumoulin *et al*., 1996). Para Baril (1992), el peso de mil semillas, la sensibilidad al encamado y la longitud de la espiga han permitido explicar el 91% de la interacción GxA en trigo de invierno. La interacción GxA en los cereales está esencialmente relacionada con los factores que limitan el llenado del grano. Parece difícil, sin embargo, estudiar las variables de productividad sin conocer las

fechas de los diferentes estados fenológicos del cultivo y sin hacer intervenir los diversos componentes del rendimiento en el análisis. Por ello, es necesario realizar un diagnostico agronómico preliminar (Brancourt-Hulmel y Lecomte, 1994).

1.6.4.3.4. Análisis de grupos

El análisis de grupos es un método de clasificación que ha sido ampliamente utilizado para aumentar la eficacia de los procesos de selección. Constituye una técnica alternativa cuando no pueden usarse los modelos de análisis univariante, como es el caso de la regresión lineal (Cubero y Flores, 1994). El objetivo del análisis es identificar grupos de ambientes con un nivel similar de interacción GxA, a fin de identificar los mejores genotipos para determinadas condiciones. Los genotipos se agrupan de acuerdo con su respuesta, es decir, en conjuntos cualitativamente homogéneos en cuanto a su estabilidad, de tal forma que dentro de dichas agrupaciones no haya interacción GxA, aunque sí exista entre ellas.

Los procedimientos de clasificación jerárquicos se inician agrupando automáticamente los dos individuos más próximos, que son tratados en adelante como uno solo. Así, el número de individuos se habrá reducido a n-1: un grupo de 2 individuos y n-2 grupos de un individuo cada uno. El proceso se repite hasta que todos los individuos son clasificados en un solo grupo. La relación jerárquica establecida en la clasificación se representa en un dendrograma.

Los métodos de clasificación se basan en la definición de un índice de similaridad como medida de la homogeneidad interna de los grupos, y un criterio que dé la disparidad entre dos grupos distintos (algoritmo de clasificación). En los espacios métricos, como medida de disimilitud entre dos individuos se utilizan distancias.

Existen dos grandes grupos de medidas de similaridad, según el criterio de clasificación sea único o múltiple. En el primer caso se puede elegir, por ejemplo, entre la distancia euclídea, la distancia tipificada, el índice de disimilaridad, o el coeficiente de correlación. A su vez, dentro de cada medida se puede definir la

similaridad usando conjuntamente efectos genéticos y la interacción GxA, o bien empleando únicamente la interacción GxA.

El criterio múltiple define la medida de disimilaridad entre genotipos por medio de medidas como la media marginal, la varianza entre ambientes y la distancia entre ambientes. Los grupos homogéneos de genotipos se construyen utilizando las medidas bien secuencial, bien simultáneamente.

La estrategia de clasificación más comúnmente usada es la de Ward (1963), o de mínimas varianzas. El procedimiento de clasificación minimiza la suma de cuadrados de cada dos (hipotéticos) grupos que pueden ser formados en cada paso.

Para el estudio de la interacción GxA mediante el análisis de grupos se han propuesto, al menos, 10 medidas diferentes de disimilaridad y 8 estrategias de clasificación (Cubero y Flores, 1994). Por supuesto, dependiendo del método elegido los resultados son diferentes.

El método propuesto por Fox y Rosielle (1982b) parte de datos estandarizados de ambientes cuando se quiere agrupar ambientes, y de datos sin estandarizar para agrupar genotipos. La medida de similaridad es la distancia euclídea al cuadrado, y la estrategia de fusión es el método Ward de mínimas varianzas.

En muchas ocasiones es posible identificar factores externos que interfieran en la formación de los grupos en base a métodos estadísticos. Incluso en un mismo año, la clasificación de localidades puede ser diferente según los genotipos que se consideren (Hamblin *et al.*, 1980; Müller *et al.*, 1994).

1.7. Objetivos

El objetivo de este trabajo es el estudio de la intensidad y naturaleza de la interacción genotipo x ambiente en el rendimiento del guisante proteaginoso y sus componentes, con objeto de obtener resultados que puedan ser útiles en la mejora de la adaptación de dicho cultivo.

Los objetivos concretos de este trabajo se pueden enumerar como siguen:

1. Análisis de la estabilidad del rendimiento de un conjunto representativo de genotipos de guisante proteaginoso en distintos ambientes, combinando año, localidad y condiciones de cultivo (fecha de siembra y dotación hídrica).

2. Identificación de parámetros ambientales y genotípicos correlacionados con los caracteres de productividad en los distintos materiales y condiciones de cultivo.

3. Cuantificación e interpretación biológica de la interacción genotipo x ambiente, empleando diversos métodos estadísticos, e introduciendo en los modelos de análisis covariables genotípicas y ambientales externas.

4. Identificación de grupos de estabilidad, que soporten mayor o menor nivel de interacción genotipo x ambiente en ambientes específicos.

5. Estudio comparativo de distintos métodos paramétricos y no paramétricos en la selección de genotipos para estabilidad del rendimiento y sus componentes.

6. Evaluación de la eficiencia, parsimonia e información aportada por diferentes modelos estadísticos de análisis de la interacción genotipo x ambiente.

BIBLIOTECA VIRTUAL MIGUEL DE CERVANTES

2. MATERIAL Y MÉTODOS

2.1. Material vegetal

El material vegetal estudiado es un grupo amplio de líneas de mejora y cultivares de guisante proteaginoso, constituido por los 20 genotipos que aparecen en la tabla 5. Se indica la denominación, el número de registro en el Banco de Germoplasma de Valladolid, y el tipo de material de que se trata en cada caso. Como principales características morfológicas de los genotipos se indican el tipo de hojas (semiafilas o convencionales), color de la flor y tamaño de las semillas. Pesos de 100 semillas por debajo de 150 g corresponden a semillas de tamaño pequeño, de 150 a 200 g de tamaño mediano y por encima de 200 g de tamaño grande.

En la tabla 5 se señala un código para cada genotipo con el cuál se abreviará en lo sucesivo.

Tabla 5: Características del material vegetal ensayado.

Código	Nombre	Número registro	País de origen	Tipo de material	Color flor	Tipo de hoja	Tamaño de semilla
AMI	Amino	ZP-0035	Francia	Comercial (1979)	Blanca	Convencional	Grande
ASC	Ascona	ZP-1227	Holanda	Comercial (1987)	Blanca	Semiafila	Grande
BAL	Ballet	ZP-0722	Francia	Comercial (1988)	Blanca	Semiafila	Mediano
CEA	Cea	ZP-0866	España	Comercial(SIA)	Blanca	Semiafila	Pequeño
DES	Desso	ZP-0029	Holanda	Comercial	Blanca	Convencional	Pequeño
ESL	Esla	ZP-0864	España	Comercial (SIA)	Blanca	Semiafila	Pequeño
FRD	Fride	ZP-0042	Francia	Comercial	Blanca	Convencional	Pequeño
FRI	Frisson	ZP-0034	Francia	Comercial (INRA)	Blanca	Convencional	Pequeño
GLO	Glotón	ZP-1226	España	Comercial (ITAP)	Blanca	Convencional	Grande
JI1	VLGB-1	ZP-0743	Reino Unido	Línea mejorada	Blanca	Convencional	Mediano
JI2	VLGB-2	ZP-1025	Reino Unido	Línea mejorada	Púrpura	Convencional	Grande
LE1	VLE-1	ZP-0130	España	Variedad local de León	Púrpura	Convencional	Mediano
LE2	VLE-2	ZP-0145	España	Variedad local de León	Blanca	Convencional	Grande
LV1	LMV-1	ZP-0865	España	Línea mejorada (SIA)	Blanca	Semiafila	Mediano
LV2	LMV-2	ZP-1251	España	Línea mejorada (SIA)	Blanca	Convencional	Mediano
LV3	LMV-3	ZP-1252	España	Línea mejorada (SIA)	Blanca	Convencional	Mediano
LV4	LMV-4	ZP-1253	España	Línea mejorada (SIA)	Blanca	Convencional	Mediano
LV5	LMV-5	ZP-1255	España	Línea mejorada (SIA)	Blanca	Convencional	Pequeño
PRO	Progress-9	ZP-1229	Reino Unido	Comercial	Blanca	Convencional	Grande
SOL	Solara	ZP-0730	Holanda	Comercial (1986)	Blanca	Semiafila	Grande

La tabla 6 recoge la caracterización de los genotipos mediante los descriptores de vaina y semilla del IBPGR (Internacional Board for Plant Genetic Resources) realizada por el Banco de Germoplasma del Servicio de Investigación Agraria de la Junta de Castilla y León.

Tabla 6: Descripción de semilla y vaina de los genotipos estudiados.

Genotipo	Forma vaina	Extremo vaina	Forma semilla	Superficie semilla	Color 1º	Color 2º	Intensidad color 1º	Color cotiledón	Color hilum
AMI	R	T	1	L	0-2	-	1	A	B
ASC	R	T	1	L	0	-	1	A	B
BAL	R	T	3	L	0-2	-	1	A-V	B
CEA	LA	P	1-2	L	0-2	-	1-2	A	B
DES	LA	P	2-6	L	0-2	-	1	A-V	B
ESL	LA	P	1-2	L	0-2	-	1-2	V-A	B
FRD	LA	P	4	R	2	-	1	V	B
FRI	NA	P	1	L	2	-	1	V	B
GLO	LA	T	2	L	0-2	-	1	A	B
JI1	R	P	1-2	R	0-2	-	1-2	V-A	B
JI2	LA	T	3	L	1-2-3	2	1-2	A	O
LE1	LA	T	2	L	0-2	-	1	A-V	B
LE2	LA	T	2	L	0-2	-	1	A	B
LV1	LA	P	1	L	0-2	-	1-2	A	B
LV2	R	P	1-2	L	1	-	1	A	B
LV3	R	P	2	L	0-2	-	1	A-V	B
LV4	R	P	3	L	0-2	-	1	A-V	B
LV5	LA	P	1	L	0-2	-	1-2	A	B
PRO	LA	P	1-6	R	0-2	-	1	V-A	B
SOL	R	T	2	L	0	-	1	V-A	B

Fuente: Servicio de Investigación Agraria. Junta de Castilla y León.
Forma vaina: recta (R); ligeramente arqueada (LA); netamente arqueada (NA).
Extremo vaina: puntiaguda (P); truncada (T).
Forma semilla: esférica (1); redondeada (2); gibosa (3); cilíndrica (4); irregular (5), elíptica (6).
Superficie semilla: lisa (L); rugosa (R).
Color 1º: translúcido (0); ocre (1); verde (2); marrón (3); negro violáceo (4).
Color 2º: ausente (0); ocre oscuro (1); Violeta (2).
Intensidad color 1º: poco (1); medio (2); mucho (3).
Color cotiledón: amarillo (A); verde (V).
Color hilum: blanco (B); oscuro (O).

2.2. Diseño experimental

Para la consecución de los objetivos propuestos, se han realizado un ensayo experimental del material vegetal en las localidades de Madrid y Valladolid, durante 4 años: ciclos de cultivo 1993/94, 1994/95, 1995/96 y 1996/97. En cada año y localidad se han estudiado tres condiciones de cultivo distintas: siembra en otoño y condiciones de secano, siembra en primavera en condiciones de secano, y siembra en primavera en regadío. Combinando todas las posibilidades, se

controlaron, en total, 24 condiciones ambientales diferentes. Las condiciones se han abreviado con una letra y un número, como se indica en la tabla 7.

Tabla 7: Clasificación de los ambientes analizados, en función de la localidad, año y tratamiento de cultivo.

	Madrid			Valladolid		
	Otoño secano	Primavera regadío	Primavera secano	Otoño secano	Primavera regadío	Primavera secano
1994	M1	M5	M9	V13	V17	V21
1995	M2	M6	M10	V14	V18	V22
1996	M3	M7	M11	V15	V19	V23
1997	M4	M8	M12	V16	V20	V24

En cada ensayo se ha utilizado un diseño experimental en bloques completos al azar con 4 repeticiones.

Cada parcela elemental tiene 4 m de longitud y 1,2 m de anchura. La siembra se realiza con sembradora mecánica, en líneas separadas 0,2 m, con lo cuál, cada parcela elemental contiene 6 surcos, lográndose una densidad de 100 plantas/m^2.

2.3. Localización de las parcelas de ensayo. Suelo y clima.

Los ensayos de genotipo x ambiente se llevaron a cabo en las fincas: "La Canaleja", del INIA (Alcalá de Henares, Madrid), y "Zamadueñas" del Servicio de Investigación Agraria de la Junta de Castilla y León (Valladolid).

"La Canaleja" tiene una latitud de 40º 30' N, longitud 3º 17' O y altitud 600 m. Por su parte, la finca "Zamadueñas" tiene 41º 42' 09'' de latitud N, 4º 42' 29'' de longitud O y altitud 695 m sobre el nivel medio del mar. En las parcelas de ensayo de ambas localidades la pendiente es casi nula.

El suelo de la finca “Zamadueñas” es franco-arenoso (USDA), con un componente de limo del 40%, 25% de arena y 35% de arcilla. Posee un pH de 8

y un contenido en materia orgánica muy bajo: 0,9%. El suelo posee 22 mg/Kg de fósforo (Olsen), 200 mg/Kg de potasio. El suelo se clasifica según los criterios USDA como *Typic xerofluvent*.

En “La Canaleja”, la parcela de ensayo está situada sobre una terraza fluvial, en la vega del río Henares. El suelo se asienta sobre un material originario de arenas, cantos y gravas, con presencia de un horizonte cálcico a menos de un metro de profundidad. Se clasifica como *Haploxeralf calciortídico* según los criterios USDA (INIA, 1977), El suelo tiene textura franco arenosa, pH neutro, contenido en carbonatos en torno al 5%, con un 10 ‰ de caliza activa.

Los datos termopluviométricos correspondientes a la serie 1961-1990 en Madrid y Valladolid publicados por el Ministerio de Obras Públicas, Transportes y Medio Ambiente, a través del Instituto Nacional de Meteorología (INM, 1995), se exponen en la tabla 8. Los valores presentados son las medias de todos los observatorios existentes en cada localidad.

Tabla 8: Datos climáticos de Madrid y Valladolid en la serie histórica 1961-1990.

Madrid	**E**	**F**	**M**	**A**	**M**	**J**	**J**	**A**	**S**	**O**	**N**	**D**
Precipitación máxima mes (mm)	156,0	110,0	89,0	119,0	132,0	72,0	44,0	56,0	169,0	160,0	191,0	139,0
Precipitación máxima diaria (mm)	36,0	31,0	34,0	30,0	30,0	23,0	37,0	27,0	89,0	40,0	60,0	42,0
Días de helada	6,3	3,6	1,3	0,2	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	0,0	1,4	5,9
T media mes (ºC)	6,1	7,5	10,0	12,2	16,0	20,7	24,4	23,9	20,5	14,4	9,4	6,4
T media máximas diaria (ºC)	9,6	11,4	14,7	17,2	21,4	26,4	30,7	30,1	25,9	19,1	13,0	9,6
T media mínimas diaria (ºC)	2,7	3,5	5,2	7,1	10,7	14,9	18,0	17,7	15,0	10,4	5,8	3,2
T máxima absoluta (ºC)	18,4	21,0	25,9	28,9	31,8	38,0	38,4	39,0	37,0	28,4	22,4	18,6
T mínima absoluta (ºC)	-7,4	-8,6	-3,7	-1,6	2,8	4,4	10,0	10,8	5,2	0,0	-3,0	-9,2
Humedad relativa media (%)	74,0	68,0	59,0	58,0	54,0	48,0	40,0	42,0	52,0	65,0	72,0	75,0
Evaporación media (mm)	1,1	1,5	2,4	2,6	3,4	4,5	6,0	5,6	3,9	2,2	1,3	1,0
Valladolid	**E**	**F**	**M**	**A**	**M**	**J**	**J**	**A**	**S**	**O**	**N**	**D**
Precipitación máxima mes (mm)	183,0	103,0	104,0	116,0	129,0	97,0	67,0	68,0	92,0	105,0	167,0	153,0
Precipitación máxima diaria (mm)	29,0	22,0	29,0	21,0	30,0	42,0	30,0	46,0	37,0	25,0	55,0	49,0
Días de helada	17,1	11,3	10,0	3,9	0,8	0,0	0,0	0,0	0,1	1,4	8,6	13,8
T media mes (ºC)	4,0	5,8	7,8	9,9	13,5	17,8	21,4	21,0	18,2	13,0	7,4	4,3
T media máximas diaria (ºC)	8,4	11,1	14,4	15,9	19,9	25,6	30,2	29,6	26,4	19,1	12,8	8,6
T media mínimas diaria (ºC)	-0,2	1,1	1,8	3,8	6,6	10,4	12,9	13,0	10,9	6,6	2,5	1,0
T máxima absoluta (ºC)	16,4	21,4	25,0	27,2	31,0	37,2	40,0	38,6	38,2	30,2	24,0	21,4
T mínima absoluta (ºC)	-11,0	-11,5	-10,2	-6,0	-1,7	2,6	3,2	3,6	0,0	-3,4	-6,4	-9,6
Humedad relativa media (%)	85,0	76,0	67,0	64,0	60,0	56,0	46,0	49,0	54,0	69,0	78,0	86,0
Evaporación media (mm)	0,7	1,5	2,8	3,0	4,0	4,7	6,9	5,6	5,2	2,9	1,5	0,8

Fuente: Instituto Nacional de Meteorología (INM, 1995).

De acuerdo con los valores de la tabla 8, el mes más cálido es julio, tanto en Madrid como en Valladolid, con temperaturas medias de 24,4 y 21,4 ºC respectivamente. El mes más frío es enero, con temperaturas de 6,1 y 4,0 ºC, y un número medio mensual de días de helada de 6,3 y 17,1 en Madrid y Valladolid, respectivamente.

La media mensual de horas de sol oscila entre 372 (agosto en Madrid) y 84 (diciembre en Valladolid). Este parámetro es siempre mayor en Madrid, siendo más acusadas las diferencias en los meses de noviembre, diciembre y enero.

La precipitación media anual en Madrid es de 470 mm mientras que en Valladolid no llega a 400 mm. El número medio de días de lluvia al año es de 87 y 82 en las dos localidades, respectivamente. La evapotranspiración potencial media anual, determinada por el método de Penman, es de 877,4 mm en Madrid, y 841 mm en Valladolid, siendo julio el mes de mayor demanda evapotranspirativa en ambas localidades.

2.4. Meteorología.

Se han recogido los datos de precipitación y temperatura correspondientes al periodo de 5 años (1994-1998), durante el cual se han realizado el trabajo experimental. Las tablas 9 y 10 muestran la temperatura máxima, media y mínima, así como la humedad relativa media y la precipitación mensual en cada año de estudio y localidad. Los valores presentados corresponden a los observatorios meteorológicos de La Canaleja (Madrid) y Zamadueñas (Valladolid).

El otoño de 1993/1994 fue lluvioso, registrándose en diciembre, enero y febrero pocas precipitaciones. Hasta mayo no hubo lluvias importantes.

En 1994/1995 hubo temporal de lluvias en noviembre, resultando enero, febrero, y sobre todo marzo, meses muy secos y con temperaturas altas para esa época del año. Sin embargo, la segunda quincena de abril presentó un descenso acusado y continuo de las temperaturas, con heladas que afectaron gravemente a

los cultivos. El principio de floración del guisante de siembra otoñal se produjo a primeros de abril, y las heladas afectaron a las vainas ya completamente formadas. Después, en mayo, las escasas lluvias impidieron la recuperación del cultivo, resultando los rendimientos de 1995 menores que los del resto de años estudiados.

En 1995/1996 hubo lluvias abundantes en noviembre, diciembre y enero. En marzo las temperaturas fueron más elevadas de lo normal, lo que determinó un adelanto notable de la vegetación, como ocurriera el año anterior. Sin embargo, en esta campaña no hubo heladas intensas en los meses siguientes, y las precipitaciones de mayo (y abril en Valladolid) permitieron alcanzar buenos rendimientos.

Por último, en el año agrícola 1996/1997 se registraron precipitaciones suficientes en noviembre, diciembre y enero. Febrero fue muy seco y caluroso, provocando un adelanto en la fecha de floración del guisante. Abril y mayo fueron lluviosos.

Los datos meteorológicos han servido para introducir covariables ambientales en los modelos del análisis de regresión factorial (Nachit *et al*., 1992c; Vargas *et al*., 1999), contribuyendo así al estudio de la interacción GxA (apartado 2.8.2.2 de material y métodos).

Tabla 9: Valores de temperatura media de máximas, mínimas, y medias, humedad relativa media (HR) y precipitación mensual registrados en el observatorio de La Canaleja (Madrid), los años 1994-1997.

Año	Mes	Temperatura (ºC)			HR(%)	Precipitación (mm)
		Máxima	Mínima	Media		
1994	**Enero**	10,29	-1,65	3,50	79,12	18,40
	Febrero	11,69	-1,09	4,70	77,13	33,40
	Marzo	19,95	2,29	10,63	63,44	9,00
	Abril	17,92	1,34	9,77	57,42	18,20
	Mayo	22,85	8,32	15,47	63,71	76,80
	Junio	30,22	11,42	21,15	41,80	10,80
	Julio	35,66	15,51	26,20	31,85	3,60
	Agosto	34,19	14,36	24,62	38,62	0,80
	Septiembre	24,63	8,73	16,51	55,06	40,60
	Octubre	19,98	8,27	13,42	81,45	52,20
	Noviembre	15,66	3,27	8,35	89,57	26,80
	Diciembre	10,36	-1,11	3,85	92,26	4,60
1995	**Enero**	10,83	-1,99	4,05	82,49	18,20
	Febrero	13,37	0,43	6,40	81,51	28,40
	Marzo	17,89	-0,57	8,60	57,07	0,80
	Abril	21,12	2,70	12,17	49,00	10,80
	Mayo	25,68	8,85	17,48	50,87	33,40
	Junio	29,23	12,51	21,01	51,30	56,20
	Julio	33,35	16,00	25,15	41,10	7,60
	Agosto	32,12	14,96	23,57	43,87	3,00
	Septiembre	24,37	8,79	16,43	58,00	11,40
	Octubre	23,30	7,84	15,26	64,97	5,60
	Noviembre	15,72	4,36	9,54	82,09	45,20
	Diciembre	10,58	3,31	6,46	94,72	71,20
1996	**Enero**	10,71	3,20	6,55	91,31	84,60
	Febrero	10,38	-1,50	3,97	75,77	24,20
	Marzo	15,02	1,42	7,89	69,54	16,40
	Abril	19,22	3,28	11,42	67,36	9,40
	Mayo	21,28	6,78	14,16	70,98	94,40
	Junio	29,73	11,80	21,43	45,73	5,80
	Julio	32,37	13,97	23,77	37,39	1,40
	Agosto	30,51	12,95	21,70	46,63	6,80
	Septiembre	24,81	8,56	16,15	56,59	12,40
	Octubre	21,47	4,38	12,07	63,94	4,00
	Noviembre	14,45	1,83	7,61	78,88	58,40
	Diciembre	9,80	2,06	5,71	94,03	86,60
1997	**Enero**	9,51	0,50	4,60	95,80	76,20
	Febrero	15,37	0,22	6,96	77,19	2,80
	Marzo	21,65	1,00	10,89	34,23	0,00
	Abril	21,98	6,10	13,79	39,99	63,20
	Mayo	22,45	8,00	15,18	44,70	47,20
	Junio	25,59	10,51	18,40	26,87	6,80
	Julio	30,46	12,77	21,68	21,89	23,6
	Agosto	31,10	14,99	23,14	20,01	32,00
	Septiembre	28,71	12,44	20,23	24,72	28,00
	Octubre	22,22	9,03	15,11	48,89	17,60
	Noviembre	12,38	4,68	8,18	71,65	145,40
	Diciembre	9,26	1,12	4,68	75,37	53,40

Tabla 10: Valores de temperatura media de máximas, mínimas, y medias, humedad relativa media (HR) y precipitación mensual registrados en el observatorio de Zamadueñas (Valladolid), los años 1994-1997.

Año	Mes	Temperatura (ºC)			HR(%)	Precipitación (mm)
		Máxima	Mínima	Media		
1994	**Enero**	7,97	0,38	4,17	92,60	44,90
	Febrero	10,71	-0,16	5,28	77,78	28,20
	Marzo	17,83	3,12	10,47	71,30	1,00
	Abril	16,40	2,39	9,40	63,08	11,60
	Mayo	20,65	7,98	14,31	69,74	75,90
	Junio	26,74	10,48	18,61	61,25	9,40
	Julio	32,11	14,44	23,27	58,69	3,20
	Agosto	30,23	13,72	21,97	67,82	8,00
	Septiembre	21,67	8,93	15,30	71,33	18,10
	Octubre	19,04	8,06	13,55	89,32	54,70
	Noviembre	14,55	4,35	9,45	96,11	47,30
	Diciembre	9,74	2,50	6,12	95,13	31,45
1995	**Enero**	9,75	-0,99	3,16	89,85	31,30
	Febrero	12,36	2,56	6,34	80,91	39,90
	Marzo	16,03	1,34	8,28	66,21	5,65
	Abril	19,58	3,48	10,94	60,65	12,90
	Mayo	22,91	8,75	15,62	66,13	20,15
	Junio	26,43	11,18	18,82	59,42	44,60
	Julio	29,85	14,52	22,19	65,89	3,90
	Agosto	28,85	13,32	21,09	73,37	1,80
	Septiembre	21,57	8,58	15,08	78,11	15,00
	Octubre	22,30	8,43	15,11	73,11	18,80
	Noviembre	14,69	5,15	9,92	86,06	101,20
	Diciembre	9,80	3,00	6,40	94,80	96,30
1996	**Enero**	10,25	-1,79	2,99	85,64	110,30
	Febrero	9,36	-0,42	4,16	82,14	8,20
	Marzo	13,86	2,12	7,60	78,64	39,30
	Abril	17,02	4,62	10,71	76,05	51,50
	Mayo	19,76	6,41	13,03	78,14	58,00
	Junio	27,41	10,95	19,28	65,87	6,00
	Julio	29,23	13,03	21,13	61,09	3,40
	Agosto	26,88	12,34	19,61	71,55	21,30
	Septiembre	23,28	8,75	16,02	57,37	19,30
	Octubre	18,67	5,66	12,17	78,80	16,20
	Noviembre	13,51	3,19	8,35	88,55	27,30
	Diciembre	8,98	2,31	5,65	93,06	114,90
1997	**Enero**	8,21	-2,18	3,20	81,61	53,90
	Febrero	14,70	2,63	8,67	84,17	4,20
	Marzo	20,62	2,11	11,36	67,19	0,00
	Abril	20,66	6,18	13,42	63,67	42,00
	Mayo	20,80	8,49	14,64	70,26	79,60
	Junio	22,75	10,50	16,62	72,36	48,90
	Julio	27,30	12,75	20,03	74,38	45,70
	Agosto	29,18	14,28	21,73	71,00	93,00
	Septiembre	27,33	12,20	19,45	82,61	9,80
	Octubre	21,04	9,02	15,03	75,00	46,50
	Noviembre	12,16	5,78	8,97	80,00	141,00
	Diciembre	8,74	2,78	5,76	93,00	109,00

En las figuras 7 y 8 se representa la evolución de las temperaturas medias diarias (ºC) registradas en los observatorios de La Canaleja y Zamadueñas, durante los meses de cultivo en cada año de ensayo. Las figuras 9 y 10 recogen las precipitaciones medias diarias recogidas, en mm.

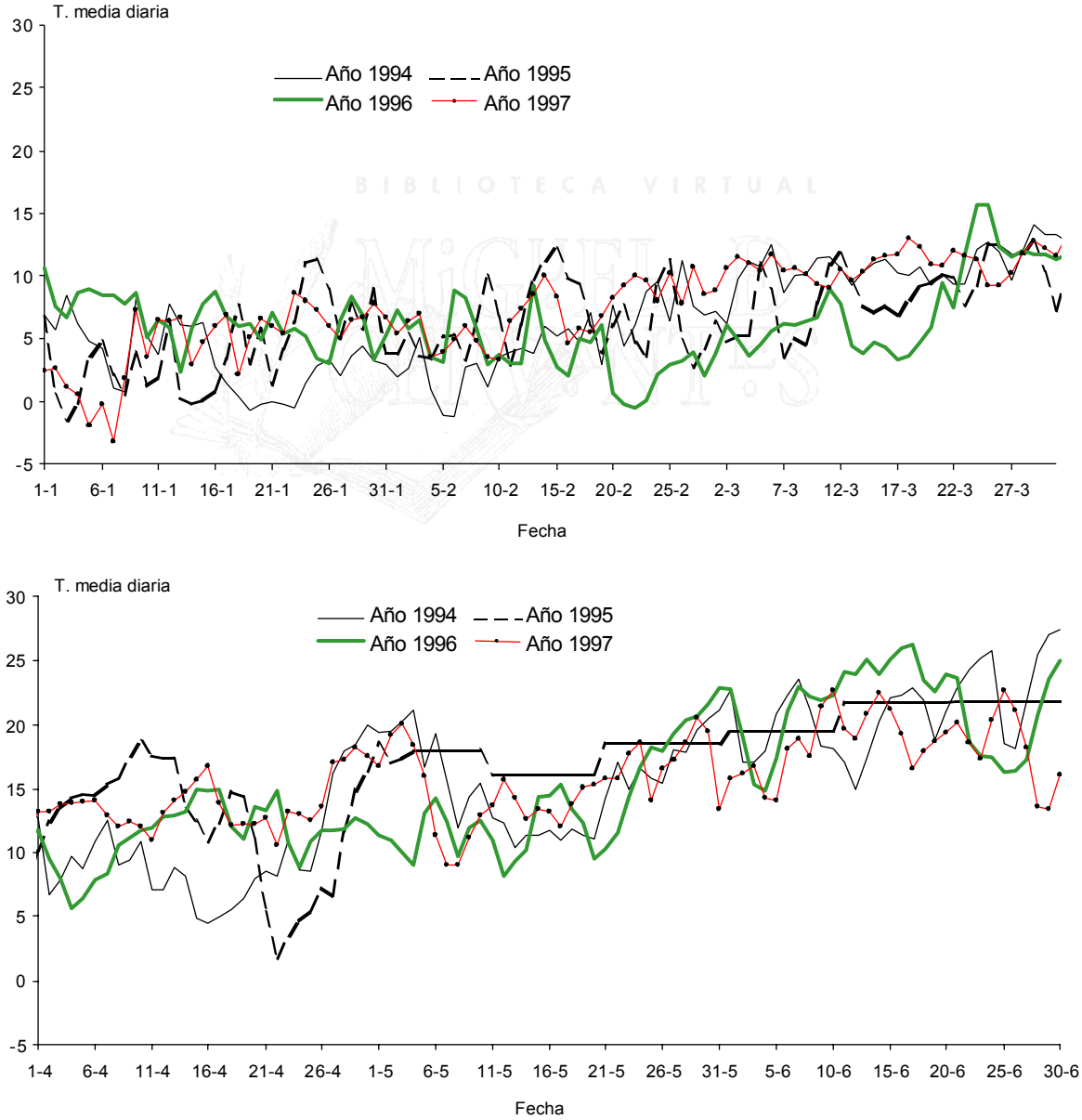


Figura 7. Temperaturas medias diarias, en ºC, registradas entre el 1 de enero y el 30 de junio en el observatorio de La Canaleja (Madrid), en los años 1994-1997.

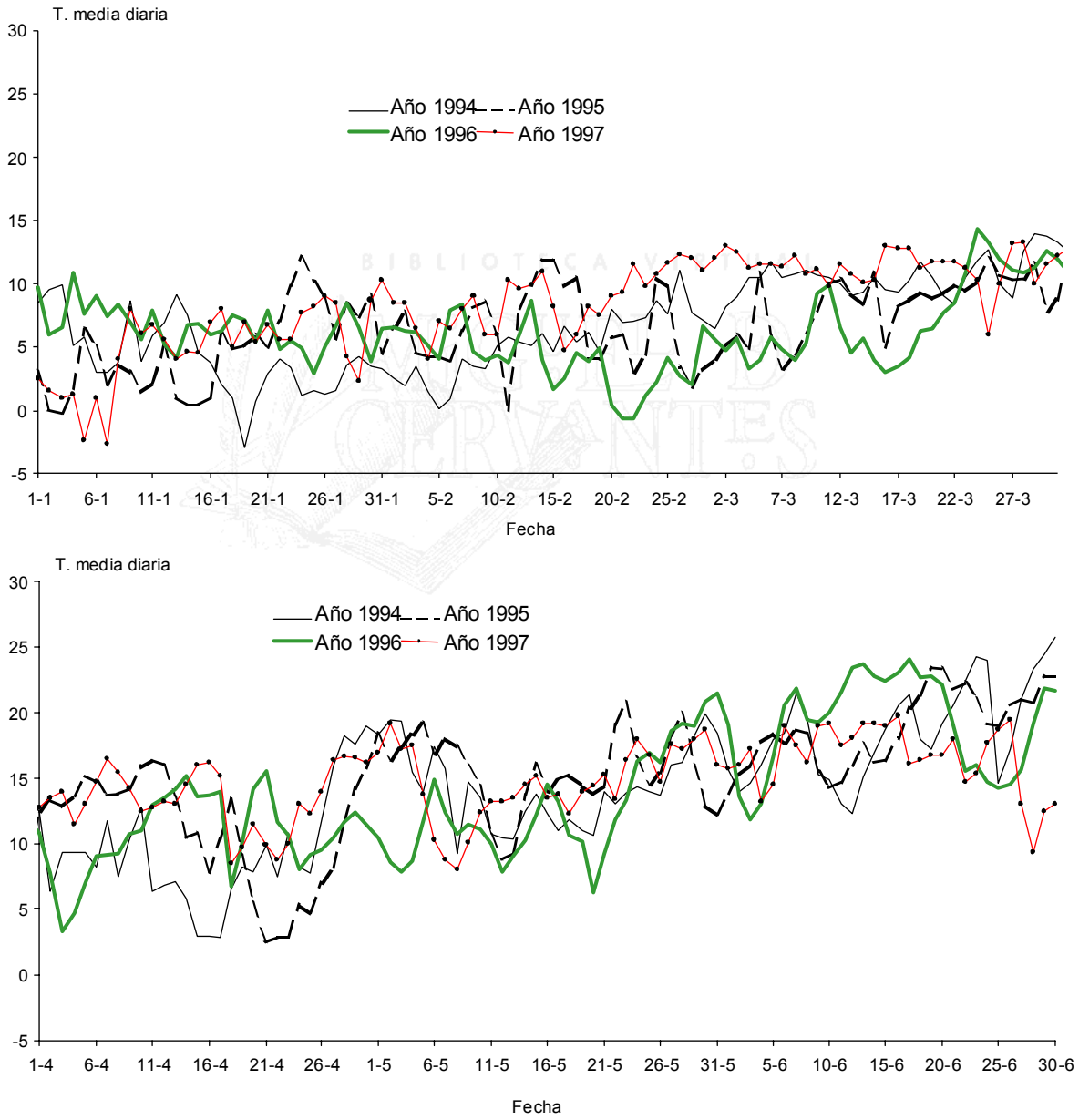


Figura 8. Temperaturas medias diarias, en ºC, registradas entre el 1 de enero y el 30 de junio en el observatorio de Zamadueñas (Valladolid).

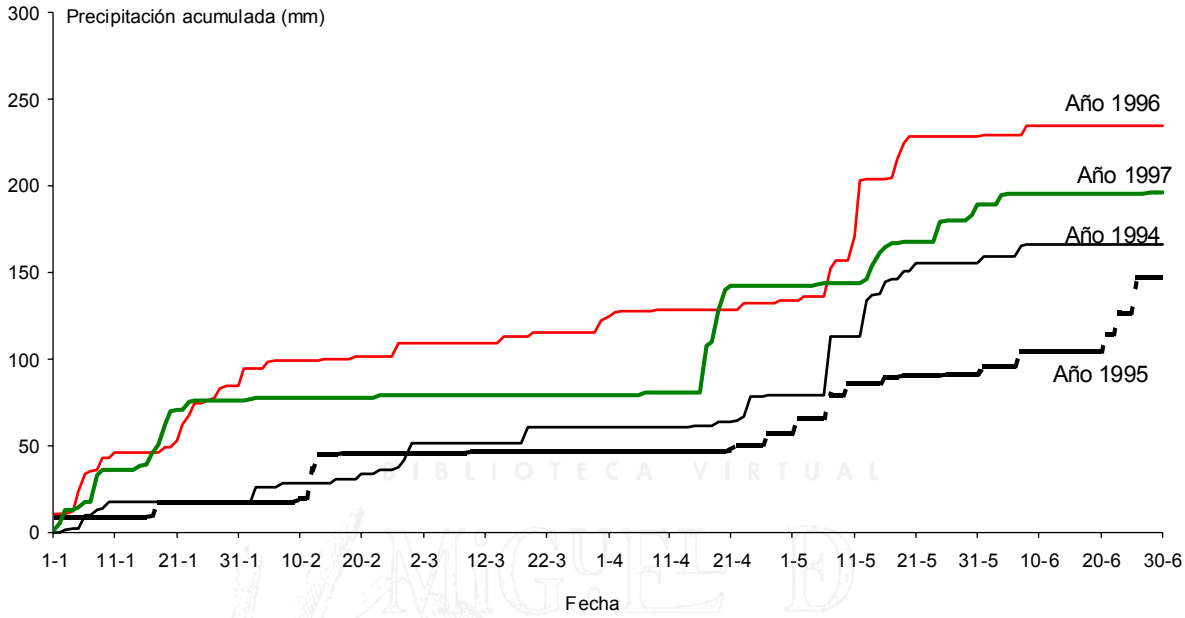


Figura 9. Precipitación acumulada (mm) en los años 1994-1997 (observatorio de La Canaleja, Madrid).

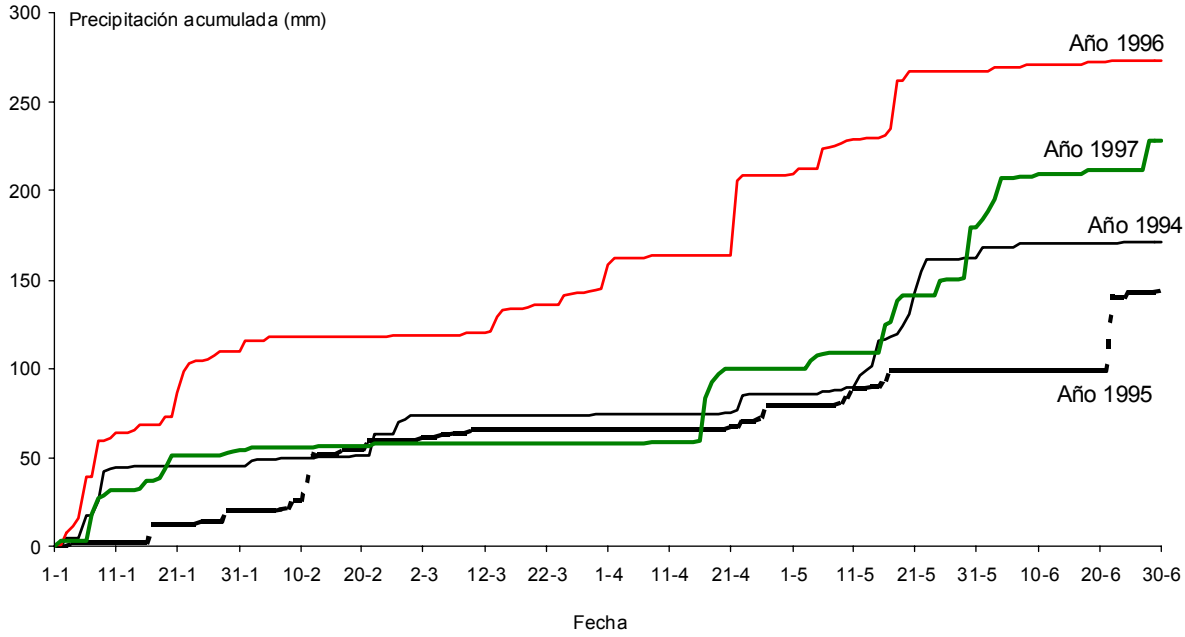


Figura 10. Precipitación acumulada (mm) en los años 1994-1997 (observatorio de Zamadueñas, Valladolid).

2.5. Prácticas culturales

Las labores de cultivo realizadas durante el desarrollo de los ensayos fueron las habituales en la zona. A ellas también se ha hecho referencia en el epígrafe 1.3 de esta Memoria.

2.5.1. Labores preparatorias del terreno

La rotación de cultivos de las fincas empleadas para los ensayos fue de cebada/guisante. La labor de alzado para levantar el rastrojo de cereal se realizó con arado de vertedera, a una profundidad de 25-30 cm, con tempero del suelo, en los meses de septiembre-octubre. Después de alzar, se dio un pase de cultivador con el que se incorporó un abonado anual a base de 50 unidades fertilizantes de fósforo y 20 de potasio.

2.5.2. Siembra

La siembra se realizó mecánicamente, con sembradora a chorrillo de 6 botas, para parcelas experimentales.

Se dejó una separación entre surcos de 0,2 m. Las parcelas elementales se separaron unas de otras con pasillos de 2 m de anchura pudiendo así mantenerlos limpios de malas hierbas mediante laboreo.

Cada unidad experimental se señalizó con etiquetas que indicaban el número de parcela, el genotipo, época de siembra y localidad, con objeto de agilizar la toma de datos en campo.

2.5.3. Labores posteriores

Inmediatamente después de la siembra se aplicaron 3 l/ha de un herbicida de preemergencia (trifluralina 24% + linuron 12%). El control de malas hierbas se

completó con labores de cultivador entre líneas, realizándose también escardas manuales cuando fue necesario.

En primavera se aplicó un tratamiento insecticida contra pulgón y gorgojo a base de Deltametrín 2,5% (40 cm^3 de producto comercial/Hl).

El agua recibida por las plantas en las parcelas de regadío se aproximó a 400 mm, sumando el riego y la precipitación en los meses de cultivo. El agua de riego, de buena calidad, se aplicó mediante aspersión.

Antes de cosechar las parcelas de ensayo se recogieron muestras de planta en cada unidad experimental para determinar los componentes del rendimiento. El resto de la parcela elemental se segó, a mano, en conjunto. Se utilizó una trilladora adaptada a muestras pequeñas, que permite una limpieza completa entre parcela y parcela. Después de la recolección, se efectuó un tratamiento de la semilla contra gorgojo aplicando 9-15 g/t de Fosfuro de Aluminio.

2.6. Controles y observaciones

2.6.1. Seguimiento de los estados de desarrollo.

Se determinaron en campo, en cada parcela experimental, las siguientes fechas:

- Siembra (S)
- Nascencia (N)
- Principio de floración (PF)
- Principio del estado límite de aborto (PELA)
- Final de floración (FF)
- Final del estado límite de aborto (FELA)
- Final de llenado del grano (FLL)

Se considera fecha de nascencia aquella en la que el 80% del número final de plántulas ha emergido. El número de plantas se contabilizó en cada parcela elemental, en 2 áreas de 1 m^2 cada una, desde la emergencia de las primeras plántulas hasta el estado de 2-3 hojas.

Se registró el comienzo de la floración cuando el 50% del número final de plantas nacidas tenía una flor abierta.

El comienzo del estado límite de aborto se tomó cuando el 50% de las plantas tenía al menos una vaina que había pasado el estado límite de aborto, o estado de la vaina a partir del cual sus granos empiezan a llenarse activamente y no pueden abortar. Se estimó que ha pasado este estado cuando al menos un grano tiene un diámetro mayor de 6 mm.

El final de la floración se consideró cuando el 50% del número final de plantas nacidas no tenía ninguna flor abierta.

El fin del estado límite de aborto se tomó cuando el 50% de las plantas tenían todas sus vainas sobrepasado el estado límite de aborto.

La madurez fisiológica, o final de llenado del grano, se consideró cuando el 50% de las vainas adquirían una tonalidad amarillenta.

2.6.2. Componentes del rendimiento y perfil reproductivo

En cada parcela elemental se midió el rendimiento en grano (REND, en t ha^{-1}), el número de vainas por unidad de superficie (VT), número de semillas por vaina (GRV), peso medio de 100 semillas (P100), peso de grano y de paja recogidos en conjunto (PT, en t ha^{-1}), y el índice de cosecha (IC):

$$IC = \frac{REND}{PT}$$

Para estimar las componentes del rendimiento, dentro de cada bloque, para cada genotipo, se tomaron muestras de material vegetal sobre 1 m^2 de suelo. Se

utilizaron exclusivamente las cuatro líneas de plantas interiores de cada parcela elemental, considerándose las exteriores como borde.

En el momento de la cosecha se calculó el rendimiento en grano de las parcelas elementales, teniendo en cuenta los valores obtenidos en el área muestreada con anterioridad. Se midió la humedad del grano (HGR) y de la paja y peso de 100 semillas (P100).

La determinación del número de tallos fértiles por m^2 (realizada sólo en algunos ambientes) se hizo mediante conteo de tallos con al menos una vaina que contuviese al menos un grano.

Se determinó la altura de las plantas, como media de tres lugares diferentes dentro de cada parcela elemental.

La caracterización del perfil reproductivo del material vegetal se estudió a través de algunos de los descriptores adoptados por el SIA de la Junta de Castilla y León para el guisante proteaginoso. Los datos correspondientes, media de 5 plantas consecutivas en el centro de una línea de cada parcela elemental, son los siguientes:

- Nudos hasta la primera vaina en el tallo principal, definido como el número de nudos existentes entre la primera escama (catafilo inferior) y el nudo que tiene la primera vaina en el tallo principal. Se entiende que un nudo tiene vaina cuando posee al menos una vaina que contiene al menos un grano.
- Número de nudos con vaina en el tallo principal.
- Número de nudos totales en el tallo principal.

Los descriptores de vaina se realizan tomando 10 vainas de cada unidad experimental.

- Longitud de la vaina
- Número de embriones por vaina.
- Número de semillas por vaina.
- Fertilidad, o relación entre el número de embriones y el número de semillas en cada muestra.

En algunos ensayos se ha contado la proporción de vainas con grano, vainas sin grano por heladas o aborto, y vainas dehiscentes.

Para la evaluación del material vegetal se han utilizado balanzas de precisión para 100 y 3000 g, una contadora de semillas, y calibrador graduado en milímetros. El peso en materia seca del material se obtuvo después de su secado en estufa a 80 ºC durante 24 h.

2.6.3. Calidad de la semilla

Se estimó el contenido de proteína (PROT) y grasa (GRAS) de las semillas cosechadas en cada parcela elemental, sobre muestras de 100 gramos. Ambos parámetros se midieron mediante espectroscopia NIR (Near Infrared Transmittance) utilizando un aparato Infratec 1255.

2.7. Estudio de parámetros fenológicos

Se han calculado los días (D) transcurridos y los grados-día (GD) acumulados desde la nascencia hasta principio de floración (PF), principio del estado límite da aborto (PELA), final de floración (FF), final del estado límite de aborto (FELA), final del llenado del grano (FLL). Se consideran, además, las diferencias entre los valores acumulados entre unas fechas y otras:

D1=GDPELA-GDPF	D6=GDFELA-GDPELA	D11=DPELA-DPF	D16=DFELA-DPELA
D2=GDFF-GDPF	D7=GDFLL-GDPELA	D12=DFF-DPF	D17=DFLL-DPELA
D3=GDFELA-GDPF	D8 =GDFELA-GDFF	D13=DFELA-DPF	D18=DFELA-DFF
D4 =GDFLL-GDPF	D9=GDFLL-GDFF	D14=DFLL-DPF	D19=DFLL-DFF
D5=GDFF-GDPELA	D10=GDFLL-GDFELA	D15=DFF-DPELA	D20=DFLL-DFELA

Las integrales térmicas se han calculado tomando como cero vegetativo 0ºC, (Ney, 1994) y 5ºC (Snoad y Arthur, 1974).

Los datos de las variables asociadas a la fenología del cultivo se han analizado en función del genotipo, mediante análisis de la varianza (ANOVA),

agrupándolos por tratamientos de cultivo y por años. Al no disponerse del registro fenológico completo de los ensayos de Madrid este estudio únicamente ha podido realizarse con los datos de los ambientes de Valladolid.

2.8. Estudio del efecto genotípico, ambiental y de la interacción GxA en el rendimiento y sus componentes

2.8.1. Variables estudiadas

Las variables que se han tenido en cuenta para el ANOVA y el análisis de la interacción genotipo x ambiente han sido:

- REND: Rendimiento en grano. Peso de la semilla recolectada, a humedad constante, por unidad de superficie (t ha^{-1}).
- PT: Productividad total de biomasa. Peso de la semilla y de la paja recogida, en conjunto, a humedad constante (t ha^{-1}).
- VT: Número de vainas totales por unidad de superficie (Ud ha^{-1} 10^{-2}).
- IC: Índice de cosecha. Es una variable adimensional.
- P100: Peso de 100 semillas (g).
- GRV: Número de granos o semillas por vaina (Ud).

2.8.2. Covariables

2.8.2.1. Covariables genotípicas

Relacionadas con el factor genotipo, se han obtenido las covariables que se relacionan a continuación:

ABOR	Porcentaje de aborto de semillas en cada vaina.
ALT	Altura de la planta en el estado de final de floración (10^{-1}m).
DFELA	Días desde nascencia hasta el final del estado límite de aborto.
DFF	Días desde nascencia hasta el final de floración.
DFLL	Días desde nascencia hasta el final de llenado del grano.
DPELA	Días desde nascencia hasta el principio del estado límite de aborto.
DPF	Días desde nascencia hasta el principio de floración.

D12 Días desde el principio de floración al final de floración.
GDPF Suma de temperaturas medias durante DPF superiores a 0ºC.
GDPF5 Suma de temperaturas medias durante DPF superiores a 5ºC.
GDFF Suma de temperaturas medias durante DFF superiores a 0ºC.
GDFF5 Suma de temperaturas medias durante DFF superiores a 5ºC.
GDPELA Suma de temperaturas medias durante DPELA superiores a 0ºC.
GDPELA5 Suma de temperaturas medias durante DPELA superiores a 5ºC.
GRAS Contenido de grasa de la semilla (% sobre materia seca).
HGR Porcentaje de humedad de la semilla en la recolección (% sobre peso fresco).
HPAJA Porcentaje de humedad de la paja en la recolección (% sobre peso fresco).
HRPELA Suma de la humedad relativa media durante DPELA
HRPF Suma de la humedad relativa media durante DPF
LLFF Suma de la precipitación en mm durante DFF
LLPELA Suma de la precipitación en mm durante DPELA
LLPF Suma de la precipitación en mm durante DPF
LV Longitud de la vaina (10^{-1}m)
NUDV Nudos del tallo principal hasta la primera vaina.
NUDT Nudos totales del tallo principal.
NUDV Nudos con vaina del tallo principal.
PISOS Número de pisos florales.
PL Plantas por unidad de superficie.
PROT Contenido de proteína de la semilla (% sobre materia seca).
TLL Número de tallos por planta.
VD Vainas dehiscentes por planta.
VDEH Vainas dehiscentes por unidad de superficie.
VH Vainas heladas por planta.
VHEL Vainas heladas por unidad de superficie.
VSG Vainas sin grano por planta.
VSGRA Vainas sin grano por unidad de superficie.

Además de estas covariables, se han tomado las medias genotípicas, o medias marginales de las variables estudiadas (epígrafe 2.8.1), para cada genotipo en todos los ambientes: RENDg, PTg, VTg, ICg, P100g y GRVg.

Para el estudio de la interacción GxA se toma sólo una parte de las covariables genotípicas obtenidas. Se seleccionan aquellas que explican un mayor porcentaje de variación en los análisis de regresión del rendimiento y sus componentes, introduciéndolas una a una en el modelo de dicho análisis.

2.8.2.2. Covariables ambientales

Relacionadas con el factor ambiente, se han obtenido las covariables que se relacionan a continuación:

TM1, TM2, TM3, TM4, TM5, TM6: Temperatura media mensual de enero, febrero, marzo, abril, mayo y junio, respectivamente.

TM01, TM02, TM03, TM04, TM05, TM06: Temperatura media mensual por encima de 0ºC, de enero, febrero, marzo, abril, mayo y junio, respectivamente.

TM51, TM52, TM53, TM54, TM55, TM56: Temperatura media mensual por encima de 5ºC, de enero, febrero, marzo, abril, mayo y junio, respectivamente.

PM1, PM2, PM3, PM4, PM5, PM6, Precipitación mensual en mm de enero, febrero, marzo, abril, mayo y junio, respectivamente.

HR1, HR2, HR3, HR4, HR5, HR6: Humedad relativa media mensual de enero, febrero, marzo, abril, mayo y junio, respectivamente.

DTm01, DTm02, DTm03, DTm041, DTm042, DTm05, DTm06: Días con temperatura mínima por debajo de 0ºC en enero, febrero, marzo, primera quincena de abril, segunda quincena de abril, mayo y junio, respectivamente.

DTm51, DTm52, DTm53, DTm541, DTm542, DTm55, DTm56: Días con temperatura mínima por debajo de 5ºC en enero, febrero, marzo, primera quincena de abril, segunda quincena de abril, mayo y junio, respectivamente.

DLL1, DLL2, DLL3, DLL41, DLL42, DLL5, DLL6: Días con lluvia en enero, febrero, marzo, primera quincena de abril, segunda quincena de abril, mayo y junio, respectivamente.

Además de estas covariables, se han tomado las medias ambientales, o medias marginales de las variables estudiadas (epígrafe 2.8.1), de cada ambiente para todos los genotipos: RENDa, PTa, VTa, ICa, P100a y GRVa.

Del mismo modo que con las covariables genotípicas, se han seleccionado aquellas covariables ambientales que explican un mayor porcentaje de variación en los análisis de regresión, introduciéndolas una a una en el modelo de dicho análisis.

2.8.3. Métodos de análisis

2.8.3.1. Análisis de varianza en ambientes individuales

Las variables estudiadas (ver epígrafe 2.8.1) se han analizado en cada uno de los ambientes de forma separada. El modelo utilizado para este análisis ha sido:

$$Y_{ib}^{k} = \mu^{k} + \alpha_{i} + B_{b} + \varepsilon_{ib}$$

donde Y_{ib}^{k} es el resultado de la variable k del genotipo i; μ^{k} es la media general; α_i es la desviación media genotípica; L = 1 ... b es el número de bloques (en este caso, cuatro); B_b es el efecto bloque y ε_{ij} es el error.

La estima de la varianza media del residuo (s) para cada variable k se ha calculado de la siguiente forma:

$$s = \frac{\sum_{j} gl_{j} \cdot s_{j}^{2}}{gl} \qquad gl = \frac{\sum_{j} gl_{j}}{a}$$

donde *a* = 1 .... j es el número de ambientes; s_j^2 es la estima de la varianza de los residuos; gl_j los grados de libertad de los residuos y gl el promedio de los grados de libertad de los residuos.

2.8.3.2. Descomposición del efecto ambiental

La descomposición del efecto ambiental se ha llevado a cabo, en primer lugar, mediante análisis de varianza globales de los datos de las variables REND, PT, VT, IC, P100 y GRV, incorporando la estructura del factor ambiental por partes. Posteriormente, se realizaron análisis de esta estructura dentro de cada localidad, tratamiento de cultivo (época de siembra combinada con condición de secano o regadío) y año de ensayo, dividiendo el efecto ambiental en los términos correspondientes, y la interacción GxA en todas las combinaciones posibles del efecto genotipo con aquellos términos. Por ejemplo, en el análisis particularizado en los ambientes de Madrid el efecto ambiental en cada variable se dividió en año, tratamiento de cultivo (cult) y su interacción; el efecto genotipo x ambiente se dividió en año x genotipo, cult x genotipo y año x cult x genotipo.

2.8.3.3. Descomposición del efecto genotípico. Estudio de contrastes

Los genotipos se han clasificado en grupos atendiendo a dos características morfológicas: la talla de la planta y el tipo de hoja. En el primer caso, se han distinguido dos grupos: ALT o de talla alta (5 genotipos), y MED o de talla media (el resto). Por otro lado, se han separado los 5 genotipos que tienen hojas semiafilas (SA), con estípulas y foliolos transformados en zarcillos, del resto de genotipos con hoja de morfología convencional (CO).

Una vez realizada estas particiones, se han realizado análisis de varianza de los valores de las variables de productividad separando el efecto principal genotípico en cada uno de los grupos, y considerando también como componente de este efecto principal el contraste de un grupo *versus* el otro. Análogamente, el término GxA se descompone en el efecto de interacción en cada grupo de genotipos con el ambiente, y el efecto que corresponde a la interacción de la característica que define los grupos con el ambiente.

Por último, se comparan las medias fenotípicas globales obtenidas por los grupos en cada uno de los tratamientos de cultivo.

2.8.3.4. Correlaciones entre covariables genotípicas y ambientales.

Se han obtenido los coeficientes de correlación de Pearson entre todas las covariables genotípicas y ambientales.

Por otro lado, se han obtenido los coeficientes de correlación de Pearson de REND con el resto de variables estudiadas y con parámetros ecofisiológicos de interés, introduciendo en la matriz de datos las medias marginales de cada genotipo. En concreto, se han considerado los siguientes caracteres: los grados-día, considerando temperatura media por encima de 0ºC, desde la nascencia hasta el estado fenológico de principio de floración (GDPF) y hasta el estado de final de floración (GDFF), las precipitaciones registradas en los periodos mencionados (LLPF y LLFF, respectivamente), y el contenido de proteína de la semilla (PROT).

Se han comparado las correlaciones genotípicas con el rendimiento obtenidas dentro de cada uno de los tratamientos de cultivo.

2.8.3.5. Análisis de la interacción GxA

2.8.3.5.1. Análisis de varianza combinado

El modelo utilizado para este análisis de varianza fue:

$$Y_{ij}^{k} = \mu^{k} + \alpha_{i} + \beta_{j} + \alpha\beta_{ij} + \varepsilon_{ij}$$

donde Y_{ij}^{k} es el resultado de la variable k del genotipo i en el ambiente j; μ^{k} es la media general; α es la desviación media genotípica; β es la desviación media ambiental; $\alpha\beta_{ij}$ es el efecto de la interacción entre el genotipo i y el ambiente j y ε_{ij}, es el error.

Los efectos principales genotípico y ambiental se consideran fijos. La tabla 11 muestra los grados de libertad y cuadrados medios correspondientes a cada una de las fuentes de variación en el análisis de varianza combinado.

Tabla 11: Análisis de varianza combinado.

Fuente de Variación	Grados de libertad	Cuadrados medios	Media de cuadrados esperados	F
Genotipo	(g-1)	CM_g	$\sigma^2 + a\sigma^2_g$	CM_g/CM_e
Ambiente	(a-1)	CM_a	$\sigma^2 + g\sigma^2_a$	CM_a/CM_e
Genotipo x ambiente	(g-1)(a-1)	CM_{ga}	$\sigma^2 + g\sigma^2_{ga}$	CM_{ga}/CM_e
Residuo puro	$\frac{1}{a}\sum_j \mathbf{gl}_j$	CM_e	σ^2	

2.8.3.5.2. Métodos no paramétricos

2.8.3.5.2.1. Método de ordenaciones estratificada

El método, descrito por Fox *et al*. (1990) es muy simple. Consiste en dibujar un histograma en el que queda reflejado el número de ambientes para los cuales un genotipo ha mostrado posiciones altas, medias o bajas en la ordenación de mayor a menor de los valores medios alcanzados en cada variable.

Un genotipo con mayor porcentaje de números de orden en la posición alta es considerado como relativamente mejor adaptado a todos los ambientes del ensayo.

2.8.3.5.2.2. Método de consistencia de comportamiento

Este método (Ketata *et al*., 1989) se basa en la utilización de la posición media y su desviación estándar en la ordenación de los genotipos en todos los ambientes. Con los valores de estas dos variables se construye una gráfica dónde se pueden identificar cuatro zonas: consistencia superior (posición alta y desviación baja), consistencia inferior (posición baja y desviación baja), inconsistencia superior (posición alta y desviación alta) e inconsistencia inferior (posición baja y desviación alta).

Se seleccionan como más estables y de alto rendimiento aquellos genotipos que se encuentran en la zona de consistencia superior.

2.8.3.5.3. Métodos paramétricos univariantes

2.8.3.5.3.1. Ecovalencia

La ecovalencia (W_i) mide la contribución de un genotipo i a la interacción GxA, y viene expresada por (Wricke, 1962):

$$W_i = \sum_j (Y_{ij} - \bar{Y}_{i.} - \bar{Y}_{.j} + \bar{Y}_{..})^2$$

con Y_{ij} valor medio del carácter medido para el genotipo i en el ambiente j; $\bar{Y}_{i.}$, media marginal o efecto aditivo del genotipo i; $\bar{Y}_{.j}$,media marginal o efecto aditivo del ambiente j; y $\bar{Y}_{..}$, media general del ensayo.

Los genotipos con W_i próxima a cero son los más estables.

2.8.3.5.3.2. Medida de Lin y Binns

Como medida de la superioridad del comportamiento de un genotipo i según Lin y Binns (1988), se toma el valor de P_i, que se define como el cuadrado medio de la distancia entre la respuesta de un genotipo y el genotipo de máxima respuesta, en un ambiente dado. Este parámetro se expresa de la siguiente forma:

$$P_i = \frac{\sum_j (Y_{ij} - M_{j.})^2}{2n}$$

donde Y_{ij} es el valor de la variable estudiada del genotipo i en el ambiente j; M_j, la máxima respuesta de entre todos los genotipos en el ambiente j; y n, el número de ambientes.

Este índice de superioridad integra rendimiento medio y estabilidad relativa en un solo parámetro. Valores pequeños de P_i implican adaptación general de los genotipos.

BIBLIOTECA VIRTUAL MIGUEL DE CERVANTES

De acuerdo con Lin y Binns (1988) se ha utilizado como prueba de comparación el cuadrado medio del error del ANOVA por el estadístico F de Snedecor, para una probabilidad del 95%.

2.8.3.5.3.3. Análisis de regresión conjunta.

Se han realizado análisis de regresión de los valores de rendimiento y sus componentes que toman cada genotipo sobre la media ambiental de todos los genotipos, al objeto de caracterizar su estabilidad fenotípica.

En concreto, se ha empleado la metodología denominada análisis de varianza y regresión conjunta, que fue descrita por Freeman (1973). El modelo de análisis es el siguiente:

$$Y_{ij} = \mu + \alpha_i + \beta_j + \varphi_i\beta_j + \theta_{ij} + \varepsilon_{ij}$$

donde: Y_{ij} es el resultado del genotipo i en el ambiente j; μ es la media general; α es la desviación media genotípica; β la desviación media ambiental; φ_i el coeficiente de regresión genotípica; θ_{ij} residual de la interacción GxA; y ε_{ij} error.

El análisis de varianza y regresión conjunta (Freeman, 1973) descompone los grados de libertad y la suma de cuadrados de la interacción GxA en dos componentes, uno que permite comprobar la heterogeneidad de las regresiones, y otro que recoge las desviaciones de la regresión. Cada uno de estos

componentes se compara con el cuadrado medio del error experimental. Si la heterogeneidad de las regresiones es significativa, entonces se puede rechazar la hipótesis nula de que todos los genotipos tienen los mismos coeficientes de regresión y, por consiguiente, la misma estabilidad. El componente de heterogeneidad puede compararse también con el cuadrado medio de las desviaciones para comprobar si las regresiones explican una parte importante de la interacción observada.

Siguiendo la metodología de Eagles *et al*. (1977) de la fracción "heterogeneidad de las regresiones", se puede extraer un componente con un grado de libertad que nos indica la tendencia de las líneas de regresión a converger en un punto. El hecho de que las líneas de regresión tiendan significativamente a converger en un punto nos indica la existencia de una alta correlación entre los coeficientes de regresión y las medias genotípicas en todos los ambientes.

Como medida complementaria al coeficiente de regresión se ha calculado el cuadrado medio residual de las desviaciones de la regresión, indicando los valores significativamente distintos de cero. Este parámetro describe la contribución de cada genotipo a la interacción GxA (Eberhart y Russell, 1966).

El cuadrado medio residual para cada genotipo se compara mediante una prueba F con la varianza del error dentro de los ambientes. Se considera para el numerador a-2 grados de libertad y para el denominador $a*g*$(L-1) siendo a el número de ambientes, g el número de genotipos y L el número de bloques del ensayo.

2.8.3.5.4. Métodos multivariantes

2.8.3.5.4.1. Análisis de los efectos principales aditivos e interacción multiplicativa (AMMI).

El análisis de los efectos principales aditivos e interacción multiplicativa fue introducido por Mandel en 1971. Las siglas AMMI corresponden al inglés "Additive main effects and multiplicative interaction"

El AMMI parte de un análisis de la varianza (ANOVA) para calcular los efectos aditivos de genotipo y ambiente, aplicando a continuación un análisis de componentes principales (ACP) para analizar los efectos no aditivos de la interacción GxA. Como matriz de entrada para el ACP no se toman los datos originales, sino los que resultan de la siguiente transformación:

$$Y^*_{ij}=Y_{ij}-Y_{i.}-Y_{.j}+Y_{..}$$

siendo $Y_{i.}$, $Y_{.j}$, las medias marginales de los genotipos y de los ambientes, e $Y_{..}$ la media general.

Los componentes principales para genotipos se extraen de la matriz de covarianzas y no de la de correlaciones. Los ACP realizados de este modo para los genotipos y para los ambientes permiten obtener así las coordenadas ambientales y genotípicas respectivamente.

El modelo del análisis AMMI es el siguiente:

$$Y_{ij} = \mu + \alpha_i + \beta_j + \sum_{n=1}^{n=N} \lambda_n \gamma_{in} \delta_{nj} + \theta_{ij} + \varepsilon_{ij}$$

donde: Y_{ij} es el resultado del genotipo i en el en el ambiente j; μ es la media general; α_i es la desviación media genotípica o efecto aditivo del genotipo i; β_j es la desviación media ambiental o efecto aditivo del ambiente j; λ_n es el autovalor del eje n del análisis de componentes principales; γ_{ni} y δ_{jn} son los vectores propios unitarios genotípicos y ambientales asociados a λ_n, respectivamente; θ_{ij} es el residual de la interacción GxA; y ε_{ij} el error.

Las coordenadas genotípicas y ambientales en el ACP se expresan como el producto de la raíz cuadrada del autovalor λ_n por su vector propio asociado. Multiplicando las coordenadas ambientales ($\sqrt{\lambda_n}\,\delta_{jn}$) por las genotípicas ($\sqrt{\lambda_n}\,\gamma_{ni}$) se obtiene directamente la estimación de la interacción ($\lambda_n\,\gamma_{ni}\,\delta_{jn}$), de un determinado genotipo en cualquier ambiente. El conjunto de estos valores constituyen la matriz de datos de la interacción GxA estimada por el método AMMI.

Los grados de libertad (gl) de cada componente principal se calculan por el método de Gollob (1968):

$$gl = g + a - 1 - 2n$$

con *g* número de genotipos; *a*, número de ambientes; y n, el número del eje principal.

La selección del número óptimo de ejes retenidos en el análisis de componentes principales se ha realizado con el método de confirmación cruzada o test de validez predictiva, descrito por Gauch y Zobel (1988). Para ello, se emplea el estadístico RMS PD (raíz cuadrada de la diferencia predictiva de los cuadrados medios), de cuyo valor se deduce el número de ejes que debe asumir el modelo para ser el más preciso.

La matriz de datos sin transformar se divide en dos submatrices, una que representa los datos para el modelo, y otra los datos para la confirmación. Para cada variable se ha aplicado el modelo a los datos de tres repeticiones elegidas al azar, utilizando la repetición restante como validación.

Así, podemos construir varios modelos: el AMMI0, que sólo estima los efectos aditivos de genotipos y ambientes sin incluir en el modelo ningún componente principal, esto es, un análisis de la varianza simple. El AMMI1 combina los efectos aditivos del AMMI0 con el efecto de interacción GxA estimado por el primer eje de componentes principales: El AMMI2, AMMI3..., se obtienen sucesivamente de este modo hasta incluir todos los componentes principales que pueda incluir el modelo.

Los valores estimados para cada modelo se comparan con los datos de confirmación. La diferencia entre el valor estimado y este último se eleva al cuadrado, y se le suman todas las diferencias restantes de todos los genotipos en todos los ambientes. Esta suma de cuadrados se divide por el número de observaciones de confirmación y se calcula su raíz cuadrada obteniéndose la RMS PD.

Desde el punto de vista postdictivo, se ha comprobado la significación de cada uno de los ejes de componentes principales y de la parte restante de la interacción comparando la suma de cuadrados de cada eje con la suma de cuadrados del residuo puro a través del estadístico F (Cubero y Flores, 1994).

Cuando el modelo más preciso es el AMMI1 se representan las coordenadas del eje de componentes principales 1 (ECP 1) de genotipos y ambientes (en ordenadas) frente a las medias marginales de los mismos (en abscisas), en el denominado biplot de Gabriel (1971).

Los genotipos (o ambientes) con coordenadas elevadas para el primer eje principal (tanto positivas como negativas) tienen una aportación mayor a la interacción GxA que los genotipos (o ambientes) con un valor de dicho eje próximo a cero. A la vista del gráfico de componentes principales se pueden hacer agrupaciones de genotipos y ambientes de modo que cuando sus coordenadas respecto a ECP1 tienen el mismo signo poseen interacción positiva, y cuando tienen distinto signo poseen interacción negativa.

Se han representado los genotipos y los ambientes respecto de los dos primeros ejes del análisis multiplicativo. ECP1 y ECP2 se han dibujado con la misma escala. Se puede interpretar así que la distancia entre dos genotipos como la cantidad de interacción que existe entre ellos. El coseno del ángulo entre los vectores de dos genotipos (o ambientes) indica la correlación entre ellos con respecto a su interacción. Ángulos agudos entre los vectores indican correlación positiva. Con vectores paralelos y en la misma dirección existe correlación igual a 1. Ángulos obtusos indican correlación negativa, y si las direcciones son opuestas la correlación es de –1. Direcciones perpendiculares indican correlación 0.

El efecto de interacción entre un genotipo y un ambiente se identifica con la proyección ortogonal del vector del genotipo sobre la dirección determinada por el vector del ambiente. Los vectores de los ambientes que tienen la misma dirección que los vectores del genotipo tienen interacción positiva (dichos ambientes son favorables para esos genotipos), mientras que los vectores en direcciones opuestas tienen interacción negativa (los ambientes son desfavorables.

La relación entre las covariables ambientales y genotípicas (apartado 2.8.2) y las componentes de la interacción estimadas con el AMMI, se han estudiado incorporando la representación de aquellas en el biplot. Para ello, se han calculado los coeficientes de correlación cuadrática de las regresiones de las covariables respecto de las valores de los ejes ECP1 y ECP2 simultáneamente (regresión pasando por el origen). Las covariables se dibujan en el plano factorial asignándoles una dirección determinada precisamente por estos coeficientes de regresión (Van Eeuwijk, 1995).

Se han calculado los coeficientes de determinación (R^2) en la regresión, a través del origen, de las covariables genotípicas sobre las coordenadas de los genotipos respecto a ECP1 y ECP2, y en la regresión de las covariables ambientales sobre las coordenadas de los ambientes. En el estudio individualizado de cada variable (REND, PT, VT, IC, P100 y GRV) se han incluido únicamente las covariables genotípicas y ambientales con mayores coeficientes de determinación.

La magnitud de las proyecciones de los vectores de los ambientes sobre la dirección determinada por los coeficientes de regresión de una covariable (b_{ECP1}, b_{ECP2}) puede interpretarse gráficamente como la importancia relativa de esa covariable en cada ambiente. Lo mismo ocurre en el caso de las covariables genotípicas.

2.8.3.5.4.2. Análisis de regresión factorial

La regresión factorial permite interpretar la interacción GxA mediante la introducción en los modelos de análisis de la información adicional aportada por las covariables genotípicas y ambientales.

Como en el caso del AMMI, los modelos de análisis de regresión factorial asumen una estructura multiplicativa, pero en este último método la interacción GxA se considera directamente una función de las covariables genotípicas y ambientales. La interacción sería una matriz residual de doble entrada con las medias corregidas de los efectos principales de los genotipos y los ambientes, $Y_{ij} - Y_{i.} - Y_{.j} + Y_{..}$ siendo $Y_{i.}$, $Y_{.j}$, las medias marginales de los genotipos y de los ambientes, e $Y_{..}$ la media general.

Un modelo de regresión factorial para la media de *g* genotipos en *a* ambientes, cuya interacción GxA incluye las covariables genotípicas X_{i1} a X_{iH} es el siguiente:

$$Y_{ij} = \mu + \alpha_i + \beta_j + \sum_{h=1}^{h=H} X_{ih}\psi_{hj} + \theta_{ij} + \varepsilon_{ij}$$

con μ media general; α_i efecto aditivo del genotipo i; β_j efecto aditivo del ambiente; X_{ih} matriz de covariables genotípicas; ψ_{hj} coeficientes de regresión de cada covariable genotípica para cada ambiente; θ_{ij} residual de la interacción GxA; y ε_{ij} error.

Los parámetros μ, α_i, β_j, son los mismos que en la ecuación del modelo AMMI. La interacción GxA consiste en el producto de los factores ambientales ψ_{1j} a ψ_{Hj} con H (número de covariables genotípicas) menor o igual a *g*-1.

Partiendo de la ecuación anterior, las posibilidades ambientales pueden estimarse introduciendo en la interacción una parte que contiene las T covariables ambientales Z_{1j} a Z_{Tj} ($T \leq a-1$). El nuevo modelo de regresión factorial sería:

$$Y_{ij} = \mu + \alpha_i + \beta_j + \sum_{t=1}^{t=T} \varphi_{it} Z_{tj} + \theta_{ij} + \varepsilon_{ij}$$

con φ_{1i} a φ_{Ti}, factores genotípicos y Z_{tj} matriz de covariables ambientales.

Si el modelo incluye covariables genotípicas y ambientales, su ecuación sería la siguiente:

$$Y_{ij} = \mu + \alpha_i + \beta_j + \sum_{h=1}^{h=H} X_{ih}\psi_{hj} + \sum_{t=1}^{t=T} \varphi_{it} Z_{tj} + \sum_{h=1}^{h=H} \sum_{t=1}^{t=T} X_{ih}\gamma_{ht} Z_{tj} + \theta_{ij} + \varepsilon_{ij}$$

Los grados de libertad de μ son 1, de α_i *g*-1 y de β_j *a*-1. Para los términos multiplicativos de las tres ecuaciones anteriores los grados de libertad son respectivamente (Van Eeuwijk *et al.*, 1996):

$X_{ih}\psi_{hj}$: H(*a*-1) θ_{ij} : (*g*-1-H)(*a*-1)

$\varphi_{it}Z_{tj}$: (*g*-1) T θ_{ij}: (*g*-1)(*a*-1-T)

$X_{ih}\psi_{hj}$: H(*a*-1) $\varphi_{it}Z_{tj}$: (*g*-1) T $X_{ih}\nu_{ht}Z_{tj}$: HT θ_{ij}: (*g*-1-H)(*a*-1-T)-HT

Los modelos de regresión utilizados en este trabajo solo incluyen las covariables seleccionadas previamente siguiendo el procedimiento descrito por Baril (1992). El método va tomando en diversas etapas las covariables más significativas, es decir, las que minimizan el cuadrado medio del residual. Se han seguido los siguientes pasos:

- De entre todas las combinaciones posibles de dos covariables, una genotípica y una ambiental, se elige aquella que da más información en el modelo de regresión correspondiente, haciendo máxima la suma de cuadrados de la interacción.
- Dependiendo de la variable considerada y partiendo del modelo anterior; se continúa el proceso de modo que se seleccionan, introduciéndolas de una en una, hasta tres covariables genotípicas adicionales como mucho. El procedimiento se detiene cuando, al introducir una nueva covariable en el modelo el incremento de suma de cuadrados de la interacción es poco representativo.
- Por último, se añaden al modelo covariables ambientales, con los mismos criterios.

2.8.3.5.4.3. Análisis de grupos

Se ha seguido la metodología propuesta por Fox y Rosielle (1982b), partiéndose de datos estandarizados del rendimiento y sus componentes en cada ambientes cuando se agrupaban ambientes, y de datos de las mismas variables sin estandarizar cuando se agrupaban genotipos. La medida de similaridad adoptada es la distancia euclídea al cuadrado, y la estrategia de fusión es el método *Ward* de mínimas varianzas, el cual minimiza la suma de cuadrados dentro de grupos. Se ha dibujado el dendrograma correspondiente a los genotipos y a los ambientes.

Del mismo modo, se han analizado también los datos fenológicos de GDPF, GDFF, D2, DPF, DFF, D12. De Madrid, sólo se han incluido los ambientes M1, M5, M9 y M11, en los únicos en que se dispone de datos completos.

Se ha realizado posteriormente un análisis de grupos con los componentes de rendimiento para los genotipos con datos estandarizados, y otro para los ambientes. De la misma forma se ha operado con los datos fenológicos, analizando por un lado los datos en grados día acumulados y por otro los días, solo de los periodos de nascencia a principio de floración y de nascencia a final de floración, porque son los datos más completos.

2.8.4. Procesamiento informático de datos

El procesamiento de los datos se ha llevado a cabo con el paquete estadístico SAS (SAS Institute, 1988), utilizando los procedimientos GLM para los análisis de varianza, CORR para estudio de correlaciones, REG para el análisis de regresión, PRINCOMP para el análisis de componentes principales, CLUSTER para el análisis de grupos.

En el análisis de la interacción GxA mediante el AMMI, análisis de grupos, y métodos paramétricos se han utilizado programas estadísticos diseñados por el Dr. Ignacio Romagosa, y publicados por Cubero y Flores (1994).

El análisis de regresión factorial se ha realizado con el paquete informático INTERA (Denis, 1988; Decoux y Denis, 1991).

3. RESULTADOS Y DISCUSIÓN

3.1. Parámetros fenológicos

La fenología de los cultivos aporta datos muy interesantes, fáciles de interpretar, de cara al estudio de la adaptación de los genotipos a distintos ambientes. En las figuras 11 a 24 se representan las fechas registradas de los estados fenológicos de principio y fin de floración, principio y fin del estado límite de aborto y final del llenado del grano para cada genotipo, en los ambientes M1 y M9 de Madrid (los únicos en los que se dispone de datos completos) y en los doce ambientes de Valladolid.

En el conjunto de datos se observa una gran variabilidad en cuanto a la fecha de comienzo de la floración en los ambientes de Madrid de otoño-secano y primavera-secano, en 1994 (figura 11 y 12). Los genotipos de floración más tardía son LE1 y LE2, con diferencias más acusadas frente al resto en el caso de siembra otoñal. En la siembra de otoño, los genotipos más tempranos (JI1 y PRO) florecieron como media el 18 de marzo, y los más tardíos el 16 de mayo, casi dos meses después. En siembra en primavera no florece ningún genotipo hasta el 26 de abril, haciéndolo el más tardío el 25 de mayo. La fecha de principio de floración se encuentra en un mes de intervalo en este último caso.

Comparando las fechas de inicio de floración según la fecha de siembra, el cultivo en otoño tiene fechas de floración unos diez días más tempranas que las siembras primaverales. Estas diferencias son claras en cualquier caso, y muy variables entre genotipos. Una situación excepcional se produjo en los ambientes de 1996 (figuras 15, 19 y 23) donde la floración en la siembra otoñal se adelanto mucho respecto a las siembras primaverales debido a que los meses de noviembre, diciembre y enero fueron excepcionalmente lluviosos y templados.

A pesar de las escasas diferencias que puedan existir en el desarrollo a nivel fenológico entre siembras en otoño y primavera, de hecho las fechas de fin de llenado del grano son similares, la siembra otoñal permite a la planta alcanzar un

mayor desarrollo vegetativo y consecuentemente una capacidad productiva mayor.

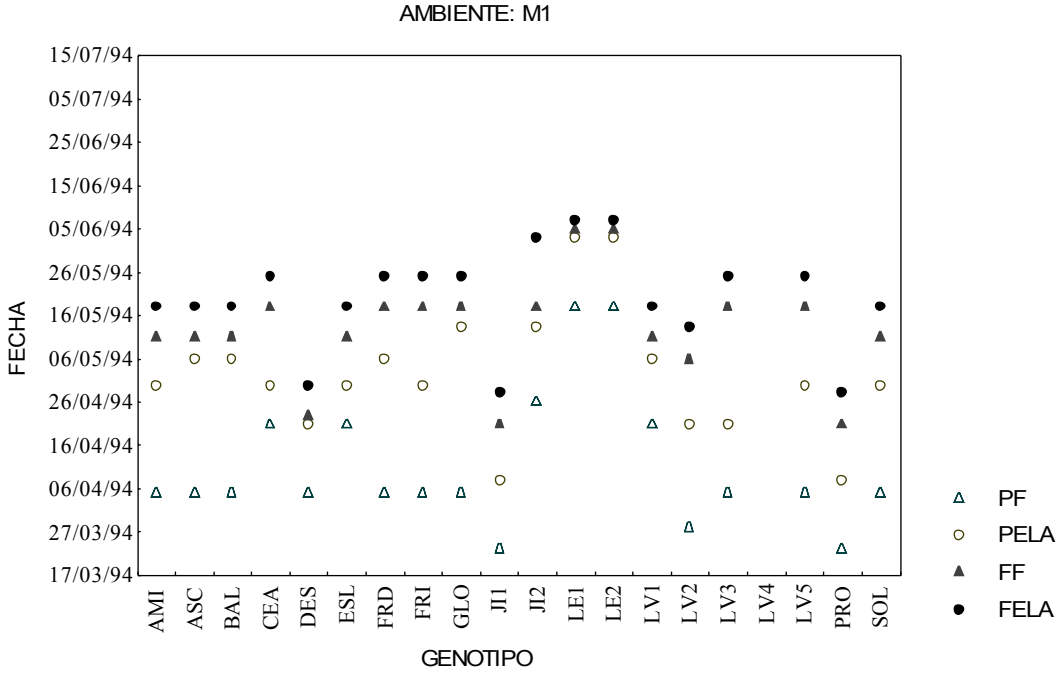


Figura 11. Fechas de principio de floración (PF), principio del estado límite de aborto (PELA), final de floración (FF) y final del estado límite de aborto (FELA) en las condiciones de siembra en otoño del año 1994, en Madrid.

En la representación de los datos fenológicos registrados en el ambiente V14 (figura 14), otoño de 1995, se aprecia un final de floración muy temprano (finales de abril) en casi todas los genotipos. Después de unas heladas intensas en estas fechas que destruyeron flores y vainas, las plantas no pudieron recuperarse debido a la escasez de precipitaciones. Los tres genotipos que no habían florecido entonces (LE1, LE2 y JI2) tienen un desarrollo más tardío aunque muy corto debido al déficit hídrico. Observaciones como éstas ponen de manifiesto hasta qué punto la precocidad de la floración puede ser beneficiosa o no para un genotipo determinado en función de las características meteorológicas del año. Si desde el punto de vista de lucha contra las heladas primaverales nos interesa obtener genotipos de floración tardía, cuando se trata de cultivo en zonas áridas, el retraso del ciclo perjudica el aprovechamiento de los recursos hídricos del suelo y expone a la planta a daños por altas temperaturas.

El guisante es sensible a las altas temperaturas y al estrés hídrico en el periodo de floración. Reducciones significativas de rendimiento han sido asociadas a retrasos de la siembra en Canadá y Australia debido a que en la floración las temperaturas eran excesivas (Fletcher *et al*., 1966; Aitken, 1978). Sin embargo, en los ambientes mediterráneos evitar las altas temperaturas con un adelanto de la fecha de floración causa un incremento del daño por heladas (Ridge y Pye, 1985).

En el ambiente V15 (otoño 1996) se produce un final de floración mucho más tardío que en V16 (otoño 1997), siendo la diferencia entre genotipos de hasta 20 días (figuras 15 y 16).

La duración del periodo de floración más reducida en los ambientes de regadío corresponde a V18 (año 1995), con un inicio muy tardío consecuencia de las heladas tardías registradas ese año (figura 18). El periodo más amplio se produjo en V20 (año 1997), donde no hubo problemas de heladas ni de temperaturas excesivas (figura 20). Este periodo llega en algunos genotipos cultivados en V20 a 75 días, cuando el máximo en V18 es de 42 días.

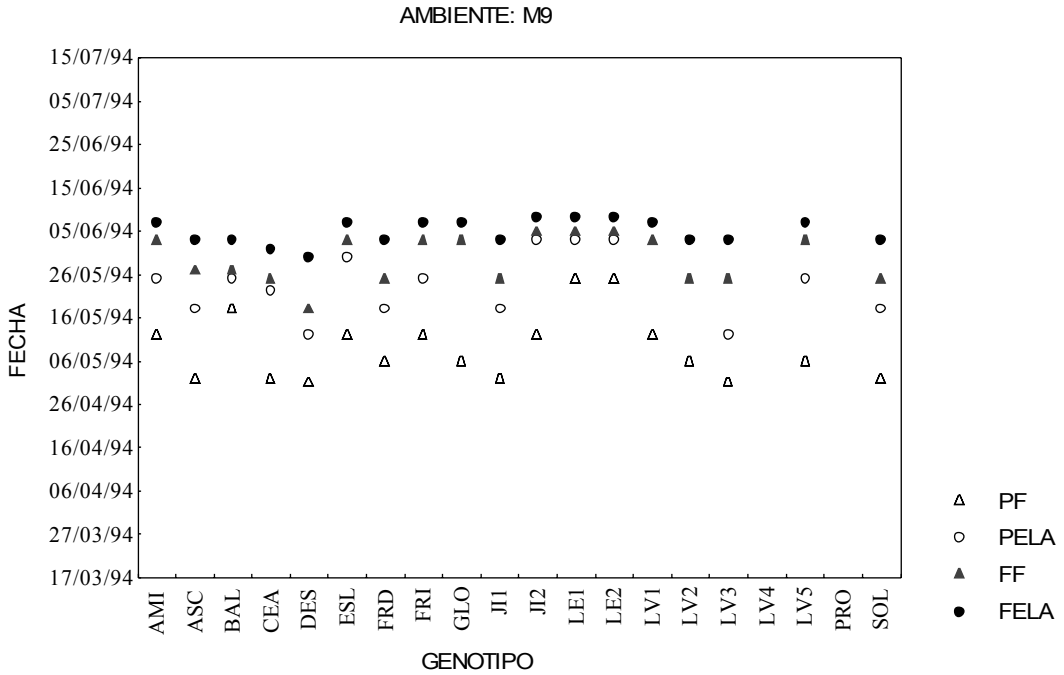


Figura 12. Fechas de principio de floración (PF), principio del estado límite de aborto (PELA), final de floración (FF) y final del estado límite de aborto (FELA) en las condiciones de siembra en primavera y secano del año 1994, en Madrid.

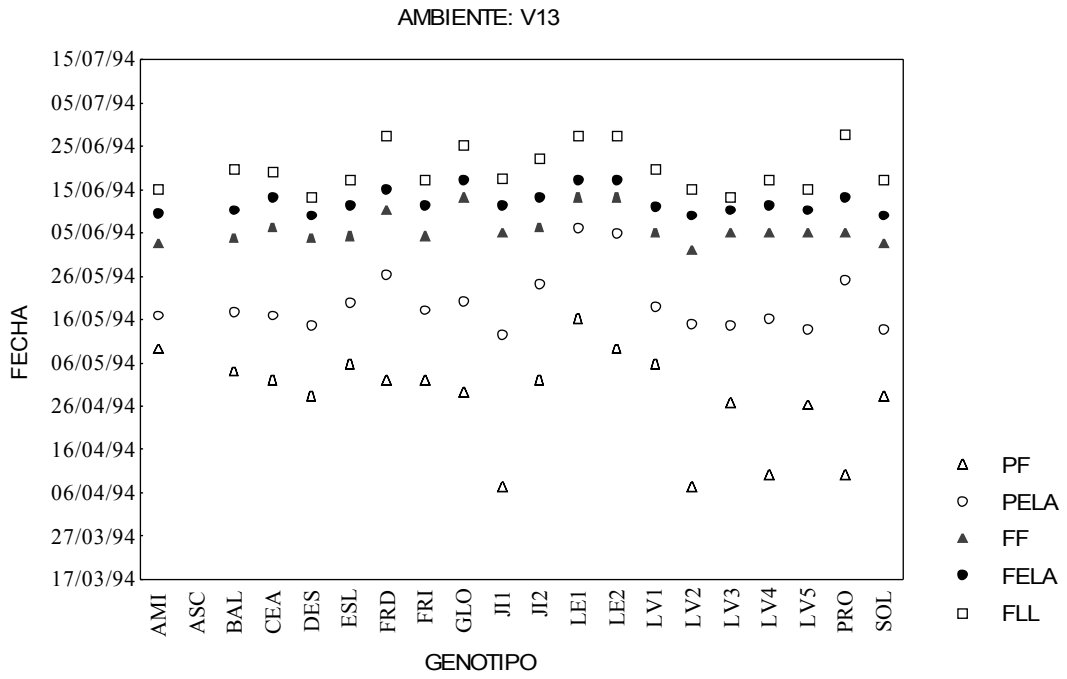


Figura 13. Fechas de principio de floración (PF), principio del estado límite de aborto (PELA), final de floración (FF), final del estado límite de aborto (FELA) y final de llenado del grano (FLL) en las condiciones de siembra en otoño del año 1994, en Valladolid.

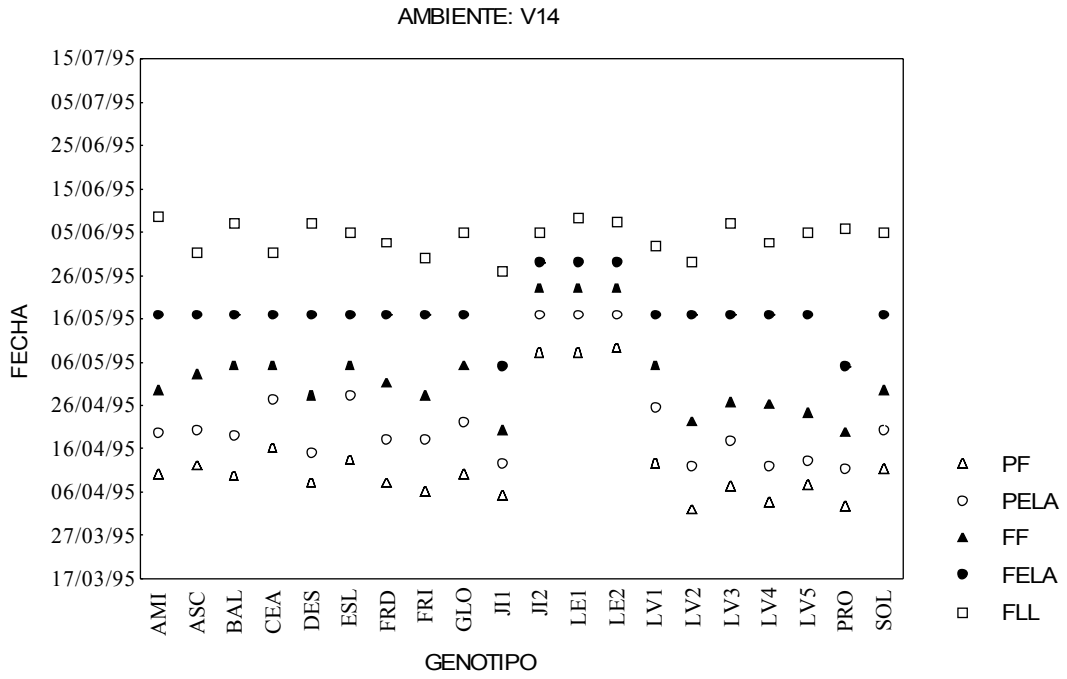


Figura 14. Fechas de principio de floración (PF), principio del estado límite de aborto (PELA), final de floración (FF), final del estado límite de aborto (FELA) y final de llenado del grano (FLL) en las condiciones de siembra en otoño del año 1995, en Valladolid.

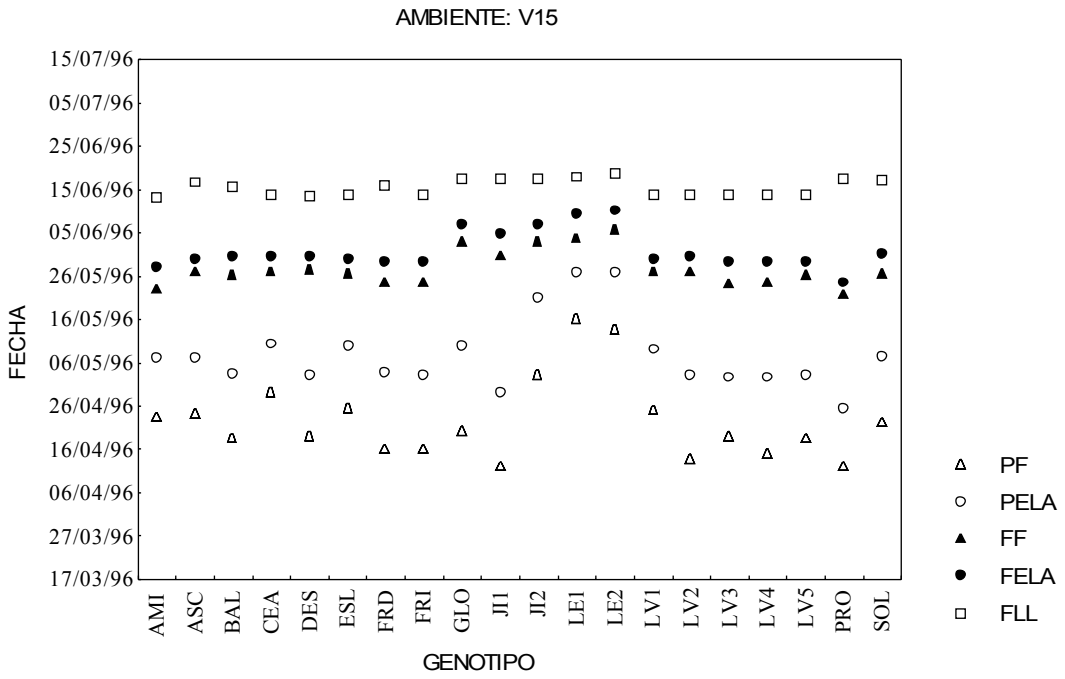


Figura 15. Fechas de principio de floración (PF), principio del estado límite de aborto (PELA), final de floración (FF), final del estado límite de aborto (FELA) y final de llenado del grano (FLL) en las condiciones de siembra en otoño del año 1996, en Valladolid.

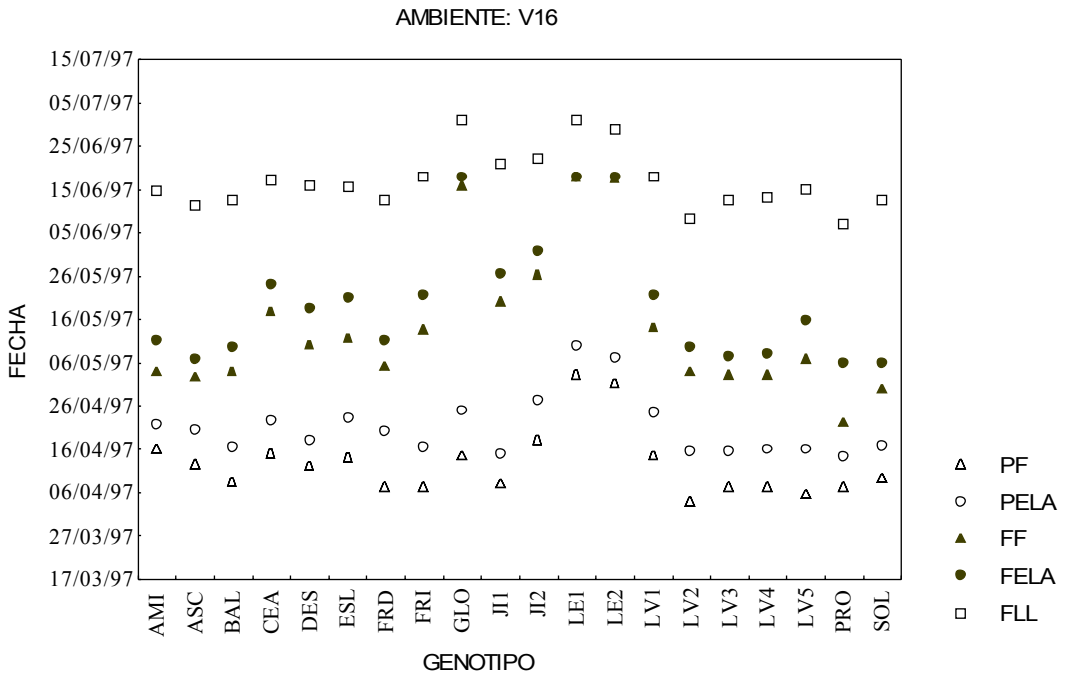


Figura 16. Fechas de principio de floración (PF), principio del estado límite de aborto (PELA), final de floración (FF), final del estado límite de aborto (FELA) y final de llenado del grano (FLL) en las condiciones de siembra en otoño del año 1997, en Valladolid.

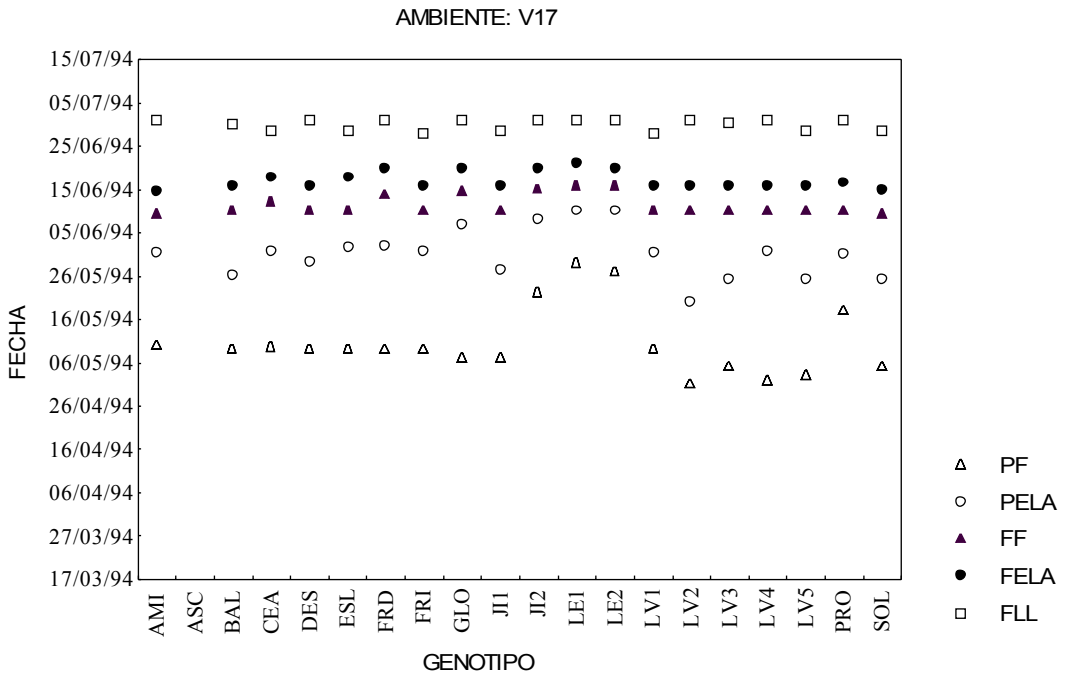


Figura 17. Fechas de principio de floración (PF), principio del estado límite de aborto (PELA), final de floración (FF), final del estado límite de aborto (FELA) y final de llenado del grano (FLL) en las condiciones de siembra en primavera y regadío del año 1994, en Valladolid.

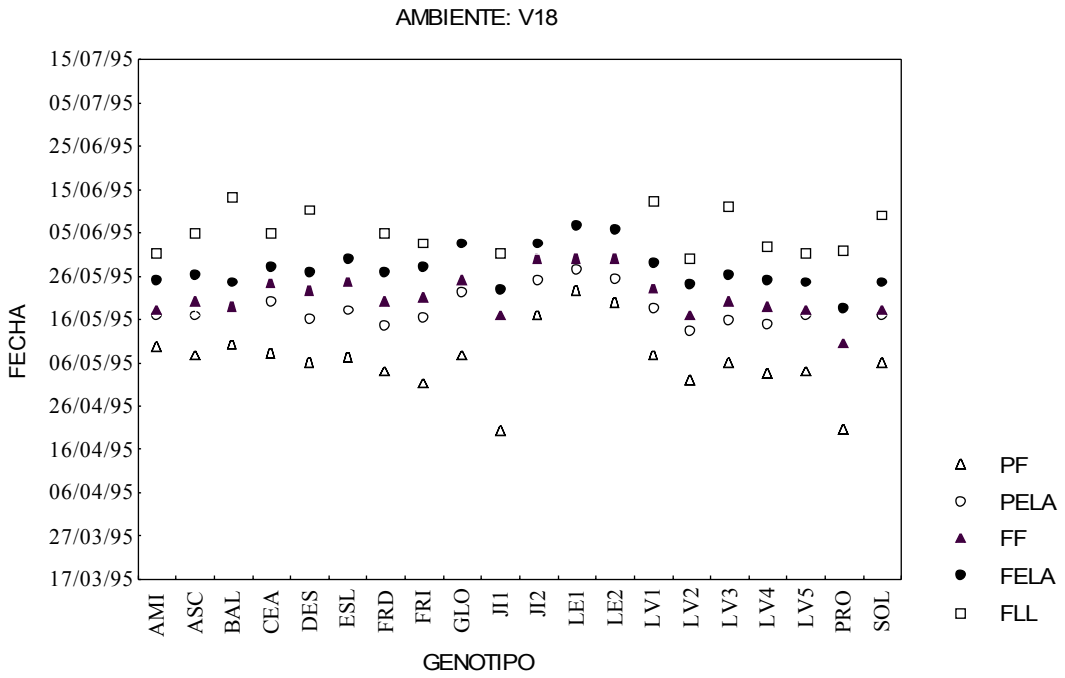


Figura 18. Fechas de principio de floración (PF), principio del estado límite de aborto (PELA), final de floración (FF), final del estado límite de aborto (FELA) y final de llenado del grano (FLL) en las condiciones de siembra en primavera y regadío del año 1995, en Valladolid.

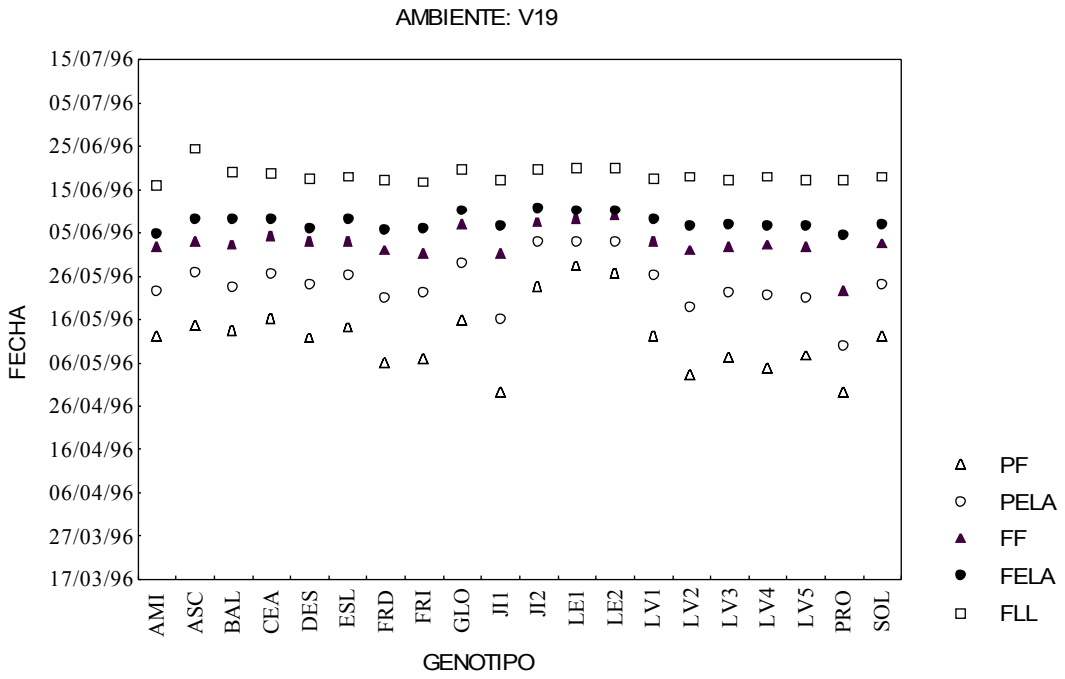


Figura 19. Fechas de principio de floración (PF), principio del estado límite de aborto (PELA), final de floración (FF), final del estado límite de aborto (FELA) y final de llenado del grano (FLL) en las condiciones de siembra en primavera y regadío del año 1996, en Valladolid.

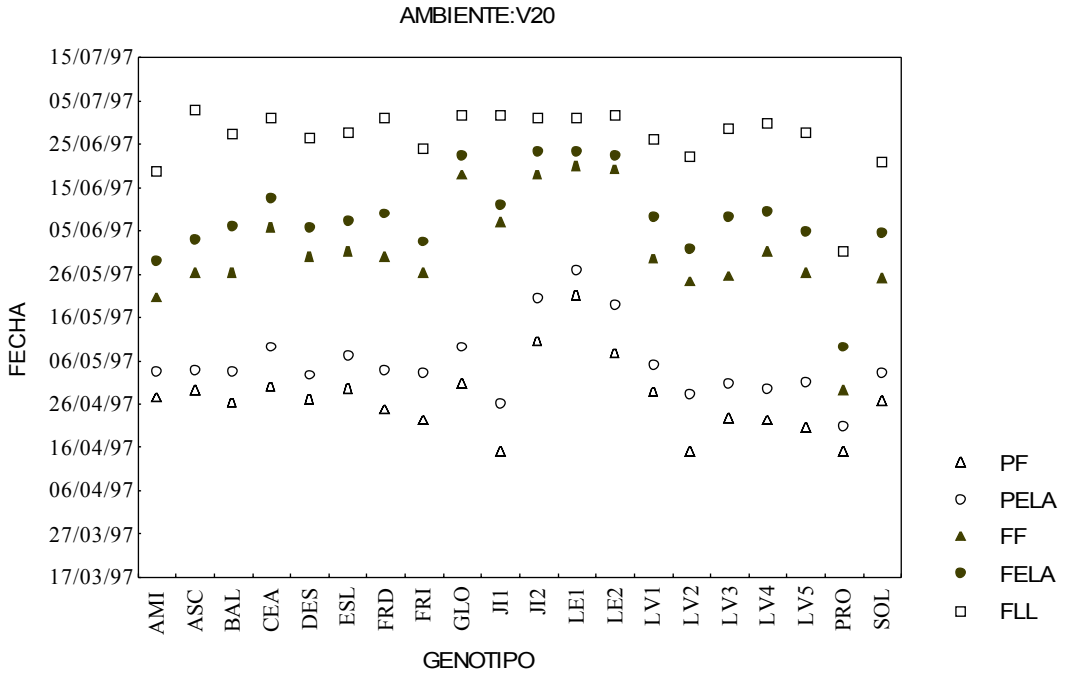


Figura 20. Fechas de principio de floración (PF), principio del estado límite de aborto (PELA), final de floración (FF), final del estado límite de aborto (FELA) y final de llenado del grano (FLL) en las condiciones de siembra en primavera y regadío del año 1997, en Valladolid.

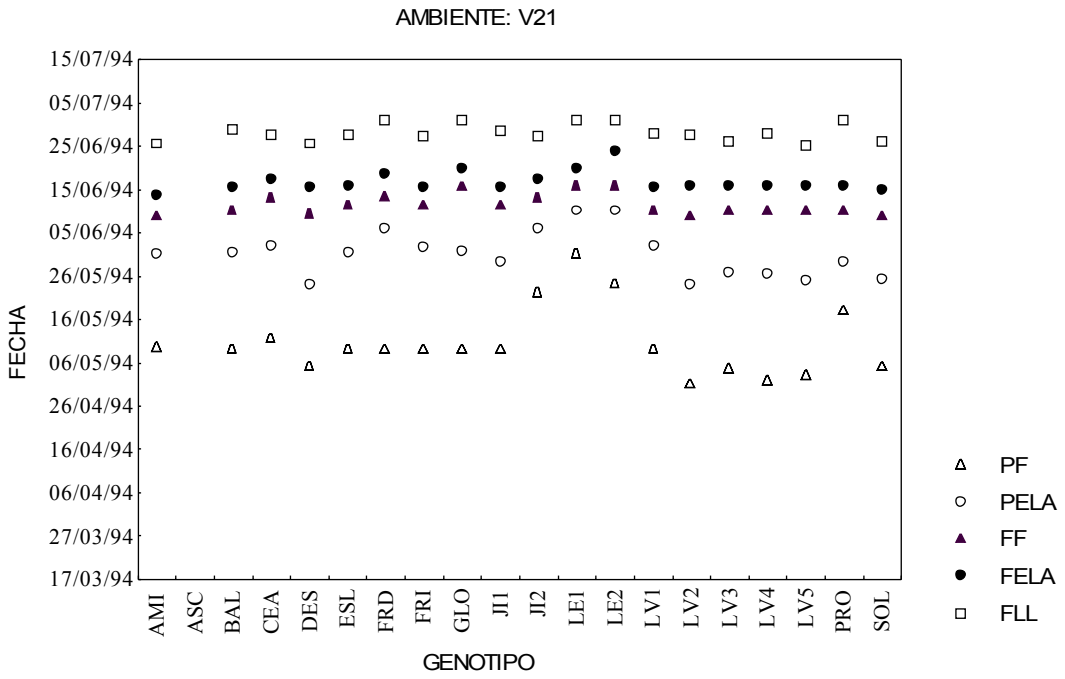


Figura 21. Fechas de principio de floración (PF), principio del estado límite de aborto (PELA), final de floración (FF), final del estado límite de aborto (FELA) y final de llenado del grano (FLL) en las condiciones de siembra en primavera y secano del año 1994, en Valladolid.

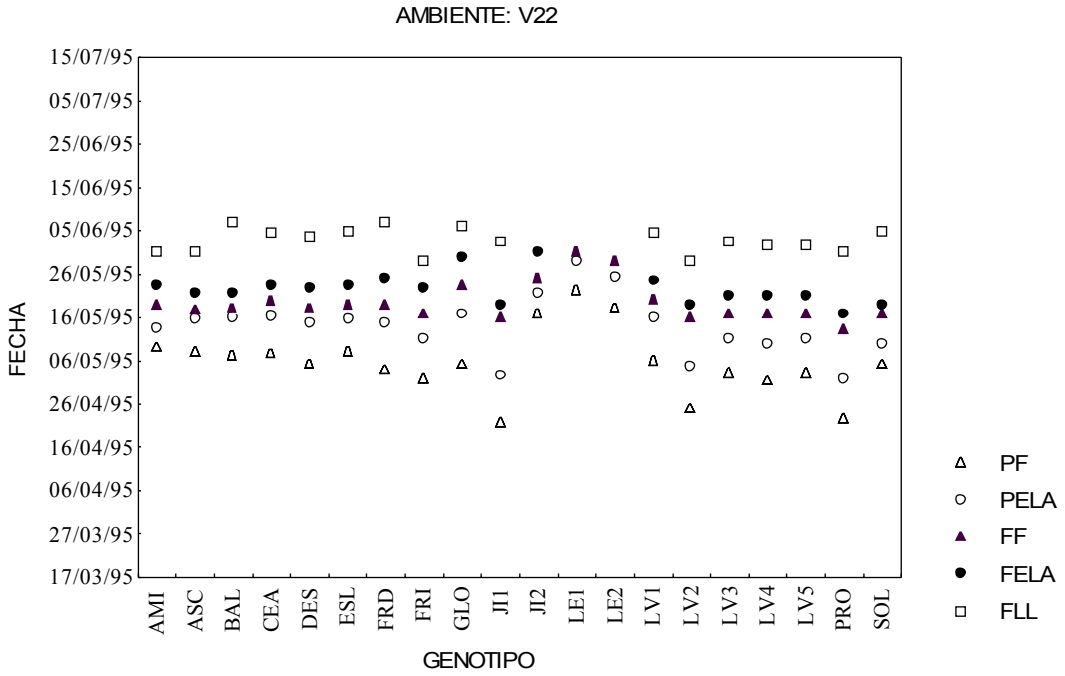


Figura 22. Fechas de principio de floración (PF), principio del estado límite de aborto (PELA), final de floración (FF), final del estado límite de aborto (FELA) y final de llenado del grano (FLL) en las condiciones de siembra en primavera y secano del año 1995, en Valladolid.

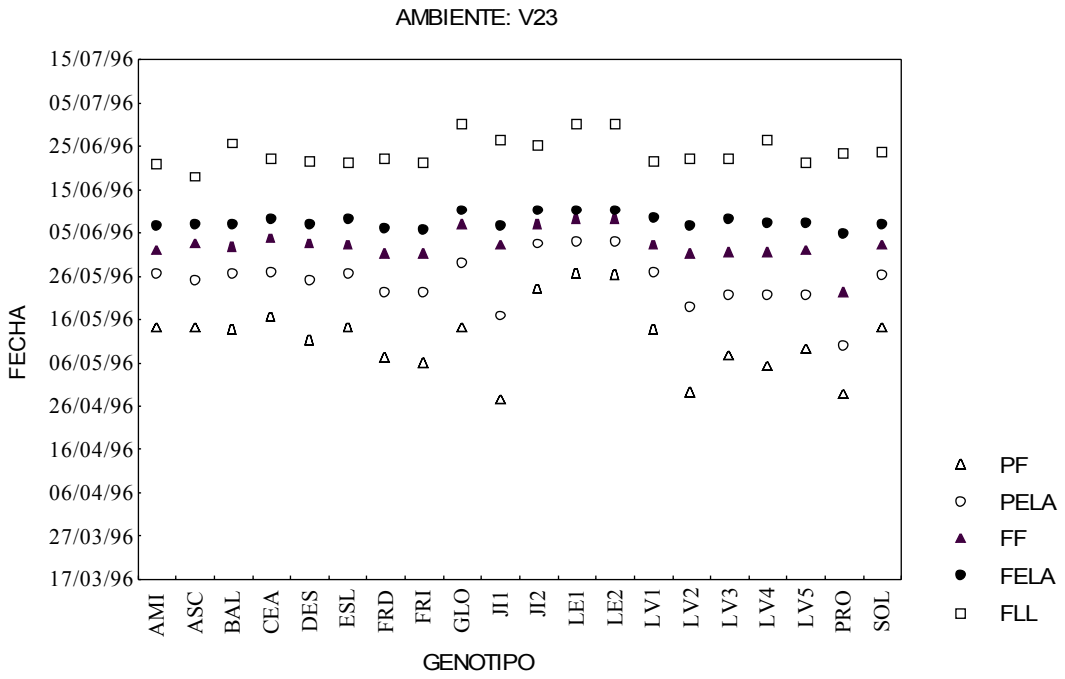


Figura 23. Fechas de principio de floración (PF), principio del estado límite de aborto (PELA), final de floración (FF), final del estado límite de aborto (FELA) y final de llenado del grano (FLL) en las condiciones de siembra en primavera y secano del año 1996, en Valladolid.

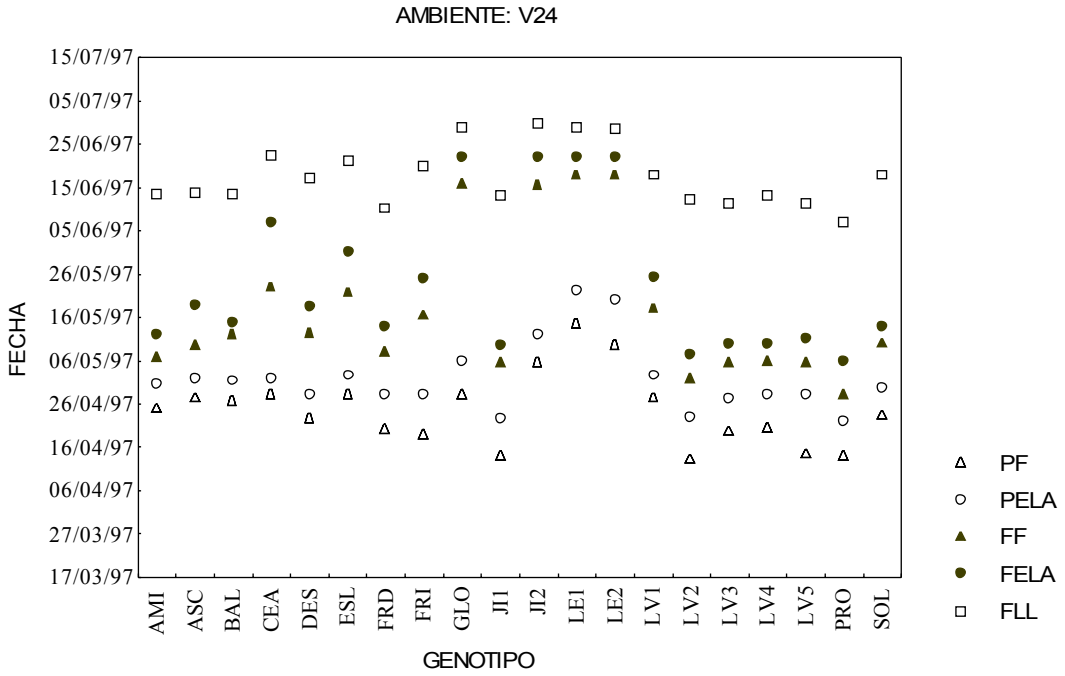


Figura 24. Fechas de principio de floración (PF), principio del estado límite de aborto (PELA), final de floración (FF), final del estado límite de aborto (FELA) y final de llenado del grano (FLL) en las condiciones de siembra en primavera y secano del año 1997, en Valladolid.

Los ambientes de siembra en primavera y cultivo en secano tienen un comportamiento fenológico similar a los de regadío durante la primera etapa del cultivo, hasta que se empieza a regar en el mes de mayo. En estos ambientes se constata un final de llenado del grano más temprano que en el resto, consecuencia de que el déficit de humedad acelera la maduración (figuras 21 y 24).

En las tablas 12 y 13 se incluyen, para los ambientes de Valladolid, los datos del número de días transcurridos y grados-día acumulados (tomando como cero de crecimiento aparente 0ºC) desde la nascencia hasta principio y final de floración, así como los días y grados-día correspondientes al periodo de floración y al periodo desde inicio de floración hasta final de llenado del grano.

Los datos obtenidos de grados-día acumulados hasta principio de floración contrastan con los citados por Dumoulin *et al.* (1994) en Francia para guisante proteaginoso. Mientras en dicho trabajo los valores varían entre 700 y 1000 grados-día, en las condiciones de siembra de primavera en España, para algunos genotipos, no llegan a 500 grados-día. En las condiciones de siembra otoñal, sin embargo, el valor mínimo se sitúa en 598 y el máximo en 1107 grados día.

Se comentan a continuación los resultados de los análisis de varianza de los 30 parámetros fenológicos controlados (ver epígrafe 2.7.) en los ambientes de Valladolid. Dada su extensión, no se han incluido en esta Memoria los resultados numéricos de estos análisis.

Los ANOVA realizados en ambientes individuales fueron significativos para el factor genotipo ($P<0,05$) en la inmensa mayoría de las variables fenológicas estudiadas. El número de días o grados-día acumulados entre final de floración y final del estado límite de aborto fueron los únicos parámetros en que no se detectaron diferencias significativas al 5% entre genotipos. En los ambientes de primavera del año 1995, los ANOVA correspondientes a los días y grados-día acumulados hasta el final del llenado del grano, y las diferencias PELA-PF, FF-PELA, FELA-PELA, FLL-PELA, FELA-FLL y FLL-FF tampoco fueron significativos ($P>0,05$) para el factor genotipo.

Tabla 12: Valores de grados-día acumulados desde la nascencia hasta principio (GDPF) y final de floración (GDFF), días transcurridos desde la nascencia hasta principio (DPF) y final de floración (DFF) para cada uno de los genotipos en los ambientes de Valladolid (V13 a V24).

	GDPF												DPF											
	Ambiente												Ambiente											
Genotipo	V13	V14	V15	V16	V17	V18	V19	V20	V21	V22	V23	V24	V13	V14	V15	V16	V17	V18	V19	V20	V21	V22	V23	V24
AMI	957	715	744	870	737	673	597	643	734	665	614	619	116	95	106	81	67	58	55	52	67	57	57	50
BAL	894	708	702	778	727	680	605	630	727	632	619	637	112	95	102	75	66	58	56	51	66	55	57	52
CEA	877	798	804	850	734	649	651	695	759	641	656	662	111	102	111	80	67	56	60	55	69	56	60	53
DES	781	685	698	811	709	614	588	642	670	592	587	591	105	93	101	77	65	54	54	52	62	53	54	48
ESL	906	758	778	834	730	632	616	691	730	649	620	662	113	98	109	79	66	55	57	55	66	56	57	53
FRD	867	673	672	742	713	578	536	613	727	578	547	566	110	92	99	72	65	52	49	50	66	52	50	46
FRI	877	661	672	750	727	525	536	580	727	547	536	549	111	91	99	73	66	49	49	47	66	50	49	44
GLO	794	711	723	846	699	641	631	708	727	565	616	662	106	95	104	80	64	56	58	56	66	51	57	53
JI1	598	640	628	757	686	432	452	504	713	436	444	488	84	90	96	73	63	38	42	40	65	40	41	39
JI2	850	1024	858	890	875	767	731	836	875	767	726	789	109	122	117	83	79	65	67	66	79	65	66	61
LE1	1040	1046	1000	1107	934	855	807	957	1027	845	788	801	123	123	129	98	82	71	71	74	88	70	70	63
LE2	957	1044	968	1067	954	806	783	813	910	782	773	823	116	124	127	96	84	68	70	63	81	66	69	65
LV1	904	755	775	842	701	641	594	666	727	568	620	654	113	98	109	79	64	56	55	53	66	50	57	53
LV2	598	605	639	695	601	542	492	500	606	448	467	470	84	87	97	69	58	50	46	40	58	43	43	38
LV3	747	668	709	738	734	615	544	588	659	559	555	558	103	92	102	72	67	54	50	48	61	51	51	45
LV5	607	625	657	720	616	570	514	565	633	538	517	496	85	89	98	71	59	52	48	46	60	50	48	40
PRO	628	597	631	731	833	433	458	500	810	439	453	484	87	87	96	71	75	39	42	40	73	40	42	39
SOL	776	736	736	777	663	615	594	637	670	597	613	598	105	96	105	75	62	54	55	52	62	53	57	49

	GDFF												DFF											
	Ambiente												Ambiente											
Genotipo	V13	V14	V15	V16	V17	V18	V19	V20	V21	V22	V23	V24	V13	V14	V15	V16	V17	V18	V19	V20	V21	V22	V23	V24
AMI	1295	908	1076	1121	1188	782	890	983	1184	796	886	802	141	115	136	100	98	66	75	76	97	67	75	62
BAL	1321	976	1127	1112	1195	796	899	1091	1205	782	890	873	142	119	139	99	98	67	76	83	99	66	75	68
CEA	1362	994	1150	1290	1221	881	929	1232	1225	804	920	1012	145	120	140	113	100	72	78	91	100	68	78	78
DES	1321	866	1160	1180	1219	855	916	1161	1188	782	903	887	142	112	141	105	100	71	77	87	98	66	76	69
ESL	1329	994	1140	1204	1205	888	916	1135	1215	797	902	1005	143	120	140	107	99	73	77	85	100	67	76	78
FRD	1420	940	1109	1132	1238	811	884	1137	1234	796	877	843	148	117	138	100	101	68	75	86	101	67	74	66
FRI	1326	878	1118	1211	1195	831	877	1053	1215	767	873	911	143	113	138	107	98	69	74	81	100	65	74	71
GLO	1455	994	1284	1758	1267	896	990	1470	1277	874	990	1429	150	120	148	141	103	73	81	105	103	72	81	102
JI1	1335	832	1207	1320	1195	767	880	1212	1215	753	900	773	143	106	143	115	98	65	75	90	100	64	76	60
JI2	1366	1262	1269	1415	1272	979	1000	1458	1235	896	990	1414	145	138	147	121	103	78	82	104	101	73	81	101
LE1	1455	1262	1282	1816	1280	979	1009	1491	1301	991	1009	1458	150	138	148	144	103	78	82	106	105	77	82	104
LE2	1465	1262	1317	1804	1291	979	1029	1474	1301	966	1009	1462	151	138	150	143	104	78	83	105	105	76	82	104
LV1	1349	985	1150	1252	1195	865	916	1133	1205	811	902	927	144	120	140	110	98	71	77	85	99	68	76	72
LV2	1279	836	1150	1117	1195	767	890	1000	1180	753	873	734	140	107	140	99	98	65	75	77	97	64	74	57
LV3	1338	859	1105	1100	1219	811	890	1071	1191	767	883	787	143	111	138	98	100	68	75	81	98	65	75	61
LV5	1335	862	1114	1119	1191	796	899	1095	1205	767	880	791	143	111	138	100	98	67	76	83	99	65	75	61
PRO	1353	826	1095	934	1195	710	716	678	1205	708	735	679	144	105	136	87	98	62	66	54	99	61	67	54
SOL	1304	887	1145	1050	1188	782	910	1062	1180	767	902	826	141	113	140	95	98	66	77	81	97	65	76	65

Tabla 13: Valores de grados-día acumulados desde el inicio de floración hasta el final de floración (D2) y hasta el final del llenado del grano (D4), y días transcurridos desde el inicio hasta el final de floración (D12) y hasta el final del llenado del grano (D14) para cada uno de los genotipos en los ambientes de Valladolid (V13 a V24).

	D2												D12											
	Ambiente												Ambiente											
Genotipo	V13	V14	V15	V16	V17	V18	V19	V20	V21	V22	V23	V24	V13	V14	V15	V16	V17	V18	V19	V20	V21	V22	V23	V24
AMI	338	193	332	252	451	110	292	340	450	132	272	183	25	23	30	19	31	9	20	24	31	10	18	12
BAL	428	268	425	335	468	116	294	461	478	150	271	236	30	22	37	25	32	9	20	32	33	11	18	17
CEA	485	204	346	440	487	232	279	537	466	164	265	350	34	16	29	33	34	16	18	36	32	12	17	25
DES	541	181	462	369	511	241	329	519	518	185	315	296	37	25	39	28	35	17	23	35	36	13	22	21
ESL	423	236	363	370	475	256	300	444	485	148	283	343	30	19	31	28	33	18	20	31	33	11	19	25
FRD	554	268	436	390	525	233	348	524	507	218	330	277	38	22	39	28	36	16	26	36	35	15	24	20
FRI	449	218	446	461	468	306	341	473	488	216	337	363	32	19	39	34	32	20	25	34	34	15	25	27
GLO	661	284	561	912	568	256	359	762	550	251	374	767	44	20	44	61	39	18	23	49	37	17	24	49
JI1	737	193	579	563	509	335	427	708	502	317	456	285	59	18	47	42	35	27	33	50	35	25	35	21
JI2	516	216	411	526	396	212	269	622	360	129	264	626	36	15	31	38	25	13	15	38	23	8	15	40
LE1	415	216	282	710	347	124	202	534	274	166	221	657	27	15	19	46	22	8	11	32	17	10	12	41
LE2	508	150	349	737	337	173	246	661	391	199	236	639	35	10	23	47	20	11	14	42	24	12	13	40
LV1	446	230	375	410	495	225	322	467	478	180	283	274	31	16	32	31	34	16	22	32	33	13	19	20
LV2	681	231	511	422	594	225	398	500	574	303	406	265	56	20	44	30	40	15	30	37	39	21	31	19
LV3	591	192	396	362	486	197	346	483	532	208	328	229	40	25	35	26	33	14	25	34	37	14	24	16
LV5	728	237	457	399	575	227	386	530	572	225	363	295	58	22	40	29	39	16	29	38	39	15	27	22
PRO	725	229	464	203	362	243	258	178	395	270	282	195	57	25	40	16	23	20	24	14	26	21	25	15
SOL	528	151	409	273	525	168	315	425	510	170	289	228	36	20	35	21	36	12	22	29	35	12	20	16

	D4												D14											
	Ambiente												Ambiente											
Genotipo	V13	V14	V15	V16	V17	V18	V19	V20	V21	V22	V23	V24	V13	V14	V15	V16	V17	V18	V19	V20	V21	V22	V23	V24
AMI	547	809	734	889	836	311	587	830	753	311	685	762	37	59	52	60	52	21	35	53	47	21	39	49
BAL	689	783	833	944	839	525	648	970	826	477	747	753	45	58	58	64	52	34	37	62	51	31	42	49
CEA	719	598	696	953	814	423	596	828	761	427	674	862	47	45	47	64	50	28	33	55	47	28	37	55
DES	728	813	792	971	864	544	643	957	817	453	713	831	48	60	56	65	54	35	38	61	52	30	41	54
ESL	642	715	723	943	823	#	614	929	788	423	673	873	43	54	49	63	51	#	35	59	49	28	38	56
FRD	874	769	874	975	849	494	677	1022	840	550	765	769	55	58	61	67	53	32	42	67	52	35	46	52
FRI	690	698	828	1054	805	507	666	995	786	415	753	939	46	53	59	71	50	33	41	64	49	27	46	62
GLO	909	762	864	1155	859	#	631	939	840	468	825	970	57	57	58	78	54	#	35	62	52	31	47	62
JI1	973	691	959	1077	856	559	767	1110	835	602	929	888	73	53	66	72	53	41	50	75	52	42	59	60
JI2	790	423	712	1019	710	#	537	811	633	#	626	852	51	28	45	67	41	#	27	52	36	#	33	55
LE1	701	478	587	895	651	#	470	690	558	#	664	836	42	31	33	59	38	#	23	43	31	#	34	53
LE2	784	403	630	921	631	#	489	834	675	#	668	805	49	25	36	59	35	#	24	55	38	#	35	50
LV1	688	655	731	969	841	539	630	930	793	436	681	809	45	50	50	65	52	35	37	59	49	29	38	52
LV2	902	755	874	944	984	437	739	1033	912	516	841	883	69	57	62	66	61	28	46	70	57	34	53	60
LV3	762	841	791	979	839	575	669	993	833	479	752	777	50	62	56	67	51	37	41	65	53	31	45	52
LV5	941	765	855	1034	969	450	722	1041	908	477	855	879	71	57	61	70	61	29	45	68	57	31	52	60
PRO	1105	892	938	873	752	573	761	644	775	559	874	787	78	66	65	61	44	42	49	46	46	41	56	55
SOL	777	737	822	935	891	511	642	875	824	475	718	836	51	55	56	64	56	33	37	56	52	31	41	54

#, datos no disponibles.

Agrupando los valores de los parámetros fenológicos por tratamientos de cultivo, se encontraron diferencias significativas entre medias (P<0,05) asociadas al genotipo, el ambiente (año) y su interacción, en todas las variables analizadas, salvo los grados-día entre final de floración y final del estado límite de aborto. Para esta variable no se registraron diferencias significativas entre los cuatro años en las condiciones de siembra en primavera y cultivo en secano.

Si se analizan los ambientes agrupados por años, los ANOVA fueron mayoritariamente significativos para el factor genotipo, el ambiente (tratamiento de cultivo) y su interacción. De nuevo en este caso, la mayor parte de las excepciones se encuentran en 1995. En los ambientes de este año no hubo un efecto significativo del tratamiento de cultivo sobre los grados-día acumulados en el periodo de floración debido a que fuertes heladas tardías que tuvieron lugar ese año provocaron un acortamiento del ciclo tanto en las condiciones de siembra en otoño, donde la floración finalizó bruscamente, como en las de primavera, donde la floración se retrasó a causa de las daños producidos en los ápices de las plantas.

Tanto en los análisis de varianza realizados agrupando los datos por años como por tratamientos de cultivo, se ha podido constatar que, entre las variables estudiadas, las más características del genotipo (mayor porcentaje de suma de cuadrados que el factor ambiente) son el número de grados-día acumulados desde la siembra hasta principio de floración (PF) y hasta principio del estado límite de aborto (PELA). En el resto de variables consideradas tiene mayor peso el factor ambiental que el factor genotipo. De acuerdo con esto, Ney y Dumoulin (1994) comprobaron que la duración del periodo del llenado del grano no mostraba diferencias significativas en 10 genotipos de guisante que diferían en el tamaño de la semilla, pero si detectaron diferencias apreciables respecto a las condiciones ambientales del ensayo. Sin embargo, Dumoulin *et al*. (1994) observaron que la progresión de los estados fenológicos en los nudos del tallo principal del guisante y la duración de la fase PF-PELA eran constantes en un amplio rango de condiciones de cultivo.

En cualquier caso, la variabilidad genética detectada en cuanto a los requerimientos de integral térmica para floración es de gran interés para su explotación en mejora. La fecha de principio de floración en guisante, según Snoad y Arthur (1974), es un carácter controlado genéticamente de forma sencilla, de gran importancia para predecir las fechas de recolección. La secuencia de desarrollo del guisante desde principio de floración a madurez se puede correlacionar con la energía recibida por la planta en dicho periodo, estimada como la integral térmica calculada teniendo en cuenta las temperaturas medias diarias por encima de 4,5ºC. El uso de grados-día tiene una mayor eficiencia que el número de días para explicar las regresiones del rendimiento en función de la fecha de siembra.

El cero vegetativo es variable en función de los cultivares, siendo más alto en los de verdeo. En este sentido, Bourgeois *et al*. (2000) han realizado un estudio con datos de más de 10 años de guisante de verdeo sobre el modelo de respuesta a los grados-día acumulados desde nascencia hasta madurez, concluyendo que los ceros vegetativos de las variedades de estudio oscilaban entre 0 y 5 ºC, resultando 3ºC el valor más idóneo. La mayoría de los autores utilizan 0ºC como temperatura base en el guisante proteaginoso (Ney, 1994; Ney y Dumoulin, 1994).

En los análisis de varianza combinados del conjunto de datos, donde se puede estimar la interacción total genotipo x ambiente, los efectos principales del genotipo, del ambiente y de la interacción fueron significativos ($P<0,05$) para todas las variables. El porcentaje de la suma de cuadrados del efecto ambiental (entre el 27 y el 96%) fue siempre superior al del efecto genotípico (entre el 1 y el 28%). El efecto de la interacción, según parámetros, se sitúo entre el 2% y el 39% de la suma de cuadrados total.

Snoad y Arthur (1974) ensayaron 6 variedades de guisante en 8 ambientes diferentes en Inglaterra. En los análisis de varianza del tiempo transcurrido entre nascencia y floración encontraron que los efectos principales de localidad, fecha de siembra y genotipo eran significativos (siendo la fecha de siembra el factor

más importante), mientras la única interacción GxA significativa era la triple. Analizando grados-día (en lugar de días) acumulados hasta floración, el único efecto principal significativo era el genotipo. Estas diferencias, sin embargo, no se advierten en los análisis de regresión conjunta efectuados por Snoad y Arthur (1974), dónde todos los genotipos tienen una respuesta media a los ambientes similar tomando número de días y grados-día acumulados.

En contraste con los resultados anteriores obtenidos en Inglaterra, con unos condicionantes climáticos muy distintos y el doble de genotipos estudiados, los ensayos realizados en Valladolid y Madrid han mostrado diferencias significativas atribuibles tanto al efecto aditivo del genotipo como al del ambiente y la interacción GxA. Las condiciones mediterráneas introducen una mayor variabilidad de condiciones ambientales, de modo que en los resultados de los 4 años del trabajo se detecta una dispersión muy superior.

Los resultados presentados en este apartado muestran que en los años y condiciones de cultivo consideradas en este trabajo se ha podido detectar una amplia variación ambiental, lo que constituye un requisito indispensable para abordar el estudio de la interacción GxA. Diferentes respuestas pueden surgir fácilmente cuando los genotipos se cultivan en un rango amplio de condiciones ambientales. La variación ambiental detectada ha sido en gran parte consecuencia de condiciones extremas que ocurren frecuentemente en clima mediterráneo: las heladas tardías, las temperaturas excesivas y la sequía en el final de la estación de cultivo.

En los análisis multivariantes que se realizan a continuación para el estudio de la interacción GxA se establecen relaciones entre las componentes de la producción y parámetros relacionados con la fenología del guisante, como han hecho numerosos autores en cultivos diversos (Smit *et al*., 1992; Wallace *et al.*, 1991, 1993; Zobel y Wallace, 1994).

3.2. Estudio del rendimiento y sus componentes en ambientes individuales

En el Anejo 1 se recoge la representación de los valores de los residuos frente a los predichos en los análisis de varianza de las variables REND y PT. La variable REND en los ambientes M10 y V14 no tiene una distribución homogénea (los residuos aumentan conforme aumentan los predichos). Se ha comprobado que los residuos en el ambiente M10 no cumplen con el test de Shapiro-Wilk de normalidad. En todos los ambientes, salvo M10, los residuos cumplen el test de Barlett de homocedasticidad de la varianza, requisito previo para el ANOVA. En el ambiente M10 se registraron rendimientos en grano menores a la cantidad de semilla sembrada. Las condiciones extremas del ambiente M10 no se consideraron en los posteriores análisis.

Se ha estimado la varianza media ponderada de los residuos en 19 ambientes al eliminarse, además de M10, los ambientes que no contaban con la totalidad de los genotipos ensayados (M3, M4, M8, M12). Las estimas correspondientes a las variables REND, PT, VT, IC, P100 y GRV fueron respectivamente: 0,0875; 0,4957; 0,2266; 0,0006; 0,6020 y 0,0682. Estos valores se utilizan posteriormente en el estudio de la interacción GxA mediante análisis de varianza combinado (epígrafe 3.6.1).

Los análisis de varianza del rendimiento en grano, productividad total de biomasa, número de vainas por unidad de superficie, índice de cosecha, peso de 100 semillas y número de granos por vaina (REND, PT, VT, IC, P100 y GRV, respectivamente) fueron significativos al 5% para el factor genotipo en los 12 ambientes de Valladolid (tablas 14 a 17). Los análisis de varianza de las mismas variables en los ambientes de Madrid también fueron significativos ($P<0,05$) en todos los casos, salvo los correspondientes a la variable PT en los ambientes M2, M3, M12, y la variable REND en los ambientes M3 y M8.

El factor bloque no tuvo un efectos significativo al 5% en los valores del rendimiento y sus componentes en la mayoría de los análisis. En los ambientes de Valladolid fueron más frecuentes las diferencias significativas detectadas entre

bloques. Estas diferencias se deben achacar a factores del ensayo difícilmente controlables, como los daños por plagas y enfermedades, diferencias de suelo, imprecisiones en las operaciones de campo, etc. Biarnès-Dumoulin *et al*. (1996) también observaron diferencias significativas de los valores de rendimiento entre bloques de ensayo.

En el Anejo 2 se representan gráficamente los valores de REND y PT de cada genotipo en las cuatro repeticiones (bloques) de cada ambiente.

Se ha puesto en evidencia una heterogeneidad muy amplia en los valores de los genotipos para las seis variables estudiadas. Los rendimientos en los ambientes de secano de Madrid (tablas 14 y 17) son más bajos y oscilan menos entre genotipos. En regadío, donde las condiciones son menos limitantes, existen mayores diferencias, de hecho todos los ANOVA de rendimiento en grano y productividad total son significativos al 1% en estas condiciones de cultivo. Resultados similares en guisante proteaginoso han sido obtenidos en ensayos llevados a cabo en Francia, por Biarnès-Dumoulin *et al*. (1996) bajo condiciones de cultivo no limitantes, y con rendimientos medios muy superiores a los registrados en este trabajo. Estos autores detectaron también una menor dispersión en las medias genotípicas de rendimiento en grano y productividad de biomasa total cuando los ambientes de cultivo eran menos favorables.

Los valores medios del rendimiento y sus componentes en cada uno de los ambientes se muestran en las tablas 18 a 23. No se han tenido en cuenta los ambientes en los que no se cumplían las hipótesis de normalidad y homocedasticidad ni los que no incluyen a todos los genotipos. Tampoco se dan los valores de los genotipos ASC y LV4, que no están representados en todos los ambientes. Las medias presentadas en las tablas 18 a 23 son los datos de partida en los análisis de la interacción GxA que se recogen en el apartado 3.6. de esta Memoria.

Tabla 14: Análisis de varianza de los valores de rendimiento en grano (REND, en 10^{-2} g m^{-2}), productividad total de biomasa (PT, en 10^{-2} g m^{-2}) y vainas por unidad de superficie (VT, en 10^{-2}Ud m^{-2}) en los ambientes de Madrid.

		REND				PT				VT			
Ambiente	Fuente de Variación	**gl**	**SC**	**CM**		**gl**	**SC**	**CM**		**gl**	**SC**	**CM**	
M1	Genotipo	18	13,7474	0,7637	*	18	117,9759	6,5542	*	18	153,7265	8,5404	*
	Bloque	3	0,2857	0,0952	ns	3	3,2849	1,0950	ns	3	0,2843	0,0948	ns
	Error	54	19,8518	0,3676		54	78,9328	1,4617		53	35,2256	0,6646	
M2	Genotipo	19	3,1367	0,1651	*	19	27,9496	1,4710	ns	19	68,6837	3,6149	*
	Bloque	3	0,1706	0,0569	ns	3	1,7106	0,5702	ns	3	0,3260	0,1087	ns
	Error	57	3,5447	0,0622		57	48,5792	0,8523		57	48,2696	0,8468	
M3	Genotipo	11	6,2548	0,5686	ns	11	25,0480	2,2771	ns	11	4,2489	0,3863	*
	Bloque	3	1,5103	0,5034	ns	3	1,9142	0,6381	ns	3	0,1244	0,0415	ns
	Error	32	9,7435	0,3045		33	35,9869	1,0905		33	4,4942	0,1362	
M4	Genotipo	11	5,1703	0,4700	*	11	22,6696	2,0609	*	11	1,3158	0,1196	*
	Bloque	3	0,4237	0,1412	ns	3	2,1673	0,7224	ns	3	0,1469	0,0490	ns
	Error	33	3,5459	0,1075		33	17,8767	0,5417		33	1,2293	0,0373	
M5	Genotipo	18	62,1630	3,4535	*	18	134,1368	7,4520	*	18	255,9182	14,2177	*
	Bloque	3	0,0803	0,0268	ns	3	3,0757	1,0252	ns	3	2,9505	0,9835	ns
	Error	54	13,7522	0,2547		53	64,3548	1,2142		51	43,7482	0,8578	
M6	Genotipo	19	26,3774	1,3883	*	19	100,5045	5,2897	*	19	78,4669	4,1298	*
	Bloque	3	4,6499	1,5500	*	3	14,4023	4,8008	*	3	6,2892	2,0964	ns
	Error	55	17,0056	0,3092		35	42,5881	1,2168		37	32,8692	0,8884	
M7	Genotipo	19	40,6628	2,1401	*	19	40,2853	2,1203	*	19	26,2267	1,3804	*
	Bloque	3	0,4385	0,1462	ns	3	3,9073	1,3024	ns	3	0,7049	0,2350	ns
	Error	56	10,5850	0,1890		56	52,1042	0,9304		57	11,3223	0,1986	
M8	Genotipo	16	13,7472	0,8592	ns	16	97,7896	6,1118	*	16	24,5142	1,5321	*
	Bloque	3	2,7386	0,9129	ns	3	17,4083	5,8028	*	3	1,7504	0,5835	ns
	Error	48	22,2937	0,4645		48	69,2575	1,4429		48	11,3796	0,2371	
M9	Genotipo	18	24,4585	1,3588	*	18	92,5698	5,1428	*	18	220,9857	12,2770	*
	Bloque	3	0,7245	0,2415	ns	3	3,6390	1,2130	ns	3	1,6668	0,5556	ns
	Error	54	16,8690	0,3124		54	44,9279	0,8320		54	21,8892	0,4054	
M10	Genotipo	19	0,8105	0,0427	*	19	15,1739	0,7986	*	19	20,9677	1,1036	*
	Bloque	3	0,1822	0,0607	ns	3	5,0418	1,6806	*	3	3,8887	1,2962	*
	Error	55	1,2668	0,0230		56	15,1720	0,2709		57	15,3511	0,2693	
M11	Genotipo	19	23,9749	1,2618	*	19	15,3765	0,8093	*	19	12,8932	0,6786	*
	Bloque	3	0,1378	0,0459	ns	3	0,6032	0,2011	ns	3	0,0892	0,0297	ns
	Error	55	5,1135	0,0930		55	17,7840	0,3233		55	4,3937	0,0799	
M12	Genotipo	16	4,2648	0,2666	*	16	18,9585	1,1849	ns	16	3,5662	0,2229	*
	Bloque	3	1,5730	0,5243	*	3	4,0179	1,3393	ns	3	0,6643	0,2214	*
	Error	47	5,0260	0,1069		48	31,6571	0,6595		48	3,5463	0,0739	

*, significativo (P=0,05); ns, no significativo; gl, grados de libertad; SC, suma de cuadrados; CM, cuadrados medios.

Tabla 15: Análisis de varianza de los valores de rendimiento en grano (REND, en 10^{-2} g m^{-2}), productividad total de biomasa (PT, en 10^{-2} g m^{-2}) y vainas por unidad de superficie (VT, en 10^{-2}Ud m^{-2}) en los ambientes de Valladolid.

		REND				PT				VT			
Ambiente	Fuente de Variación	**gl**	**SC**	**CM**		**gl**	**SC**	**CM**		**gl**	**SC**	**CM**	
V13	Genotipo	18	71,8372	3,9910	*	18	473,5585	26,3088	*	18	284,4710	15,8039	*
	Bloque	3	2,9520	0,9840	ns	3	0,9152	0,3051	ns	3	8,9479	2,9826	ns
	Error	46	27,1782	0,5908		48	174,7191	3,6400		42	47,3802	1,1281	
V14	Genotipo	19	26,4052	1,3897	*	19	94,7358	4,9861	*	19	113,1467	5,9551	*
	Bloque	3	5,5519	1,8506	*	3	19,3701	6,4567	*	3	7,0325	2,3442	*
	Error	57	14,7049	0,2580		55	76,7628	1,3957		56	44,6072	0,7966	
V15	Genotipo	19	133,7018	7,0369	*	19	274,6211	14,4537	*	19	697,3205	36,7011	*
	Bloque	3	0,7568	0,2523	ns	3	56,4700	18,8233	*	3	30,4316	10,1439	*
	Error	47	17,3333	0,3688		49	134,4007	2,7429		42	57,2208	1,3624	
V16	Genotipo	19	85,8234	4,5170	*	19	277,7200	14,6168	*	19	166,4962	8,7630	*
	Bloque	3	1,0860	0,3620	ns	3	111,3630	37,1210	*	3	4,8700	1,6233	ns
	Error	55	35,5092	0,6456		52	170,8390	3,2854		53	66,3275	1,2515	
V17	Genotipo	18	78,8176	4,3788	*	18	353,7853	19,6547	*	18	351,2099	19,5117	*
	Bloque	3	16,2642	5,4214	*	3	17,6283	5,8761	ns	3	24,3554	8,1185	*
	Error	39	22,2268	0,5699		45	164,4111	3,6536		42	56,4007	1,3429	
V18	Genotipo	19	19,0322	1,0017	*	19	70,0140	3,6849	*	19	49,7182	2,6167	*
	Bloque	3	3,4263	1,1421	*	3	7,3271	2,4424	ns	3	2,6242	0,8747	ns
	Error	57	15,0739	0,2645		54	62,2945	1,1536		55	29,7013	0,5400	
V19	Genotipo	19	24,8405	1,3074	*	19	143,1576	7,5346	*	19	135,5859	7,1361	*
	Bloque	3	5,2617	1,7539	*	3	14,6399	4,8800	ns	3	3,5067	1,1689	ns
	Error	57	18,0939	0,3174		56	133,1143	2,3770		56	70,1955	1,2535	
V20	Genotipo	19	162,6599	8,5610	*	19	538,7882	28,3573	*	19	163,9387	8,6284	*
	Bloque	3	4,6440	1,5480	*	3	28,2117	9,4039	*	3	28,8309	9,6103	*
	Error	56	30,1183	0,5378		54	168,8513	3,1269		46	59,6871	1,2975	
V21	Genotipo	18	42,8174	2,3787	*	18	171,1054	9,5059	*	18	236,4757	13,1375	*
	Bloque	3	3,5040	1,1680	ns	3	10,0367	3,3456	ns	3	1,6383	0,5461	ns
	Error	53	24,4389	0,4611		54	132,2592	2,4492		51	51,0799	1,0016	
V22	Genotipo	19	10,0566	0,5293	*	19	51,6471	2,7183	*	19	14,7771	0,7777	ns
	Bloque	3	1,2062	0,4021	ns	3	1,0617	0,3539	ns	3	0,3895	0,1298	ns
	Error	55	10,6863	0,1943		51	40,8035	0,8001		55	26,5529	0,4828	
V23	Genotipo	19	23,2106	1,2216	*	19	93,1253	4,9013	*	19	121,0753	6,3724	*
	Bloque	3	3,9088	1,3029	*	3	11,5196	3,8399	ns	3	6,9294	2,3098	ns
	Error	57	12,8058	0,2247		57	110,2457	1,9341		54	61,4859	1,1386	
V24	Genotipo	19	25,1021	1,3212	*	19	209,4031	11,0212	*	17	41,1736	2,4220	*
	Bloque	3	1,5369	0,5123	ns	2	13,1682	6,5841	*	2	1,1862	0,5931	ns
	Error	55	26,2141	0,4766		29	52,2189	1,8007		24	21,0769	0,8782	

*, significativo (P=0,05); ns, no significativo; gl, grados de libertad; SC, suma de cuadrados; CM, cuadrados medios.

Tabla 16: Análisis de varianza de los valores del índice de cosecha (IC), peso de 100 semillas (P100, en g) y granos por vaina (GRV) en los ambientes de Madrid.

		IC				P100				GRV			
Ambiente	Fuente de Variación	**gl**	**SC**	**CM**		**gl**	**SC**	**CM**		gl	**SC**	**CM**	
M1	Genotipo	18	0,2742	0,0152	*	18	1124,6328	62,4796	*	18	23,2976	1,2943	*
	Bloque	3	0,0002	0,0001	ns	3	1,4783	0,4928	ns	3	0,9684	0,3228	ns
	Error	52	0,1553	0,0030		54	105,7615	1,9585		51	16,5523	0,3246	
M2	Genotipo	19	0,2338	0,0123	*	19	753,9737	39,6828	*	19	21,7762	1,1461	*
	Bloque	3	0,0031	0,0010	ns	3	7,6739	2,5580	ns	3	0,6839	0,2280	ns
	Error	55	0,1095	0,0020		55	165,0733	3,0013		54	9,7039	0,1797	
M3	Genotipo	11	0,1586	0,0144	*	11	959,0687	87,1881	*	11	13,1093	1,1918	*
	Bloque	3	0,0050	0,0017	ns	3	5,4086	1,8029	ns	3	0,4922	0,1641	ns
	Error	30	0,0287	0,0010		32	59,6940	1,8654		31	2,7835	0,0898	
M4	Genotipo	11	0,1202	0,0109	*	11	784,2081	71,2916	*	11	17,8225	1,6202	*
	Bloque	3	0,0138	0,0046	ns	3	9,9973	3,3324	ns	3	0,5298	0,1766	ns
	Error	31	0,0684	0,0022		32	85,1430	2,6607		32	7,9340	0,2479	
M5	Genotipo	18	0,7034	0,0391	*	18	1317,0147	73,1675	*	18	28,6050	1,5892	*
	Bloque	3	0,0013	0,0004	ns	3	5,0415	1,6805	ns	3	0,7387	0,2462	ns
	Error	52	0,0471	0,0009		54	64,3192	1,1911		53	5,6255	0,1061	
M6	Genotipo	19	0,6355	0,0334	*	19	1204,3331	63,3860	*	19	28,6852	1,5097	*
	Bloque	3	0,0000	0,0000	ns	3	4,8361	1,6120	ns	3	0,3506	0,1169	ns
	Error	37	0,0784	0,0021		56	72,5864	1,2962		35	5,8575	0,1674	
M7	Genotipo	19	1,3816	0,0727	*	19	1053,1885	55,4310	*	19	56,0807	2,9516	*
	Bloque	3	0,0106	0,0035	ns	3	8,8459	2,9486	ns	3	1,3714	0,4571	ns
	Error	57	0,1394	0,0024		56	185,5464	3,3133		57	10,7961	0,1894	
M8	Genotipo	16	0,3552	0,0222	*	16	1912,9719	119,5607	*	16	22,5895	1,4118	*
	Bloque	3	0,0089	0,0030	ns	3	7,8553	2,6184	ns	3	1,3426	0,4475	ns
	Error	47	0,1081	0,0023		47	131,5098	2,7981		47	16,3186	0,3472	
M9	Genotipo	18	0,3703	0,0206	*	18	1206,2788	67,0155	*	18	18,3880	1,0216	*
	Bloque	3	0,0064	0,0021	ns	3	5,5858	1,8619	ns	3	0,7421	0,2474	ns
	Error	49	0,1306	0,0027		54	125,2100	2,3187		49	13,0963	0,2673	
M10	Genotipo	19	0,0719	0,0038	*	19	603,2995	31,7526	*	19	22,3615	1,1769	*
	Bloque	3	0,0153	0,0051	*	3	11,9540	3,9847	ns	3	0,4529	0,1510	ns
	Error	54	0,0617	0,0011		54	106,4350	1,9710		56	9,3919	0,1677	
M11	Genotipo	19	1,9657	0,1035	*	19	2074,2939	109,1734	*	19	87,2790	4,5936	*
	Bloque	3	0,0056	0,0019	ns	3	4,0830	1,3610	ns	3	0,2327	0,0776	ns
	Error	52	0,0760	0,0015		52	168,4001	3,2385		54	9,5237	0,1764	
M12	Genotipo	16	0,3334	0,0208	*	16	1680,4614	105,0288	*	16	25,4356	1,5897	*
	Bloque	3	0,0126	0,0042	ns	3	8,4805	2,8268	ns	3	1,3998	0,4666	ns
	Error	46	0,0944	0,0021		48	50,8792	1,0600		46	9,3660	0,2036	

*, significativo (P=0,05); ns, no significativo; gl, grados de libertad; SC, suma de cuadrados; CM, cuadrados medios.

Tabla 17: Análisis de varianza de los valores de índice de cosecha (IC), peso de 100 semillas (P100, en g) y granos por vaina (GRV) en los ambientes de Valladolid.

		IC			P100			GRV		
Ambiente	Fuente de Variación	**gl**	**SC**	**CM**	**gl**	**SC**	**CM**	gl	**SC**	**CM**
V13	Genotipo	18	0,1878	0,0104 *	18	1522,8422	84,6023 *	18	29,1610	1,6201 *
	Bloque	3	0,0045	0,0015 ns	3	9,0182	3,0061 ns	3	0,4612	0,1537 ns
	Error	51	0,1316	0,0026	51	145,9871	2,8625	53	13,8314	0,2610
V14	Genotipo	19	0,3936	0,0207 *	19	1853,3944	97,5471 *	19	46,0738	2,4249 *
	Bloque	3	0,0197	0,0066 ns	3	1,0101	0,3367 ns	3	0,8970	0,2990 ns
	Error	52	0,1666	0,0032	57	82,5154	1,4476	51	19,0703	0,3739
V15	Genotipo	19	0,9159	0,0482 *	19	1535,1435	80,7970 *	19	29,8931	1,5733 *
	Bloque	3	0,0158	0,0053 *	3	6,5813	2,1938 ns	3	1,7336	0,5779 ns
	Error	57	0,0748	0,0013	52	187,2436	3,6008	57	16,4651	0,2889
V16	Genotipo	19	0,2383	0,0125 *	19	2156,8412	113,5180 *	19	38,8921	2,0470 *
	Bloque	3	0,0097	0,0032 ns	3	14,9946	4,9982 ns	3	2,9311	0,9770 ns
	Error	53	0,1497	0,0028	52	261,0567	5,0203	52	22,2364	0,4276
V17	Genotipo	18	0,1457	0,0081 *	18	2116,1633	117,5646 *	18	17,6947	0,9830 *
	Bloque	3	0,0018	0,0006 ns	3	3,1740	1,0580 ns	3	0,0242	0,0081 ns
	Error	53	0,0721	0,0014	52	110,9965	2,1345	54	6,4196	0,1189
V18	Genotipo	19	0,5418	0,0285 *	19	1456,4080	76,6531 *	19	23,7601	1,2505 *
	Bloque	3	0,0026	0,0009 ns	3	5,2137	1,7379 *	3	0,0772	0,0257 ns
	Error	52	0,0943	0,0018	57	34,3738	0,6030	55	13,6939	0,2490
V19	Genotipo	19	0,4818	0,0254 *	19	1860,3407	97,9127 *	19	25,5285	1,3436 *
	Bloque	3	0,0100	0,0033 ns	3	5,3753	1,7918 ns	3	0,0670	0,0223 ns
	Error	57	0,1188	0,0021	54	177,4642	3,2864	56	12,7559	0,2278
V20	Genotipo	19	0,9509	0,0500 *	19	2206,1580	116,1136 *	19	36,6683	1,9299 *
	Bloque	3	0,0071	0,0024 ns	3	24,3959	8,1320 ns	3	3,2808	1,0936 *
	Error	55	0,1276	0,0023	55	178,0635	3,2375	55	21,4600	0,3902
V21	Genotipo	18	0,1480	0,0082 *	18	1529,4729	84,9707 *	18	17,3923	0,9662 *
	Bloque	3	0,0023	0,0008 ns	3	2,3283	0,7761 ns	3	0,2419	0,0806 ns
	Error	54	0,0882	0,0016	54	103,8193	1,9226	54	6,7161	0,1244
V22	Genotipo	19	0,5914	0,0311 *	19	1371,3640	72,1771 *	19	28,5006	1,5000 *
	Bloque	3	0,0137	0,0046 ns	3	1,6621	0,5540 ns	3	3,7771	1,2590 *
	Error	48	0,1927	0,0040	57	44,6179	0,7828	52	22,1467	0,4259
V23	Genotipo	19	0,4602	0,0242 *	19	1215,7925	63,9891 *	19	24,3671	1,2825 *
	Bloque	3	0,0036	0,0012 ns	3	7,0943	2,3648 ns	3	0,3114	0,1038 ns
	Error	56	0,0609	0,0011	57	86,6547	1,5203	56	9,8596	0,1761
V24	Genotipo	19	0,2242	0,0118 *	19	1259,9271	66,3120 *	19	29,9135	1,5744 *
	Bloque	2	0,0307	0,0153 *	2	14,7940	7,3970 ns	2	0,1245	0,0622 ns
	Error	28	0,0896	0,0032	25	62,7718	2,5109	28	7,6788	0,2742

*, significativo (P=0,05); ns, no significativo; gl, grados de libertad; SC, suma de cuadrados; CM, cuadrados medios.

Tabla 18: Valores medios de la variable rendimiento en grano (REND, en 10^{-2} g m^{-2}) y medias marginales genotípicas y ambientales (RENDg y RENDa, respectivamente).

	Ambiente																			
Genotipo	**M1**	**M2**	**M5**	**M6**	**M7**	**M9**	**M11**	**V13**	**V14**	**V15**	**V16**	**V17**	**V18**	**V19**	**V20**	**V21**	**V22**	**V23**	**V24**	**RENDg**
AMI	1,18	0,49	3,47	1,60	2,84	1,84	1,60	4,49	1,95	6,16	4,68	5,73	2,43	4,32	4,47	4,55	1,54	3,86	1,93	3,11
BAL	2,54	0,75	4,04	2,16	2,64	2,49	1,99	3,79	2,60	5,75	4,67	4,77	2,24	3,94	5,62	3,63	1,80	4,12	2,57	3,27
CEA	1,44	0,82	2,62	2,17	1,72	1,64	1,57	4,47	1,61	6,77	4,99	4,75	2,20	3,61	4,74	3,70	1,22	3,26	1,98	2,91
DES	1,68	0,43	3,21	2,61	1,70	1,50	1,71	4,62	1,56	7,98	5,32	3,47	1,85	4,00	6,04	4,00	0,61	2,89	2,31	3,02
ESL	1,48	0,50	2,63	1,44	1,79	1,91	1,73	4,20	1,57	6,33	4,70	4,45	2,52	3,56	4,96	4,18	1,29	3,29	2,38	2,89
FRD	1,55	0,71	1,65	2,67	2,11	1,79	1,31	1,93	1,39	3,47	2,60	3,15	1,37	2,66	3,26	3,09	0,67	2,43	1,60	2,07
FRI	1,73	0,43	2,56	2,38	2,15	2,34	1,56	3,63	1,27	5,04	4,16	4,53	1,55	3,10	2,76	3,78	0,66	2,77	1,46	2,52
GLO	1,12	0,57	1,51	1,92	1,08	1,33	1,05	4,42	2,18	4,99	4,85	4,12	2,25	4,39	2,83	3,39	1,17	3,14	2,19	2,55
JI1	0,82	0,35	2,24	1,22	1,77	0,98	1,31	2,45	0,36	3,38	2,82	3,26	1,06	2,82	2,23	2,65	0,43	2,42	1,55	1,79
JI2	0,96	0,04	1,28	0,91	0,57	0,63	0,28	3,16	1,49	4,67	4,79	4,17	1,59	2,78	2,81	3,66	0,99	2,01	2,20	2,05
LE1	0,71	0,29	0,65	0,92	0,24	0,75	0,03	3,23	1,88	5,10	4,64	3,48	1,34	3,99	2,07	4,01	0,78	2,72	3,09	2,10
LE2	1,51	0,31	1,03	0,97	0,37	1,03	0,14	4,03	2,18	6,65	5,83	4,62	1,97	4,22	2,89	3,93	0,92	3,21	2,89	2,56
LV1	1,87	0,70	2,76	2,17	1,46	2,05	1,56	4,95	1,64	6,26	4,76	4,88	2,12	3,68	3,90	4,06	1,19	3,27	1,69	2,89
LV2	1,24	0,20	2,19	2,31	1,11	1,14	1,77	4,31	1,36	6,06	4,25	4,99	1,73	3,95	4,45	4,69	0,82	3,60	1,34	2,71
LV3	1,58	0,58	3,02	2,20	2,32	2,21	1,81	4,04	1,43	6,00	4,34	6,39	2,12	3,36	4,93	4,53	0,75	3,29	1,35	2,96
LV5	1,49	0,35	2,23	2,61	1,69	1,46	1,28	3,99	1,02	5,29	3,42	3,97	1,45	3,74	3,85	4,20	0,72	3,03	1,45	2,48
PRO	1,02	0,21	1,57	1,53	2,41	0,74	1,21	0,79	0,20	1,15	1,42	1,47	0,70	2,59	0,93	1,31	0,48	2,90	0,56	1,22
SOL	1,94	0,57	3,60	2,55	2,36	2,37	1,97	4,24	2,29	5,92	2,88	5,19	2,56	4,19	4,41	4,13	1,17	4,18	1,75	3,07
RENDa	1,43	0,46	2,35	1,91	1,68	1,56	1,33	3,71	1,55	5,39	4,17	4,30	1,83	3,61	3,73	3,75	0,95	3,13	1,90	2,57

Tabla 19: Valores medios de la variable productividad total de biomasa (PT, en 10^{-2} g m^{-2}) y medias marginales genotípicas y ambientales (PTg y PTa, respectivamente).

	Ambiente																			
Genotipo	**M1**	**M2**	**M5**	**M6**	**M7**	**M9**	**M11**	**V13**	**V14**	**V15**	**V16**	**V17**	**V18**	**V19**	**V20**	**V21**	**V22**	**V23**	**V24**	**PTg**
AMI	5,84	2,58	8,58	4,96	6,46	5,14	3,05	10,04	5,09	10,38	7,29	11,30	4,67	5,68	10,78	9,27	3,72	6,64	7,00	6,76
BAL	7,88	3,78	9,10	5,76	5,72	6,70	3,72	10,01	6,00	11,64	9,72	10,90	4,83	7,04	10,01	6,66	3,62	8,51	9,56	7,43
CEA	6,46	3,92	7,64	7,41	4,58	5,45	3,47	9,22	3,96	9,62	10,48	12,63	4,44	8,10	9,74	7,64	3,35	7,06	4,88	6,84
DES	5,46	2,71	5,96	5,97	4,22	4,42	3,28	7,81	5,12	7,82	10,46	6,77	3,66	6,70	10,32	6,38	2,26	5,92	8,12	5,97
ESL	6,21	3,36	7,79	5,58	4,82	5,75	3,64	10,86	4,68	11,01	8,69	11,54	5,61	5,28	9,13	7,37	3,03	6,45	5,19	6,63
FRD	5,23	3,15	5,18	6,20	5,40	5,13	2,84	5,26	4,09	8,88	7,40	6,20	3,35	4,41	7,00	5,63	1,77	4,83	5,07	5,10
FRI	6,25	3,32	7,96	5,40	5,54	6,25	3,00	7,48	3,63	10,99	8,40	9,07	3,63	5,10	7,17	6,11	1,98	6,03	4,89	5,90
GLO	5,29	3,73	6,32	10,02	6,04	4,49	3,83	12,96	7,52	12,07	12,79	9,00	5,63	8,04	9,78	6,42	3,57	8,16	7,55	7,54
JI1	4,00	2,24	5,67	3,79	4,20	3,80	2,55	8,77	3,86	7,78	5,89	3,78	4,08	5,78	6,56	5,70	2,34	6,11	3,25	4,74
JI2	5,79	2,88	6,82	5,78	4,74	3,80	2,86	9,70	6,65	7,02	8,14	6,93	5,14	7,91	12,52	7,28	4,47	4,16	10,60	6,48
LE1	7,70	4,60	5,57	8,03	5,89	3,54	3,78	10,25	5,83	10,82	12,23	8,42	6,30	8,23	16,35	7,57	4,71	7,04	9,76	7,72
LE2	8,80	3,98	6,31	5,50	4,34	4,79	3,36	10,42	6,53	9,69	7,43	11,65	6,04	8,10	12,36	8,50	3,56	7,03	8,89	7,22
LV1	6,88	3,53	7,60	6,16	3,99	5,79	3,56	9,49	4,65	10,61	10,98	9,23	4,92	5,47	9,30	8,06	4,10	6,06	5,95	6,65
LV2	5,96	2,41	7,02	4,96	3,74	4,08	3,93	12,17	3,96	11,38	9,90	8,06	3,24	5,96	6,26	8,67	2,96	6,33	4,44	6,07
LV3	4,98	2,98	7,42	5,28	5,00	5,73	3,28	11,41	3,64	14,04	8,66	10,44	4,15	6,61	8,17	9,12	2,34	6,54	6,18	6,63
LV5	5,19	3,27	5,56	5,40	4,67	4,36	2,54	10,83	4,07	8,92	10,89	8,74	3,19	6,72	7,37	7,63	2,51	5,78	3,79	5,86
PRO	3,61	2,36	3,78	4,25	4,90	2,21	2,39	1,57	4,16	5,84	5,83	4,48	3,14	5,33	2,54	2,52	2,80	5,66	3,21	3,71
SOL	6,61	3,49	8,69	6,14	5,30	6,29	3,60	11,44	4,89	11,45	7,25	9,15	5,10	7,94	10,47	6,97	3,15	6,68	6,79	6,91
PTa	6,01	3,24	6,83	5,92	4,97	4,87	3,26	9,43	4,91	10,00	9,02	8,79	4,51	6,58	9,21	7,08	3,12	6,39	6,39	6,34

Tabla 20: Valores medios de la variable vainas por unidad de superficie (VT, en 10^{-2}Ud m^{-2}) y medias marginales genotípicas y ambientales (VTg y VTa, respectivamente).

	Ambiente																			
Genotipo	**M1**	**M2**	**M5**	**M6**	**M7**	**M9**	**M11**	**V13**	**V14**	**V15**	**V16**	**V17**	**V18**	**V19**	**V20**	**V21**	**V22**	**V23**	**V24**	**VTg**
AMI	3,60	1,49	5,55	2,35	1,80	3,17	0,81	4,82	2,04	7,07	3,05	5,69	2,53	3,06	4,30	5,27	2,36	3,77	3,50	3,49
BAL	6,14	2,93	6,99	2,98	1,91	4,81	1,20	5,18	4,05	8,47	5,18	6,90	2,73	4,45	5,86	3,76	2,24	5,32	5,23	4,54
CEA	4,18	2,78	7,98	5,02	1,70	4,08	1,45	6,12	1,59	7,98	5,70	9,05	3,81	6,91	5,65	5,66	2,95	5,71	3,03	4,81
DES	7,09	3,23	6,50	4,18	2,25	5,22	1,68	4,73	5,15	11,08	7,38	5,42	2,91	5,20	7,78	5,31	2,47	4,83	4,95	5,12
ESL	4,22	2,41	8,36	3,86	2,02	5,48	1,71	10,20	2,07	11,60	5,35	9,56	4,23	4,44	6,86	6,87	2,43	5,86	3,43	5,31
FRD	4,74	3,70	7,88	6,74	2,86	7,74	1,81	5,35	4,48	12,18	6,61	7,15	3,83	5,81	6,89	6,89	2,45	6,33	4,97	5,71
FRI	4,81	3,69	9,83	4,24	2,34	7,39	1,28	5,95	4,85	12,81	5,45	9,23	3,65	5,68	7,73	5,90	2,13	5,18	4,67	5,62
GLO	2,33	3,19	5,26	4,98	2,30	3,98	1,37	7,77	3,99	7,94	5,15	4,21	3,50	5,76	3,95	4,35	2,07	4,61	3,24	4,21
JI1	4,02	2,16	4,65	2,79	1,25	3,37	0,74	5,65	2,96	6,03	3,25	3,76	1,67	4,55	4,46	2,97	1,69	4,78	2,32	3,32
JI2	1,60	0,27	3,83	2,16	0,65	1,49	0,49	4,25	2,21	3,27	2,63	3,97	2,44	3,35	3,42	3,14	1,69	1,50	1,85	2,35
LE1	2,61	1,17	3,01	3,94	0,81	2,42	0,42	5,38	2,66	5,59	5,98	6,19	3,91	5,99	4,83	4,57	1,93	3,42	5,33	3,69
LE2	5,04	0,99	3,98	2,58	0,83	3,16	0,84	7,03	3,78	5,94	4,40	7,37	3,87	5,48	4,62	5,51	2,46	3,57	3,46	3,97
LV1	5,07	2,99	8,27	4,70	1,70	6,02	1,71	8,36	2,53	9,81	6,63	9,07	4,74	5,24	7,15	7,53	3,19	6,15	4,23	5,53
LV2	5,72	3,40	6,74	3,57	1,60	4,07	1,32	7,17	4,88	12,82	5,08	6,21	2,68	5,64	4,25	7,49	2,24	4,82	3,62	4,91
LV3	5,51	3,31	7,48	3,45	2,07	6,33	1,38	7,74	3,66	14,19	4,15	7,89	3,72	5,63	5,02	7,72	2,36	5,80	5,07	5,39
LV5	6,57	2,90	6,33	4,84	2,29	5,58	1,39	8,94	5,53	9,88	7,60	12,27	4,10	9,17	5,98	8,36	2,30	6,65	3,80	6,02
PRO	2,21	2,02	2,36	2,17	1,10	1,53	0,43	0,59	2,20	2,79	2,41	1,87	1,83	2,60	1,20	1,13	1,39	2,92	1,70	1,81
SOL	3,80	3,02	5,96	3,32	1,56	4,28	1,23	5,58	2,79	8,95	4,16	5,23	3,27	4,81	5,20	4,24	2,32	4,29	4,00	4,10
VTa	4,40	2,54	6,16	3,77	1,72	4,45	1,18	6,16	3,41	8,80	5,01	6,72	3,30	5,21	5,28	5,37	2,26	4,75	3,94	4,44

Tabla 21: Valores medios de la variable índice de cosecha (IC) y medias marginales genotípicas y ambientales (ICg y ICa, respectivamente)

	Ambiente																			
Genotipo	**M1**	**M2**	**M5**	**M6**	**M7**	**M9**	**M11**	**V13**	**V14**	**V15**	**V16**	**V17**	**V18**	**V19**	**V20**	**V21**	**V22**	**V23**	**V24**	**ICg**
AMI	0,20	0,19	0,41	0,32	0,43	0,36	0,52	0,44	0,21	0,54	0,42	0,53	0,48	0,50	0,40	0,59	0,44	0,42	0,46	0,41
BAL	0,36	0,19	0,45	0,38	0,46	0,37	0,52	0,43	0,45	0,51	0,47	0,51	0,44	0,45	0,56	0,51	0,49	0,39	0,50	0,44
CEA	0,22	0,19	0,35	0,31	0,37	0,31	0,44	0,48	0,19	0,43	0,49	0,50	0,42	0,46	0,46	0,50	0,40	0,42	0,45	0,39
DES	0,30	0,14	0,44	0,52	0,40	0,38	0,51	0,49	0,31	0,58	0,53	0,59	0,57	0,50	0,50	0,59	0,43	0,45	0,52	0,46
ESL	0,24	0,14	0,34	0,35	0,37	0,34	0,46	0,47	0,19	0,50	0,56	0,53	0,45	0,45	0,53	0,52	0,33	0,42	0,48	0,40
FRD	0,28	0,25	0,31	0,45	0,39	0,41	0,46	0,50	0,20	0,44	0,56	0,52	0,47	0,46	0,45	0,54	0,40	0,35	0,48	0,42
FRI	0,28	0,13	0,32	0,43	0,38	0,38	0,51	0,46	0,18	0,48	0,52	0,51	0,54	0,49	0,45	0,54	0,41	0,39	0,37	0,41
GLO	0,21	0,15	0,21	0,21	0,21	0,30	0,30	0,40	0,25	0,35	0,46	0,47	0,46	0,39	0,30	0,50	0,32	0,26	0,52	0,33
JI1	0,20	0,16	0,35	0,32	0,43	0,26	0,50	0,43	0,16	0,43	0,53	0,42	0,44	0,46	0,40	0,48	0,35	0,34	0,30	0,37
JI2	0,17	0,02	0,19	0,16	0,11	0,17	0,09	0,45	0,22	0,24	0,42	0,51	0,31	0,28	0,28	0,49	0,24	0,22	0,37	0,26
LE1	0,10	0,07	0,12	0,17	0,04	0,20	0,01	0,29	0,23	0,19	0,38	0,48	0,26	0,23	0,16	0,44	0,21	0,22	0,35	0,22
LE2	0,17	0,08	0,16	0,14	0,07	0,22	0,04	0,35	0,33	0,26	0,42	0,49	0,30	0,33	0,27	0,46	0,27	0,25	0,40	0,26
LV1	0,28	0,19	0,36	0,36	0,36	0,36	0,43	0,47	0,24	0,49	0,56	0,51	0,51	0,44	0,50	0,53	0,42	0,45	0,47	0,42
LV2	0,21	0,08	0,31	0,44	0,29	0,26	0,58	0,45	0,18	0,47	0,53	0,56	0,52	0,47	0,54	0,54	0,49	0,37	0,36	0,40
LV3	0,31	0,12	0,41	0,42	0,47	0,38	0,54	0,48	0,28	0,54	0,50	0,58	0,52	0,50	0,57	0,58	0,51	0,44	0,33	0,45
LV5	0,29	0,11	0,40	0,49	0,36	0,33	0,50	0,43	0,23	0,46	0,50	0,55	0,52	0,51	0,48	0,58	0,57	0,40	0,42	0,43
PRO	0,28	0,09	0,42	0,36	0,49	0,39	0,50	0,48	0,11	0,47	0,41	0,48	0,43	0,50	0,37	0,52	0,32	0,43	0,31	0,39
SOL	0,30	0,16	0,42	0,44	0,44	0,39	0,54	0,43	0,35	0,50	0,43	0,57	0,51	0,50	0,47	0,57	0,50	0,43	0,44	0,44
ICa	0,24	0,14	0,33	0,35	0,34	0,32	0,41	0,44	0,24	0,44	0,48	0,52	0,45	0,44	0,43	0,53	0,39	0,37	0,42	0,38

Tabla 22: Valores medios de la variable peso de 100 semillas (P100, en g) y medias marginales genotípicas y ambientales (P100g y P100a, respectivamente).

	Ambiente																			
Genotipo	**M1**	**M2**	**M5**	**M6**	**M7**	**M9**	**M11**	**V13**	**V14**	**V15**	**V16**	**V17**	**V18**	**V19**	**V20**	**V21**	**V22**	**V23**	**V24**	**P100g**
AMI	15,0	17,7	19,0	19,4	17,3	19,1	19,4	22,1	22,5	24,3	32,1	26,6	20,2	22,9	27,8	24,0	20,4	20,5	30,3	22,1
BAL	19,4	17,1	19,8	20,4	20,5	21,2	19,7	22,5	22,9	20,9	28,6	24,9	20,9	24,5	26,8	22,4	20,9	20,9	26,6	22,2
CEA	11,9	11,7	10,7	12,4	10,9	12,0	11,4	14,5	14,4	15,0	18,4	15,8	13,2	14,6	15,4	15,0	11,3	13,4	18,0	13,7
DES	12,4	10,2	11,1	15,7	10,9	12,6	11,2	14,4	12,4	12,9	19,8	15,4	13,7	16,8	16,0	15,2	13,1	12,9	20,8	14,1
ESL	12,1	10,3	11,1	12,2	12,9	10,7	12,6	14,5	13,7	14,8	18,0	16,6	13,0	15,4	15,1	14,8	11,5	13,4	17,0	13,7
FRD	12,3	10,7	8,5	11,5	9,5	11,2	9,9	10,7	11,5	10,8	14,3	11,9	11,3	11,1	12,3	11,7	10,3	9,7	13,8	11,2
FRI	11,3	8,8	8,9	12,5	11,3	11,4	11,8	14,2	11,0	12,9	16,2	14,0	13,0	12,4	12,7	15,1	12,4	11,0	14,6	12,4
GLO	21,0	14,6	16,3	15,5	13,3	17,6	13,2	20,5	21,5	21,7	23,4	24,2	18,1	19,6	20,4	20,7	18,1	17,4	24,8	19,0
JI1	12,9	13,2	14,1	14,6	14,2	14,7	15,6	15,7	14,9	15,3	22,5	15,9	16,7	18,0	18,2	16,6	15,0	14,9	20,8	16,0
JI2	20,6	9,0	15,5	16,5	13,9	16,5	10,7	24,4	22,2	22,8	26,6	25,4	17,5	21,0	21,2	24,3	19,1	18,1	21,7	19,3
LE1	13,2	12,7	11,6	12,3	10,8	15,5	7,1	18,4	14,9	17,0	21,5	20,2	11,5	16,3	16,4	18,1	13,5	17,1	16,2	15,0
LE2	20,4	18,1	18,1	19,1	13,7	21,6	11,6	23,7	26,3	23,4	23,3	27,1	19,0	22,4	20,3	24,7	20,4	22,5	19,4	20,8
LV1	11,9	11,6	11,0	12,8	11,7	11,8	11,9	14,4	14,3	15,7	18,6	15,6	13,3	14,1	16,8	16,0	11,9	13,6	17,1	13,9
LV2	17,1	12,7	14,4	21,2	12,1	17,8	20,0	20,3	18,4	18,3	26,5	21,9	21,4	22,5	22,9	21,3	21,4	17,3	22,6	19,5
LV3	11,9	12,2	12,6	15,3	13,0	13,2	14,7	14,4	13,2	15,8	23,2	17,7	15,9	15,8	19,3	17,2	14,6	15,1	18,0	15,4
LV5	11,7	11,1	9,8	14,7	8,9	11,6	10,0	12,8	12,3	12,8	15,1	12,6	12,1	12,4	12,9	12,5	12,2	11,0	12,8	12,1
PRO	19,9	15,5	22,9	22,8	21,3	21,1	32,6	23,7	18,0	22,1	29,9	25,9	24,6	28,7	27,9	24,4	22,4	23,2	22,5	23,7
SOL	21,6	17,9	19,6	23,5	20,7	23,1	21,2	27,0	24,0	26,0	31,8	29,2	24,5	25,2	29,3	27,2	22,1	20,0	27,1	24,3
P100a	15,4	13,1	14,2	16,2	13,7	15,7	14,7	18,2	17,1	17,9	22,7	20,0	16,7	18,5	19,5	18,9	16,2	16,2	20,2	17,1

Tabla 23: Valores medios de la variable número de granos por vaina (GRV) y medias marginales genotípicas y ambientales (GRVg y GRVa, respectivamente).

	Ambiente																			
Genotipo	**M1**	**M2**	**M5**	**M6**	**M7**	**M9**	**M11**	**V13**	**V14**	**V15**	**V16**	**V17**	**V18**	**V19**	**V20**	**V21**	**V22**	**V23**	**V24**	**GRVg**
AMI	2,11	1,89	3,33	3,70	3,63	3,01	4,18	4,12	4,50	4,31	4,67	4,20	4,86	4,56	5,57	4,50	4,60	4,09	4,53	4,02
BAL	2,14	1,43	2,93	3,60	2,73	2,45	3,17	3,27	3,52	3,93	4,88	3,18	4,40	4,08	4,53	3,32	4,48	3,55	4,45	3,47
CEA	3,41	2,53	3,11	3,66	3,60	3,38	3,73	4,53	5,56	4,18	6,13	4,43	5,10	4,69	5,75	4,52	4,66	4,30	4,77	4,32
DES	2,13	1,17	3,67	4,74	2,80	2,77	3,71	4,75	5,01	5,31	6,03	4,73	5,54	5,33	6,10	4,59	4,97	4,87	6,45	4,45
ESL	2,84	2,23	2,89	3,76	2,83	3,30	3,23	3,99	4,54	4,04	5,40	4,16	4,60	4,33	5,53	3,87	4,11	4,05	4,87	3,92
FRD	1,45	1,67	2,42	3,64	3,19	2,64	3,00	4,23	5,51	4,19	5,40	3,83	3,84	4,44	5,25	3,77	4,13	3,80	4,67	3,74
FRI	3,00	1,33	2,83	4,45	3,36	2,77	4,12	4,18	4,60	3,75	5,73	3,89	4,80	4,03	4,75	3,74	4,33	3,91	4,53	3,90
GLO	2,38	1,27	1,79	2,43	2,08	1,91	1,91	3,35	4,93	3,53	5,05	3,38	4,65	3,85	4,80	3,74	4,23	3,40	5,30	3,37
JI1	1,56	1,17	2,85	2,93	3,95	2,00	4,53	4,09	4,62	4,89	4,80	3,89	5,28	4,45	5,15	4,38	4,74	4,09	3,77	3,85
JI2	2,87	0,73	2,14	2,50	1,87	2,57	1,21	4,15	5,92	3,73	5,55	4,70	5,63	4,55	5,68	4,59	5,45	3,95	5,65	3,86
LE1	2,04	1,95	1,84	2,77	0,98	1,99	0,40	2,94	4,48	3,41	5,43	4,00	4,85	3,99	3,58	3,95	3,59	3,41	4,57	3,17
LE2	1,48	1,80	1,42	1,83	1,07	1,51	0,51	2,16	5,30	2,84	3,90	3,07	3,66	3,03	4,08	2,93	3,82	2,68	4,10	2,69
LV1	3,15	2,01	3,06	3,50	2,95	2,93	3,13	3,74	4,75	4,04	6,03	3,92	4,68	4,44	5,30	3,64	4,68	4,09	4,95	3,94
LV2	1,30	0,46	2,28	2,83	2,19	2,38	2,78	3,41	2,85	2,85	5,03	3,21	4,15	2,90	4,33	3,45	3,66	3,16	3,67	2,99
LV3	2,31	1,21	3,21	4,14	3,58	2,77	3,58	4,33	4,01	4,25	5,88	4,20	4,75	4,78	6,08	4,11	4,00	4,73	4,13	4,00
LV5	1,98	0,88	3,60	3,69	3,33	2,28	3,69	3,99	4,18	3,81	5,90	4,02	3,90	4,41	5,70	4,27	4,18	4,14	5,07	3,84
PRO	2,30	0,68	3,05	3,11	4,11	2,81	3,73	4,71	3,54	5,04	3,87	4,51	4,55	5,01	4,97	4,67	4,75	5,09	1,20	3,77
SOL	2,37	1,06	3,12	3,48	2,96	2,39	3,04	3,56	4,02	3,78	3,80	3,46	3,77	4,19	4,93	3,64	3,58	4,25	4,07	3,44
GRVa	2,27	1,41	2,75	3,37	2,84	2,55	2,98	3,86	4,55	3,99	5,19	3,93	4,61	4,28	5,11	3,98	4,33	3,97	4,49	3,71

3.3. Descomposición del efecto ambiental

3.3.1. Efectos de los factores ambientales sobre el rendimiento y sus componentes

En la tabla 24 aparecen los análisis de varianza de los datos del rendimiento y sus componentes, incorporando la estructura del factor ambiental por partes. Los efectos del genotipo, año, localidad y tratamiento de cultivo resultaron significativos al 5% en todos los análisis, salvo en el caso de la variable P100 para los tratamientos de cultivo. La mayoría de las interacciones resultaron significativas. Uzun y Açikgöz (1998), en ensayos de 6 genotipos de guisante en Turquía durante cuatro años, también encontraron diferencias significativas en el rendimiento y sus componentes asociadas al genotipo, el año, y la fecha de siembra. En los resultados presentados por estos autores las interacciones entre los tres factores fueron significativas para la mayoría de los caracteres medidos.

Dentro del efecto aditivo del ambiente, el factor año es el que mayor porcentaje de suma de cuadrados representa respecto del total en los análisis de las variables REND, PT y VT (tabla 24). Para REND, el factor localidad tiene un porcentaje de suma de cuadrados similar al del factor año, a diferencia de lo observado por Biarnès-Dumoulin *et al*. (1996) en experimentos realizados en Francia, para los que el efecto de la localidad tenía un peso mucho mayor en el rendimiento en grano que el año o la fecha de siembra.

El rendimiento en grano varia mucho más entre las localidades que lo que lo hace la producción total de biomasa y el número de vainas por unidad de superficie. Las mayores producciones de Valladolid, a nivel general, parecen estar asociadas más a unas mejores condiciones climáticas en el llenado del grano que a diferencias en el desarrollo vegetativo de las plantas o al número de vainas producidas por metro cuadrado.

Tabla 24: Análisis de varianza de los valores de rendimiento en grano (REND, en 10^{-2} g m^{-2}), productividad total de biomasa (PT, en 10^{-2} g m^{-2}), vainas por unidad de superficie (VT, en 10^{-2} Ud m^{-2}), índice de cosecha (IC), peso de 100 semillas (P100, en g) y granos por vaina (GRV), descomponiendo el factor ambiental en año, localidad (loc) y tratamiento de cultivo (cult).

	REND			PT			VT		
Fuente de variación	gl	SC	R^2	gl	SC	R^2	gl	SC	R^2
Año	3	602,25 *	17,61	3	1913,62 *	17,75	3	1234,37 *	11,45
Loc	1	575,24 *	16,82	1	779,23 *	7,23	1	604,51 *	5,61
Cult	2	192,78 *	5,64	2	805,91 *	7,48	2	291,47 *	2,70
Genotipo	17	291,95 *	8,54	17	1017,52 *	9,44	17	1271,62 *	11,80
Año*Loc	2	110,59 *	3,23	2	256,16 *	2,38	2	414,87 *	3,85
Año*Cult	6	196,44 *	5,74	6	323,25 *	3,00	6	401,57 *	3,73
Año*Genotipo	51	68,22 *	1,99	51	610,63 *	5,66	51	380,40 *	3,53
Loc*Cult	2	16,33 *	0,48	2	206,03 *	1,91	2	52,06 *	0,48
Loc*Genotipo	17	82,53 *	2,41	17	118,32 *	1,10	17	128,97 *	1,20
Cult*Genotipo	34	68,13 *	1,99	34	122,93 *	1,14	34	124,84 *	1,16
Año*Loc*Cult	2	9,12 *	0,27	2	28,75 *	0,27	2	1,08 ns	0,01
Año*Loc*Genotipo	34	30,16 *	0,88	34	157,72 *	1,46	34	124,76 *	1,16
Año*Cult*Genotipo	102	121,62 *	3,56	102	501,28 *	4,65	100	415,59 *	3,86
Loc*Cult*Genotipo	34	17,12 ns	0,50	34	128,29 *	1,19	34	79,06 *	0,73
Año*Loc*Cult*Genotipo	34	19,36 ns	0,57	34	128,94 *	1,20	34	99,04 *	0,92
Error	987	352,38	10,30	939	1958,57	18,17	915	873,22	8,10
Total	1328	3419,62		1280	10779,26		1254	7647,23	

	IC			P100			GRV		
Fuente de variación	gl	SC	R^2	gl	SC	R^2	gl	SC	R^2
Año	3	1,12 *	4,54	3	1639,12 *	4,56	3	91,42 *	4,45
Loc	1	2,75 *	11,14	1	2260,81 *	6,29	1	606,54 *	29,56
Cult	2	0,99 *	4,01	2	3,79 ns	0,01	2	56,09 *	2,73
Genotipo	17	5,66 *	22,92	17	17919,18 *	49,82	17	211,39 *	10,30
Año*Loc	2	1,14 *	4,62	2	229,98 *	0,64	2	15,23 *	0,74
Año*Cult	6	2,08 *	8,42	6	457,93 *	1,27	6	29,86 *	1,46
Año*Genotipo	51	1,22 *	4,94	51	1246,95 *	3,47	51	88,04 *	4,29
Loc*Cult	2	0,14 *	0,57	2	176,37 *	0,49	2	37,56 *	1,83
Loc*Genotipo	17	0,59 *	2,39	17	700,29 *	1,95	17	47,63 *	2,32
Cult*Genotipo	34	0,36 *	1,46	34	347,46 *	0,97	34	27,11 *	1,32
Año*Loc*Cult	2	0,25 *	1,01	2	443,99 *	1,23	2	28,22 *	1,38
Año*Loc*Genotipo	34	0,25 *	1,01	34	308,68 *	0,86	34	28,59 *	1,39
Año*Cult*Genotipo	102	1,13 *	4,58	102	749,65 *	2,08	102	72,64 *	3,54
Loc*Cult*Genotipo	34	0,13 *	0,53	34	243,81 *	0,68	34	20,99 *	1,02
Año*Loc*Cult*Genotipo	34	0,36 *	1,46	34	436,91 *	1,21	34	13,70 ns	0,67
Error	942	2,08	8,42	968	2307,69	6,42	947	239,90	11,69
Total	1283	24,69		1309	35966,27		1288	2052,12	

*, significativo (P=0,05); ns, no significativo; gl, grados de libertad; R^2, porcentaje de la suma de cuadrados (SC) respecto de la total.

Para Uzun y Açikgöz (1998) la siembra de otoño hace crecer más las plantas formando más vainas y semillas que en la siembra primaveral. Sin embargo, los valores observados de VT en el presente trabajo han estado poco influidos por la fecha de siembra y más por el genotipo o el año (tabla 24).

En los análisis de varianza de IC, P100 y GRV (tabla 24) se aprecian palpables diferencias en cuanto a la importancia relativa de los componentes en que se divide el efecto principal ambiental. En el índice de cosecha el factor localidad tiene mayor porcentaje de la suma de cuadrados respecto del total que la variación anual y los tratamientos de cultivo. Frente a las condiciones de secano, el riego va a producir un incremento en peso similar tanto del grano como de la paja.

La variabilidad detectada en los pesos de 100 semillas se debe principalmente al genotipo. Mientras el efecto ambiental representa en conjunto menos del 15% de la suma de cuadrados total del ANOVA (tabla 24), el efecto principal genotípico explica cerca del 50%. El peso del grano no se ha visto afectado significativamente (P=0,05) por el tratamiento de cultivo, y sí por los factores año y localidad. Estos dos últimos factores explican un porcentaje similar de la variación detectada.

Como en el caso del índice de cosecha, la variación en el número de granos por vaina está en gran parte explicada por el factor localidad, que representa mayor porcentaje de suma de cuadrados que el efecto genotípico. Las interacciones que alcanzan mayor significación en el análisis de los valores de GRV son año x genotipo y año x tratamiento de cultivo x genotipo (tabla 24).

La estructura del efecto ambiental sobre el rendimiento y sus componentes se analiza dentro de cada localidad en las tablas 25 y 26, dentro de cada tratamiento de cultivo en las tablas 27, 28 y 29, y dentro de cada año en las tablas 30, 31, 32 y 33.

Los análisis de varianza de los valores de REND, PT, IC, P100 y GRV para los ambientes de Valladolid fueron siempre significativos (P<0,05) para las fuentes de variación tratamiento de cultivo, año x tratamiento de cultivo, genotipo, y las demás interacciones. La única excepción fue el caso de GRV, cuyo ANOVA no resultó significativo al 5% para el factor año (tabla 25). En el caso de los ambientes de Madrid los análisis fueron significativos (P<0,05) para la totalidad de los factores.

Tabla 25: Análisis de varianza de los valores de rendimiento en grano (REND, en 10^{-2} g m^{-2}), productividad total de biomasa (PT, en 10^{-2} g m^{-2}), vainas por unidad de superficie (VT, en 10^{-2} Ud m^{-2}), índice de cosecha (IC), peso de 100 semillas (P100, en g) y granos por vaina (GRV) obtenidos en Madrid, descomponiendo el factor ambiental en año y tratamiento de cultivo (cult).

	REND			PT			VT		
Fuente de Variación	gl	SC	R^2	gl	SC	R^2	gl	SC	R^2
Año	2	44,15 *	9,77	2	458,81 *	25,63	2	1230,82 *	52,34
Cult	2	115,39 *	25,54	2	427,26 *	23,87	2	164,14 *	6,98
Año*Cult	2	12,82 *	2,84	2	66,07 *	3,69	2	23,69 *	1,01
Genotipo	19	105,98 *	23,46	19	195,75 *	10,93	19	419,80 *	17,85
Año*Genotipo	37	25,28 *	5,60	37	153,91 *	8,60	37	178,15 *	7,57
Cult*Genotipo	38	20,35 *	4,50	38	73,81 *	4,12	38	93,34 *	3,97
Año*Cult*Genotipo	36	18,58 *	4,11	36	72,79 *	4,07	36	69,60 *	2,96
Error	406	93,21	20,63	385	379,89	21,22	385	210,03	8,93
Total	542	451,82		521	1790,25		521	2351,47	

	IC			P100			GRV		
Fuente de Variación	gl	SC	R^2	gl	SC	R^2	gl	SC	R^2
Año	2	0,22 *	2,11	2	131,71 *	1,29	2	0,43 *	0,08
Cult	2	1,55 *	14,83	2	140,46 *	1,37	2	102,77 *	19,27
Año*Cult	2	0,54 *	5,17	2	365,22 *	3,57	2	46,81 *	8,78
Genotipo	19	3,74 *	35,79	19	6744,52 *	65,91	19	130,32 *	24,43
Año*Genotipo	37	0,67 *	6,41	37	751,66 *	7,35	37	45,30 *	8,49
Cult*Genotipo	38	0,33 *	3,16	38	344,72 *	3,37	38	34,59 *	6,49
Año*Cult*Genotipo	36	0,44 *	4,21	36	545,91 *	5,34	36	23,86 *	4,47
Error	375	0,76	7,27	402	924,44	9,03	374	76,24	14,29
Total	511	10,45		538	10232,43		510	533,37	

*, significativo (P=0,05); ns, no significativo; gl, grados de libertad; R^2, porcentaje de la suma de cuadrados (SC) respecto de la total.

Tabla 26: Análisis de varianza de los valores de rendimiento en grano (REND, en 10^{-2} g m^{-2}), productividad total de biomasa (PT, en 10^{-2} g m^{-2}), vainas por unidad de superficie (VT, en 10^{-2} Ud m^{-2}), índice de cosecha (IC), peso de 100 semillas (P100, en g) y granos por vaina (GRV) obtenidos en Valladolid, descomponiendo el factor ambiental en año y tratamiento de cultivo (cult).

	REND			PT			VT		
Fuente de Variación	gl	SC	R^2	gl	SC	R^2	gl	SC	R^2
Año	3	1019,93 *	40,67	3	2758,33 *	32,00	3	1577,64 *	29,96
Cult	2	289,10 *	11,53	2	925,97 *	10,74	2	433,14 *	8,23
Año*Cult	6	232,80 *	9,28	6	358,81 *	4,16	6	449,41 *	8,53
Genotipo	19	391,09 *	15,60	19	1212,48 *	14,06	19	1186,24 *	22,53
Año*Genotipo	56	91,52 *	3,65	56	715,52 *	8,30	56	450,37 *	8,55
Cult*Genotipo	38	95,53 *	3,81	38	271,17 *	3,15	38	188,05 *	3,57
Año*Cult*Genotipo	112	158,81 *	6,33	112	616,17 *	7,15	112	503,15 *	9,56
Error	670	304,48	12,14	639	1712,63	19,87	611	712,46	13,53
Total	906	2507,78		875	8620,96		845	5265,72	

	IC			P100			GRV		
Fuente de Variación	gl	SC	R^2	gl	SC	R^2	gl	SC	R^2
Año	3	2,05 *	17,75	3	2226,32 *	9,06	3	118,54 *	16,74
Cult	2	0,66 *	5,71	2	167,45 *	0,68	2	16,51 *	2,33
Año*Cult	6	1,99 *	17,23	6	624,59 *	2,54	6	15,59 *	2,20
Genotipo	19	2,71 *	23,46	19	17377,59 *	70,71	19	163,25 *	23,05
Año*Genotipo	56	0,88 *	7,62	56	898,38 *	3,66	56	89,43 *	12,63
Cult*Genotipo	38	0,28 *	2,42	38	347,18 *	1,41	38	21,27 *	3,00
Año*Cult*Genotipo	112	1,28 *	11,08	112	663,82 *	2,70	112	74,30 *	10,49
Error	651	1,49	12,90	658	1571,21	6,39	658	186,26	26,30
Total	887	11,55		894	24574,48		894	708,26	

*, significativo (P=0,05); ns, no significativo; gl, grados de libertad; R^2, porcentaje de la suma de cuadrados (SC) respecto de la total.

En el análisis del rendimiento en grano en los ambientes de Madrid (tabla 25) el porcentaje de variación explicada por el tratamiento de cultivo y el genotipo representa casi el 50%. Sin embargo, en el análisis de los ambientes de Valladolid (tabla 26) es el factor año el que representa el mayor porcentaje (40% de la suma de cuadrados total). En los análisis por localidades tuvo un mayor peso en la suma de cuadrado total las interacciones año x genotipo que tratamiento de cultivo x genotipo y tratamiento de cultivo x año.

Por tratamientos de cultivo, el efecto del año y localidad resultó significativo en todos los casos, al igual que la mayoría de las interacciones consideradas (tablas 27, 28, y 29). Observando los análisis de varianza de las variables de rendimiento en los ambientes de secano (OS y PS) se comprueba cómo el factor que explica la mayor parte de la variación, excepción hecha del peso de 100 semillas, es el año, seguido de la localidad. La disponibilidad de agua en secano es el principal factor determinante del rendimiento. Las medias del año 1995 son netamente inferiores a las de los otros años.

Tabla 27: Análisis de varianza de los valores de rendimiento en grano (REND, en 10^{-2} g m^{-2}), productividad total de biomasa (PT, en 10^{-2} g m^{-2}), vainas por unidad de superficie (VT, en 10^{-2}Ud m^{-2}), índice de cosecha (IC), peso de 100 semillas (P100, en g) y granos por vaina (GRV) obtenidos en los ambientes de otoño-secano, descomponiendo el factor ambiental en año y localidad (loc).

	REND			PT			VT		
Fuente de Variación	gl	SC	R^2	gl	SC	R^2	gl	SC	R^2
Año	3	595,44 *	32,37	3	1539,41 *	30,29	3	1254,61 *	36,07
Loc	1	203,37 *	11,06	1	455,58 *	8,97	1	118,63 *	3,41
Año*Loc	1	24,05 *	1,31	1	52,90 *	1,04	1	12,87 *	0,37
Genotipo	19	159,32 *	8,66	19	457,55 *	9,00	19	799,72 *	22,99
Año*Genotipo	57	78,12 *	4,25	57	465,45 *	9,16	57	483,42 *	13,90
Loc*Genotipo	19	30,04 *	1,63	19	135,51 *	2,67	19	74,45 *	2,14
Año*Loc*Genotipo	17	12,54 *	0,68	17	100,80 *	1,98	17	96,94 *	2,79
Error	334	128,93	7,01	333	877,35	17,27	321	350,92	10,09
Total	451	1839,24		450	5081,66		438	3477,83	
	IC			P100			GRV		
Fuente de Variación	gl	SC	R^2	gl	SC	R^2	gl	SC	R^2
Año	3	2,83 *	26,35	3	1696,90 *	12,41	3	65,09 *	6,17
Loc	1	1,50 *	13,97	1	834,21 *	6,10	1	370,41 *	35,10
Año*Loc	1	0,15 *	1,40	1	24,98 *	0,18	1	40,36 *	3,82
Genotipo	19	1,04 *	9,68	19	6373,02 *	46,62	19	64,60 *	6,12
Año*Genotipo	57	0,95 *	8,85	57	715,28 *	5,23	57	75,08 *	7,12
Loc*Genotipo	19	0,12 *	1,12	19	286,93 *	2,10	19	21,98 *	2,08
Año*Loc*Genotipo	17	0,25 *	2,33	17	164,33 *	1,20	17	13,85 *	1,31
Error	338	0,84	7,82	339	988,39	7,23	336	105,53	10,00
Total	455	10,74		456	13671,42		453	1055,17	

*, significativo (P=0,05); ns, no significativo; gl, grados de libertad; R^2, porcentaje de la suma de cuadrados (SC) respecto de la total.

Tabla 28: Análisis de varianza de los valores de rendimiento en grano (REND, en 10^{-2} g m^{-2}), productividad total de biomasa (PT, en 10^{-2} g m^{-2}), vainas por unidad de superficie (VT, en 10^{-2}Ud m^{-2}), índice de cosecha (IC), peso de 100 semillas (P100, en g) y granos por vaina (GRV) obtenidos en las condiciones de primavera-regadío, descomponiendo el factor ambiental en año y localidad (loc).

	REND			PT			VT		
Fuente de Variación	gl	SC	R^2	gl	SC	R^2	gl	SC	R^2
Año	3	203,88 *	18,34	3	978,98 *	26,42	3	780,54 *	29,03
Loc	1	170,09 *	15,30	1	62,40 *	1,68	1	142,80 *	5,31
Año*Loc	2	101,09 *	9,09	2	237,89 *	6,42	2	298,24 *	11,09
Genotipo	19	235,23 *	21,16	19	626,87 *	16,91	19	613,61 *	22,82
Año*Genotipo	57	119,92 *	10,79	57	504,91 *	13,62	57	306,43 *	11,40
Loc*Genotipo	19	58,22 *	5,24	19	99,53 *	2,69	19	112,59 *	4,19
Año*Loc*Genotipo	36	28,27 *	2,54	36	133,78 *	3,61	36	75,26 *	2,80
Error	395	161,62	8,79	374	776,91	20,96	365	373,19	13,88
Total	532	1111,64		511	3706,04		502	2689,16	
	IC			P100			GRV		
Fuente de Variación	gl	SC	R^2	gl	SC	R^2	gl	SC	R^2
Año	3	0,19 *	2,47	3	151,46 *	1,02	3	74,31 *	11,13
Loc	1	1,75 *	22,79	1	1573,59 *	10,61	1	167,03 *	25,02
Año*Loc	2	0,16 *	2,08	2	638,37 *	4,31	2	1,73 *	0,26
Genotipo	19	3,69 *	48,05	19	9561,66 *	64,48	19	131,78 *	19,74
Año*Genotipo	57	0,67 *	8,72	57	574,55 *	3,87	57	35,45 *	5,31
Loc*Genotipo	19	0,34 *	4,43	19	240,83 *	1,62	19	34,73 *	5,20
Año*Loc*Genotipo	36	0,16 *	2,08	36	244,52 *	1,65	36	14,63 *	2,19
Error	384	0,71	9,24	405	880,23	5,94	386	82,52	12,36
Total	521	7,68		542	14828,46		523	667,63	

*, significativo (P=0,05); ns, no significativo; gl, grados de libertad; R^2, porcentaje de la suma de cuadrados (SC) respecto de la total.

Tabla 29: Análisis de varianza de los valores de rendimiento en grano (REND, en 10^{-2} g m^{-2}), productividad total de biomasa (PT, en 10^{-2} g m^{-2}), vainas por unidad de superficie (VT, en 10^{-2}Ud m^{-2}), índice de cosecha (IC), peso de 100 semillas (P100, en g) y granos por vaina (GRV) obtenidos en las condiciones de primavera-secano, descomponiendo el factor ambiental en año y localidad (loc).

	REND			PT			VT		
Fuente de Variación	gl	SC	R^2	gl	SC	R^2	gl	SC	R^2
Año	3	363,05 *	50,91	3	823,82 *	37,34	3	674,54 *	36,50
Loc	1	277,89 *	38,97	1	562,54 *	25,50	1	372,43 *	20,15
Año*Loc	1	2,52 *	0,35	1	15,03 *	0,68	1	121,91 *	6,60
Genotipo	19	49,49 *	6,94	19	217,40 *	9,85	19	251,77 *	13,62
Año*Genotipo	57	46,90 *	6,58	57	286,07 *	12,97	57	187,32 *	10,14
Loc*Genotipo	19	22,23 *	3,12	19	49,74 *	2,25	19	46,94 *	2,54
Año*Loc*Genotipo	17	9,66 *	1,35	17	57,25 *	2,59	17	51,83 *	2,80
Error	347	107,15	15,02	317	438,27	19,86	310	198,38	10,74
Total	464	713,15		434	2206,47		425	1847,89	
	IC			P100			GRV		
Fuente de Variación	gl	SC	R^2	gl	SC	R^2	gl	SC	R^2
Año	3	0,21 *	3,30	3	772,58 *	7,29	3	14,16 *	3,32
Loc	1	0,39 *	6,12	1	403,11 *	3,81	1	98,66 *	23,11
Año*Loc	1	1,06 *	16,64	1	52,43 *	0,49	1	3,27 *	0,77
Genotipo	19	1,96 *	30,77	19	5904,74 *	55,74	19	70,21 *	16,44
Año*Genotipo	57	1,03 *	16,17	57	857,07 *	8,09	57	75,01 *	17,57
Loc*Genotipo	19	0,34 *	5,34	19	431,76 *	4,08	19	22,69 *	5,31
Año*Loc*Genotipo	17	0,20 *	3,14	17	339,42 *	3,20	17	14,45 *	3,38
Error	304	0,70	10,99	316	627,02	5,92	310		72,60
Total	421	6,37		433	10593,32		427		

*, significativo (P=0,05); ns, no significativo; gl, grados de libertad; R^2, porcentaje de la suma de cuadrados (SC) respecto de la total.

En los ambientes de regadío (tabla 28), el genotipo adquiere una importancia relativa en la explicación de la variación observada mayor que en los ambientes de secano, representando su suma de cuadrados un porcentaje respecto al total superior al 16% en todas las variables estudiadas. Las condiciones de estrés hídrico en los ambientes de secano estudiados han dificultado la expresión de la variabilidad genotípica.

Se detectó un efecto mayor de la interacción año x genotipo en los ANOVA del rendimiento en grano correspondientes a los ambientes de siembra en primavera. Estos resultados son distintos a los observados en trigo y maíz por Annicchiarico (1997b), en los cuales la varianza de la interacción genotipo x localidad tiende a ser más alta que la de año x genotipo. La suma de cuadrados de la interacción triple genotipo x localidad x año fue baja, no superando en ninguno de los tratamientos de cultivo el 3,6% de la suma total. Cuando esta interacción triple tiene un peso relativo importante en la suma de cuadrados total, la selección de genotipos y la recomendación de variedades es poco generalizable para distintas localidades y años.

Los análisis de varianza por año de cultivo (tablas 30 a 33) fueron significativos al 5% para la mayoría de las fuentes de variación consideradas. El factor localidad no influyó (P=0,05) en las medias de producción total de biomasa en el año 1995. Tampoco lo hizo el factor condición de cultivo en el número de granos por vaina el año 1996. La mayor parte de las interacciones dobles y triples fueron significativas al 5%.

En 1994, la localidad explica el 47% de la variación en los valores del rendimiento en grano, y el genotipo tan solo el 19% (tabla 30). En 1995 y en 1997 (considerando únicamente los ambientes de Valladolid), el tratamiento de cultivo destaca sobre las demás factores explicativos. En el año 1995, la suma de cuadrados residual representa el 26% de la total. En 1996, la localidad, el tratamiento de cultivo y el genotipo son, por este orden, los factores a los que corresponde un porcentaje mayor de suma de cuadrados. El efecto combinado de la localidad y el tratamiento de cultivo sobre REND, PT y VT fue muy significativo, superando en 1996 a la influencia del genotipo (tabla 32).

Tabla 30: Análisis de varianza de los valores de rendimiento en grano (REND, en 10^{-2} g m^{-2}), productividad total de biomasa (PT, en 10^{-2} g m^{-2}), vainas por unidad de superficie (VT, en 10^{-2}Ud m^{-2}), índice de cosecha (IC), peso de 100 semillas (P100, en g) y granos por vaina (GRV) obtenidos en 1994, descomponiendo el factor ambiental en localidad (loc) y tratamiento de cultivo (cult).

	REND			PT			VT		
Fuente de Variación	gl	SC	R^2	gl	SC	R^2	gl	SC	R^2
Loc	1	456,24 *	46,93	1	656,92 *	21,46	1	112,70 *	5,47
Cult	2	57,17 *	5,88	2	331,40 *	10,83	2	163,29 *	7,93
Loc*Cult	2	1,76 *	0,18	2	41,02 *	1,34	2	23,49 *	1,14
Genotipo	19	183,02 *	18,82	19	823,08 *	26,89	19	1091,54 *	53,00
Loc*Genotipo	17	64,11 *	6,59	17	192,41 *	6,29	17	175,59 *	8,53
Cult*Genotipo	38	31,80 *	3,27	38	172,52 *	5,64	38	152,61 *	7,41
Loc*Cult*Genotipo	34	19,95 *	2,05	34	175,40 *	5,73	34	117,61 *	5,71
Error	318	148,13	8,05	326	698,18	22,81	311	295,57	14,35
Total	431	972,27		439	3060,58		424	2059,41	
	IC			P100			GRV		
Fuente de Variación	gl	SC	R^2	gl	SC	R^2	gl	SC	R^2
Loc	1	4,00 *	52,29	1	1705,88 *	15,25	1	204,51 *	47,06
Cult	2	0,72 *	9,41	2	25,82 *	0,23	2	7,59 *	1,75
Loc*Cult	2	0,01 *	0,13	2	190,57 *	1,70	2	3,07 *	0,71
Genotipo	19	1,20 *	15,69	19	8163,86 *	72,98	19	82,95 *	19,09
Loc*Genotipo	17	0,25 *	3,27	17	285,48 *	2,55	17	16,09 *	3,70
Cult*Genotipo	38	0,23 *	3,01	38	231,64 *	2,07	38	13,43 *	3,09
Loc*Cult*Genotipo	34	0,17 *	2,22	34	141,24 *	1,26	34	20,39 *	4,69
Error	329	0,64	8,37	337	682,72	6,10	332	65,42	15,05
Total	442	7,65		450	11185,95		445	434,61	

*, significativo (P=0,05); ns, no significativo; gl, grados de libertad; R^2, porcentaje de la suma de cuadrados (SC) respecto de la total.

Tabla 31: Análisis de varianza de los valores de rendimiento en grano (REND, en 10^{-2} g m^{-2}), productividad total de biomasa (PT, en 10^{-2} g m^{-2}), vainas por unidad de superficie (VT, en 10^{-2}Ud m^{-2}), índice de cosecha (IC), peso de 100 semillas (P100, en g) y granos por vaina (GRV) obtenidos en 1995, descomponiendo el factor ambiental en localidad (loc) y tratamiento de cultivo (cult).

	REND			PT			VT		
Fuente de Variación	gl	SC	R^2	gl	SC	R^2	gl	SC	R^2
Loc	1	20,30 *	7,02	1	0,97 ns	0,09	1	3,17 *	0,49
Cult	2	94,00 *	32,50	2	227,14 *	21,63	2	85,02 *	13,15
Loc*Cult	1	27,74 *	9,59	1	161,87 *	15,42	1	30,75 *	4,76
Genotipo	19	34,22 *	11,83	19	193,76 *	18,45	19	156,13 *	24,15
Loc*Genotipo	19	22,05 *	7,62	19	49,97 *	4,76	19	35,02 *	5,42
Cult*Genotipo	38	14,27 *	4,93	38	43,06 ns	4,10	38	87,10 *	13,47
Loc*Cult*Genotipo	19	6,20 ns	2,14	19	39,46 *	3,76	19	30,56 *	4,73
Error	296	76,02	26,28	267	314,90	29,99	275	198,66	30,72
Total	395	289,23		366	1049,91		374	646,63	
	IC			P100			GRV		
Fuente de Variación	gl	SC	R^2	gl	SC	R^2	gl	SC	R^2
Loc	1	0,71 *	8,84	1	378,89 *	4,86	1	308,39 *	40,61
Cult	2	3,30 *	41,10	2	192,95 *	2,47	2	93,16 *	12,27
Loc*Cult	1	0,01 ns	0,12	1	239,97 *	3,08	1	59,37 *	7,82
Genotipo	19	1,31 *	16,31	19	5212,39 *	66,85	19	43,98 *	5,79
Loc*Genotipo	19	0,19 *	2,37	19	219,35 *	2,81	19	27,80 *	3,66
Cult*Genotipo	38	0,75 *	9,34	38	517,79 *	6,64	38	52,02 *	6,85
Loc*Cult*Genotipo	19	0,17 *	2,12	19	156,76 *	2,01	19	11,19 *	1,47
Error	259	0,68	8,47	297	419,56	5,38	262	76,26	10,04
Total	358	8.03		396	7796,67		361	759,40	

*, significativo (P=0,05); ns, no significativo; gl, grados de libertad; R^2, porcentaje de la suma de cuadrados (SC) respecto de la total.

Tabla 32: Análisis de varianza de los valores de rendimiento en grano (REND, en 10^{-2} g m^{-2}), productividad total de biomasa (PT, en 10^{-2} g m^{-2}), vainas por unidad de superficie (VT, en 10^{-2}Ud m^{-2}), índice de cosecha (IC), peso de 100 semillas (P100, en g) y granos por vaina (GRV) obtenidos en 1996, descomponiendo el factor ambiental en localidad (loc) y tratamiento de cultivo (cult).

	REND			PT			VT		
Fuente de Variación	gl	SC	R^2	gl	SC	R^2	gl	SC	R^2
Loc	1	260,84 *	23,55	1	487,74 *	16,10	1	969,59 *	25,50
Cult	2	224,11 *	20,23	2	684,58 *	22,59	2	722,09 *	18,99
Loc*Cult	1	0,56 ns	0,05	1	43,77 *	1,44	1	0,41 ns	0,01
Genotipo	19	120,38 *	10,87	19	237,29 *	7,83	19	561,21 *	14,76
Loc*Genotipo	19	36,91 *	3,33	19	78,75 *	2,60	19	64,50 *	1,70
Cult*Genotipo	38	73,53 *	6,64	38	191,81 *	6,33	38	343,30 *	9,03
Loc*Cult*Genotipo	19	10,67 *	0,96	19	47,38 ns	1,56	19	29,60 *	0,78
Error	287	74,44	6,72	288	534,79	17,65	279	246,28	6,48
Total	386	1107,80		387	3030,21		378	3801,86	
	IC			P100			GRV		
Fuente de Variación	gl	SC	R^2	gl	SC	R^2	gl	SC	R^2
Loc	1	0,04 *	0,62	1	770,50 *	7,74	1	110,14 *	27,08
Cult	2	0,09 *	1,40	2	52,56 *	0,53	2	1,25 ns	0,31
Loc*Cult	1	0,44 *	6,85	1	220,27 *	2,21	1	4,64 *	1,14
Genotipo	19	4,70 *	73,21	19	5836,53 *	58,64	19	175,98 *	43,27
Loc*Genotipo	19	0,50 *	7,79	19	505,62 *	5,08	19	39,91 *	9,81
Cult*Genotipo	38	0,18 *	2,80	38	283,34 *	2,85	38	10,12 ns	2,49
Loc*Cult*Genotipo	19	0,14 *	2,18	19	393,70 *	3,96	19	4,43 ns	1,09
Error	294	0,52	8,10	286	837,29	8,41	295	63,12	15,52
Total	393	6,42		385	9952,80		394	406,68	

*, significativo (P=0,05); ns, no significativo; gl, grados de libertad; R^2, porcentaje de la suma de cuadrados (SC) respecto de la total.

Tabla 33: Análisis de varianza de los valores de rendimiento en grano (REND, en 10^{-2} g m^{-2}), productividad total de biomasa (PT, en 10^{-2} g m^{-2}), vainas por unidad de superficie (VT, en 10^{-2}Ud m^{-2}), índice de cosecha (IC), peso de 100 semillas (P100, en g) y granos por vaina (GRV) obtenidos en 1997, descomponiendo el factor ambiental en localidad (loc) y tratamiento de cultivo (cult).

	REND			PT			VT		
Fuente de Variación	gl	SC	R^2	gl	SC	R^2	gl	SC	R^2
Cult	2	244,47 *	39,67	2	266,20 *	13,81	2	42,95 *	6,98
Genotipo	19	145,45 *	23,60	19	685,08 *	35,55	19	235,31 *	38,25
Cult*Genotipo	38	130,24 *	21,14	38	369,55 *	19,18	38	85,83 *	13,95
Error	175	99,11	16,08	143	544,65	28,26	131	181,98	29,58
Total	234	616,20		202	1926,98		188	615,20	
	IC			P100			GRV		
Fuente de Variación	gl	SC	R^2	gl	SC	R^2	gl	SC	R^2
Cult	2	0,09 *	4,64	2	403,68 *	6,15	2	16,79 *	9,37
Genotipo	19	0,69 *	35,57	19	4938,50 *	75,25	19	66,80 *	37,29
Cult*Genotipo	38	0,62 *	31,96	38	182,73 ns	2,78	38	38,69 *	21,60
Error	144	0,41	21,13	140	556,08	8,47	143	57,71	32,21
Total	203	1,94		199	6562,45		202	179,16	

*, significativo (P=0,05); ns, no significativo; gl, grados de libertad; R^2, porcentaje de la suma de cuadrados (SC) respecto de la total

Las interacciones de segundo y tercer orden entre los factores considerados en los ANOVA comentados en este apartado fueron en la mayor parte de los casos significativas (P<0,05), pero su repercusión en la suma de cuadrados total

fue inferior a la que tuvieron los efectos principales. Tanto en los análisis por localidades como por tratamientos de cultivo la interacción de segundo orden de mayor peso fue la de año x genotipo.

3.3.2. Comparación de las medias de rendimiento en grano en distintos ambientes

En las figuras 25 a 30 se muestran los datos medios de la variable REND medidos en cada genotipo, en función de la localidad, el año y el tratamiento de cultivo.

Las líneas representadas en la figura 25 reflejan la apreciable diferencia que separa los rendimientos en grano obtenidos en Madrid y en Valladolid, estando siempre por encima los valores de esta última localidad. Existen, no obstante, interacciones genotipo x localidad de tipo cuantitativo (Lin y Binns, 1988). Por ejemplo, la variedad Fride y la línea de mejora JI1 tienen en Valladolid un rendimiento bajo frente al resto de genotipos, mientras en Madrid no se aprecian diferencias en este sentido.

Las medias anuales del rendimiento para cada genotipo (figura 26) muestran cómo en la campaña de 1995 se obtuvieron unos valores extraordinariamente bajos, consecuencia de las heladas tardías y del fuerte estrés hídrico que tuvieron lugar en el ciclo de cultivo. En el resto de los años se produce un comportamiento parecido de parte del material vegetal, pero existen numerosos casos de interacción de tipo cualitativo genotipo x año (cruces entre las líneas representadas en la figura 26). Genotipos que tuvieron un rendimiento elevado una campaña, no destacan en la campaña siguiente. Por otra parte, años excepcionalmente buenos para algunos genotipos (por ejemplo, 1997 para JI2, LE1 y LE2) no alteran la respuesta productiva de otros materiales.

Respecto a las medias de rendimiento por tratamientos de cultivo, las condiciones más desfavorables se dan en la siembra en primavera en cultivo en secano (figura 27). Las otras dos situaciones tienen interacción cualitativa con el

genotipo. Para un grupo amplio de líneas el rendimiento es mucho mayor en regadío, pero existen otros que no muestran diferencias productivas entre otoño-secano y primavera-regadío. Algunos genotipos, como GLO y LE1, tienen incluso mayor rendimiento en secano (si se siembran en otoño) que en regadío. Se trata de materiales de gran desarrollo vegetativo, y de un marcado carácter tardío.

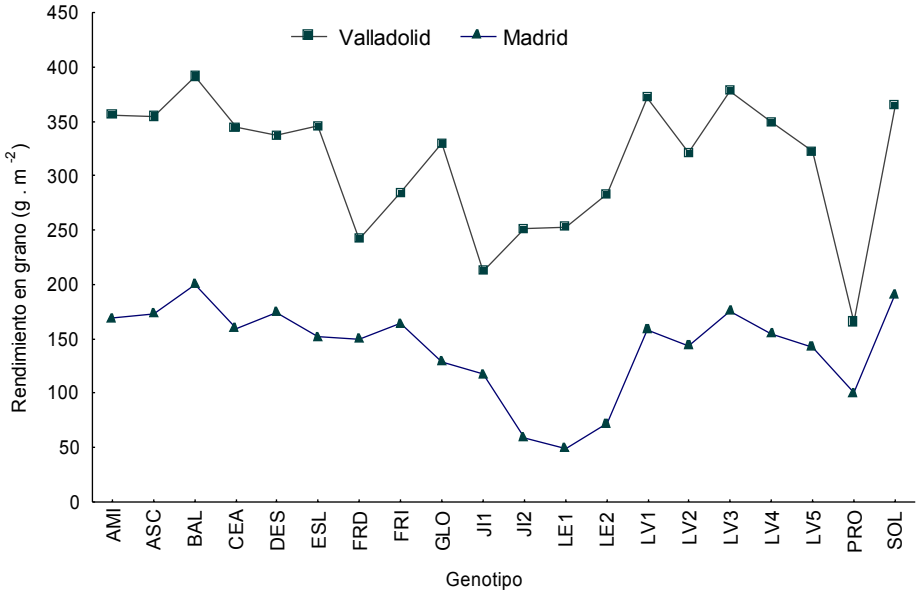


Figura 25. Medias del rendimiento en grano (g m^{-2}) para cada genotipo en Madrid y Valladolid.

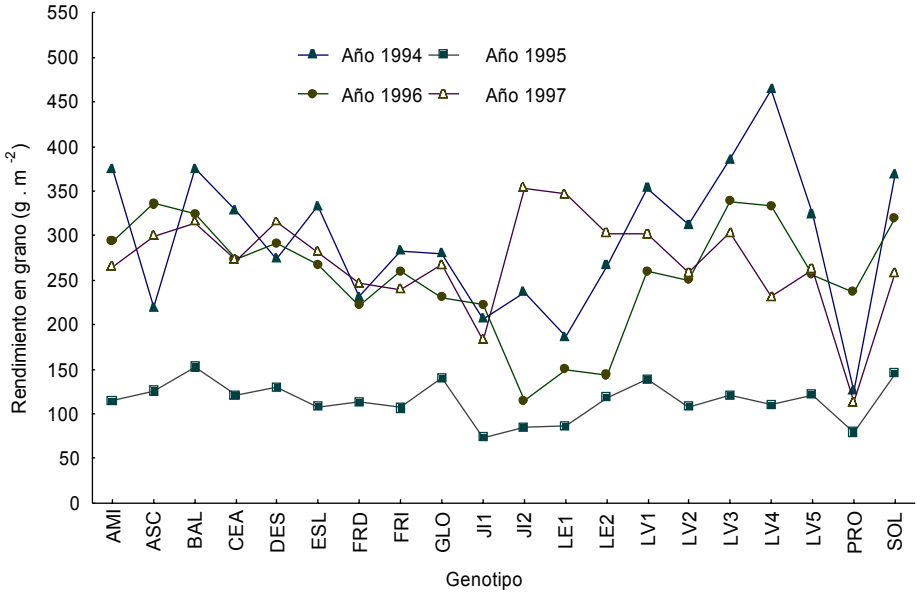


Figura 26. Medias del rendimiento en grano (g m^{-2}) para cada genotipo en cada año de ensayo.

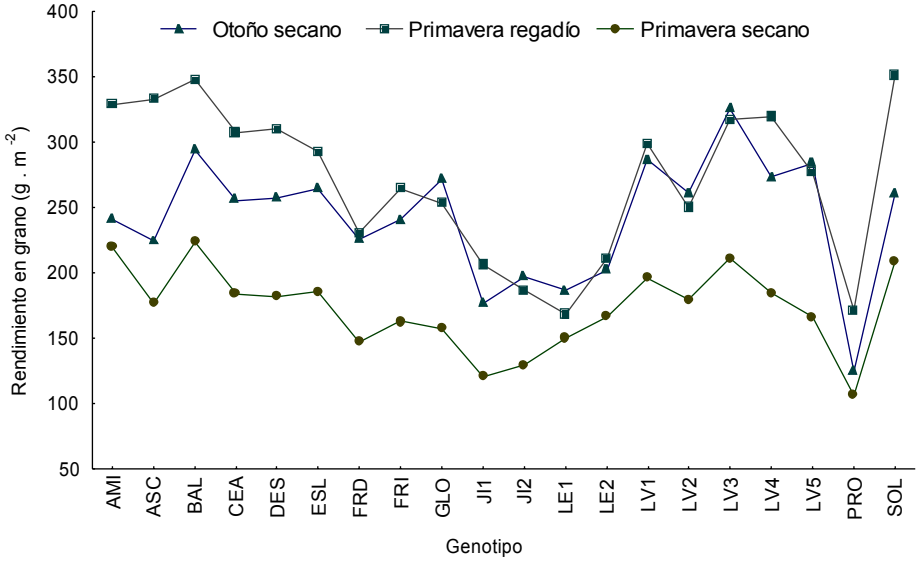


Figura 27. Medias del rendimiento en grano (g m^{-2}) para cada genotipo en cada tratamiento de cultivo.

Considerando las medias ambientales de cada localidad y tratamiento de cultivo (figura 28), se observa que en Madrid destacan claramente los valores del regadío sobre los otros dos tratamientos. En Valladolid, sin embargo, la media de los rendimientos de otoño supera a los de primavera-regadío. En esto ha debido influir, sin duda, el hecho de que las operaciones de riego no se pudieron iniciar en algunos años en el momento en que estaba previsto. En cualquier caso, las condiciones climatológicas de Valladolid parecen ser más favorables para la siembra en otoño del guisante que las de Madrid. En Valladolid, la siembra en primavera produce un apreciable retraso en el ciclo de cultivo con lo que, incluso en regadío, los rendimientos se ven comprometidos por efecto de las altas temperaturas.

En general, la siembra de otoño y el aumento de la densidad de siembra producen un mayor rendimiento en materia seca del guisante (Uzun y Açikgöz, 1998). Esta circunstancia también ha sido constatada en haba (Husain *et al*., 1988; Hebblethwaite *et al*., 1983) y veza (Açikgöz *et al*., 1989) en diferentes condiciones climáticas.

En Francia, las variedades de guisante resistentes al frío que pueden sembrarse en otoño tienen rendimientos de más del 40% que las variedades de primavera (Cousin, 1976). Por otra parte, los rendimientos en siembras de primavera en zonas mediterráneas pueden tener mayor variabilidad interanual en función de la cuantía y distribución de las lluvias.

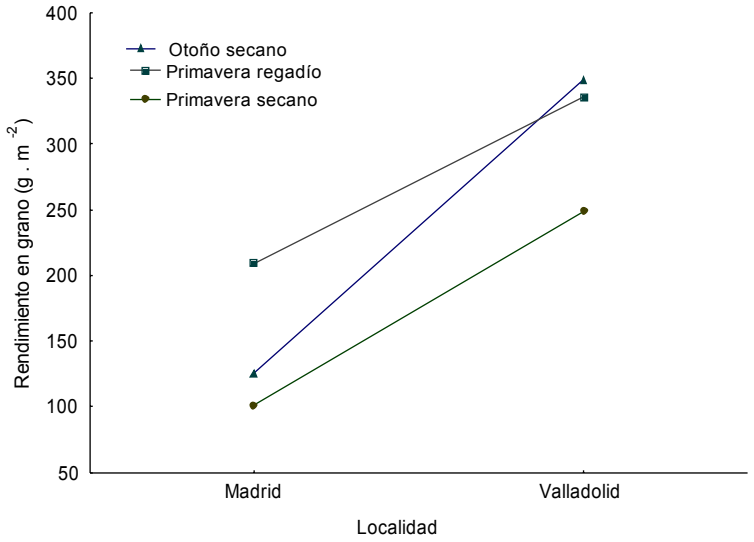


Figura 28. Medias del rendimiento en grano (g m^{-2}) de Madrid y Valladolid en cada tratamiento de cultivo.

La media del rendimiento en grano del año 1995 fue más baja que la del resto de campañas tanto en Madrid como en Valladolid (figura 29). Se aprecia una interacción de tipo cualitativo localidad x año de modo que, de mayor a menor, la media de 1996 está en primer lugar en Madrid y en tercer lugar en Valladolid. La media del año 1997 se encuentra en segundo lugar en Valladolid y en tercer lugar en Madrid.

En la comparación de medias según el año y el tratamiento de cultivo, destacan el hecho de que los valores de rendimiento en la siembra en otoño del año 1996 son mayores que en el resto de condiciones de cultivo, cuando en los otros tres años siempre se sitúan por encima las medias del regadío (figura 30).

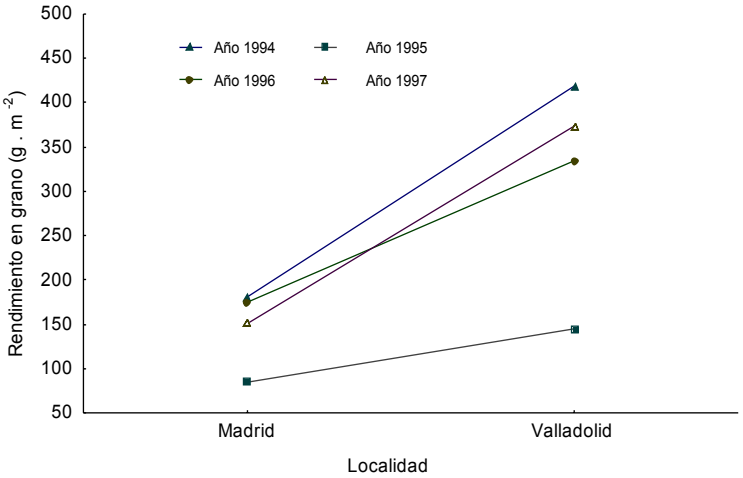


Figura 29. Medias del rendimiento en grano (g m^{-2}) de Madrid y Valladolid en cada año de ensayo.

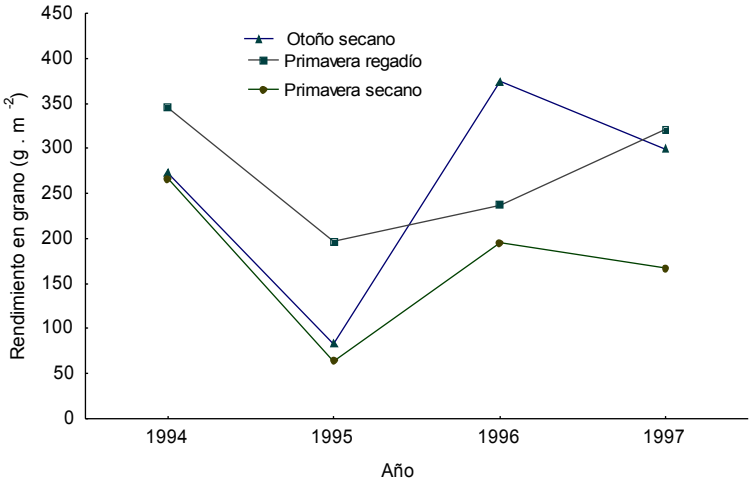


Figura 30. Medias del rendimiento en grano (g m^{-2}) para cada año y tratamiento de cultivo.

3.4. Descomposición del efecto genotípico

Como se ha visto en el epígrafe anterior, al estudiar el reparto de la suma de cuadrados de los ANOVA entre las fuentes de variación, el factor genotipo es clave a la hora de explicar la variabilidad en los valores de la productividad total de biomasa, el rendimiento en grano y sus componentes. El factor genotipo destaca en la mayoría de los casos sobre las componentes ambientales, haciéndolo abrumadoramente en el caso del peso de 100 semillas (tablas 25 a 33). En los valores de VT en el año 1994 (tabla 30) el efecto principal genotípico

explica el 53% de la variación total. En el índice de cosecha en 1996 (tabla 32), más del 73%.

Se ha realizado un estudio de contrastes entre genotipos separándolos según dos características que los diferencian morfológicamente y que, previsiblemente, condicionan su comportamiento en distintas condiciones ambientales. Se han distinguido dos grupos según la altura de la planta (ALT o de talla alta y MED o de talla media) y otros dos según el tipo de hoja (SA o semiafilas, y CO o convencional). Las tablas 34 y 35 muestran los análisis de varianza que incluyen los contrastes realizados para cada variable, según los caracteres morfológicos mencionados. En estos análisis se refleja, además del efecto genotípico principal y la interacción GxA, el componente que indica el efecto de una característica genotípica *versus* la otra.

Los efectos aditivos y de interacción considerados han sido significativos con un nivel del 1% en casi todos los casos (tablas 34 y 35), exceptuando la interacción tipo de hoja x ambiente en los análisis de varianza de los valores de REND, PT, IC, P100 y GRV.

En el rendimiento en grano, la mayor parte de la suma de cuadrados correspondiente al efecto genotípico es explicada por las líneas y variedades de altura media. En concreto, los 12 grados de libertad correspondientes (del total de 17) explican el 77% de la suma de cuadrados. Las diferencias entre los genotipos altos *versus* los de altura media explican el 18% de la suma de cuadrados del efecto aditivo del genotipo. Cuando la distribución del material vegetal se hace según el tipo de hoja, este porcentaje explicado, con un solo grado de libertad, asciende al 28% (tabla 34). El mayor porcentaje de suma de cuadrados de la interacción en los análisis de varianza recogidos en las tablas 34 y 35 corresponde siempre a la componente del grupo de genotipos con mayor número de individuos.

Tabla 34: Análisis de varianza y contrastes entre los valores de rendimiento en grano (REND, en 10^{-2} g m^{-2}), productividad total de biomasa (PT, en 10^{-2} g m^{-2}), vainas por unidad de superficie (VT, en 10^{-2}Ud m^{-2}), índice de cosecha (IC), peso de 100 semillas (P100, en g) y granos por vaina (GRV) de los genotipos de talla alta (ALT) y de talla media (MED).

	REND			PT			VT		
Fuente de Variación	gl	SC	R^2	gl	SC	R^2	gl	SC	R^2
Genotipo	17	341,38 *		17	1235,86 *		17	1571,06 *	
Genotipos ALT	**4**	**33,54 ***	**9,83 ⌈**	**4**	**400,59 ***	**32,41 ⌈**	**4**	**141,08 ***	**8,98 ⌈**
Genotipos MED	**12**	**265,33 ***	**77,72 ⌈**	**12**	**776,35 ***	**62,82 ⌈**	**12**	**1028,09 ***	**65,44 ⌈**
Genotipo ALT vs MED	**1**	**63,24 ***	**18,53 ⌈**	**1**	**72,68 ***	**5,88 ⌈**	**1**	**72,68 ***	**4,63 ⌈**
Ambiente	18	2236,16 *		18	5572,50 *		18	3923,44 *	
Genotipo*Ambiente	306	489,70 *		306	1861,58 *		304	1423,99 *	
Genotipos ALT*Ambiente	**72**	**84,14 ***	**17,18 ⌋**	**72**	**505,48 ***	**27,15 ⌋**	**70**	**188,19 ***	**13,22 ⌋**
Genotipos MED*Ambiente	**216**	**301,72 ***	**61,61 ⌋**	**216**	**1100,21 ***	**59,10 ⌋**	**216**	**997,02 ***	**70,02 ⌋**
Altura*Ambiente	**18**	**95,79 ***	**19,56 ⌋**	**18**	**290,89 ***	**15,63 ⌋**	**18**	**235,54 ***	**16,54 ⌋**
Error	987	352,38		939	1958,57		915	873,22	
Total	1328	3419,62		1280	10779,26		1254	7647,23	

	IC			P100			GRV		
Fuente de Variación	gl	SC	R^2	gl	SC	R^2	gl	SC	R^2
Genotipo	17	5,74 *		17	21524,96 *		17	232,31 *	
Genotipos ALT	**4**	**0,99 ***	**17,29 ⌈**	**4**	**1692,33 ***	**7,86 ⌈**	**4**	**66,19 ***	**28,49 ⌈**
Genotipos MED	**12**	**0,43 ***	**7,42 ⌈**	**12**	**19377,05 ***	**90,02 ⌈**	**12**	**117,17 ***	**50,44 ⌈**
Genotipo ALT vs MED	**1**	**4,39 ***	**76,42 ⌈**	**1**	**387,04 ***	**1,80 ⌈**	**1**	**49,16 ***	**21,16 ⌈**
Ambiente	18	12,20 *		18	7457,22 *		18	1223,44 *	
Genotipo*Ambiente	306	4,20 *		306	4238,84 *		306	317,94 *	
Genotipos ALT*Ambiente	**72**	**1,19 ***	**28,43 ⌋**	**72**	**1099,34 ***	**25,93 ⌋**	**72**	**96,32 ***	**30,29 ⌋**
Genotipos MED*Ambiente	**216**	**1,66 ***	**39,61 ⌋**	**216**	**2273,44 ***	**53,63 ⌋**	**216**	**148,63 ***	**46,75 ⌋**
Altura*Ambiente	**18**	**1,33 ***	**31,78 ⌋**	**18**	**825,22 ***	**19,47 ⌋**	**18**	**74,23 ***	**23,35 ⌋**
Error	942	2,08		968	2307,69		947	239,90	
Total	1283	24,69		1309	35966,27		1288	2052,12	

*, significativo (P=0,05); ns, no significativo; gl, grados de libertad; R^2, porcentaje de la suma de cuadrados (SC) respecto de la del genotipo (⌈) y de la interacción genotipo*ambiente (⌋).

Sólo los 5 genotipos de mayor talla explican el 32% de la suma de cuadrados del efecto genotípico sobre la productividad de biomasa total, lo que da una idea de la estrecha relación que existe entre esta variable y la altura de la planta. El porcentaje de suma de cuadrados del contraste entre genotipos altos *versus* de talla media no llega al 6%, un valor mucho más bajo que en el caso del rendimiento en grano. En la separación de genotipos por tipo de hoja (tabla 35), los genotipos semiafilos tienen menos importancia en el efecto genotípico (2,3% de la suma de cuadrados) que los genotipos de hoja convencional (casi el 85%). El efecto de interacción es más intenso en el grupo de genotipos altos que en el grupo de genotipos semiafilos (tablas 34 y 35).

Tabla 35: Análisis de varianza y contrastes entre los valores de rendimiento en grano (REND, en 10^{-2} g m^{-2}), productividad total de biomasa (PT, en 10^{-2} g m^{-2}), vainas por unidad de superficie (VT, en 10^{-2}Ud m^{-2}), índice de cosecha (IC), peso de 100 semillas (P100, en g) y granos por vaina (GRV) de los genotipos de hoja semiafila (SA) y de hoja convencional (CO).

	REND			PT			VT		
Fuente de Variación	gl	SC	R^2	gl	SC	R^2	gl	SC	R^2
Genotipo	17	341,38 *		17	1235,86 *		17	1571,06 *	
Genotipos SA	**4**	**7,97 ***	**2,33 ⌠**	**4**	**28,79 ***	**2,33 ⌠**	**4**	**89,10 ***	**5,67 ⌠**
Genotipos CO	**12**	**252,09 ***	**73,84 ⌠**	**12**	**1049,24 ***	**84,90 ⌠**	**12**	**1404,80 ***	**89,42 ⌠**
Genotipo SA vs CO	**1**	**97,53 ***	**28,57 ⌠**	**1**	**145,83 ***	**11,80 ⌠**	**1**	**145,83 ***	**9,28 ⌠**
Ambiente	18	2236,16 *		18	5572,50 *		18	3923,44 *	
Genotipo*Ambiente	306	489,70 *		306	1861,58 *		304	1423,99 *	
Genotipos SA*Ambiente	**72**	**47,53 ***	**9,71 ⌡**	**72**	**193,38 ns**	**10,39 ⌡**	**72**	**200,91 ***	**14,11 ⌡**
Genotipos CO*Ambiente	**216**	**406,61 ***	**83,03 ⌡**	**216**	**1603,73 ***	**86,15 ⌡**	**214**	**1108,62 ***	**77,85 ⌡**
Tipo hoja*Ambiente	**18**	**26,95 ns**	**5,50 ⌡**	**18**	**113,32 ns**	**6,09 ⌡**	**18**	**119,47 ***	**8,39 ⌡**
Error	987	352,38		939	1958,57		915	873,22	
Total	1328	3419,62		1280	10779,26		1254	7647,23	

	IC			P100			GRV		
Fuente de Variación	gl	SC	R^2	gl	SC	R^2	gl	SC	R^2
Genotipo	17	5,74 *		17	21524,96 *		17	232,31 *	
Genotipos SA	**4**	**0,16 ***	**2,75 ⌠**	**4**	**7786,33 ***	**36,17 ⌠**	**4**	**37,59 ***	**16,18 ⌠**
Genotipos CO	**12**	**4,97 ***	**86,54 ⌠**	**12**	**13657,94 ***	**63,41 ⌠**	**12**	**189,92 ***	**85,15 ⌠**
Genotipo SA vs CO	**1**	**0,63 ***	**10,98 ⌠**	**1**	**82,80 ***	**0,38 ⌠**	**1**	**6,02 ***	**2,59 ⌠**
Ambiente	18	12,20 *		18	7457,22		18	1223,44 *	
Genotipo*Ambiente	306	4,20 *		306	4238,84 *		306	317,94 *	
Genotipos SA*Ambiente	**72**	**0,47 ***	**11,16 ⌡**	**72**	**334,07 ***	**7,88 ⌡**	**72**	**25,80 ***	**8,12 ⌡**
Genotipos CO*Ambiente	**216**	**3,54 ***	**84,49 ⌡**	**216**	**3816,27 ***	**90,03 ⌡**	**216**	**276,10 ***	**86,84 ⌡**
Tipo hoja*Ambiente	**18**	**0,20 ns**	**4,81 ⌡**	**18**	**126,46 ns**	**2,98 ⌡**	**18**	**15,67 ns**	**4,93 ⌡**
Error	942	2,08		968	2307,69		947	239,90	
Total	1283	24,69		1309	35966,27		1288	2052,12	

*, significativo (P=0,05); ns, no significativo; gl, grados de libertad; R^2, porcentaje de la suma de cuadrados (SC) respecto de la del genotipo (⌠) y de la interacción genotipo*ambiente (⌡).

En la variable VT influye con mayor intensidad, tanto en el aspecto aditivo como interactivo, los grupos de genotipos de altura media (tabla 34) y de hoja convencional (tabla 35). La interacción altura x ambiente representa el 16,5% de la interacción total.

En los valores del índice de cosecha existe un reparto distinto de la suma de cuadrados del efecto principal genotípico al que se ha comentado anteriormente. El contraste de genotipos altos *versus* los de altura media representan el 76% de dicho efecto. En los análisis de varianza de la tabla 35, sin embargo, el contraste semiafilos *versus* convencionales representa sólo el 11% del efecto principal. Se puede afirmar que el índice de cosecha está más influido por la altura de la planta que por el tipo de hoja.

La suma de cuadrados de la interacción en IC se reparte equitativamente entre genotipos altos x ambiente, genotipos medios x ambiente y altura x ambiente.

La componente genotípica aditiva de los valores del peso de 100 semillas es asumida en un 90% por los genotipos de talla media. El contraste entre los de talla alta y media representa un porcentaje despreciable de la suma de cuadrados del efecto genotípico. Por contra, en la componente multiplicativa, la altura de la planta adquiere mayor relevancia, representando el 25, 53 y 19% del total el efecto interactivo de los genotipos altos, de los genotipos de talla media y el contraste entre ambos, respectivamente. Si la separación se hace por tipo de hoja (tabla 35), se advierte una importancia destacada el grupo de genotipos semiafilos que, sólo con 4 grados de libertad, representa el 36% de la suma de cuadrados del efecto genotípico. Respecto a la descomposición del efecto de la interacción, destaca únicamente la componente genotipos de hoja convencional x ambiente, con el 90% de la suma de cuadrados.

En el número de granos por vaina el contraste entre materiales de talla alta *versus* los de talla media ocupa un 21% en la parte aditiva del genotipo y un 23% en la multiplicativa. Sin embrago, separando los genotipos por tipo de hoja el contraste entre hoja normal *versus* semiafila representa únicamente el 2,6 y 4,9 de la parte aditiva y de interacción, respectivamente. La suma de cuadrados correspondiente a los genotipos de hoja convencional supera el 85% del total, tanto para la parte aditiva como para la interacción.

En la tabla 36 se comparan las medias de las variables de productividad de los genotipos de talla alta y talla media en cada tratamiento de cultivo. El rendimiento en grano fue inferior ($P<0,05$) en el primer grupo en los ambientes de siembra en primavera, sin observarse diferencias estadísticamente significativas en los de siembra otoñal. A la vista de la tabla 36, los genotipos de talla media ensayados poseen valores superiores de VT, IC y GRV que los de mayor altura independientemente del ambiente considerado. En los ambientes de secano las líneas y variedades de talla alta tienen granos más gruesos que el resto, mientras

en regadío no se aprecian diferencias en ese sentido. Los genotipos de talla alta tienen una mayor productividad total de biomasa que los de talla media, pero estas diferencias son detectables únicamente en condiciones de regadío.

Tabla 36: Valores medios y desviaciones típicas (DT) del rendimiento en grano (REND, en 10^{-2} g m^{-2}), productividad total de biomasa (PT, en 10^{-2} g m^{-2}), vainas por unidad de superficie (VT, en 10^{-2}Ud m^{-2}), índice de cosecha (IC), peso de 100 semillas (P100, en g) y granos por vaina (GRV) de los genotipos de talla alta (ALT) y de talla media (MED) en los distintos tratamientos de cultivo.

		Otoño-secano		Primavera-regadío		Primavera-secano	
Altura	Variable	**Media**	**DT**	**Media**	**DT**	**Media**	**DT**
ALT	REND	2,66	1,99	2,12 *	1,35	1,83 *	1,24
	PT	7,29	3,32	7,08 *	3,05	5,31	2,40
	VT	3,87 *	2,15	3,68 *	1,83	2,73 *	1,52
	IC	0,27 *	0,14	0,29 *	0,14	0,30 *	0,14
	P100	19,20 *	4,67	17,28	4,07	17,55 *	4,13
	GRV	3,34 *	1,52	3,43 *	1,40	3,32 *	1,40
MED	REND	2,72	2,03	2,97	1,35	2,22	1,24
	PT	6,88	3,36	6,51	2,50	5,04	2,18
	VT	5,20	2,90	4,82	2,45	3,95	2,18
	IC	0,35	0,15	0,45	0,08	0,45	0,09
	P100	16,55	5,51	16,80	5,65	16,42	5,28
	GRV	3,61	1,53	4,02	0,97	3,84	0,85

*: media significativamente distinta (P=0,05) del valor de los genotipos de talla media.

Comparando las medias fenotípicas globales obtenidas por los grupos obtenidos según el tipo de hoja (tabla 37), los genotipos semiafilos obtienen valores mayores (P=0,05) en REND, PT e IC que las líneas y variedades de hoja convencional, independientemente del tratamiento de cultivo. En otoño el incremento de productividad asociado a los genotipos semiafilos parece estar relacionado con un incremento en el número de granos por vaina respecto a los contabilizados en los genotipos convencionales, habida cuenta que ni el tamaño del grano ni el número de vainas totales en cada grupo fueron significativamente distintos. En los ambientes de primavera (secano y regadío) la componente del rendimiento que marca las diferencias es el número de vainas totales, no siendo significativamente distintas las medias de P100 y GRV entre grupos.

La talla de la planta y el carácter semiafilo de las hojas son caracteres muy interesantes en la mejora del rendimiento del guisante (Singh, 1985; Heath y

Hebblethwaite, 1987; Jannink *et al*., 1996). No obstante, las observaciones realizadas respecto a estas características morfológicas, en cuanto que las líneas y variedades de talla media con hoja semiafila muestran mayor productividad, deben interpretarse con cuidado. Las heredabilidades y correlaciones genotípicas dependen del rango de individuos incluidos en el estudio (Muehlbauer *et al*., 1985).

Tabla 37: Valores medios y desviaciones típicas (DT) del rendimiento en grano (REND, en 10^{-2} g m^{-2}), productividad total de biomasa (PT, en 10^{-2} g m^{-2}), vainas por unidad de superficie (VT, en 10^{-2}Ud m^{-2}), índice de cosecha (IC), peso de 100 semillas (P100, en g) y granos por vaina (GRV) de los genotipos de hoja convencional (CO) y de hoja semiafila (SA) en los distintos tratamientos de cultivo.

Tipo de hoja	Variable	Otoño-secano		Primavera-regadío		Primavera-secano	
		Media	DT	Media	DT	Media	DT
CO	REND	2,53 *	2,00	2,54 *	1,40	1,97 *	1,28
	PT	6,74 *	3,40	6,39 *	2,66	4,93 *	2,29
	VT	4,72	2,81	4,26 *	2,30	3,50 *	2,15
	IC	0,31 *	0,16	0,40 *	0,13	0,39 *	0,13
	P100	17,12	5,38	16,69	5,10	16,69	4,97
	GRV	3,48 *	1,59	3,83	1,21	3,67	1,15
SA	REND	3,14	2,02	3,25	1,28	2,47	1,10
	PT	7,61	3,17	7,39	2,56	5,58	2,04
	VT	5,09	2,66	5,16	2,37	3,98	1,93
	IC	0,36	0,14	0,44	0,07	0,44	0,08
	P100	17,67	5,52	17,55	5,65	16,82	5,13
	GRV	3,69	1,35	3,94	0,91	3,77	0,75

*: media significativamente distinta (P=0,05) del valor de los genotipos semiafilos.

La variabilidad genotípica del material vegetal ha sido amplia en los grupos considerados, incluso dentro de los que tan solo incluían cinco individuos. Sin embargo, el hecho de que la proporción de líneas mejoradas para el rendimiento en grano haya sido mayor en los grupos de talla baja y de hoja semiafila probablemente haya influido en los resultados obtenidos. La correcta interpretación de estos resultados, de cara a su aplicación en la recomendación de variedades o en la optimización de procesos de selección, exige un estudio profundo de la interacción genotipo x ambiente que implique a los caracteres morfológicos considerados, como el que se expone en el epígrafe 3.6. de esta Memoria.

3.5. Covariables genotípicas y ambientales

3.5.1. Selección de covariables

Para su empleo en el análisis multivariante de la interacción GxA, se han elegido las covariables que explican un mayor porcentaje de la suma de cuadrados de la interacción, cuando se introducen de una en una en los modelos de análisis de regresión lineal de las variables de rendimiento.

Las covariables genotípicas seleccionadas son las siguientes;

RENDg, PTg, VTg, ICg, P100g, GRVg media genotípica de rendimiento en grano, en 10^{-2} g m^{-2}; productividad total de biomasa, en 10^{-2} g m^{-2}; vainas por unidad de superficie, en 10^{-2}Ud m^{-2}; índice de cosecha; peso de 100 semillas, en g y granos por vaina respectivamente.
TLL número de tallos por planta;
PISOS número de pisos florales;
HGR porcentaje de humedad del grano en la recolección, en % sobre peso fresco;
PROT contenido en proteína del grano, en % sobre materia seca;
GRAS contenido en materia grasa del grano, en % sobre materia seca;
LV longitud de la vaina, en 10^{-1}m;
GDPF grados-día acumulados desde la nascencia hasta la floración;
D12 días desde el principio de floración hasta el final de floración;
ABOR porcentaje de aborto de semillas en cada vaina;
ALT altura de la planta, en 10^{-1}m;
NUD1V número de nudos hasta la primera vaina;
NUDV número de nudos del tallo principal.

Las covariables ambientales que se han seleccionado para obtener información adicional de la interacción GxA son:

RENDa, PTa, VTa, ICa, P100a, GRVa media ambiental de rendimiento en grano, en 10^{-2} g m^{-2}; productividad total de biomasa, en 10^{-2} g m^{-2}; vainas por unidad de superficie, en 10^{-2}Ud m^{-2}; índice de cosecha; peso de 100 semillas, en g y granos por vaina respectivamente.
TM5 temperatura media de mayo;
TM6 temperatura media de junio;
HR5 humedad relativa media de mayo;
DTm02 días con temperatura mínima inferior a 0ºC en febrero;
DTm03 días con temperatura mínima inferior a 0ºC en marzo;
DTm041 días con temperatura mínima inferior a 0ºC en la primera quincena abril;
DTm042 días con temperatura mínima inferior a 0ºC en la segunda quincena de abril;
DLL5 días de lluvia en mayo;

En las tablas 38 y 39 se muestran los valores centrados de cada una de las covariables genotípicas y ambientales, respectivamente.

Tabla 38: Valores centrados de las covariables genotípicas, medias y desviaciones típicas (DT).

Genotipo	RENDg	PTg	VTg	ICg	P100g	GRVg	TLL	PISOS	HGR	PROT	GRAS	LV	GDPF	D12	ABOR	ALT	NUD1V	NUDV
AMI	0,55	0,42	-0,95	0,03	5,02	0,31	-0,15	-1,81	0,32	-1,15	-0,07	0,09	-54,78	-5,28	-4,44	-11,11	0,53	-2,23
BAL	0,70	1,09	0,10	0,06	5,04	-0,24	-0,10	-0,72	-0,06	-1,36	-0,08	0,33	-34,37	-2,60	-0,58	2,51	0,73	-0,23
CEA	0,34	0,50	0,37	0,01	-3,44	0,61	-0,19	0,09	0,00	-1,32	-0,05	0,17	22,64	-1,46	-2,49	1,46	1,53	0,77
DES	0,46	-0,38	0,68	0,08	-3,05	0,75	0,13	-0,31	0,33	-1,08	-0,04	-0,16	-48,91	-0,94	-8,62	-8,22	-0,47	0,27
ESL	0,32	0,29	0,87	0,02	-3,46	0,21	-0,22	0,20	0,14	-0,97	-0,05	-0,20	3,05	-2,47	1,10	1,74	0,53	0,60
FRD	-0,49	-1,24	1,27	0,03	-5,91	0,03	0,23	2,69	-0,29	1,41	0,25	-0,03	-29,28	1,00	0,90	-11,57	-1,64	0,93
FRI	-0,05	-0,44	1,18	0,03	-4,72	0,19	-0,11	0,28	0,37	-0,58	-0,02	-0,12	-27,63	1,57	2,02	-10,04	-1,30	0,77
GLO	-0,01	1,19	-0,23	-0,05	1,92	-0,34	0,30	0,77	-0,03	-0,14	-0,02	-0,36	164,16	9,79	2,99	20,90	1,53	0,43
JI1	-0,77	-1,60	-1,12	-0,02	-1,14	0,14	0,09	-0,24	-0,61	2,44	0,33	0,53	-37,53	7,99	1,15	-4,02	-2,64	-0,40
JI2	-0,51	0,14	-2,09	-0,12	2,19	0,15	-0,02	-0,08	-0,11	0,58	0,00	-0,02	142,03	-1,51	1,12	14,77	2,70	-0,73
LE1	-0,47	1,37	-0,75	-0,17	-2,17	-0,54	0,17	0,66	0,30	2,57	0,02	-0,64	220,80	-5,05	5,89	36,93	5,86	1,10
LE2	0,00	0,88	-0,47	-0,12	3,68	-1,02	0,17	1,09	0,30	1,39	-0,05	-0,72	224,87	-2,36	8,86	32,12	3,70	1,93
LV1	0,33	0,30	1,09	0,03	-3,23	0,24	-0,15	0,05	0,12	-0,55	-0,11	-0,20	0,21	-2,01	-1,58	0,33	1,70	0,60
LV2	0,14	-0,27	0,47	0,02	2,36	-0,72	-0,17	-0,26	-0,02	0,80	-0,06	0,09	-72,87	5,55	6,56	-9,55	-3,14	-0,07
LV3	0,39	0,29	0,95	0,06	-1,70	0,29	-0,02	-0,21	0,19	-1,37	-0,02	-0,13	-59,27	0,11	-4,17	-7,16	-0,97	0,43
LV5	-0,08	-0,48	1,58	0,04	-5,05	0,13	-0,15	0,92	0,12	-0,19	-0,07	-0,34	-41,38	5,42	-9,26	-10,46	-3,47	1,10
PRO	-1,35	-2,63	-2,63	0,01	6,53	0,06	0,46	-0,69	-0,89	2,50	0,26	1,53	-161,39	-1,26	-2,08	-18,69	-4,14	-2,90
SOL	0,50	0,57	-0,33	0,06	7,15	-0,27	-0,11	-0,76	0,07	-0,56	-0,10	0,23	-56,21	-1,94	3,58	-5,37	0,20	-0,40
Media	2,57	6,34	4,44	0,38	17,12	3,71	1,61	5,73	8,22	25,63	1,22	5,47	1094,26	28,15	23,98	49,44	11,54	5,34
DT	0,54	1,03	1,18	0,07	4,25	0,45	0,31	0,95	0,33	1,40	0,13	0,49	107,10	4,49	4,83	15,57	2,61	1,18

RENDg, PTg, VTg, ICg, P100g, GRVg = media de rendimiento en grano (10^{-2} g m^{-2}), productividad total de biomasa (10^{-2} g m^{-2}), vainas por unidad de superficie (10^{-2}Ud m^{-2}), índice de cosecha, peso de 100 semillas (g) y granos por vaina, respectivamente, de cada genotipo en todos los ambientes; TLL = número de tallos por planta; PISOS = número de pisos florales por tallo; HGR = porcentaje de humedad del grano en la recolección (porcentaje sobre peso fresco); PROT = contenido en proteína del grano (porcentaje sobre materia seca); GRAS = contenido en grasa del grano (porcentaje sobre materia seca); LV = longitud de la vaina (10^{-1}m); GDPF = grados-día acumulados desde la nascencia hasta principio de floración; D12 = días desde el inicio hasta el final de floración; ABOR = porcentaje de aborto de semillas en cada vaina; ALT = altura de la planta (10^{-1}m); NUD1V = número de nudos hasta la primera vaina; NUDV = número de nudos con vaina en el tallo principal.

Las variedades Ballet, Amino, Solara, Cea y Desso, así como las líneas de mejora LV1, LV2 y LV3 destacan por tener un valor de RENDg superior a la media (tabla 38). Los genotipos Glotón, Ballet, LE1 y LE2 tienen los mayores valores de PTg. En VTg sobresalen LV5, Frisson y Fride. Los menores valores de RENDg, PTg y VTg se dan en la variedad Progress-9, y en la línea JI1. El índice de cosecha solo está por debajo de la media en Glotón, JI1, JI2, LE1 y LE2. Solara es la variedad con mayor peso de sus semillas (P100g), y Fride la que tiene semillas más pequeñas.

El contenido en proteína es mayor en las variedades de grano rugoso, Progress-9, JI1 y Fride, así como en las variedades locales LE1 y LE2. Estos genotipos también destacan por tener los menores valores de longitud de la vaina. Los materiales más tardíos en florecer son LE2, LE1, Glotón y JI2; los más precoces, Progress-9 y LV2. El periodo de floración más dilatado es para JI1, Glotón, LV2 y LV5, y el más reducido para Amino y LE1. Los genotipos más altos,

Glotón, JI2, LE1 y LE2, también son los que poseen un mayor número de nudos hasta la primera vaina. LV5, LE1 y LE2 tienen un elevado número de nudos con vaina (tabla 38).

Tabla 39: Valores centrados de las covariables ambientales, medias y desviaciones típicas (DT).

Ambiente	TM5	TM6	HR5	DTm02	DTm03	DTm041	DTm042	DLL5	RENDa	PTa	VTa	ICa	P100a	GRVa
M1	-0,47	4,02	3,27	4,52	-2,48	3,76	1,92	-2,12	-1,13	-0,34	-0,04	-0,30	-1,76	-1,44
M2	1,88	1,67	-10,68	-0,48	10,52	-0,24	2,92	-4,12	-2,11	-3,11	-1,90	-1,08	-4,06	-2,30
M5	-0,47	4,02	3,27	4,52	-2,48	3,76	1,92	-0,12	-0,22	0,49	1,72	1,85	-2,96	-0,96
M6	1,88	1,67	-10,68	-0,48	10,52	-0,24	2,92	-2,12	-0,66	-0,42	-0,67	-0,79	-0,87	-0,33
M7	2,01	-3,14	-0,22	5,52	4,52	0,76	-2,08	0,88	-0,88	-1,37	-2,72	-2,55	-3,41	-0,86
M9	-0,47	4,02	3,27	4,52	-2,48	3,76	1,92	-2,12	-1,00	-1,47	0,01	0,17	-1,42	-1,16
M11	2,01	-3,14	-0,22	5,52	4,52	0,76	-2,08	-1,12	-1,24	-3,09	-3,26	-2,87	-2,41	-0,73
V13	-1,63	1,48	9,30	0,52	-8,48	1,76	0,92	3,88	1,14	3,08	1,72	1,47	1,12	0,15
V14	-0,32	1,69	5,69	-2,48	-0,48	-2,24	2,92	-5,12	-1,01	-1,44	-1,03	-1,31	0,02	0,84
V15	-2,91	2,15	17,70	1,52	2,52	-1,24	-2,08	-0,12	2,82	3,65	4,36	4,85	0,79	0,28
V16	-1,30	-0,51	9,82	-7,48	-7,48	-2,24	-2,08	0,88	1,61	2,68	0,57	0,06	5,63	1,48
V17	-1,63	1,48	9,30	0,52	-8,48	1,76	0,92	5,88	1,73	2,45	2,28	1,13	2,92	0,22
V18	-0,32	1,69	5,69	-2,48	-0,48	-2,24	2,92	-3,12	-0,73	-1,84	-1,14	-0,84	-0,47	0,90
V19	-2,91	2,15	17,70	1,52	2,52	-1,24	-2,08	1,88	1,04	0,23	0,77	0,71	1,42	0,57
V20	-1,30	-0,51	9,82	-7,48	-7,48	-2,24	-2,08	2,88	1,16	2,87	0,85	1,10	2,41	1,40
V21	-1,63	1,48	9,30	0,52	-8,48	1,76	0,92	3,88	1,18	0,74	0,93	0,13	1,82	0,27
V22	-0,32	1,69	5,69	-2,48	-0,48	-2,24	2,92	-5,12	-1,61	-3,22	-2,18	-1,79	-0,96	0,62
V23	-2,91	2,15	17,70	1,52	2,52	-1,24	-2,08	-0,12	0,57	0,04	0,31	0,18	-0,90	0,27
V24	-1,30	-0,51	9,82	-7,48	-7,48	-2,24	-2,08	0,88	-0,66	0,05	-0,50	-0,10	3,11	0,78
Media	15,30	18,37	66,52	13,47	8,47	2,26	2,42	12,89	2,57	6,34	4,46	0,38	17,12	3,71
DT	1,61	2,03	7,97	4,19	6,08	2,21	2,22	3,09	1,36	2,17	1,87	0,10	2,51	1,01

TM5 = temperatura media de mayo; TM6 = temperatura media de junio; HR5 = humedad relativa media de mayo; DTm02 = días con temperatura mínima inferior a 0ºC en febrero; DTm03 = días con temperatura mínima inferior a 0ºC en marzo; DTm041 = días con temperatura mínima inferior a 0ºC en la primera quincena de abril; DTm042 = días con temperatura mínima inferior a 0ºC en la segunda quincena de abril; DLL5 = días de lluvia en mayo; RENDa, PTa, VTa, ICa, P100a, GRVa = media de rendimiento en grano (10^{-2} g m^{-2}), productividad total de biomasa (10^{-2} g m^{-2}), vainas por unidad de superficie (10^{-2}Ud m^{-2}), índice de cosecha, peso de 100 semillas (g) y granos por vaina, respectivamente, de cada ambiente para todos los genotipos.

El rendimiento en grano y la producción de biomasa total está por encima de la media en todos los ambientes de Valladolid, salvo en los del año 1995. El mejor ambiente fue V15, con diferencia (tabla 39). El carácter P100a presenta un comportamiento diferente en cada localidad. En Madrid tiene valores menores de la media, mientras esto sólo ocurre en tres ambientes de Valladolid: V18, V22 y V23. La covariable centrada GRVa es negativa en los ambientes de Madrid y positiva en los de Valladolid. Para ICa no existe una separación de este tipo, existiendo un intervalo muy amplio de valores: desde 4,85 (V15) hasta –2,87 (M11). El ambiente con un índice de cosecha más alto alcanza también el valor máximo de RENDa (tabla 39).

3.5.2. Correlaciones entre las covariables genotípicas

Los coeficientes de correlación de Pearson entre los pares de covariables genotípicas se muestran en la tabla 40. En las figuras 31 y 32 se representan las covariables genotípicas respecto de la covariable RENDg (media genotípica marginal del rendimiento en grano).

Los genotipos con poco rendimiento tienen en general un valor de PTg bajo. Sin embargo, algunos de ellos, con un rendimiento menor que la media general, alcanzan los valores máximos de PTg (figura 31). El comportamiento de VTg respecto a RENDg es similar.

El índice de cosecha de cada genotipo no tiene correlación significativa (tabla 40) con el rendimiento en grano. Existen genotipos con rendimiento medio e índices de cosecha muy bajos y paralelamente, genotipos con un índice de cosecha medio y un rendimiento en grano bajo (figura 31).

Se aprecia una gran variabilidad en las medias marginales de P100 de los genotipos en relación a sus rendimientos. Ni el peso de cien semillas ni el número de semillas por vaina se correlaciona (P=0,05) con el rendimiento en grano (tabla 40, figura 31). Algunos genotipos poseen rendimientos en un nivel medio, pero valores de la covariable GRVg muy bajos. Se trata de variedades locales (genotipos no mejorados) que también destacan, por otra parte, por su carácter tardío.

Existe correlación significativamente negativa entre el número de tallos por planta y la media marginal del rendimiento para cada genotipo (tabla 40). En el plano definido por estas dos variables (figura 31) la variedad Progress-9 aparece como un punto aislado frente al resto de genotipos: es la variedad con menor rendimiento medio y, a la vez, la que tiene mayor número de tallos por planta. Es muy precoz y desarrolla muy pronto las ramificaciones del tallo, terminando su ciclo mucho antes que el resto de materiales ensayados.

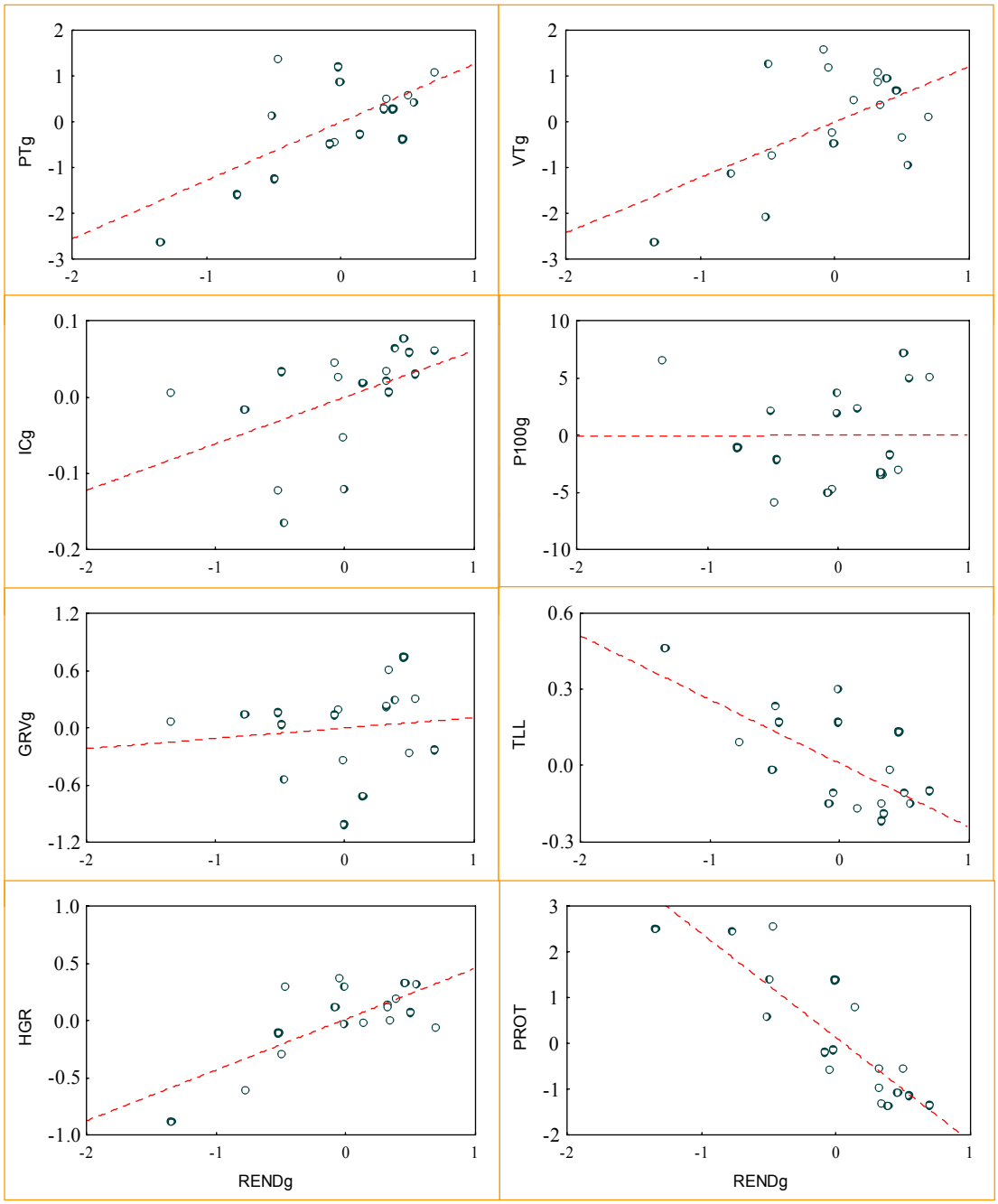


Figura 31. Representación de las medias genotípicas centradas de la productividad total de biomasa (PTg), vainas por unidad de superficie (VTg), índice de cosecha (ICg), peso de 100 semillas (P100g), granos por vaina (GRVg), número de tallos por planta (TLL), número de pisos florales del tallo principal (PISOS), porcentaje de humedad del grano en la recolección (HGR) y contenido en proteína del grano (PROT) respecto de la media genotípica del rendimiento en grano (RENDg).

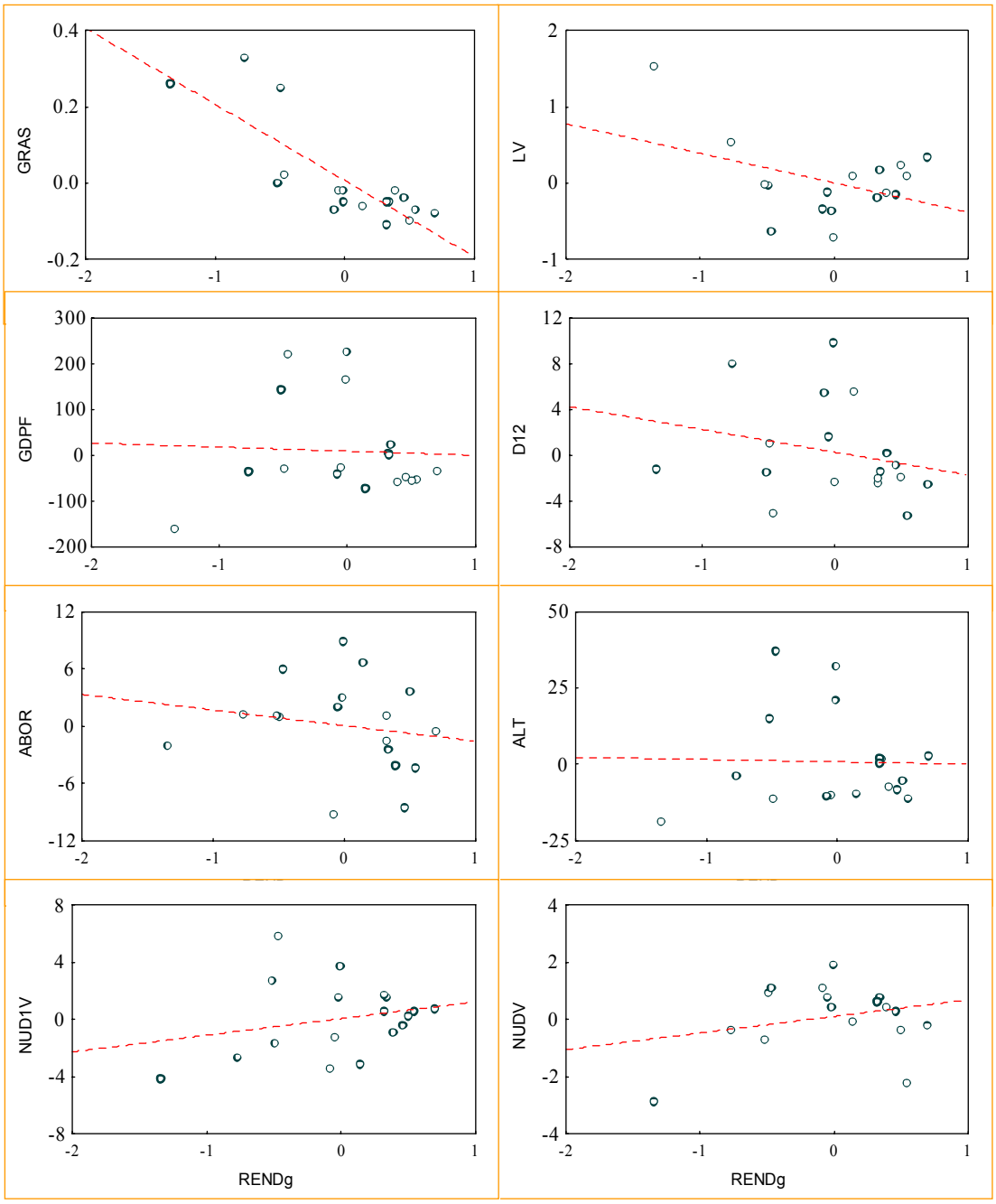


Figura 32. Representación de las medias genotípicas centradas del contenido en materia grasa del grano (GRAS), longitud de la vaina (LV), grados-día acumulados desde la nascencia hasta la floración (GDPF), días desde el principio hasta el final de floración (D12), porcentaje de aborto de semillas en cada vaina (ABOR), altura de la planta (ALT), número de nudos hasta la primera vaina (NUD1V) y número de nudos del tallo principal (NUDV) respecto de la media genotípica del rendimiento en grano (RENDg).

Tabla 40: Coeficientes de correlación de Pearson entre las covariables genotípicas.

	RENDg	PTg	VTg	ICg	P100g	GRV	TLL	PISOS	HGR	PROT	GRAS	LV	GDPF	D12	ABOR	ALT	NUD1V
PTg	0,67 *																
VTg	0,55 *	0,20 ns															
ICg	0,46 ns	-0,30 ns	0,51 *														
P100g	0,01 ns	0,10 ns	-0,69 *	-0,09 ns													
GRV	0,13 ns	-0,31 ns	0,19 ns	0,53 *	-0,43 ns												
TLL	-0,68 *	-0,36 ns	-0,48 *	-0,36 ns	0,19 ns	-0,23 ns											
PISOS	-0,30 ns	-0,04 ns	0,41 ns	-0,29 ns	-0,59 *	-0,29 ns	0,31 ns										
HGR	0,72 *	0,72 *	0,52 *	-0,02 ns	-0,25 ns	-0,03 ns	-0,50 *	0,00 ns									
PROT	-0,87 *	-0,44 *	-0,53 *	-0,61 *	0,1 ns	-0,48 *	0,66 *	0,33 ns	-0,56 *								
GRAS	-0,82 *	-0,76 *	-0,39 ns	-0,13 ns	-0,08 ns	0,07 ns	0,64 *	0,26 ns	-0,80 *	0,72 *							
LV	-0,42 ns	-0,70 *	-0,51 *	0,36 ns	0,43 ns	0,26 ns	0,25 ns	-0,46 ns	-0,81 *	0,21 ns	0,54 *						
GDPF	-0,04 ns	0,65 *	-0,15 ns	-0,86 *	-0,05 ns	-0,48 *	0,18 ns	0,41 ns	0,37 ns	0,23 ns	-0,21 ns	-0,70 *					
D12	-0,25 ns	-0,28 ns	0,17 ns	0,09 ns	-0,19 ns	-0,10 ns	0,17 ns	0,28 ns	-0,33 ns	0,18 ns	0,30 ns	0,03 ns	-0,08 ns				
ABOR	-0,18 ns	0,29 ns	-0,25 ns	-0,60 *	0,3 ns	-0,81 *	0,16 ns	0,24 ns	-0,01 ns	0,47 *	0,05 ns	-0,21 ns	0,54 *	0,02 ns			
ALT	-0,02 ns	0,68 *	-0,22 ns	-0,85 *	0,07 ns	-0,55 *	0,21 ns	0,29 ns	0,32 ns	0,26 ns	-0,22 ns	-0,62 *	0,97 *	-0,15 ns	0,58 *		
NUD1V	0,24 ns	0,79 *	-0,15 ns	-0,66 *	0,05 ns	-0,27 ns	-0,02 ns	0,10 ns	0,51 *	-0,03 ns	-0,41 ns	-0,61 *	0,85 *	-0,50 *	0,41 ns	0,87 *	
NUDV	0,26 ns	0,45 ns	0,67 *	-0,21 ns	-0,62 *	-0,24 ns	-0,18 ns	0,71 *	0,53 *	-0,09 ns	-0,3 ns	-0,81 *	0,54 *	0,14 ns	0,24 ns	0,48 *	0,38 ns

*, significativamente diferente de cero (P=0,05); ns, no significativo.

RENDg, PTg, VTg, ICg, P100g, GRVg = media de rendimiento en grano, productividad total de biomasa, vainas por unidad de superficie, índice de cosecha, peso de 100 semillas y granos por vaina, respectivamente, de cada genotipo en todos los ambientes; TLL = número de tallos por planta; PISOS = número de pisos florales por tallo; HGR = porcentaje de humedad del grano en la recolección (porcentaje sobre peso fresco); PROT = contenido en proteína del grano; GRAS = contenido en grasa del grano; LV = longitud de la vaina; GDPF = grados-día acumulados desde la nascencia hasta principio de floración; D12 = días desde el inicio hasta el final de floración; ABOR = porcentaje de aborto de semillas en cada vaina; ALT = altura de la planta; NUD1V = número de nudos hasta la primera vaina; NUDV = número de nudos con vaina en el tallo principal

La covariable TLL está correlacionada directamente con el contenido en proteína y grasa del grano, e inversamente con el contenido en humedad del mismo (tabla 40). En las figuras 31 y 32 se puede ver gráficamente la correlación entre estas tres covariables y el rendimiento en grano, positiva con HGR y negativa con PROT y GRAS. El genotipo de verdeo Progress-9, poco adaptado a las condiciones de cultivo del ensayo, es el que mayor contenido de proteína posee y también el menos productivo. El contenido en grasa varia poco, solo 3

genotipos tienen un valor por encima de la media general: FRI, JI1 y PRO, precisamente todos los de grano rugoso ensayados (tabla 38).

Las variedades más productivas han resultado ser las de tipo semiafilo, que se caracterizan por tener un número escaso de tallos por planta. Sobre todo en los ambientes de Madrid, los genotipos más tardíos y de mayor talla han producido mayor número de tallos, generando rendimientos en grano relativamente bajos. En cualquier caso, el número de tallos por planta es un carácter muy variable con la densidad de siembra.

BIBLIOTECA VIRTUAL

La correlación negativa entre rendimiento en grano y contenido en proteína se ha puesto de manifiesto en numerosas ocasiones (Kwon y Torrie, 1964). A diferencia de los resultados mostrados aquí, Pandey y Griton (1975) no encontraron correlación significativa en guisante entre las dos variables. Según Brites *et al*. (1995) esta correlación en garbanzo depende de los ambientes, siendo negativa en los mejores ambientes, y no significativa en ambientes de productividad media y baja.

La longitud de la vaina, los grados-día acumulados hasta principio de floración, la duración de la floración, porcentaje de abortos de semilla en cada vaina, altura de la planta, nudos hasta la primera vaina y número de nudos con vaina son covariables no correlacionadas con el rendimiento en grano (tabla 40, figura 32). Sin embargo, Singh (1985) en un estudio de 30 variedades de guisante, observó que el número de días transcurridos hasta el 50% de floración y hasta la madurez eran dos parámetros que se asociaban tan significativamente con el rendimiento en grano como entre ellos mismos, mostrando su elevada eficacia en la selección de variedades más productivas.

Las correlaciones obtenidas en Francia por Biarnès-Dumoulin *et al*. (1996) entre el número de nudos hasta la primera vaina y el número de nudos con vaina con el rendimiento en grano del guisante proteaginoso tampoco fueron estadísticamente significativas. Esta coincidencia de resultados se produce a pesar de que los ambientes de Madrid y Valladolid son muy distintos a los

ensayados por aquellos autores. En las condiciones españolas, el número de nudos con vaina es muy reducido (algunos años solo 2-3 en el tallo principal).

La covariable PTg está correlacionada positivamente con RENDg (tabla 40), pero no lo está con VTg, ICg, P100g y GRVg. Sin embargo, covariables que definen aspectos de la morfología de los genotipos tratados, como la altura de la planta y la longitud de la vaina, sí que presentan correlación significativa con PTg, positiva en el primer caso y negativa en el segundo. Los genotipos con mayor altura tienen mayor productividad de biomasa, mientras que los genotipos con mayor longitud de sus vainas destacan por su baja productividad total.

La covariable PTg está correlacionada positivamente con los grados-día hasta floración (GDPF), lo que pone de manifiesto que los genotipos más precoces alcanzan menores producciones totales de biomasa. La covariable NUD1V también está correlacionada positivamente con PTg, de modo que los genotipos que tienen mayor desarrollo vegetativo también tienen más nudos hasta la primera vaina.

El número de nudos con vaina no está correlacionado significativamente con PTg y si con VTg ($r=0,67$; $P<0,05$), lo cual es lógico puesto que el número de vainas por nudo varía poco. Las correlaciones de VTg con ICg, HGR y LV son positivas, y con TLL y PROT negativas (tabla 40).

La altura de la planta no tuvo coeficientes de correlación significativamente distintos de cero con RENDg ni VTg. Pandey y Griton (1975), sin embargo, estudiaron 8 líneas de guisante y todas las F1 posibles en cinco ambientes diferentes, y obtuvieron coeficientes de correlación significativamente positivos de la altura de la planta con el número de vainas por planta, semillas por planta y rendimiento en grano. A pesar de que el mayor rendimiento en grano pueda darse en ciertas condiciones en las plantas más altas, el crecimiento indeterminado no puede aceptarse en guisante debido al perjuicio que ocasiona en la recolección.

Las covariables ICg y VTg muestran correlación positiva con GRVg, y negativa con GDFF y ALT. Esto pone de manifiesto que las plantas altas y tardías tienen

un índice de cosecha menor. La correlación ALT-GDPF es muy alta (r=0,97, P<0,05). La correlación ALT-LV es significativamente negativa y ALT-ABORT positiva.

El coeficiente de correlación VTg-P100g alcanza un valor de -0,69 (P<0,05). A mayor número de vainas, lógicamente, menor es el tamaño de la semilla. La covariable P100g se correlaciona inversamente (P<0,05) con el número total de pisos y el número de nudos con vaina, manteniendo una cierta independencia del resto de covariables genotípicas estudiadas (tabla 40).

La covariable GRVg presenta correlaciones negativas, lógicamente, con ABOR o número de aborto de semillas en cada vaina (r=-0.81; P<0,05). También se registra correlación negativa de GRVg con PROT, GDPF y ALT (tabla 40).

El número de días transcurridos desde principio a final de floración (D12) se correlaciona negativamente con el número de nudos hasta la primera vaina, resultando no significativamente distintos de cero al 5% los coeficientes de Pearson con el resto de covariables genotípicas. Tanto NUD1V como NUDV (tabla 40) están correlacionadas positivamente con HGR, GRV, GDF y ALT, y negativamente con LV. La covariable HGR está correlacionada negativamente con PROT, GRAS y LV.

La tabla 41 muestra los coeficientes de correlación de los valores del rendimiento en grano de cada genotipo con el resto de variables, y con las covariables grados-día acumulados desde la nascencia hasta principio (GDPF) y final de floración (GDFF), las precipitaciones registradas en los periodos mencionados (LLPF y LLFF, respectivamente), y el contenido de proteína de la semilla (PROT). Los coeficientes son significativamente positivos (P=0,05) con PT, VT, IC, GRV y P100 en todos y cada uno de los genotipos estudiados. Los coeficientes de correlación con PT superan a 0,80 en todos los genotipos, salvo en Progress-9. Con VT el valor máximo de se alcanza para la línea LE1 (0,82), y el mínimo para Progress-9 (0,44). Los coeficientes REND-IC varían entre 0,49 (variedad Ascona) y 0,81 (línea JI2). Los de REND-GRVg, entre 0,33 (Frisson) y 0,63 (genotipo LE1). Para P100 los coeficientes son bajos (por debajo de 0,4 en

Fride, Ascona, LV5 y Progress-9), aunque significativamente distintos de cero (P=0,05).

La mayor parte de las correlaciones entre REND y las covariables GDPF y LLPF no fueron significativas al 5%. Si se aprecia, sin embargo, una estrecha relación entre el rendimiento en grano y las condiciones de temperatura y precipitación en el periodo nascencia-final de floración (tabla 41). Los genotipos que obtienen mayor respuesta en rendimiento a los incrementos en la integral térmica hasta principio de floración son Desso y LV3. En el otro extremo, Ascona y Progress-9 son las únicas variedades ensayadas en las que no es posible apreciar esa respuesta.

Tabla 41: Coeficientes de correlación entre los valores de rendimiento medio en grano de cada genotipo y los correspondientes de las variables: productividad total de biomasa (PT), vainas por unidad de superficie (VT), índice de cosecha (IC), peso de 100 semillas (P100), granos por vaina (GRV), grados-día desde nascencia hasta el principio (GDPF) y final de floración (GDFF), precipitación desde nascencia hasta el principio (LLPF) y final de floración (LLFF), y contenido de proteína de la semilla (PROT).

Genotipo	PT	VT	IC	P100	GRV	GDPF	GDFF	LLPF	LLFF	PROT
AMI	0,85 *	0,70 *	0,53 *	0,43 *	0,55 *	0,14 ns	0,32 *	0,14 ns	0,44 *	-0,09 ns
ASC	0,85 *	0,60 *	0,49 *	0,38 *	0,58 *	0,14 ns	0,31 ns	0,33 *	0,39 *	-0,05 ns
BAL	0,87 *	0,74 *	0,58 *	0,57 *	0,41 *	-0,17 ns	0,27 *	0,03 ns	0,36 *	0,10 ns
CEA	0,84 *	0,74 *	0,61 *	0,49 *	0,43 *	0,20 ns	0,45 *	0,18 ns	0,49 *	-0,25 ns
DES	0,86 *	0,74 *	0,60 *	0,50 *	0,57 *	0,29 *	0,63 *	0,23 ns	0,61 *	-0,21 ns
ESL	0,86 *	0,79 *	0,68 *	0,52 *	0,43 *	0,04 ns	0,33 *	0,17 ns	0,48 *	-0,41 *
FRD	0,82 *	0,68 *	0,58 *	0,29 *	0,44 *	0,08 ns	0,34 *	0,12 ns	0,42 *	0,20 ns
FRI	0,83 *	0,70 *	0,57 *	0,36 *	0,33 *	0,26 ns	0,37 *	0,08 ns	0,40 *	-0,03 ns
GLO	0,81 *	0,75 *	0,61 *	0,55 *	0,43 *	0,18 ns	0,28 *	0,15 ns	0,46 *	-0,11 ns
JI1	0,81 *	0,63 *	0,64 *	0,45 *	0,46 *	0,21 ns	0,59 *	0,16 ns	0,56 *	-0,26 ns
JI2	0,64 *	0,72 *	0,81 *	0,80 *	0,61 *	0,23 ns	0,41 *	0,10 ns	0,30 *	-0,32 ns
LE1	0,63 *	0,82 *	0,71 *	0,75 *	0,63 *	0,14 ns	0,28 *	0,40 *	0,57 *	-0,54 *
LE2	0,68 *	0,77 *	0,72 *	0,65 *	0,50 *	0,28 ns	0,38 *	0,38 *	0,62 *	-0,46 *
LV1	0,84 *	0,80 *	0,58 *	0,50 *	0,37 *	0,11 ns	0,39 *	0,16 ns	0,49 *	-0,30 ns
LV2	0,86 *	0,67 *	0,58 *	0,40 *	0,50 *	0,17 ns	0,58 *	0,23 ns	0,58 *	-0,06 ns
LV3	0,85 *	0,69 *	0,63 *	0,60 *	0,58 *	0,43 *	0,61 *	0,02 ns	0,30 *	0,09 ns
LV4	0,88 *	0,75 *	0,61 *	0,48 *	0,53 *	0,28 ns	0,63 *	0,19 ns	0,59 *	0,03 ns
LV5	0,82 *	0,77 *	0,54 *	0,34 *	0,51 *	0,13 ns	0,49 *	0,28 ns	0,60 *	0,15 ns
PRO	0,69 *	0,44 *	0,64 *	0,38 *	0,51 *	-0,02 ns	-0,05 ns	0,42 *	0,43 *	-0,76 *
SOL	0,84 *	0,73 *	0,50 *	0,49 *	0,51 *	0,11 ns	0,43 *	0,32 *	0,57 *	0,03 ns

*, significativamente diferente de cero (P=0,05); ns, no significativo.

Si se comparan las correlaciones genotípicas con el rendimiento dentro de los distintos tratamientos de cultivo (datos no mostrados), los coeficientes de REND-GDFF son significativamente distintos de cero (P=0,05) en muy pocos genotipos. Únicamente se registran valores positivos en la variedad Desso en los dos ambientes de secano, y en los genotipos LV4 y Solara, en los dos ambientes de primavera. Las correlaciones REND-LLFF son significativas en los ambientes de secano en alrededor de la mitad del material estudiado. LV2, LV4 y Solara son los únicos genotipos que mantienen coeficientes significativos (P=0,05) tanto en siembra otoñal como primaveral.

Los coeficientes de correlación entre rendimiento y contenido en proteína del grano no son significativamente distintos de cero en la mayoría de los casos (tabla 41). Se registran valores negativos (P<0,05) en Esla, LE1, LE2 y Progress-9, correspondiendo los coeficientes mayores en valor absoluto precisamente a los genotipos con contenidos medios en proteína más altos: Progress-9 (-0,76) y LE1 (-0,54). A pesar de que la correlación RENDg-PROT sea significativa (tabla 40), el comportamiento de cada genotipo es muy variable. Sin duda esta variabilidad también contribuye a explicar la diversidad de resultados que aparece en la bibliografía en cuanto a la relación entre las dos variables.

3.5.3. Correlaciones entre las covariables ambientales

La tabla 42 recoge los coeficientes de correlación entre pares de covariables ambientales. En las figuras 33 y 34 se representan los valores de las covariables ambientales respecto de la media ambiental marginal del rendimiento en grano (RENDa).

Todas las covariables ambientales, salvo TM6, DTm02 y DTm041, muestran correlación significativa (P<0,05) con la covariable RENDa.

Con TM5 y DTm03 el coeficiente es negativo (tabla 42). Las covariables obtenidas como medias marginales ambientales de IC, P100 y GRV tienen correlación significativa con RENDa (tabla 42), a diferencia de lo que ocurre con las correspondientes medias marginales genotípicas respecto a RENDg (tabla 40).

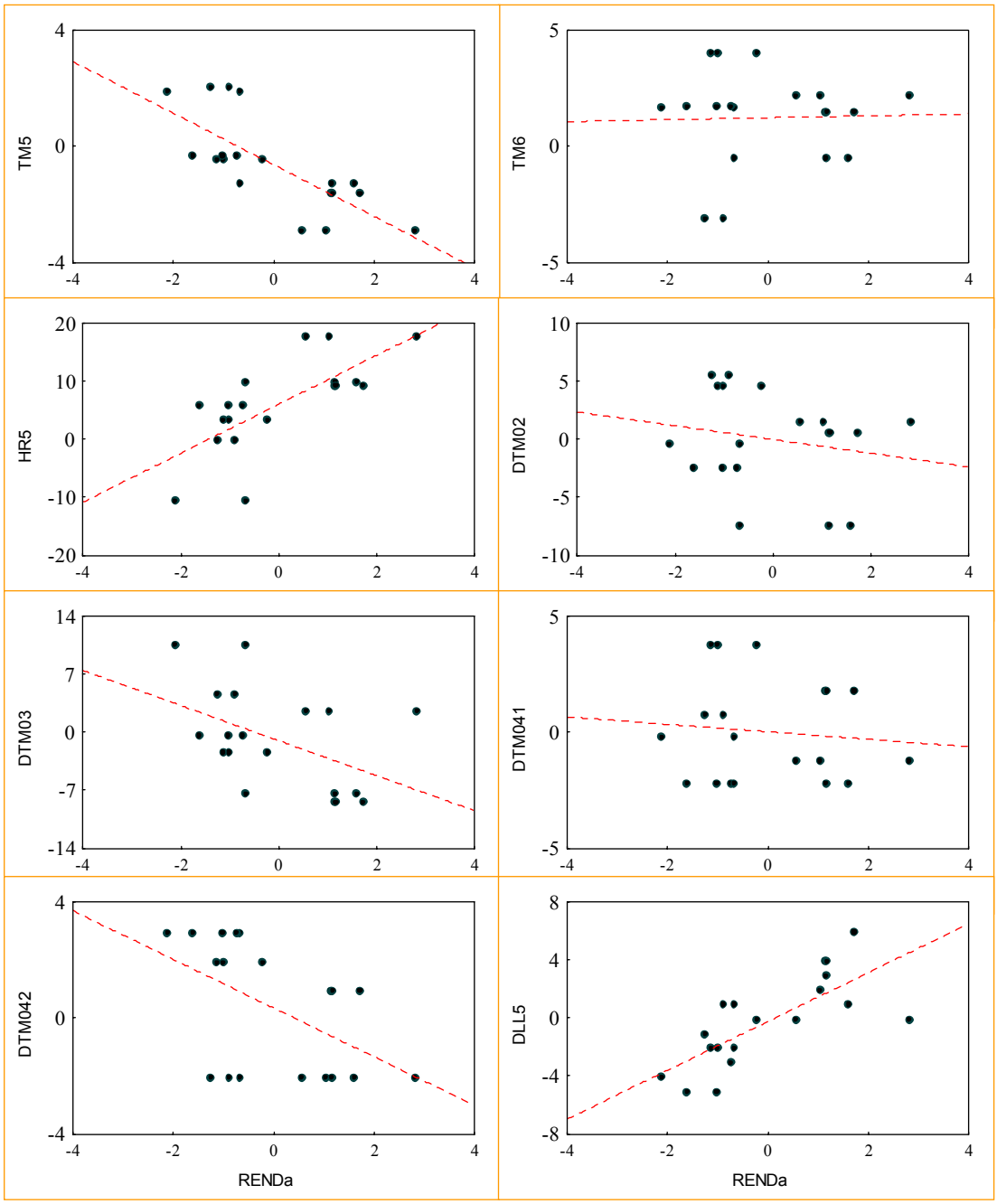


Figura 33. Representación de las medias ambientales centradas de la temperatura media de mayo (TM5); temperatura media de junio (TM6); humedad relativa media de mayo (HR5); días con temperatura mínima inferior a 0ºC en febrero (DTm02), en marzo (DTm03), en la primera quincena abril (DTm041) y en la segunda quincena de abril (DTm042) y días de lluvia en mayo (DLL5) respecto de la media ambiental del rendimiento en grano (RENDa).

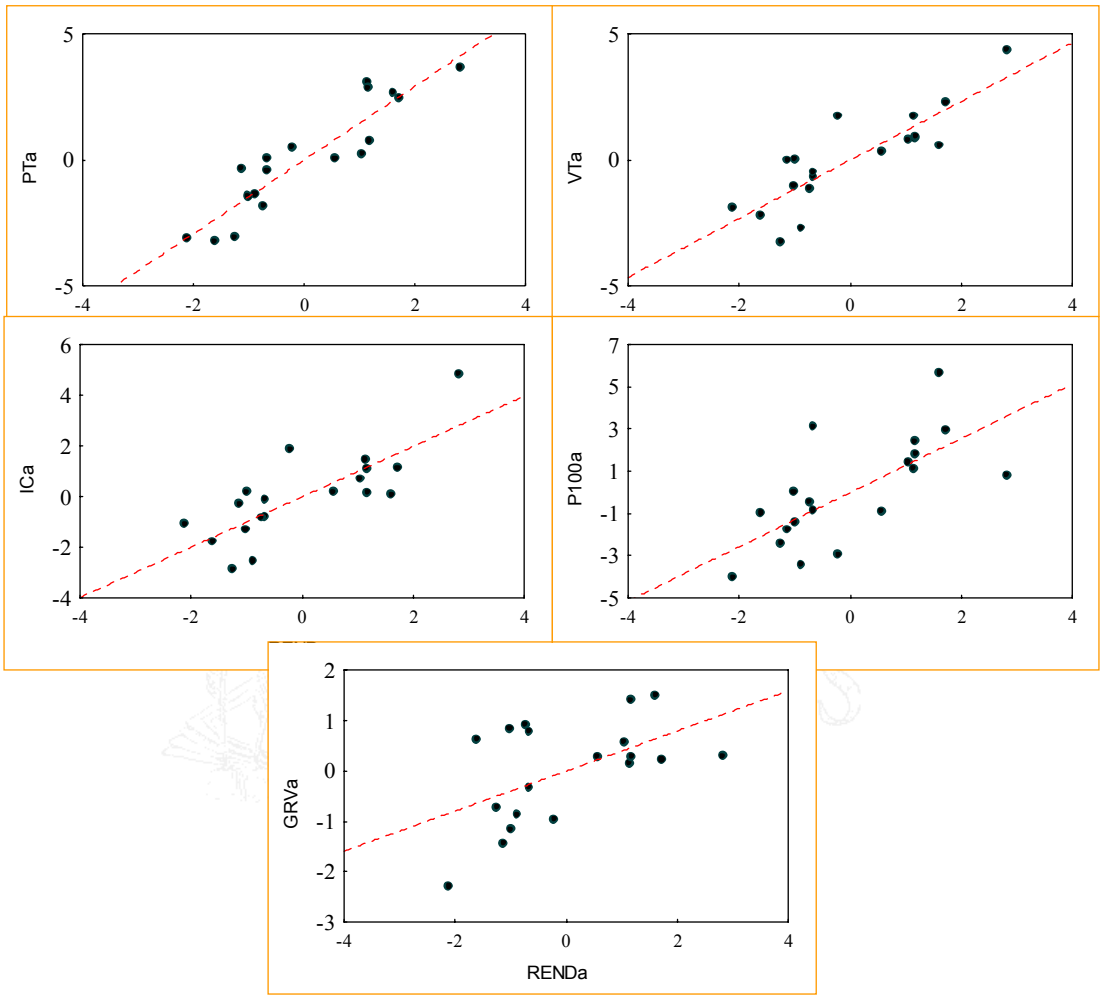


Figura 34. Representación de las medias ambientales centradas de la productividad total de biomasa (PTa), vainas por unidad de superficie (VTa), índice de cosecha (ICa), peso de 100 semillas (P100a) y granos por vaina (GRVa) respecto de la media ambiental del rendimiento en grano (RENDa).

TM5 y HR5 tienen correlación significativa con todas las covariables obtenidas de las medias marginales ambientales de las variables REND, PT, VT, IC, P100 y GRV (tabla 42), la covariable TM5 tiene correlación negativa y la variable HR5 positiva, por lo que estas covariables obtenidas de las temperaturas medias y de la humedad relativa media del mes de mayo, están muy relacionadas con las 6 variables mencionadas, también lo está DLL5, en número de días de lluvia de mayo, solo la relación DLL5 y GRVa fue no significativa.

Tabla 42: Coeficientes de correlación de Pearson entre las covariables ambientales.

	TM5	TM6	HR5	DTM02	DTM03	DTM041	DTM042	DLL5	RENDa	PTa	VTa	ICa	P100a
TM6	-0,38 ns												
HR5	-0,93 *	0,11 ns											
DTM02	0,24 ns	0,19 ns	-0,19 ns										
DTM03	0,56 *	-0,05 ns	-0,53 *	0,38 ns									
DTM041	0,16 ns	0,39 ns	-0,26 ns	0,74 *	-0,11 ns								
DTM042	0,36 ns	0,57 *	-0,56 *	0,1 ns	0,16 ns	0,27 ns							
DLL5	-0,46 *	-0,20 ns	0,46 *	-0,04 ns	-0,59 *	0,22 ns	-0,52 *						
RENDa	-0,75 *	0,03 ns	0,72 *	-0,19 ns	-0,47 *	-0,1 ns	-0,51 *	0,74 *					
PTa	-0,66 *	0,08 ns	0,58 *	-0,28 ns	-0,57 *	0,01 ns	-0,42 ns	0,74 *	0,92 *				
VTa	-0,76 *	0,48 *	0,60 *	-0,07 ns	-0,45 ns	0,16 ns	-0,18 ns	0,56 *	0,85 *	0,87 *			
ICa	-0,51 *	-0,25 ns	0,59 *	-0,26 ns	-0,58 *	-0,17 ns	-0,43 ns	0,69 *	0,71 *	0,55 *	0,41 ns		
P100a	-0,62 *	-0,12 ns	0,59 *	-0,7 *	-0,70 *	-0,40 ns	-0,39 ns	0,56 *	0,69 *	0,69 *	0,49 *	0,71 *	
GRVa	-0,56 *	-0,22 ns	0,64 *	-0,72 *	-0,52 *	-0,69 *	-0,34 ns	0,28 ns	0,53 *	0,46 *	0,26 ns	0,68 *	0,80 *

*, significativamente diferente de cero (P=0,05); ns, no significativo.
TM5 = temperatura media de mayo; TM6 = temperatura media de junio; HR5 = humedad relativa media de mayo; DTm02 = días con temperatura mínima inferior a 0ºC en febrero; DTm03 = días con temperatura mínima inferior a 0ºC en marzo; DTm041 = días con temperatura mínima inferior a 0ºC en la primera quincena de abril; DTm042 = días con temperatura mínima inferior a 0ºC en la segunda quincena de abril; DLL5 = días de lluvia en mayo; RENDa, PTa, VTa, ICa, P100a, GRVa = media de rendimiento en grano, productividad total de biomasa, vainas por unidad de superficie, índice de cosecha, peso de 100 semillas y granos por vaina, respectivamente, de cada ambiente para todos los genotipos.

La covariable GRVa está correlacionada con 9 de las 12 covariables que se han estudiado. Las correlaciones son negativas con las covariables obtenidas a partir de datos de temperatura en mayo, febrero, marzo y primera quincena de abril (tabla 42). El peso de la semilla es un carácter que presenta una importante componente genotípica, pero también se ve influido por el ambiente. La covariable P100a está correlacionada con varias de las covariables ambientales consideradas.

En las tablas 43 y 44 se indican los coeficientes de correlación entre las variables REND, PT, VT, IC, P100 y GRV en cada uno de los ambientes. Los coeficientes alcanzaron niveles de significación muy distintos en función del año, localidad y tratamiento de cultivo.

Tabla 43: Coeficientes de correlación de cada ambiente entre la variable rendimiento en grano (REND, en 10^{-2} g m^{-2}) con las variables productividad total de biomasa (PT, en 10^{-2} g m^{-2}), vainas por unidad de superficie (VT, en 10^{-2}Ud m^{-2}), índice de cosecha (IC), peso de 100 semillas (P100, en g) y granos por vaina (GRV).

Ambiente	PT	VT	IC	P100	GRV
M1	0,63 *	0,59 *	0,81 *	0,03 ns	0,53 *
M2	0,55 *	0,55 *	0,89 *	0,29 *	0,53 *
M3	0,82 *	0,68 *	0,45 *	0,05 ns	0,12 ns
M4	0,92 *	0,75 *	0,60 *	0,34 *	0,09 ns
M5	0,75 *	0,53 *	0,77 *	0,14 ns	0,68 *
M6	0,50 *	0,72 *	0,73 *	0,06 ns	0,63 *
M7	0,48 *	0,61 *	0,88 *	0,43 *	0,76 *
M8	0,74 *	0,60 *	0,47 *	-0,19 ns	0,36 *
M9	0,89 *	0,62 *	0,83 *	-0,04 ns	0,48 *
M10	0,74 *	0,72 *	0,90 *	0,35 *	0,49 *
M11	0,41 *	0,57 *	0,87 *	0,36 *	0,69 *
M12	0,90 *	0,64 *	0,58 *	0,09 ns	0,43 *
V13	0,70 *	0,69 *	0,04 ns	-0,04 ns	-0,16 ns
V14	0,62 *	0,16 ns	0,57 *	0,44 *	0,20 ns
V15	0,51 *	0,44 *	0,22 ns	0,06 ns	-0,09 ns
V16	0,41 *	0,24 *	0,10 ns	-0,10 ns	0,32 *
V17	0,69 *	0,55 *	0,45 *	0,10 ns	-0,11 ns
V18	0,49 *	0,39 *	0,24 *	0,13 ns	-0,02 ns
V19	0,45 *	0,25 *	0,08 ns	0,22 ns	-0,16 ns
V20	0,30 *	0,33 *	0,66 *	0,17 ns	0,31 *
V21	0,66 *	0,60 *	0,31 *	-0,08 ns	-0,21 ns
V22	0,68 *	0,57 *	0,15 ns	0,20 ns	0,31 *
V23	0,43 *	0,20 ns	0,33 *	0,29 *	-0,05 ns
V24	0,42 *	0,01 ns	0,15 ns	0,03 ns	0,27 ns

*, significativamente diferente de cero (P=0,05); ns, no significativo.

En todos los ambientes existe una correlación positiva de la variable REND con PT (tabla 43), registrándose los valores más bajos en los tres ambientes de Valladolid del año 1997. A los ambientes de Madrid le corresponden coeficientes mayores que a los de Valladolid, llegando a alcanzar valores de 0,90 en M12, y 0,92 en M4 (primavera-secano y otoño-secano de 1997, respectivamente). Los coeficientes de correlación RENDa-PTa son mayores en secano que en regadío (tabla 43).

En general, la correlación REND-VT es significativa, y alcanza mayores valores en los ambientes de Madrid que en los de Valladolid. Los coeficientes de Pearson oscilan entre 0,39 (V18) y 0,75 (M4), siendo mayores en los tratamientos

de secano frente a los de regadío, y en los ambientes de 1996 frente al resto de años. La correlación REND-VT no es significativa (P>0,05) en Valladolid con siembra otoñal en 1995 (V14), un ambiente en que tubo condiciones estresantes tanto de bajas temperaturas como de sequía en la última fase del ciclo. Estos condicionantes hicieron disminuir la producción sin afectar al número de vainas/m^2, de modo que, en la recolección, quedó un elevado porcentaje de vainas con granos muy pequeños o con abortos. Probablemente por la misma razón, en los secanos de Valladolid de los dos últimos años de ensayo, tampoco se detecta correlación significativa REND-VT.

Tabla 44: Coeficientes de correlación entre los valores de productividad total de biomasa (PT), vainas por unidad de superficie (VT), índice de cosecha (IC), peso de 100 semillas (P100) y granos por vaina (GRV), en cada uno de los ambientes.

	PT				VT			IC		P100
Ambiente	**VT**	**IC**	**P100**	**GRV**	**IC**	**P100**	**GRV**	**P100**	**GRV**	**GRV**
M1	0,33 *	0,09 ns	0,16 ns	0,29 *	0,52 *	-0,38 *	-0,11 ns	-0,12 ns	0,49 *	-0,19 ns
M2	0,19 ns	0,16 ns	0,18 ns	0,45 *	0,54 *	-0,17 ns	-0,15 ns	0,28 *	0,42 *	0,03 ns
M3	0,86 *	-0,13 ns	-0,07 ns	-0,21 ns	-0,10 ns	-0,37 *	-0,22 ns	0,25 ns	0,49 *	-0,37 *
M4	0,77 *	0,31 *	0,28 ns	0,04 ns	0,33 *	-0,04 ns	-0,16 ns	0,31 ns	0,04 ns	-0,45 *
M5	0,56 *	0,21 ns	0,05 ns	0,22 ns	0,33 *	-0,56 *	0,29 *	0,19 ns	0,86 *	-0,07 ns
M6	0,70 *	-0,21 ns	-0,25 ns	-0,01 ns	0,27 *	-0,54 *	0,26 *	0,08 ns	0,75 *	-0,24 ns
M7	0,43 *	0,06 ns	0,15 ns	0,10 ns	0,45 *	-0,28 *	0,38 *	0,39 *	0,85 *	0,15 ns
M8	0,71 *	-0,21 ns	-0,30 *	0,25 *	-0,09 ns	-0,72 *	0,20 ns	0,12 ns	0,20 ns	-0,37 *
M9	0,63 *	0,49 *	-0,06 ns	0,29 *	0,51 *	-0,51 *	0,13 ns	-0,08 ns	0,57 *	-0,37 *
M10	0,41 *	0,51 *	0,41 *	0,60 *	0,71 *	0,02 ns	0,04 ns	0,32 *	0,43 *	0,20 ns
M11	0,52 *	-0,07 ns	-0,01 ns	-0,22 ns	0,36 *	-0,31 *	0,17 ns	0,44 *	0,88 *	0,29 *
M12	0,70 *	0,21 ns	0,08 ns	0,49 *	0,11 ns	-0,43 *	0,42 *	0,24 ns	0,29 *	-0,40 *
V13	0,76 *	-0,23 ns	0,09 ns	-0,35 *	0,03 ns	-0,42 *	-0,25 *	-0,22 ns	0,75 *	-0,33 *
V14	0,17 ns	0,36 *	0,46 *	0,30 *	0,26 *	-0,29 *	-0,06 ns	0,28 ns	0,14 ns	-0,12 ns
V15	0,69 *	0,19 ns	0,10 ns	-0,24 *	0,52 *	-0,46 *	-0,03 ns	-0,13 ns	0,47 *	-0,32 *
V16	0,71 *	0,25 *	-0,19 ns	0,30 *	0,41 *	-0,59 *	0,31 *	-0,40 *	0,39 *	-0,49 *
V17	0,74 *	0,19 ns	0,15 ns	-0,12 ns	0,25 ns	-0,46 *	-0,14 ns	0,01 ns	0,27 *	-0,26 *
V18	0,48 *	-0,39 *	0,03 ns	0,10 ns	0,03 ns	-0,46 *	-0,15 ns	0,01 ns	0,04 ns	-0,17 ns
V19	0,50 *	-0,16 ns	0,26 *	-0,07 ns	0,04 ns	-0,46 *	-0,10 ns	0,13 ns	0,29 *	-0,14 ns
V20	0,32 *	-0,34 *	0,19 ns	-0,17 ns	0,31 *	-0,52 *	0,03 ns	0,09 ns	0,38 *	-0,11 ns
V21	0,68 *	0,06 ns	0,02 ns	-0,07 ns	0,31 *	-0,56 *	-0,23 ns	-0,08 ns	0,30 *	-0,11 ns
V22	0,56 *	-0,08 ns	0,19 ns	0,38 *	0,33 *	-0,27 *	0,17 ns	-0,03 ns	-0,01 ns	-0,06 ns
V23	0,46 *	0,06 ns	0,27 *	-0,19 ns	0,47 *	-0,51 *	-0,02 ns	-0,15 ns	0,52 *	-0,13 ns
V24	0,58 *	0,27 ns	0,28 ns	0,36 ns	0,24 ns	-0,16 ns	0,31 ns	0,18 ns	0,42 *	-0,15 ns

*, significativamente diferente de cero (P=0,05); ns, no significativo.

Las elevadas correlaciones detectadas entre rendimiento en grano y número de vainas por unidad de superficie, coinciden con los resultados de Husain *et al*. (1988) en haba, y contrastan con los obtenidos en guisante por Rodríguez-

Maribona *et al*. (1993), en ambientes con diferentes grados de estrés hídrico. La reducción en el número de vainas por unidad de superficie es la causa principal de la disminución en el rendimiento de distintas leguminosas (Muchow, 1985). Esta reducción puede deberse tanto a un menor número de nudos con vainas, como a un menor número de vainas que llegan a la madurez (Hedley y Ambrose, 1981).

Los coeficientes de correlación REND-IC son significativamente positivos en todos los ambientes de Madrid (tabla 43), mientras en los ambientes de Valladolid sólo son significativamente distintos de cero en la mitad de los casos (otoño secano en 1995, primavera regadío en 1994, 1995 y 1997, primavera secano en 1994 y 1996). No se advierte un comportamiento definido ni por años ni por tratamientos de cultivo (tabla 43), en contra de lo mostrado por Rodríguez-Maribona *et al*. (1993), que obtenían mayores correlaciones entre las dos variables en condiciones de secano que en regadío.

La correlación REND-P100 es significativa únicamente en 7 de los 24 ambientes, 6 de ellos de secano, manteniendo cuándo lo es, signo positivo. Esta relación positiva entre el rendimiento y el tamaño de la semilla en condiciones de secano también ha sido puesta de manifiesto en guisante por Rodríguez-Maribona *et al*. (1993).

La posibilidad de que los cultivares con semilla grande resulten más productivos que los de semilla pequeña es una cuestión muy discutida. En judía, algunos autores encuentran correlaciones positivas entre tamaño de semilla y rendimiento (Sangakkara, 1989; Federici *et al*., 1990). Otros, sin embargo, encuentran correlaciones negativas (White y González, 1990; White *et al*., 1992). En guisante, Hedley y Ambrose (1985) han descrito cómo genotipos de semilla grande disminuyen su rendimiento en grano y su índice de cosecha, debido al mayor número de abortos en el desarrollo de las semillas.

El peso del grano es un componente del rendimiento que varía poco con el régimen hídrico, tanto en el guisante (Rodríguez-Maribona *et al*., 1993) como en otras especies: Caupí (Turk *et al*., 1980), judía (Acosta y Kohashi, 1989), trigo

(Ehdaie y Waines, 1989). Hay que tener en cuenta que el crecimiento de la semilla no depende sólo de la producción momentánea de fotoasimilados, que se puede ver afectada directamente por el déficit hídrico, sino también de la removilización de los fotoasimilados almacenados en otras partes de la planta (Ouattar *et al*., 1987; Husain *et al*., 1988; Blum, 1989; Sing, 1991).

Las correlaciones REND-GRV son significativamente positivas (P<0,05) en 13 ambientes, entre los que se incluyen todos los de Madrid, salvo los de otoño de los dos últimos años (tabla 43). En algunos ambientes de Valladolid existen coeficientes de correlación negativos pero no son significativos al 5%. Rodríguez-Maribona *et al*. (1993) no obtuvieron correlaciones entre el número de semillas por vaina y el rendimiento de distintas líneas de guisante en condiciones en que se variaba la dotación hídrica del cultivo. En concordancia con lo observado en los ambientes de Madrid, Turk *et al*. (1980) también pusieron de manifiesto una correlación positiva entre las dos variables.

A modo de resumen se puede decir que en los ambientes de Madrid los coeficientes de correlación de REND con PT, IC, P100 y GRV son superiores que en los ambientes de Valladolid (tabla 43). La componente del rendimiento positivamente correlacionada en un mayor número de ambientes con el rendimiento en grano fue el número de vainas por metro cuadrado. El peso de 100 granos estuvo correlacionado con el rendimiento en grano en un menor número de ambientes.

Son mayoría los ambientes donde las correlaciones entre las variables PT y VT son significativas (tabla 44). No existe diferenciación alguna en este caso entre los ambientes de Madrid y Valladolid. En los ambientes de otoño de 1995 tanto en una localidad como en otra, los coeficientes de correlación PT-VT no resultaron significativos al 5%.

La correlación PT-IC sólo es significativa (P=0,05) en 6 ambientes, y tiene signo negativo en los ambientes de primavera-regadío V18 y V20 (tabla 44). Los índices de correlación PT-GRV resultaron significativos (P=0,05) para la mitad de los ambientes, la mayor parte de regadío. En los ambientes de Valladolid V13 y

V15 (otoño de 1994 y de 1996, respectivamente) la correlación entre estas variables es significativamente negativa.

Los coeficientes de correlación VT-GRV no son significativos en la mayoría de los ambientes, mientras que los coeficientes VT-IC si lo son (P<0,05) en 16 de los 24 ambientes ensayados (tabla 44). La correlación IC-GRV es significativa en todos los ambientes salvo en cinco, alcanzando valores más elevados en Madrid (0,88 en M11; 0,86 en M5).

La variable P100 no estuvo correlacionada con PT, IC y GRV en la mayoría de los ambientes (tabla 44). Sin embargo, en 20 de los 24 ambientes, la correlación VT-P100 es negativa. Lógicamente, al disminuir el número de granos por unidad de superficie de suelo, los que quedan son más gruesos. Las correlaciones entre el tamaño de la semilla con el número de granos por vaina carecen en general de significación. La correlación entre índice de cosecha y granos por vaina es mayoritariamente positiva, con coeficientes más elevados en los ambientes de Valladolid que en los de Madrid (tabla 44).

3.6. Análisis de la interacción genotipo x ambiente

3.6.1. Cuantificación del efecto de la interacción GxA sobre el rendimiento y sus componentes

La tabla 45 muestra los resultados de los análisis de varianza combinados correspondientes a los valores de rendimiento y sus componentes. Los análisis de varianza fueron significativos en todos los casos (P=0,05) para todas las fuentes de variación consideradas: genotipo, ambiente e interacción genotipo x ambiente. Resultados similares han sido obtenidos por Biarnès-Dumoulin *et al*. (1996) en Francia, estudiando el rendimiento en grano de 10 genotipos de guisante, en 12 ambientes diferentes.

Tabla 45: Análisis de varianza combinado de los valores de rendimiento en grano (REND, en 10^{-2} g m^{-2}), productividad total de biomasa (PT, en 10^{-2} g m^{-2}), vainas por unidad de superficie (VT, en 10^{-2}Ud m^{-2}), índice de cosecha (IC), peso de 100 semillas (P100, en g) y granos por vaina (GRV).

	REND					PT				
Fuente de Variación	gl	SC	CM	F	R^2	gl	SC	CM	F	R^2
Ambiente	18	595,7	33,09	378,2 *	65,47	18	1519,3	84,40	170,3 *	50,55
Genotipo	17	93,0	5,47	62,5 *	10,22	17	340,7	20,04	40,4 *	11,34
Genotipo*ambiente	306	128,3	0,42	4,8 *	14,11	306	540,7	1,77	3,6 *	17,99
Error	1019	89,2	0,09			968	479,8	0,50		
Total	1361	909,8				1310	3005,6			
	VT					**IC**				
Fuente de Variación	gl	SC	CM	F	R^2	gl	SC	CM	F	R^2
Ambiente	18	1112,0	61,78	272,6 *	52,97	18	3,2	0,1778	296,1 *	47,49
Genotipo	17	461,2	27,13	119,7 *	21,97	17	1,59	0,0935	155,7 *	23,60
Genotipo*ambiente	304	421,0	1,38	6,1 *	20,05	306	1,19	0,0039	6,5 *	17,66
Error	940	213,0	0,23			970	0,58	0,0006		
Total	1280	2099,2				1312	6,73			
	P100					**GRV**				
Fuente de Variación	gl	SC	CM	F	R^2	gl	SC	CM	F	R^2
Ambiente	18	2042,1	113,45	188,5 *	22,12	18	329,54	18,31	268,4 *	58,26
Genotipo	17	5831,7	343,04	569,8 *	63,17	17	64,48	3,79	55,6 *	11,40
Genotipo*ambiente	306	1204,6	3,94	6,5 *	13,05	306	99,07	0,32	4,7 *	17,51
Error	1004	604,4	0,60			976	66,56	0,07		
Total	1346	9232,3				1318	565,68			

*, significativo (P=0,05); ns, no significativo.
gl, grados de libertad; CM, cuadrados medios; R^2, porcentaje de la suma de cuadrados (SC) respecto de la total.

La suma de cuadrados de la interacción representó para la variable REND el 14,11% del total (tabla 45), un porcentaje similar al 15,47% obtenido en guisante por Biarnès-Dumoulin *et al*. (1996), o al 12% estimado por Pandey y Griton (1975). Cubero y Flores (1994), en el análisis del rendimiento en grano de haba de 11 genotipos en 10 ambientes diferentes explicaron a través de la interacción GxA un 17,3% de la suma de cuadrados total.

La suma de cuadrados de la interacción GxA representa el mayor porcentaje respecto al total en el análisis de la variable VT (R^2=20,05%). Para las variables PT, IC y GRV este porcentaje supera el 17% (tabla 45). El número de vainas por unidad de superficie es el principal componente del rendimiento en las leguminosas (Hardwick, 1988; Husain *et al*., 1988; Duthion y Pigeaire, 1991; Ney *et al*., 1993). Se trata, por otra parte, de un carácter muy sensible al déficit hídrico

(Rodríguez-Maribona *et al*., 1993). El peso del grano, por el contrario, varía poco con este tipo de estrés.

Snoad y Arthur (1974) observaron interacción significativa genotipo x ambiente en el número de granos por vaina en los cuatro primeros nudos de seis cultivares de guisante sembrados en varias localidades. La variación de GRV en las leguminosas con el estrés hídrico es pequeña (Muchow, 1985; Acosta y Kohashi, 1989; Senthong y Pandey, 1989; Rodríguez-Maribona *et al*., 1993).

El factor ambiente es el que explica mayoritariamente la variabilidad detectada en el rendimiento y sus componentes (tabla 45). El caso de la variable P100 es el único en que el valor de R^2 correspondiente el factor genotipo supera al del factor ambiente (63,05 frente a 22,12%). La interacción GxA tiene un peso intermedio entre el efecto aditivo del genotipo y ambiente en los valores de REND, PT y GRV (tabla 45), y es el término menos importante en el resto de variables.

La preponderancia del efecto ambiental sobre el efecto del genotipo en los rendimientos ha sido puesta de manifiesto por otros autores. Cubero y Flores (1994) obtuvieron un reparto de un 41,37% de la suma de cuadrados total para el efecto ambiente y un 24,48% para el efecto genotipo en habas. Biarnès-Dumoulin *et al*. (1996) obtuvieron un 56,4% para el efecto ambiente frente a un 14,85% para el efecto genotipo en un estudio de 10 genotipos de guisante en 12 ambientes diferentes.

Por el contrario, Pandey y Griton (1975), estudiando un conjunto de ambientes menos heterogéneo, pusieron de manifiesto un reparto entre los efectos principales diferente. Estos autores estudiaron 8 líneas de guisante y sus posibles F1 en 5 ambientes diferentes, detectando que la variabilidad en el rendimiento en grano era explicada en un 16% por el ambiente y en un 52% por el genotipo. Mientras en los parentales la interacción GxA era significativa en todas las variables, para las F1, más estables, esta interacción únicamente era significativa para el contenido en proteína.

Sobre más de 100 ensayos de diferentes cultivos en varias localidades, DeLacy *et al*. (1990) comprueban que en la mayor parte de los casos la proporción de suma de cuadrados explicada por la localidad está entre el 80 y el 98%, constatando que la variación debida a la interacción GxA era mayor que la genotípica. Romagosa y Fox (1993) estiman como media unas proporciones de 70% (ambiente)-20% (GxA)-10% (genotipo). Si genotipos y ambientes ensayados presentan una gran diversidad, se puede llegar a un porcentaje del 40-60% explicado por la interacción GxA (Gauch y Zobel, 1997).

3.6.2. Métodos no paramétricos

3.6.2.1. Ordenación estratificada de rangos

El método de estratificación de rangos (Fox *et al*., 1990) clasifica los genotipos en función del número de ambientes en que un genotipo muestra posiciones altas, medias o bajas en la ordenación. Los valores obtenidos aplicando esta metodología de análisis pueden observarse en la tabla 46.

Los genotipos ubicados un mayor número de veces en el primer tercil son considerados mejor adaptados respecto a la variable considerada. Según este criterio, los mejores resultados de rendimiento en grano en el conjunto de ambientes son obtenidos por las variedades Ballet y Solara (tabla 46). Glotón, que está en décimo lugar en rendimiento en grano es el genotipo mejor colocado en productividad total de biomasa. LE1 y LE2 también tienen valores de PT altos y no tanto de REND, lo que significa que adquieren un desarrollo vegetativo importante sin mejorar paralelamente el índice de cosecha.

El número de vainas totales más favorable lo obtienen los genotipos Fride y LV5, pero poseen unos rendimientos muy bajos al tener un grano muy pequeño (P100).

Los genotipos Fride, LV1, LV5 y Frisson, todos ellos de talla baja, son los mejor colocados respecto al índice de cosecha, ninguno de ellos aparece

representado en el tercil inferior. En el otro extremo, el genotipo JI2, muy tardío, obtiene los índices de cosecha más bajos (tabla 46).

Tabla 46: Estratificación de rangos (Fox et al, 1990) de las variables rendimiento en grano (REND), productividad total de biomasa (PT), vainas por unidad de superficie (VT), índice de cosecha (IC), peso de 100 semillas (P100) y granos por vaina (GRV): número de ambientes en que el valor de cada genotipo se sitúa en el tercil superior (TS), medio (TM) e inferior (TI).

	REND			PT			VT			IC			P100			GRV		
Genotipo	TS	TM	TI	TS	TM	TI	TS	TM	TI	TS	TM	TI	TS	TM	TI	TS	TM	TI
AMI	12	7	.	13	6	.	.	7	12	.	7	12	19	.	.	12	6	1
BAL	13	5	1	6	10	3	3	13	3	3	13	3	18	1	.	.	13	6
CEA	7	12	.	12	7	.	8	9	2	8	9	2	18	1	.	16	3	.
DES	10	7	2	9	8	2	10	8	1	10	8	1	.	9	10	15	4	.
ESL	9	9	1	4	7	8	11	6	2	11	6	2	.	12	7	5	14	.
FRD	2	8	9	7	11	1	16	3	.	16	3	.	.	9	10	3	14	2
FRI	4	9	6	2	4	13	11	8	.	11	8	.	.	1	18	7	10	2
GLO	6	7	6	3	9	7	5	10	4	5	10	4	.	3	16	3	6	10
JI1	.	5	14	.	3	16	.	8	11	.	8	11	6	13	.	6	9	4
JI2	2	5	12	6	8	5	.	.	18	.	.	18	2	17	.	9	4	6
LE1	3	4	12	13	4	2	4	6	9	4	6	9	10	7	2	2	6	11
LE2	5	8	6	10	8	1	2	9	7	2	9	7	.	14	5	2	.	17
LV1	9	10	.	7	10	2	13	6	.	13	6	.	14	5	.	6	12	1
LV2	6	9	4	4	7	8	6	11	2	6	11	2	.	12	7	.	2	17
LV3	10	8	1	5	10	4	11	7	1	11	7	1	9	10	.	10	7	2
LV5	2	13	4	2	11	6	14	5	.	14	5	.	.	16	3	6	9	4
PRO	1	2	16	.	3	16	.	.	19	.	.	19	.	2	17	10	5	4
SOL	13	5	1	11	7	1	.	17	2	.	17	2	18	1	.	2	9	8

En cuanto a granos por vaina, destacan en el primer tercil las variedades Desso y Cea. Por su parte, Ballet y LV2 nunca están en el tercil superior. Esta componente del rendimiento es desfavorable en Ballet, a pesar de ser una variedad muy productiva en el conjunto de ambientes.

Solara y Ballet, los genotipos más estables en cuanto a rendimiento según esta clasificación, tienen tamaños del grano muy grandes y estables (tabla 46). Este hecho justifica el mayor rendimiento de estos genotipos, ya que no destaca en el número de vainas totales y número de granos por vaina.

P100 es la variable para la que se observan diferencias más nítidas entre unos genotipos y otros; generalmente cada genotipo se encuentra mayoritariamente en uno de los tres terciles, estando muy poco representado en los otros dos (tabla 46). Aunque el valor del peso de 100 semillas es netamente

inferior en los ambientes de Madrid que en los ambientes de Valladolid (tabla 22), la estratificación de los genotipos se mantiene. Sobre el tamaño del grano es mucho más importante la componente genética que el efecto ambiental, como muestran los resultados de los análisis de varianza presentados en el epígrafe 3.6.1 de esta Memoria.

El de estratificación de rangos es un método no paramétrico muy simple e independiente de toda escala (Cubero y Flores, 1994), que ordena los genotipos según su adaptación a todos los ambientes del ensayo. Sin embargo, con este análisis no se pueden identificar los genotipos adaptados específicamente a un cierto ambiente.

3.6.2.2. Estudio de la consistencia del comportamiento

La tabla 47 recoge, ordenados, los valores medios del rendimiento en grano de cada genotipo y su rango medio obtenido en todos los ambientes, con las correspondientes desviaciones estándar. En la parte alta de la tabla destacan las variedades Ballet, Amino y Solara, más productivas. Las dos primeras obtienen una desviación de los rangos intermedia, mientras que Solara posee una desviación baja respecto al resto de los genotipos, por lo que puede considerarse más estable. En la parte baja de la tabla, el genotipo JI1 y la variedad Progress-9 obtienen los rendimientos más bajos, con un rango medio superior a 15 y escasa desviación.

En las figuras 35 a 40 se han representado, con los datos de la tabla 47, las distribuciones de los genotipos en función de la media y desviación típica obtenida en la ordenación de sus valores de rendimiento y componentes en todos los ambientes.

Tienen valores consistentemente superiores de rendimiento en grano (cuadrante inferior izquierdo) los genotipos Solara, Esla, Cea y LV1 (figura 35). Para la variable PT dos de estos genotipos también con consistentemente superiores: Solara y Esla (figura 36). En el otro extremo, los genotipos de guisante rugoso de verdeo Progress-9 y JI1 son consistentemente inferiores (cuadrante

inferior derecho) al resto de materiales en rendimiento, productividad total y vainas por unidad de superficie (figuras 35, 36 y 37)

Tabla 47: Media y desviación típica del rendimiento en grano (REND, en 10^{-2} g m^{-2}), rango (ordenamiento medio según esta variable) y desviación típica del rango para cada genotipo.

	REND		Rango	
Genotipo	media	DT	media	DT
AMI	2,96	1,75	5,95	4,20
BAL	3,11	1,49	4,85	4,25
CEA	2,77	1,70	6,90	3,14
DES	2,88	2,00	7,53	4,71
ESL	2,75	1,64	6,68	3,24
FRD	1,98	0,92	11,68	5,28
FRI	2,40	1,36	10,80	3,82
GLO	2,43	1,50	9,45	4,68
JI1	1,71	1,03	15,10	2,56
JI2	1,95	1,52	13,73	3,91
LE1	2,00	1,65	12,85	5,01
LE2	2,44	1,95	9,85	5,36
LV1	2,75	1,64	7,03	2,99
LV2	2,58	1,78	9,35	4,55
LV3	2,81	1,77	7,75	4,58
LV5	2,38	1,46	10,63	4,04
SOL	2,92	1,53	5,15	3,65
PRO	1,16	0,78	15,75	3,61

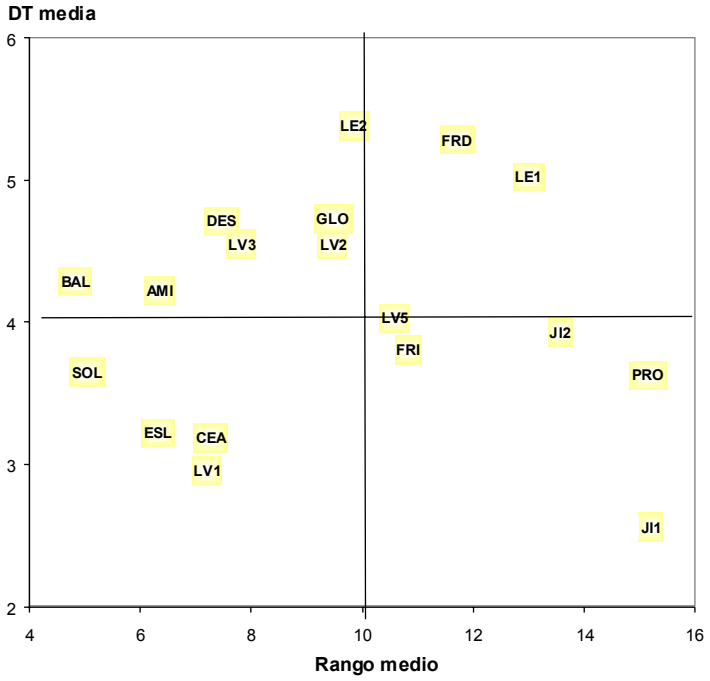


Figura 35. Rango medio y desviación típica (DT) media de los valores de rendimiento en grano de cada genotipo en todos los ambientes.

Se detecta una gran desviación típica en la ordenación de los genotipos respecto al número de vainas totales por unidad de superficie. Salvo Frisson y Fride, no existen genotipos consistentemente superiores en los valores de VT (figura 37). Estas variedades no alcanzan, en cualquier caso, niveles altos de rendimiento debido a que, manteniendo un valor medio de granos por vaina, acusan valores del peso de 100 semillas consistentemente inferiores a los del resto de genotipos.

El mejor comportamiento para el índice de cosecha se observa en las variedades Solara, Desso y Frisson. Como puede observarse en la figura 38, los genotipos con valores más bajos del índice de cosecha (JI1, JI2, LE1) modifican poco este carácter en función del ambiente: no se detectan genotipos inconsistentemente inferiores, en el cuadrante superior derecho.

Muestran consistencia superior en P100 las variedades Solara, Ballet, Amino y Glotón (figura 39). Coincidiendo con los resultados del estudio de estratificación de rangos, la variedad Cea destaca en cuanto al número de granos por vaina (figura 40).

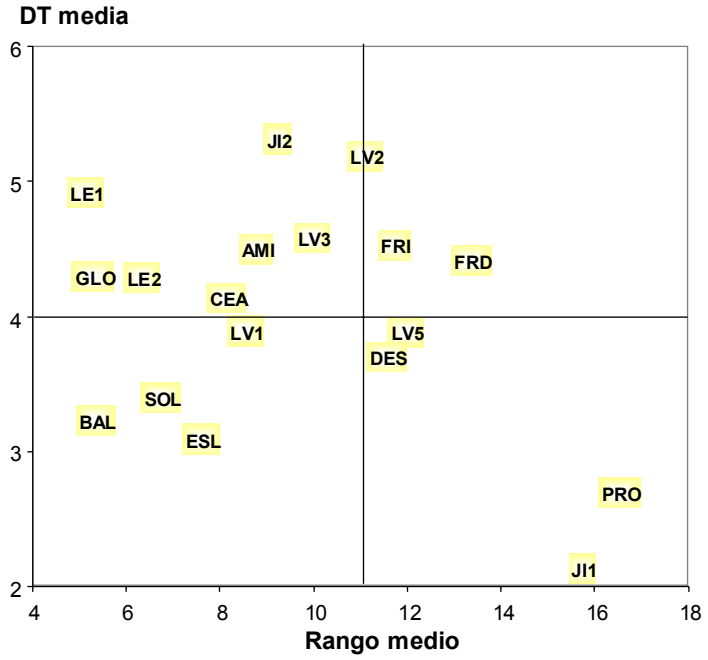


Figura 36. Rango medio y desviación típica (DT) media de los valores de productividad total de biomasa de cada genotipo en todos los ambientes.

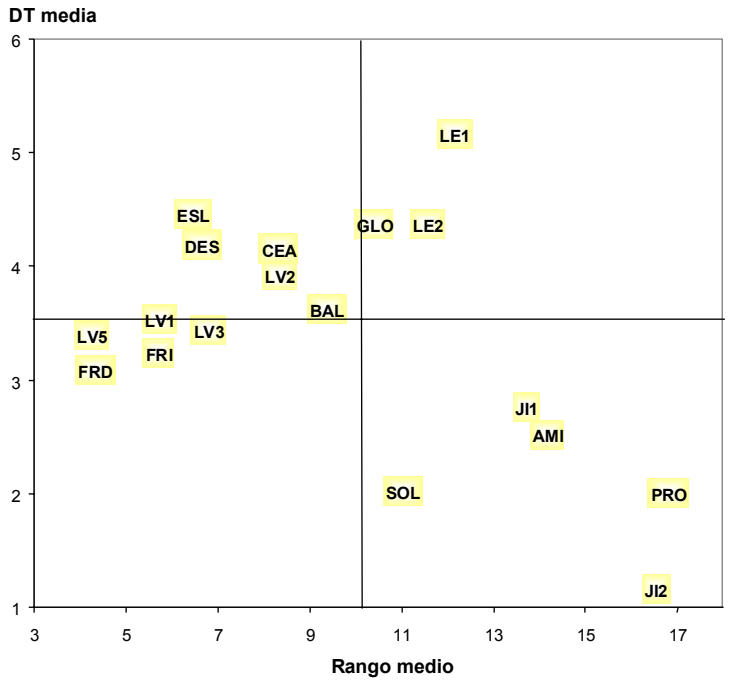


Figura 37. Rango medio y desviación típica (DT) media de los valores de vainas totales por unidad de superficie de cada genotipo en todos los ambientes.

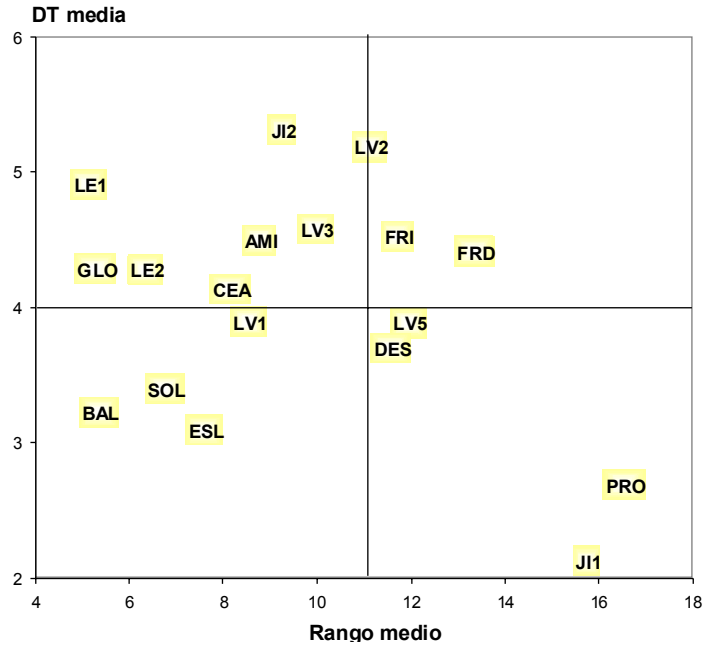


Figura 38. Rango medio y desviación típica (DT) media de los valores de índice de cosecha de cada genotipo en todos los ambientes.

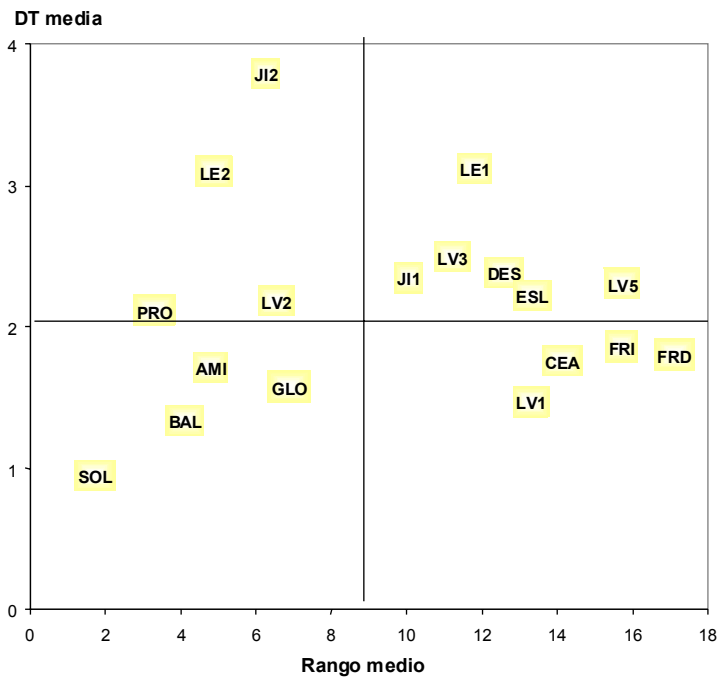


Figura 39. Rango medio y desviación típica (DT) media de los valores de peso de 100 semillas de cada genotipo en todos los ambientes.

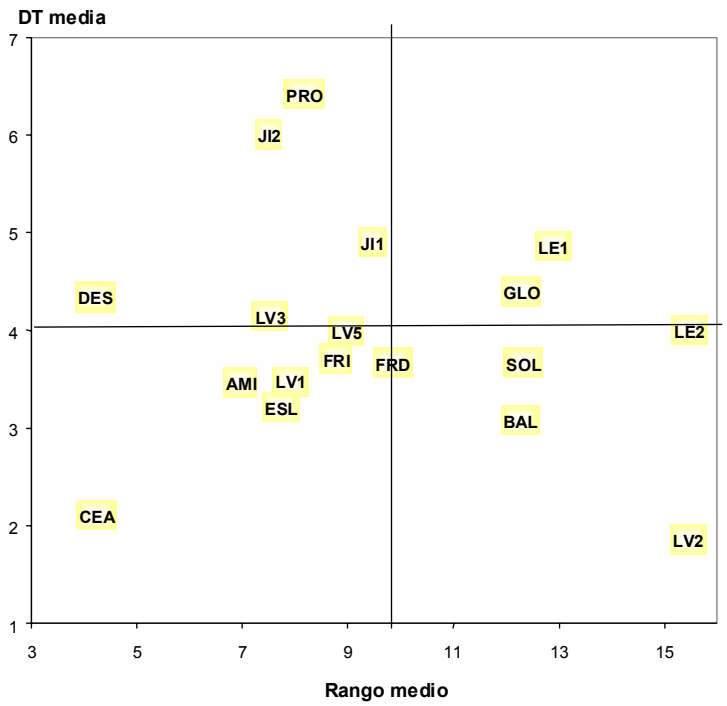


Figura 40. Rango medio y desviación típica (DT) media de los valores de granos por vaina de cada genotipo en todos los ambientes.

3.6.3. Métodos paramétricos: análisis univariante de la estabilidad

3.6.3.1. Ecovalencia

Como medida de la interacción GxA, la tabla 48 muestra los valores de la ecovalencia (W_i) o suma de residuos de cada genotipo en todos los ambientes, considerando un análisis de varianza con modelo aditivo (Wricke, 1962). Se incluye también al porcentaje de suma de cuadrados (PSC) de la interacción respecto de la total.

A la vista de los resultados en cuanto a rendimiento en grano, los materiales que menos contribuyen a la interacción (W_i más baja), y que por lo tanto son más estables, son las líneas LV5 y LV1. Los genotipos más estables para la variable PT son LV1 y Solara (tabla 48).

Tabla 48: Valores de la ecovalencia (Wi) y contribución de los genotipos a la suma de cuadrados de la interacción GxA (PSC) en el análisis de varianza del rendimiento en grano (REND, en 10^{-2} g m^{-2}), productividad total de biomasa (PT, en 10^{-2} g m^{-2}), vainas por unidad de superficie (VT, en 10^{-2}Ud m^{-2}), índice de cosecha (IC), peso de 100 semillas (P100, en g) y granos por vaina (GRV).

	REND		PT		VT		IC		P100		GRV	
Genotipo	W_i	PSC	W_i	PSC	W_i	PSC	W_ix100	PSC	W_i	PSC	W_i	PSC
AMI	0,21	3,05	1,18	4,14	0,39	1,76	0,24	3,80	5,37	8,45	0,12	2,32
BAL	0,25	3,67	0,87	3,06	0,67	3,01	0,38	6,01	1,24	1,95	0,11	2,12
CEA	0,15	2,15	1,15	4,01	0,94	4,22	0,09	1,47	0,57	0,89	0,08	1,57
DES	0,68	10,02	1,05	3,67	1,35	6,05	0,15	2,38	1,63	2,57	0,27	5,19
ESL	0,14	2,04	0,80	2,81	1,87	8,40	0,17	2,67	0,89	1,39	0,07	1,37
FRD	0,51	7,50	1,16	4,06	1,11	5,02	0,17	2,79	2,57	4,05	0,16	3,07
FRI	0,16	2,40	0,96	3,38	1,70	7,66	0,16	2,52	1,46	2,30	0,17	3,22
GLO	0,25	3,75	2,06	7,22	1,00	4,48	0,39	6,23	3,39	5,33	0,21	4,06
JI1	0,28	4,21	1,38	4,85	0,63	2,82	0,29	4,63	1,68	2,64	0,35	6,60
JI2	0,26	3,90	3,00	10,52	1,11	4,97	0,68	10,85	8,34	13,11	0,68	13,01
LE1	0,58	8,55	3,31	11,60	1,49	6,73	0,92	14,69	4,18	6,57	0,59	11,27
LE2	0,70	10,38	1,74	6,11	0,97	4,38	0,94	14,99	8,98	14,12	0,52	9,88
LV1	0,12	1,73	0,49	1,73	0,75	3,40	0,07	1,13	0,60	0,95	0,08	1,57
LV2	0,21	3,17	1,65	5,78	1,39	6,24	0,41	6,55	3,74	5,89	0,14	2,72
LV3	0,32	4,79	1,69	5,93	1,87	8,41	0,27	4,28	1,49	2,34	0,17	3,29
LV5	0,11	1,63	0,98	3,44	2,17	9,76	0,23	3,67	2,60	4,09	0,19	3,53
PRO	1,56	23,03	4,32	15,13	2,59	11,64	0,54	8,68	12,55	19,73	1,15	21,89
SOL	0,27	4,03	0,73	2,56	0,23	1,04	0,17	2,67	2,32	3,64	0,17	3,32

Los genotipos con un mayor porcentaje de la suma de cuadrados de la interacción en el rendimiento en grano son LE2, Desso, y sobre todo Progress-9, que alcanza valores superiores al 23%. Progress-9 es el genotipo que contribuye relativamente en mayor proporción a la interacción GxA en todas las variables, salvo en el índice de cosecha, donde destacan JI2, LE1 y LE2.

Existe una gran homogeneidad en los valores de W_i para el número de vainas totales respecto a lo que ocurre con el resto de variables (tabla 48). Para VT, 8 genotipos ostentan un porcentaje de suma de cuadrados relativamente alto: PRO, DES, FRD, FRI, LE1, LV2, LV3 y LV5.

El porcentaje de suma de cuadrados de la interacción para la variable IC fue máxima en los genotipos JI2, LE1 y LE2. En las variables P100 y GRV se observan porcentajes elevados en Progress-9, JI2, LE1 y LE2, y bajos en Cea y Esla.

En conjunto, la línea LV1 y las variedades Solara, Frisson y Cea pueden considerarse los genotipos más estables, puesto que para ninguna de las seis variables consideradas alcanzan valores de PSC incluidos en el tercil superior correspondiente.

El análisis de la ecovalencia da unos resultados distintos a los obtenidos con métodos no paramétricos, lo que da una idea de la complejidad del estudio de la interacción del material biológico con el ambiente. Los métodos no paramétricos detectan únicamente las interacciones de tipo cualitativo y confunden las interacciones cuantitativas con la ausencia de interacción. Por otro lado, los métodos univariantes explican el concepto dinámico (Becker y León, 1988) o agronómico (Becker, 1981) de la estabilidad.

3.6.3.2. Medida de Lin y Binns

La tabla 49 refleja los valores de P_i (Lin y Binns, 1988) como medida única de la superioridad de los genotipos. Los materiales con menor valor del índice P_i para el rendimiento en grano son Ballet y Amino, lo que significa que poseen una

adaptación general más amplia para esta variable. En este sentido destacan también el genotipo LE1 en PT; LV5 en VT; Desso, Ballet y Solara en IC; Solara en P100; y Cea y Desso en GRV.

Como la distribución del índice de superioridad no es conocida se utilizó, de acuerdo con Lin y Binns (1988), como prueba de comparación el cuadrado medio del error del ANOVA por el estadístico F de Snedecor, para un nivel de significación del 5%. Como los valores de este producto son mucho más bajos que los respectivos P_i, se puede concluir que la respuesta de todos los genotipos es diferente de la respuesta máxima. Debido a ello, no podría seleccionarse ningún genotipo mediante este criterio.

El estadístico Pi ordena los genotipos más en relación a sus rendimientos medios que a su estabilidad. Seleccionar materiales en base a este estadístico resultaría análogo a hacerlo directamente en función de los valores de rendimientos (Cubero y Flores, 1994).

Tabla 49: Valores del índice de Lin y Binns (Pi) de cada genotipo para las variables rendimiento en grano (REND, en 10^{-2} g m^{-2}), productividad total de biomasa (PT, en 10^{-2} g m^{-2}), vainas por unidad de superficie (VT, en 10^{-2}Ud m^{-2}), índice de cosecha (IC), peso de 100 semillas (P100, en g) y granos por vaina (GRV).

Genotipo	REND	PT	VT	IC	P100	GRV
AMI	13,78	160,38	312,64	0,23	418,8	17,42
BAL	12,52	102,84	183,94	0,09	370,9	39,21
CEA	17,57	158,63	140,85	0,30	2960,5	8,85
DES	18,76	236,85	144,98	0,08	2789,5	9,14
ESL	19,27	174,96	88,85	0,27	2943,2	18,83
FRD	81,21	394,90	80,97	0,21	4277,3	26,81
FRI	42,43	278,12	70,85	0,23	3609,7	21,28
GLO	44,32	105,46	235,87	0,70	1126,2	45,68
JI1	94,53	477,70	349,22	0,43	1983,7	28,88
JI2	67,94	202,14	521,89	1,33	1143,3	33,54
LE1	74,54	72,33	308,60	1,79	2582,8	67,46
LE2	43,57	116,53	250,91	1,34	930,6	99,47
LV1	20,82	165,73	78,22	0,19	2868,1	18,63
LV2	28,41	270,20	128,52	0,28	880,2	73,59
LV3	18,52	190,64	87,90	0,12	2222,3	21,70
LV5	41,69	275,42	48,94	0,16	3829,2	24,80
PRO	181,37	764,44	694,75	0,40	205,5	53,22
SOL	21,14	144,36	224,41	0,09	180,2	43,08

3.6.3.3. Análisis de varianza y regresión conjunta

Habiéndose identificado una interacción GxA significativa en los análisis de varianza combinados del rendimiento y sus componentes (apartado 3.6.1), se procede a continuación al estudio de esta interacción mediante regresión conjunta.

En el método de regresión se asume que la interacción GxA está linealmente relacionada con el efecto ambiental. La varianza de la interacción se descompone en dos partes: una debida a la heterogeneidad de los coeficientes de regresión, y otra a las desviaciones de estas regresiones. De la heterogeneidad se puede extraer un componente más, con un solo grado de libertad, para probar la tendencia de las líneas de regresión a converger en un punto. Al resto de la heterogeneidad se le denomina no-convergencia o desviación de la convergencia. La tabla 50 recoge los resultados del análisis de regresión conjunta de las variables estudiadas, con los valores de los parámetros mencionados.

El coeficiente de regresión mide la respuesta a la variación ambiental, mientras que la desviación de los cuadrados medios de la regresión lineal es una medida de la estabilidad. Este segundo parámetro describe la contribución de un genotipo a la interacción GxA (Eberhart y Russell, 1966).

La heterogeneidad de las regresiones es significativa al 1% cuando se la compara con los cuadrados medios del error en los análisis de varianza de los valores del rendimiento y sus componentes (tabla 50). Se puede asumir entonces que la interacción GxA está linealmente relacionada con el efecto ambiental, con lo cuál el método de regresión conjunta puede considerarse adecuado para analizar dicha interacción. Sin embargo, la heterogeneidad explica un porcentaje bajo de la suma de cuadrados de la interacción GxA. Este porcentaje fue diferente para cada una de las variables consideradas, variando entre 5,8% (IC) y 35% (REND). Únicamente para REND y VT este porcentaje fue superior al 30%, cuando lo ideal sería alcanzar al 50% (Romagosa y Fox, 1993).

Tabla 50: Análisis de regresión conjunta de los valores de rendimiento en grano (REND, en 10^{-2} g m^{-2}), productividad total de biomasa (PT, en 10^{-2} g m^{-2}), vainas por unidad de superficie (VT, en 10^{-2}Ud m^{-2}), índice de cosecha (IC), peso de 100 semillas (P100, en g) y granos por vaina (GRV).

	REND					PT				
Fuente de Variación	gl	SC	CM	F	R^2	gl	SC	CM	F	R^2
Ambiente	18	595,66	33,09	378,20 *		18	1519,27	84,40	170,30 *	
Genotipo	17	93,02	5,47	62,50 *		17	340,71	20,04	40,40 *	
Genotipo*ambiente	306	128,33	0,42	4,91 *		306	540,73	1,77	3,60 *	
Heterogeneidad	**17**	**45,04**	**2,65**	**9,19 ***	**35,10 J**	**17**	**98,53**	**5,80**	**3,79 ***	**18,22 J**
Convergencia	**1**	**25,35**	**25,35**	**20,59 ***	**56,28 ∫**	**1**	**72,51**	**72,51**	**44,60 ***	**73,60 ∫**
No convergencia	**16**	**19,69**	**1,23**	**14,07 ***	**43,72 ∫**	**16**	**26,02**	**1,63**	**3,28 ***	**26,40 ∫**
Residuo	**289**	**83,29**	**0,29**	**3,29 ***	**64,90 J**	**289**	**442,20**	**1,53**	**3,09 ***	**81,78 J**
Error	1019	89,16	0,09			968	479,84	0,50		
Total	1361	909,80				1310	3005,63			

	VT					IC				
Fuente de Variación	gl	SC	CM	F	R^2	gl	SC	CM	F	R^2
Ambiente	18	1111,99	61,78	272,60 *		18	3,2000	0,1778	296,10 *	
Genotipo	17	461,23	27,13	119,70 *		17	1,5900	0,0935	155,70 *	
Genotipo*ambiente	304	420,95	1,38	6,10 *		306	1,1900	0,0039	6,50 *	
Heterogeneidad	**17**	**133,80**	**7,87**	**7,87 ***	**31,79 J**	**17**	**0,0690**	**0,0041**	**1,04 ***	**5,80 J**
Convergencia	**1**	**117,22**	**117,22**	**113,13 ***	**87,61 ∫**	**1**	**0,0018**	**0,0018**	**0,42** ns	**2,59 ∫**
No convergencia	**16**	**16,58**	**1,04**	**4,57 ***	**12,39 ∫**	**16**	**0,0672**	**0,0042**	**7,02 ***	**97,41 ∫**
Residuo	**287**	**287,15**	**1,00**	**4,42 ***	**68,21 J**	**289**	**1,1210**	**0,0039**	**6,48 ***	**94,20 J**
Error	940	213,00	0,23		2,41	970	0,5800	0,0006		
Total	1280	2099,22				1312	6,7384			

	P100					GRV				
Fuente de Variación	gl	SC	CM	F	R^2	gl	SC	CM	F	R^2
Ambiente	18	2042,09	113,45	188,50 *		18	329,54	18,31	268,40 *	
Genotipo	17	5831,74	343,04	569,80 *		17	64,48	3,79	55,60 *	
Genotipo*ambiente	306	1204,62	3,94	6,50 *		306	99,07	0,32	4,70 *	
Heterogeneidad	**17**	**234,50**	**13,79**	**4,35 ***	**19,47 J**	**17**	**11,66**	**0,69**	**2,27 ***	**11,77 J**
Convergencia	**1**	**104,20**	**104,20**	**12,80 ***	**44,44 ∫**	**1**	**0,13**	**0,13**	**0,18** ns	**1,14 ∫**
No convergencia	**16**	**130,30**	**8,14**	**13,53 ***	**55,56 ∫**	**16**	**11,53**	**0,72**	**10,57 ***	**98,86 ∫**
Residuo	**289**	**970,12**	**3,17**	**5,27 ***	**80,53 J**	**289**	**87,41**	**0,30**	**4,43 ***	**88,23 J**
Error	1004	604,40	0,60			976	66,56	0,07		
Total	1346	9232,34				1318	565,68			

*, significativo (P=0,05); ns, no significativo.
gl, grados de libertad; CM, cuadrados medios; R^2, porcentaje de la suma de cuadrados (SC) respecto de la suma de cuadrados de la interacción genotipo*ambiente (J) y de la heterogeneidad de las regresiones (∫).

Porcentajes de sumas de cuadrados tan bajos como estos han sido calculados en otros trabajos en que se ha utilizado la misma metodología (Cubero y Flores, 1994; Yau, 1995). Estudiando el rendimiento en grano de 10 genotipos de guisante en 12 ambientes diferentes, Dumoulin (1994, citado en Brancourt-Hulmel *et al*., 1997) obtuvo un peor ajuste al modelo lineal que en el presente trabajo, con un porcentaje de suma de cuadrados de la interacción explicada por

la regresión de un 17%. Finlay y Wilkinson (1963), ensayando 277 genotipos de cebada en 7 ambientes, obtuvieron un porcentaje del 60%. Con un número muy inferior de genotipos se ha llegado al 56% en festuca (Ngugen *et al*., 1980), y al 42% en dactilo (Gray, 1982).

La convergencia es significativa (P=0,05) en todas las variables salvo en el índice de cosecha y el número de granos por vaina (tabla 50), indicando que gran parte de la variación en la heterogeneidad de las regresiones se debe a la convergencia de las líneas de regresión. Tanto como la significación, es importante considerar el porcentaje de la suma de cuadrados de la heterogeneidad de las regresiones explicado por la convergencia. Este porcentaje es máximo en la producción total de biomasa (73,6%) y en el número de vainas por unidad de superficie (87,6%).

La convergencia se corresponde con una correlación significativa (P=0,05) entre los coeficientes de regresión y las medias de REND (r= 0,75), PT (r=0,86), VT (r=0,94) y P100 (r=0,67). Este hecho indica que es difícil encontrar en el material ensayado genotipos especialmente adaptados a ambientes de poco rendimiento, caracterizados por valores medio-altos en las componentes mencionadas y pequeños coeficientes de regresión. En otras palabras, un genotipo de alto rendimiento produce en condiciones desfavorables menos de lo que lo hacen otros genotipos adaptados a esas condiciones, a pesar de que estos últimos tienen un rendimiento medio inferior en el conjunto de ambientes.

Para la selección de los genotipos más estables es conveniente tener en cuenta, además del coeficiente de regresión, el cuadrado medio residual, el cual representa una medida de las irregularidades impredecibles en las respuestas a los ambientes, y con ello de la estabilidad (Langer *et al.*, 1979). La tabla 51 refleja los coeficientes de regresión lineal (b) obtenidos para cada variable, así como los cuadrados medios residuales de las desviaciones de la regresión. Cuanto más próximo a 1 es b, mayor es la adaptabilidad o estabilidad del genotipo. Los genotipos con pendientes b bajas no responden bien a ambientes favorables, por ejemplo en condiciones de regadío, mientras que los que tienen pendientes altas

se adaptan bien a los ambientes con una media de producción mayor. LV5, JI2 y Glotón son los materiales que presentan la pendiente de la regresión del rendimiento en grano más próxima a la unidad. Sin embargo, JI2 y Glotón tienen valores del cuadrado medio residual muy altos, por lo que no pueden considerarse genotipos estables.

El cuadrado medio residual para cada genotipo se ha comparado mediante una prueba F con la varianza del error dentro de los ambientes. Se considera para el numerador *a*-2 grados de libertad y para el denominador *a***g**(L-1), siendo *a* el número de ambientes, *g* el número de genotipos y L el número de bloques del ensayo (tabla 51). La varianza del error que ha servido para esta prueba de significación en las variables REND, PT, VT, IC, P100 y GRV fue respectivamente 0,51; 2,82; 1,49; 0,00483; 4,52 y 0,42; con 1290, 1242, 1216, 1245, 1271 y 1250 grados de libertad.

Tabla 51: Coeficiente de regresión (b) y cuadrado medio residual (S^2d) para cada genotipo en el análisis de regresión conjunta de los valores del rendimiento en grano (REND, en 10^{-2} g m^{-2}), productividad total de biomasa (PT, en 10^{-2} g m^{-2}), vainas por unidad de superficie (VT, en 10^{-2}Ud m^{-2}), índice de cosecha (IC), peso de 100 semillas (P100, en g) y granos por vaina (GRV).

	REND		PT		VT		IC		P100		GRV	
Genotipo	**b**	**S^2_d**	**b**	**S^2_d**	**b**	**S^2_d**	**b**	**S^2_d**	**b**	**S^2_d**	**b**	**S^2_d**
AMI	1,18	0,41	1,12	2,78	0,82	0,79	1,03	0,0044	1,66	5,75	0,84	0,31
BAL	0,93	0,56	1,08	2,47	0,93	1,18	0,64	0,0042	1,07	3,18	0,84	0,24
CEA	1,18	0,27	1,13	2,14	1,09	1,44	0,97	0,0026	0,85	1,50	0,89	0,27
DES	1,33	0,97 *	0,95	2,21	1,02	1,92	1,09	0,0040	1,01	3,11	1,33	0,30
ESL	1,12	0,30	1,12	2,28	1,48	1,98	1,15	0,0030	0,80	1,90	0,84	0,18
FRD	0,54	0,47	0,67	1,68	1,16	1,85	0,89	0,0035	0,43	1,51	1,06	0,35
FRI	0,90	0,46	0,94	3,10	1,42	2,01	1,09	0,0024	0,66	1,82	0,86	0,33
GLO	0,99	0,66	1,21	4,48	0,77	1,94	0,94	0,0053	1,17	6,07	1,17	0,34
JI1	0,68	0,36	0,69	2,20	0,71	1,11	0,97	0,0047	0,83	3,08	1,03	0,53
JI2	1,03	0,47	0,87	4,24	0,52	0,82	1,10	0,0098 *	1,66	7,72 *	1,50	0,69 *
LE1	1,06	0,74	1,21	4,80 *	0,76	2,07	0,86	0,0097 *	1,15	5,71	1,09	0,74 *
LE2	1,30	0,77	1,07	3,47	0,87	1,54	0,86	0,0113 *	0,96	11,20 *	1,01	0,71 *
LV1	1,13	0,32	1,05	1,79	1,26	1,43	0,98	0,0014	0,83	1,32	0,93	0,24
LV2	1,25	0,37	1,17	2,69	1,29	1,51	1,36	0,0047	1,26	5,93	0,96	0,35
LV3	1,19	0,64	1,33	2,98	1,46	1,94	1,08	0,0037	0,99	3,48	1,04	0,48
LV5	1,01	0,38	1,11	2,27	1,39	2,42 *	1,11	0,0034	0,46	1,93	1,08	0,32
PRO	0,20	0,61	0,20	3,03	0,16	0,72	0,98	0,0065	0,79	13,76	0,76	0,89 *

SOL	0,96	0,60	1,08	2,61	0,90	0,86	0,89	0,0030	1,42	3,53	0,77	0,26

*, significativo (P=0,05) frente a la varianza del error dentro del conjunto de ambientes.

En la figura 41 se pueden observar gráficamente los resultados de las líneas de regresión de cada genotipo. La tendencia general del resto de variables se rompe en el caso de P100, donde aparecen gran número de rectas de regresión cruzadas. P100 depende más del factor genotipo que del índice ambiental. La recta de regresión para esta variable en la variedad Progress-9 se sitúa muy por encima del resto (elevado valor del termino independiente), con lo cuál, este material mantiene un tamaño grueso del grano en todos los ambientes.

Para las variables REND y PT (figura 41), los genotipos Progress-9, Fride y JI1 tienen valores de b muy bajos, por lo que no responden bien a los ambientes favorables.

BIBLIOTECA VIRTUAL MIGUEL DE CERVANTES

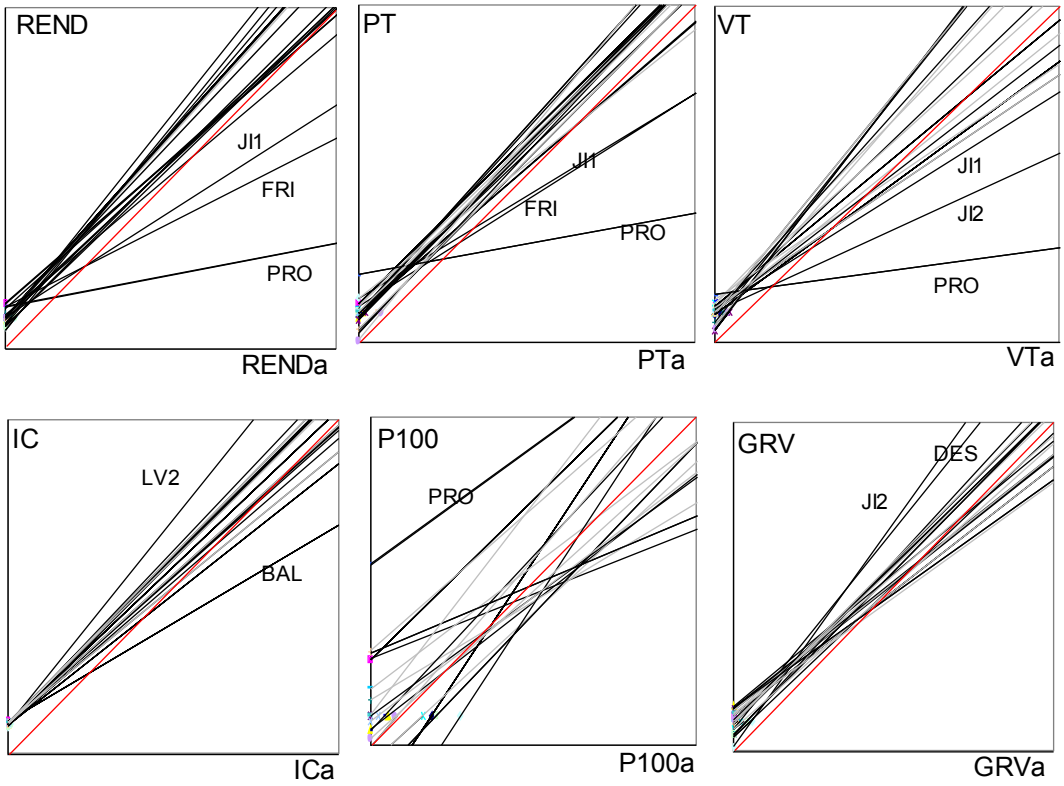


Figura 41. Rectas de regresión de los valores de rendimiento en grano (REND), productividad total de biomasa (PT), vainas por unidad de superficie (VT), índice de cosecha (IC), peso de 100 semillas (P100) y granos por vaina (GRV) de cada genotipo respecto a las medias marginales ambientales.

El método de regresión conjunta presenta indudables ventajas desde los puntos de vista estadístico y biológico. Sin embargo, hay que utilizarlo con mucho cuidado (Cubero et al., 1997), sobre todo cuando en el ensayo se incluyen ambientes extremos, es decir, con rendimientos medios muy bajos o muy altos.

La popularidad del método se debe a los buenos resultados obtenidos por Finlay y Wilkinson (1963) en cebada, que lograron explicar un 60% de la interacción GxA. Sin embargo, este éxito estuvo determinado en buena parte por el hecho de haber ensayado un gran número de genotipos en ambientes muy similares, que se distinguían mayoritariamente según un solo factor: el régimen de humedad. Cuando la variación ambiental es compleja, el método de regresión conjunta ha de aplicarse con reservas.

3.6.4. Métodos multivariantes

3.6.4.1. Análisis multiplicativo (AMMI)

La validación predictiva del análisis de componentes principales del AMMI se ha realizado mediante el procedimiento de confirmación cruzada descrito por Gauch y Zobel (1988), determinando el número óptimo de ejes del modelo. La tabla 52 recoge, para cada variable, los valores de la diferencia predictiva de la raíz cuadrada de la suma de cuadrados medios (RMS-PD) de los modelos de análisis AMMI con un número creciente de ejes principales. La diferencia se calcula realizando el análisis con los datos de tres de las cuatro repeticiones, y tomando la cuarta repetición como prueba de confirmación.

En el caso de la variable REND se selecciona el AMMI2 (dos ejes de componentes principales de la interacción), al ser el modelo para el que el estadístico RMS-PD tiene un valor más bajo (0,695 $t \cdot ha^{-1}$). Resultados similares se han obtenido en el caso de las variables VT y GRV. Por otro lado, la validez predictiva del modelo de análisis de las variables PT, IC y P100 se alcanza al descomponer la interacción GxA en los tres primeros ejes factoriales (tabla 52).

Tabla 52: Raíz cuadrada de la diferencia predictiva media (RMS PD) de los modelos multiplicativos con 0, 1, 2,...7 ejes de componentes principales (AMMI0, AMMI1, AMMI2,...AMMI7), de los valores de rendimiento en grano (REND, en 10^{-2} g m^{-2}), productividad total de biomasa (PT, en 10^{-2} g m^{-2}), vainas por unidad de superficie (VT, en 10^{-2}Ud m^{-2}), índice de cosecha (IC), peso de 100 semillas (P100, en g) y granos por vaina (GRV).

Modelo	REND	PT	VT	IC	P100	GRV
AMMI0	0,836	1,854	1,455	0,071	2,223	0,654
AMMI1	0,752	1,753	1,263	0,056	1,948	0,566
AMMI2	0,695	1,700	1,195	0,055	1,793	0,565
AMMI3	0,702	1,651	1,199	0,054	1,778	0,580
AMMI4	0,798	1,696	1,764	0,056	1,890	0,637
AMMI5	0,848	1,716	1,986	0,058	1,895	0,663
AMMI6	0,852	1,708	2,126	0,060	1,885	0,659
AMMI7	0,859	1,704	2,264	0,061	1,910	0,660

La validez de los modelos de análisis también se ha comprobado de forma postdictiva. Para ello, se ha descompuesto la interacción GxA en los ejes que resultan significativos en el AMMI, agrupando los restantes ejes en un componente denominado residuo. En la tabla 53 se indica la significación de los primeros ejes factoriales y el porcentaje de la suma de cuadrados de la interacción GxA que explica cada uno de ellos. La prueba F indica que son significativos al 5% los cuatro primeros ejes factoriales en el AMMI en las variables REND, PT y VT; y los cinco primeros en el caso de IC, P100 y GRV. Sin embargo, la dificultad en la interpretación de más de dos ejes principales aconseja el estudio del modelo bidimensional. En cualquier caso, los modelos de dos ejes factoriales explican, en las seis variables estudiadas, entre el 54 y el 66% de la interacción GxA (tabla 53).

Tabla 53: Cuadrados medios (CM) y porcentaje de la suma de cuadrados de la interacción GxA (PSC) explicado por cada eje de componentes principales (ECP) del modelo AMMI7 en el análisis de los valores de rendimiento en grano (REND), productividad total de biomasa (PT), vainas por unidad de superficie (VT), índice de cosecha (IC), peso de 100 semillas (P100) y granos por vaina (GRV).

ECP	REND		PT		VT		IC		P100		GRV	
	CM	PSC	CM	PSC	CM	PSC	CM	PSC	CM	PSC	CM	PSC
ECP 1	1,80 *	47,77	4,78 *	30,03	4,83 *	38,99	0,0198 *	56,52	15,65 *	44,2	1,39 *	47,9
ECP 2	0,97 *	24,25	4,14 *	24,52	2,91 *	22,12	0,0039 *	10,47	7,45 *	19,8	0,50 *	16,10
ECP 3	0,38 *	8,80	2,62 *	14,51	1,39 *	9,87	0,0038 *	9,63	5,24 *	13,00	0,33 *	9,86
ECP 4	0,23 *	5,07	1,64 *	8,49	1,38 *	9,17	0,0025 *	5,98	2,92 *	6,79	0,25 *	7,04
ECP 5	0,09	4,02	0,33	5,28	0,39	6,19	0,0012 *	4,75	1,00 *	4,87	0,09 *	4,87
ECP 6	0,04	2,90	0,22	4,07	0,17	4,30	0,0002	3,20	0,31	3,11	0,03	4,11
ECP 7	0,01	2,01	0,12	3,33	0,06	3,09	0,0002	2,94	0,18	2,54	0,01	3,35

*, significativo (P=0,05).

En las validaciones postdictivas del AMMI del rendimiento del trigo realizadas por Yau (1995), y Vargas *et al.* (1999) se obtuvieron también más de dos ejes factoriales significativos (P=0,05). En los trabajos de Crossa *et al*. (1990) con maíz y Van Oosterom *et al*. (1993) con cebada, resultaron 5 ejes significativos, mientras que la validación predictiva aconsejaba el uso del modelo con un solo eje de componentes principales (AMMI1).

A continuación se presentan los resultados del AMMI aplicado al rendimiento y sus componentes.

BIBLIOTECA VIRTUAL

3.6.4.1.1. Rendimiento en grano

En la tabla 54 se muestra el análisis multiplicativo de los valores del rendimiento en grano, descomponiendo la interacción GxA en dos ejes, y dejando el resto de la variación en el denominado residuo. El primer término bilineal representó el 48% de la suma de cuadrados de la interacción GxA, con 34 grados de libertad. El segundo eje representó el 24%, con 32 grados de libertad. En total, los dos primeros ejes explican más del 70% de la interacción GxA, con sólo 66 de los 306 grados de libertad contenidos en dicho término.

La correcta interpretación de la interacción GxA exige realizar dos representaciones gráficas distintas. Por un lado, los datos medios de la variable REND de cada genotipo y ambiente frente a sus correspondientes valores en el primer eje principal (figura 42). Por otro lado, las coordenadas de los genotipos y ambientes respecto a cada uno de los dos primeros ejes factoriales (figura 43).

En la figura 42 se puede observar que el ambiente V15 tiene un valor medio del rendimiento en grano muy por encima de los demás, teniendo también el mayor valor de ECP1 (cercano a 2), lo que significa que su elevada productividad es poco estable. La mayor parte de los ambientes de Valladolid tienen componente positiva en ECP1. Solo dos se desmarcan de esta situación: primavera-secano en 1995 y 1996 (V22 y V23). V22, dónde hubo un estrés hídrico intenso y temperaturas excesivamente bajas en el mes de abril, se encuentra agrupado con los ambientes de Madrid, teniendo valores medios de REND

menores a los alcanzados por un grupo numeroso de ambientes de Valladolid (figura 42). En los ambientes V14, V18 y V24 se registraron condiciones meteorológicas desfavorables que afectaron en el mismo sentido a la mayor parte de los genotipos, con lo que esto se manifestó en una menor interacción GxA.

Tabla 54: Análisis multiplicativo (AMMI), descomponiendo la interacción GxA en dos ejes de componentes principales (ECP), de los valores de rendimiento en grano (REND, en 10^{-2} g m^{-2}), productividad total de biomasa (PT, en 10^{-2} g m^{-2}), vainas por unidad de superficie (VT, en 10^{-2} Ud m^{-2}), índice de cosecha (IC), peso de 100 semillas (P100, en g) y granos por vaina (GRV).

	REND					PT				
Fuente de Variación	gl	SC	CM	F	R^2	gl	SC	CM	F	R^2
Ambiente	18	595,66	33,09	378,2 *		18	1519,27	84,40	170,3 *	
Genotipo	17	93,02	5,47	62,5 *		17	340,71	20,04	40,4 *	
Genotipo*ambiente	306	128,33	0,42	4,91 *		306	540,73	1,77	3,6 *	
ECP1	**34**	**61,25**	**1,80**	**20,0 ***	**47,73 J**	**34**	**162,38**	**4,78**	**9,5 ***	**30,03 J**
ECP2	**32**	**31,12**	**0,97**	**10,8 ***	**24,25 J**	**32**	**132,59**	**4,14**	**8,3 ***	**24,52 J**
Residuo	**240**	**35,96**	**0,15**	**1,7 ***	**28,02 J**	**240**	**245,76**	**1,02**	**2,0 ***	**45,45 J**
Error	1019	89,16	0,09			968	479,84	0,50		
Total	1361	909,80				1310	3005,63			

	VT					IC				
Fuente de Variación	gl	SC	CM	F	R^2	gl	SC	CM	F	R^2
Ambiente	18	1111,99	61,78	272,6 *		18	3,20	0,1778	296,1 *	
Genotipo	17	461,23	27,13	119,7 *		17	1,59	0,0935	155,7 *	
Genotipo*ambiente	304	420,95	1,38	6,1 *		306	1,19	0,0038	6,5 *	
ECP1	**34**	**164,13**	**4,83**	**20,9 ***	**38,99 J**	**34**	**0,67**	**0,0192**	**33,1 ***	**56,52 J**
ECP2	**32**	**93,11**	**2,91**	**12,6 ***	**22,12 J**	**32**	**0,12**	**0,0038**	**6,5 ***	**10,46 J**
Residuo	**238**	**163,71**	**0,69**	**3,0 ***	**38,89 J**	**240**	**0,39**	**0,0011**	**2,7 ***	**33,02 J**
Error	940	213,00	0,23			970	0,58	0,0006		
Total	1280	2099,22				1312	6,74			

	P100					GRV				
Fuente de Variación	gl	SC	CM	F	R^2	gl	SC	CM	F	R^2
Ambiente	18	2042,09	113,45	188,5 *		18	329,54	18,31	268,4 *	
Genotipo	17	5831,74	343,04	569,8 *		17	64,48	3,79	55,6 *	
Genotipo*ambiente	306	1204,62	3,94	6,5 *		306	99,07	0,32	4,7 *	
ECP1	**34**	**532,08**	**15,65**	**26,1 ***	**44,17 J**	**34**	**47,42**	**1,39**	**19,9 ***	**47,87 J**
ECP2	**32**	**238,51**	**7,45**	**12,4 ***	**19,80 J**	**32**	**15,92**	**0,50**	**7,1 ***	**16,07 J**
Residuo	**240**	**434,02**	**1,81**	**3,0 ***	**36,03 J**	**240**	**35,72**	**0,15**	**2,1 ***	**36,06 J**
Error	1004	604,40	0,60			976	66,56	0,07		
Total	1346	9232,34				1318	565,68			

*, significativo (P=0,05); ns, no significativo.
gl, grados de libertad; CM, cuadrados medios; R^2, porcentaje de la suma de cuadrados (SC) respecto de la interacción genotipo*ambiente (J).

La variación del rendimiento medio de los genotipos es menor que la variación de los valores medios de los ambientes, como se aprecia en la figura 42. La variedad Progress-9 (PRO) muestra muy baja adaptación general, presentando

los rendimientos más bajos y el componente de la interacción más alto de todos los genotipos. Esto es debido, sin duda, a que se trata del único genotipo de verdeo incluido en el estudio.

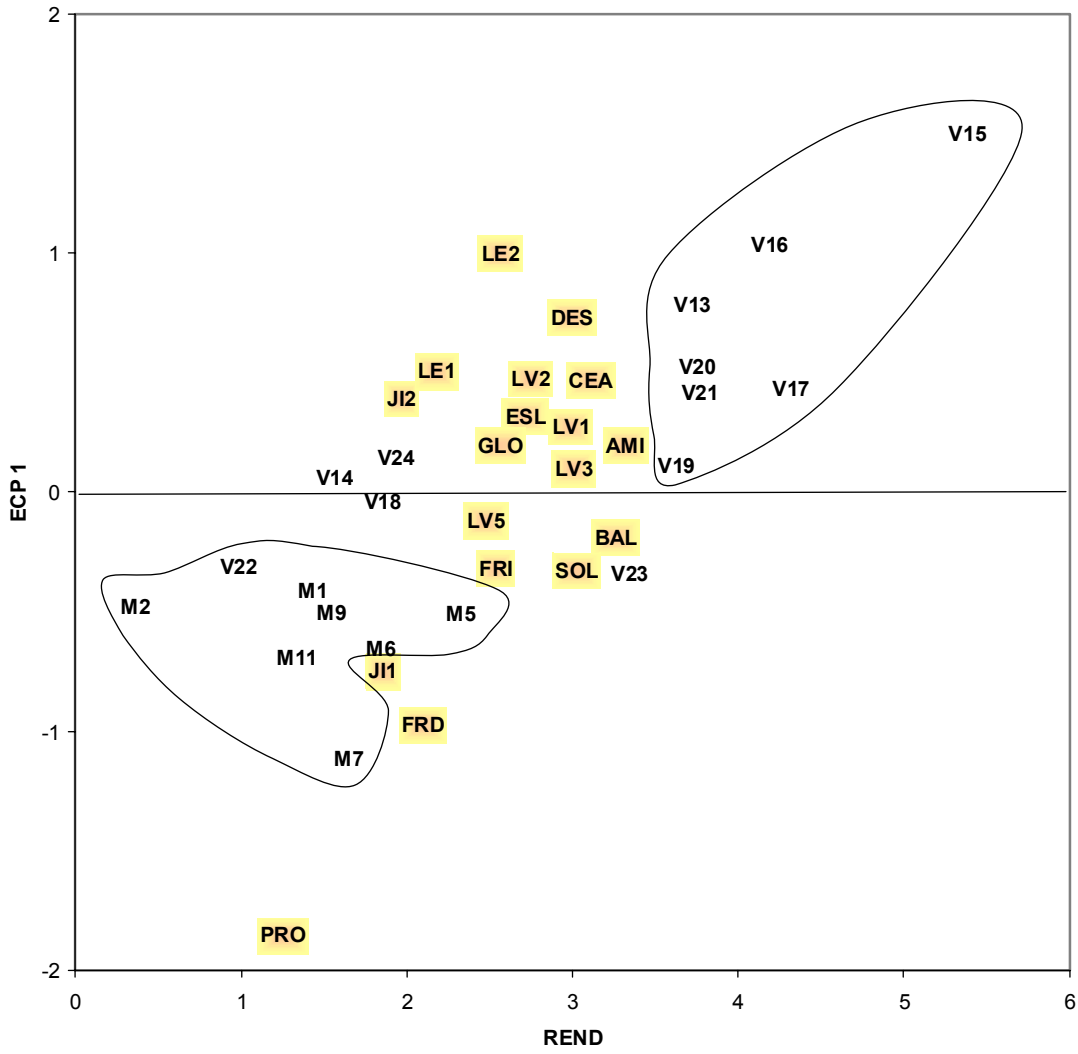


Figura 42. Representación de las componentes del primer eje factorial (ECP1) de genotipos y ambientes, respecto a sus correspondientes medias marginales en el análisis AMMI del rendimiento en grano (REND, en 10^{-2} g m^{-2}).

A excepción de PRO y LE2, todos los genotipos tienen una componente del ECP1 menor de 1 en valor absoluto. En la parte positiva del eje se encuentran agrupados las líneas de mejora de Valladolid y las variedades comerciales obtenidas en dicha localidad (LV1, LV2, LV3, ESL, CEA...), mostrando interacción positiva con el grupo que aglutina a la mayor parte de los ambientes de Valladolid. Por el contrario, genotipos como PRO, JI1, FRI y FRD, presentan una mejor

adaptación (interacción positiva) a los ambientes que se encuentran representados en la parte negativa del mismo eje, que tienen menor media marginal del rendimiento. Variedades comerciales que han tenido elevados rendimientos medios, como Ballet y Solara, se encuentran representadas en la parte negativa del eje de ordenadas en la figura 42, pero no tienen una componente del ECP1 elevada en valor absoluto, lo que indica que son muy estables.

Los genotipos DES, CEA ó LV2, que podrían seleccionarse por sus valores de rendimiento en los ambientes de mayor productividad (casi todos los de Valladolid), muestran una elevada interacción GxA y sus valores de rendimiento no destacan en los ambientes más desfavorables (Madrid, V22 y V23). En línea con esto, Ceccarelli *et al*. (1992) y Van Oosterom *et al*. (1993) demostraron que en ambientes mediterráneos, la selección de genotipos de cebada en ambientes de alto rendimiento no garantizaba buenos resultados en los ambientes de bajo rendimiento. Los genotipos de cebada de invierno con media precocidad en el espigado tenían interacción positiva con los ambientes de bajo rendimiento, mientras que su interacción negativa con los ambientes más favorables evidenciaba su bajo potencial de rendimiento. Esto tiene poca importancia en regiones donde los años excepcionalmente favorables son poco frecuentes, y los agricultores valoran más la estabilidad que el rendimiento potencial. Para Van Oosterom *et al*. (1993) la selección de genotipos en esta situación debe realizarse en ambientes de bajo rendimiento representativos.

La necesidad de seleccionar para rendimiento bajo condiciones estresantes es una cuestión muy controvertida. Pfeiffer (1988) sugirió que el potencial de alto rendimiento y la respuesta a los inputs puede combinarse con la tolerancia a la sequía en trigo blando. Según este autor, la ventaja genética en condiciones no estresantes puede ser mayor que en condiciones estresantes, con lo cuál es preferible realizar la selección inicial en las condiciones ambientales más favorables. Braun *et al*. (1992) muestran que los ambientes de regadío de alto rendimiento tienen una mayor eficiencia en el cribado de genotipos de trigo blando de primavera con adaptación amplia. Nachit y Ouassou (1988) y Nachit (1989)

sugirieron que la selección de trigo duro en ambientes mediterráneos, donde se suceden años de alto y bajo rendimiento, permite conjugar elevado rendimiento potencial con tolerancia al estrés.

La representación de los ambientes sobre los dos ejes de componentes principales del AMMI (figura 43) separa nítidamente los de Madrid. Dentro de los ambientes de Valladolid se agrupan, por un lado, los de secano y todos los del año 1995, con rendimientos muy bajos. Por otro (en el primer cuadrante), los ambientes más productivos: V15, V17 y V20.

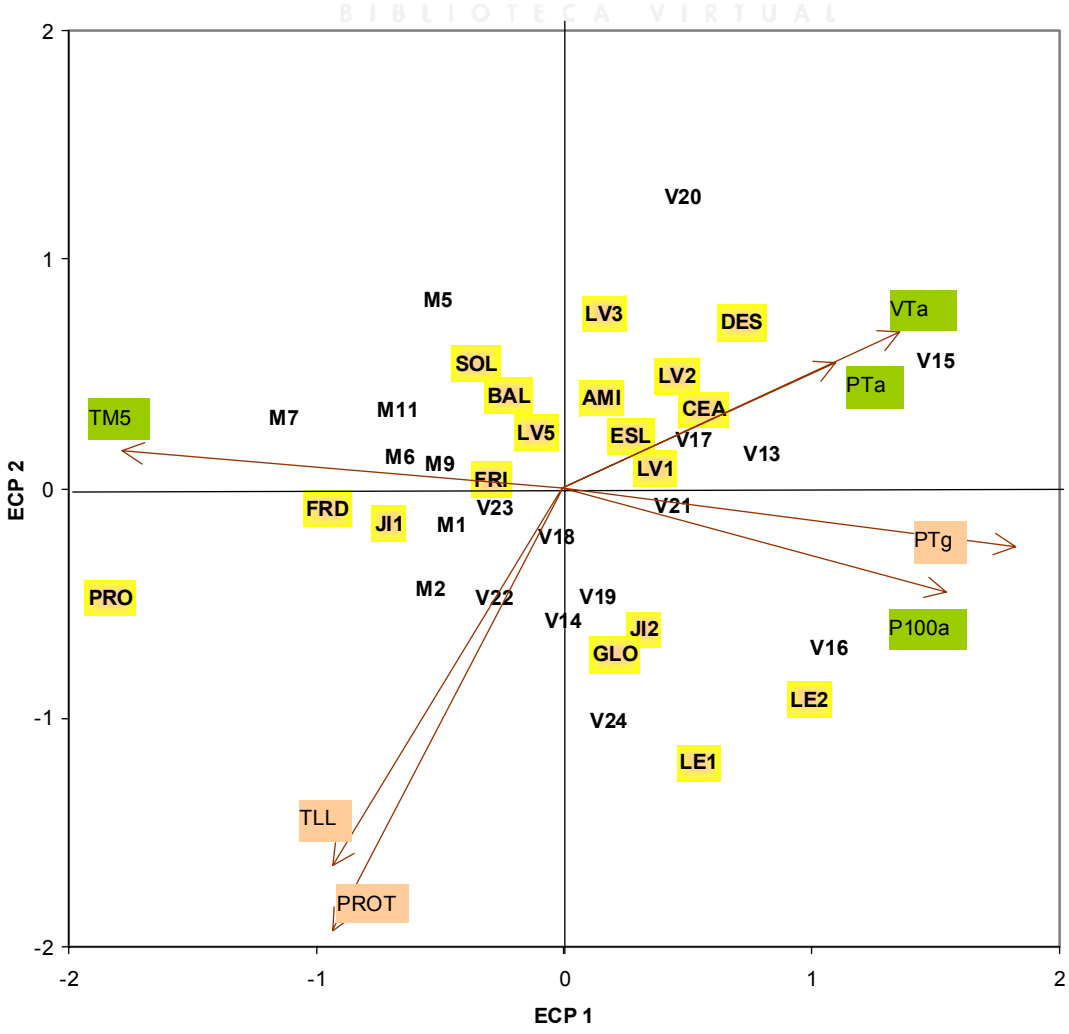


Figura 43. Representación de genotipos y ambientes respecto a los dos primeros ejes principales (ECP) del análisis AMMI del rendimiento en grano. Se añaden las direcciones de las covariables media de productividad total de biomasa de cada genotipo en todos los ambientes (PTg), número de tallos por planta (TLL), contenido en proteína del grano (PROT), media de productividad total de biomasa, vainas por unidad de superficie y peso de 100 semillas de cada ambiente para todos los genotipos (PTa, VTa y P100a) y temperatura media de mayo (TM5).

Los genotipos tardíos (GLO, JI2, LE1 y LE2) pueden separarse claramente del resto en la figura 43, al tener componentes negativas del ECP2. Este grupo presenta interacción positiva con los ambientes de secano y las condiciones de Valladolid menos productivas, donde hubo heladas tardías en el mes de abril. Van Eeuwijk y Elgersma (1993) estudiaron el rendimiento en grano de 9 cultivares de rye-grass en dos fechas de siembra, 2 localidades durante 3 años, y comprobaron que el mayor componente de la interacción GxA era precisamente el contraste entre cultivares tempranos y tardíos. En soja, Zobel *et al.* (1988) y Smit *et al*. (1992) encontraron que los valores genotípicos del primer eje (ECP1) del análisis AMMI reflejaban grupos de madurez, mientras los valores ambientales correspondientes se relacionaban con los grados-día acumulados en el periodo de crecimiento.

Las covariables con mayores coeficientes de determinación (R^2) en la regresión respecto a las coordenadas de genotipos y ambientes en ECP1 y ECP2 son (tabla 55): PTg, TLL y PROT en el grupo de genotípicas, y TM5, PTa, VTa y P100a en el grupo de ambientales. Los coeficientes de regresión de cada covariable respecto a los ejes de componentes principales (b_{ECP1} y b_{ECP2}, respectivamente) se toman como coordenadas para su representación en el plano de la figura 43. La mayor parte de las covariables seleccionadas no coinciden con las estudiadas en trabajos precedentes sobre otros cultivos (Zobel y Wallace, 1994; Voltas et al., 1999; Vargas et al., 1999), lo que permite aportar nuevos datos acerca de las causas de la interacción GxA en el rendimiento del guisante proteaginoso.

En cebada, Voltas *et al.* (1999) seleccionaron como covariable genotípica el tipo de espiga, y como covariables ambientales la suma de temperatura máxima durante dos estados fenológicos, la biomasa, la relación entre precipitación y ETP entre dos estados fenológicos, y la media marginal del rendimiento en grano. Vargas *et al.* (1999) en trigo duro, estudiaron las covariables peso por planta, índice de cosecha, número de granos por espiga, número de granos por metro cuadrado, peso del grano, horas diarias de sol y temperatura media de máximas mensual. Wallace y Masaya (1988), Wallace *et al*. (1991) y Zobel y Wallace

(1994) interpretaron el análisis AMMI en judía mediante los grados-día acumulados desde nascencia hasta floración. Wallace *et al*. (1993) desarrollaron un modelo para la selección de genotipos de arroz y trigo teniendo en cuenta además el tiempo transcurrido hasta la madurez del grano.

El efecto principal ambiental fue positivamente correlacionado con PTa, VTa, ICa y P100a, y negativamente correlacionado con la covariable TM5 (apartado 3.5.3, tabla 42).

El genotipo LE2 se asocia positivamente con PTg (figura 43). Lo mismo ocurre con LE1, JI2 y GLO (con los que LE2 aparecía agrupado en la figura 42), pero en menor escala, al ser más pequeñas las proyecciones de las rectas que unen sus respectivos puntos con el origen de coordenadas sobre la dirección determinada por la covariable. Los cuatro genotipos tienen características similares, son de talla alta y gran desarrollo vegetativo.

Por el contrario, las variedades Progress-9, Fride y Frisson, de escaso desarrollo vegetativo, se asocian negativamente con la covariable PTg (figura 43). Fride y Frisson tienen el grano muy pequeño (tabla 23).

Los genotipos DES, LV1, LV2, LV3, CEA, ESL y AMI se asociaron negativamente con el número de tallos por planta y el porcentaje de proteína de la semilla (figura 43). Por el contrario, PRO y FRD se asociaron positivamente.

La mayor parte de los ambientes de Madrid están asociados positivamente con TM5, como lo están los de primavera-secano en Valladolid V22 y V23, aunque con menor intensidad (menor proyección sobre la dirección de la covariable). Con las otras tres covariables ambientales representadas en la figura 43 (PTa, VTa y P100a) ocurre lo contrario, están asociadas positivamente con los ambientes de Valladolid y negativamente con los de Madrid, con la excepción de los mencionados V22 y V23.

Tabla 55: Coeficientes de regresión de covariables genotípicas y ambientales sobre los dos primeros ejes principales del modelo AMMI2 (b_{ECP1}, b_{ECP2}), y proporción de la variación explicada por dicha regresión (R^2) en el análisis de los valores de rendimiento en grano (REND), productividad total de biomasa (PT), vainas por unidad de superficie (VT), índice de cosecha (IC), peso de 100 semillas (P100) y granos por vaina (GRV). Coeficientes de correlación (r) entre las covariables genotípicas y ambientales con cada variable explicada.

	REND					PT			
Covariable	b_{ECP1}	b_{ECP2}	R^2	r	**Covariable**	b_{ECP1}	b_{ECP2}	R^2	r
PTg	1,1567	-0,1649	0,59	0,67 *	**LV**	0,1446	-0,4455	0,62	-0,70 *
TLL	-0,1206	-0,2046	0,53	-0,68 *	**ALT**	-12,0490	8,2050	0,64	0,68 *
PROT	-0,8068	-1,7867	0,69	-0,87 *	**NUD1V**	-1,9936	1,7023	0,73	0,80 *
TM5	-1,7104	0,1496	0,49	-0,75 *	**TM5**	-0,1180	-1,0788	0,29	-0,67 *
PTa	2,6138	1,3743	0,76	0,92 *	**DLL5**	0,3439	2,8871	0,57	0,74 *
VTa	2,1137	1,0967	0,67	0,85 *	**RENDa**	0,3561	1,1764	0,53	0,92 *
ICa	0,0845	0,0229	0,33	0,71 *	**VTa**	0,7265	1,6646	0,62	0,87 *
P100a	2,9771	-0,9358	0,66	0,65 *	**ICa**	0,5972	1,4302	0,52	0,81 *
					P100a	-0,8602	1,8181	0,42	0,69 *
	VT					**IC**			
Covariable	b_{ECP1}	b_{ECP2}	R^2	r	**Covariable**	b_{ECP1}	b_{ECP2}	R^2	r
P100g	-2,6532	1,3322	0,35	-0,70 *	**ALT**	-66,6024	4,2199	0,88	-0,85 *
NUDV	0,6161	-0,7333	0,43	0,67 *	**GDPF**	-470,7127	-7,2512	0,93	-0,85 *
TM5	-1,0875	0,8031	0,44	-0,76 *	**TM6**	-3,7248	1,0607	0,16	-0,25 ns
DLL5	1,7196	-2,9226	0,67	0,56 *	**DTm02**	9,6621	-7,9503	0,22	-0,26 ns
RENDa	1,1212	-0,7740	0,64	0,85 *	**DTm042**	-3,5203	5,1870	0,31	-0,43 ns
PTa	1,8266	-1,1292	0,62	0,87 *	**P100a**	-5,1938	1,5822	0,20	0,71 *
	P100					**GRV**			
Covariable	b_{ECP1}	b_{ECP2}	R^2	r	**Covariable**	b_{ECP1}	b_{ECP2}	R^2	r
VTg	-0,0570	0,7992	0,42	-0,69 *	**ABOR**	3,1428	-3,1200	0,27	-0,82 *
PISOS	0,2614	0,7993	0,74	-0,59 *	**ALT**	20,9680	-8,9300	0,81	-0,55 *
GDPF	85,0200	11,6900	0,87	0,10 ns	**DTm02**	-4,6240	-2,1601	0,52	-0,72 *
ALT	11,4000	0,4100	0,73	0,10 ns	**P100a**	1,7246	0,5973	0,19	0,80 *
NUDV	0,5303	0,9019	0,81	-0,62 *					
DTm03	-1,8830	4,7890	0,66	-0,70 *					
RENDa	0,3630	-1,0350	0,59	0,69 *					
PTa	0,7490	-1,5690	0,60	0,69 *					
GRVa	0,0789	-0,9027	0,70	0,80 *					

*, significativo (P=0,05); ns, no significativo.

ABOR = porcentaje de aborto de semillas en cada vaina; ALT = altura de la planta; GDPF = grados-día acumulados desde la nascencia hasta principio de floración; LV = longitud de la vaina; NUD1V = número de nudos hasta la primera vaina; NUDV = número de nudos con vaina en el tallo principal; PISOS = número de pisos florales por tallo; PROT = contenido en proteína del grano; TLL = número de tallos por planta.

PTg, VTg, P100g = media de productividad total de biomasa, vainas por unidad de superficie y peso de 100 semillas, respectivamente, de cada genotipo en todos los ambientes.

TM5 = temperatura media de mayo; DLL5 = días de lluvia en mayo; TM6 = temperatura media de junio; DTm02 = días con temperatura mínima inferior a 0ºC en febrero; DTm042 = días con temperatura mínima inferior a 0ºC en la segunda quincena de abril; DTm03 = días con temperatura mínima inferior a 0ºC en marzo.

RENDa, PTa, VTa, ICa, P100a, GRVa = media de rendimiento en grano, productividad total de biomasa, vainas por unidad de superficie, índice de cosecha, peso de 100 semillas y granos por vaina, respectivamente, de cada ambiente para todos los genotipos.

Yau *et al*. (1991) relacionaron la interacción GxA en el rendimiento en grano del trigo blando, en ambientes mediterráneos, con la disponibilidad hídrica y las temperaturas invernales. Los resultados de Nachit *et al*. (1992c) para trigo duro en ambientes mediterráneos mostraron que variables ambientales como precipitación y temperatura se asociaban con el rendimiento medio ambiental y con las coordenadas del primer eje de componentes principales del AMMI. Trabajos como los mencionados confirman al análisis multiplicativo como una herramienta muy útil para interpretar la interacción GxA.

3.6.4.1.2. Productividad total de biomasa

Para la productividad total de grano y paja, el primer término bilineal de la interacción en el análisis de varianza del AMMI representó el 30% de la suma de cuadrados de la interacción GxA (tabla 54). Los dos primeros ejes explican el 55% de la interacción, un porcentaje menor que en el caso del rendimiento en grano.

A pesar de que las variables REND y PT están correlacionadas positivamente (tablas 40 y 42), la representación de los datos medios de PT respecto del primer eje principal (figura 44) refleja un comportamiento distinto de la interacción GxA al observado en el caso de la variable REND. El rango de variación de los valores de ECP1 es mayor para PT, separándose mejor las medias ambientales en función del factor año.

El ambiente V23, con un componente aditivo intermedio para el rendimiento en grano y la productividad total de biomasa, se diferencia para PT (figura 44) mucho más de otros ambientes que tenían valores de REND (figura 42) similares: V13, V16, V17 y V20. En el análisis del índice de cosecha, V23 también se desmarca de estos ambientes (epígrafe 3.6.4.1.3.).

Los tres ambientes de Valladolid del año 1995 (V14, V18 y V22) tienen valores medios de PT muy bajos. Las condiciones meteorológicas desfavorables de esta campaña afectaron incluso a los ambientes de regadío. En 1995 la producción de grano y de paja se vió mermada no solo por estrés hídrico, sino también por la incidencia de heladas tardías.

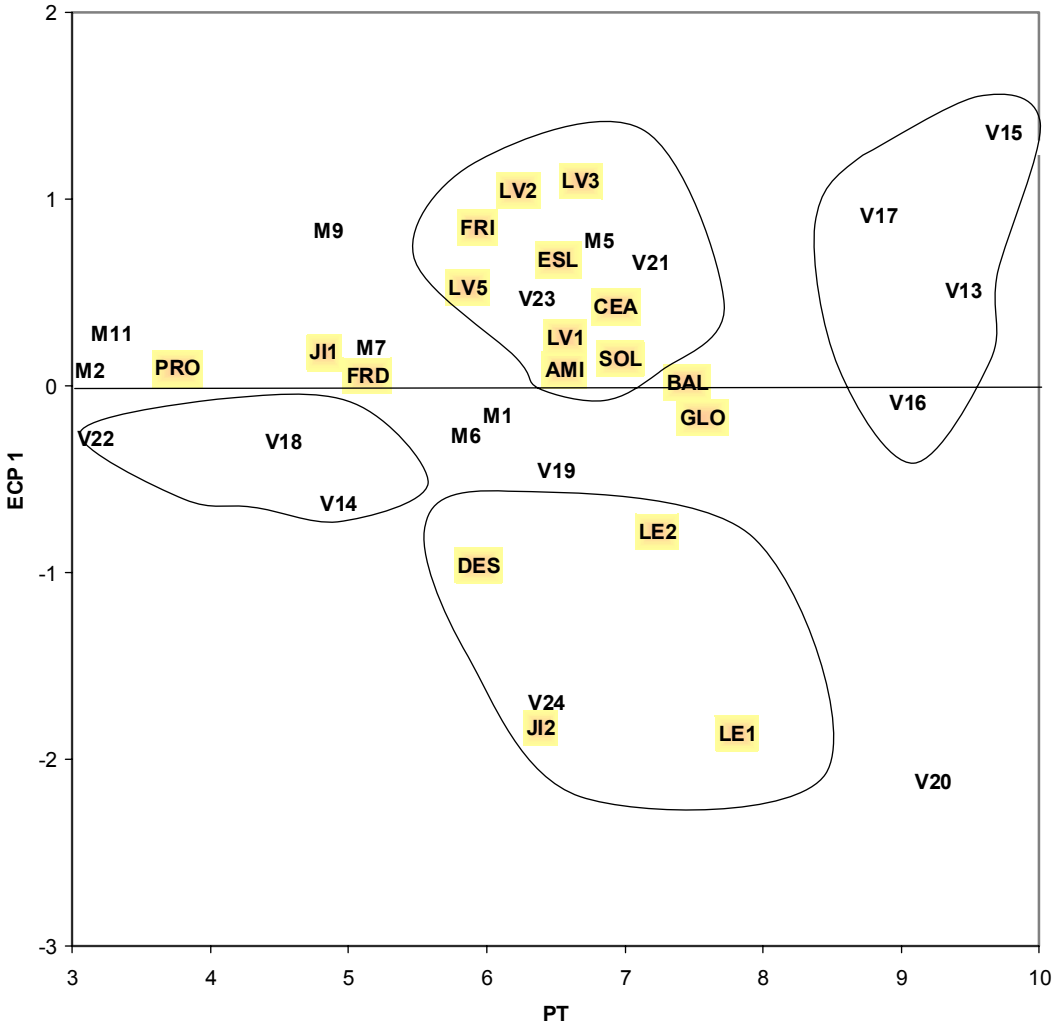


Figura 44. Representación de las componentes del primer eje principal (ECP1) de genotipos y ambientes, respecto a sus correspondientes medias marginales en el análisis AMMI de la productividad total de biomasa (PT, en 10^{-2} g m^{-2}).

Es de destacar que las medias ambientales de PT en las condiciones de siembra otoñal, salvo en el año 1995, tienen valores superiores a los de siembra primaveral, superando en algunos casos a las condiciones de regadío (años 1994 y 1996). Los ambientes de otoño en Valladolid a excepción del de 1995, los ambientes de primavera de 1994, tanto secano como regadío, y las condiciones de primavera-secano de 1996, se encuentran en la parte positiva del eje de ordenadas en la representación de la figura 44.

Respecto a la distribución de los genotipos, nuevamente las líneas de mejora y variedades obtenidas en Valladolid permanecen agrupados (figura 44). Las

variedades Ballet y Solara, a diferencia de lo observado para la variable REND, se encuentran en el mismo cuadrante que este grupo. Los genotipos JI1 y FRD tienen valores de ECP1 muy bajos, es decir, tienen una componente de interacción con los distintos ambientes pequeña. Progress-9, que presentaba valores muy altos de ECP1 para la variable REND, tiene una componente próxima a cero para la variable PT. La variedad local LE1 es la más inestable, y también la más productiva.

Los coeficientes de determinación (R^2) de las regresiones de las covariables genotípicas y ambientales y los valores de PT de los genotipos y de los ambientes, para los dos primeros ejes del modelo AMMI aparecen en la tabla 55. Los valores de R^2 fueron muy altos para las covariables genotípicas NUD1V, ALT y LV, y las covariables ambientales TM5, DLL5, RENDa, VTa, ICa y P100a.

Los genotipos de talla alta LE1, LE2 y JI2 se asocian positivamente con el número de nudos hasta la primera vaina, NUD1V (figura 45). La dirección de esta covariable y la línea que une el genotipo LE2 con el origen prácticamente coinciden. En el extremo opuesto, la variedad Frisson, de pequeño porte, se asocia negativamente con NUD1V. Una situación similar se observaba al estudiar las coordenadas de LE2 y FRI respecto a la dirección de la covariable PTg en el análisis de la variable REND (figura 43).

La altura de la planta en el final de floración (ALT) y la longitud de la vaina (LV) se relacionan con los genotipos de un modo análogo a lo que lo hace NUD1V (figura 45). NUD1V y ALT están estrechamente relacionadas, ya que los genotipos que tienen mayor número de nudos hasta la primera vaina son precisamente los que han alcanzado mayor talla. La covariable LV, correlacionada negativamente con PT (tablas 40 y 42), está asociada positivamente con las variedades Progress-9 y Fride, y la línea JI1, tres genotipos de vaina larga y grano rugoso que destacan por su baja productividad de biomasa. LE2, Solara y Amino se asocian negativamente con LV.

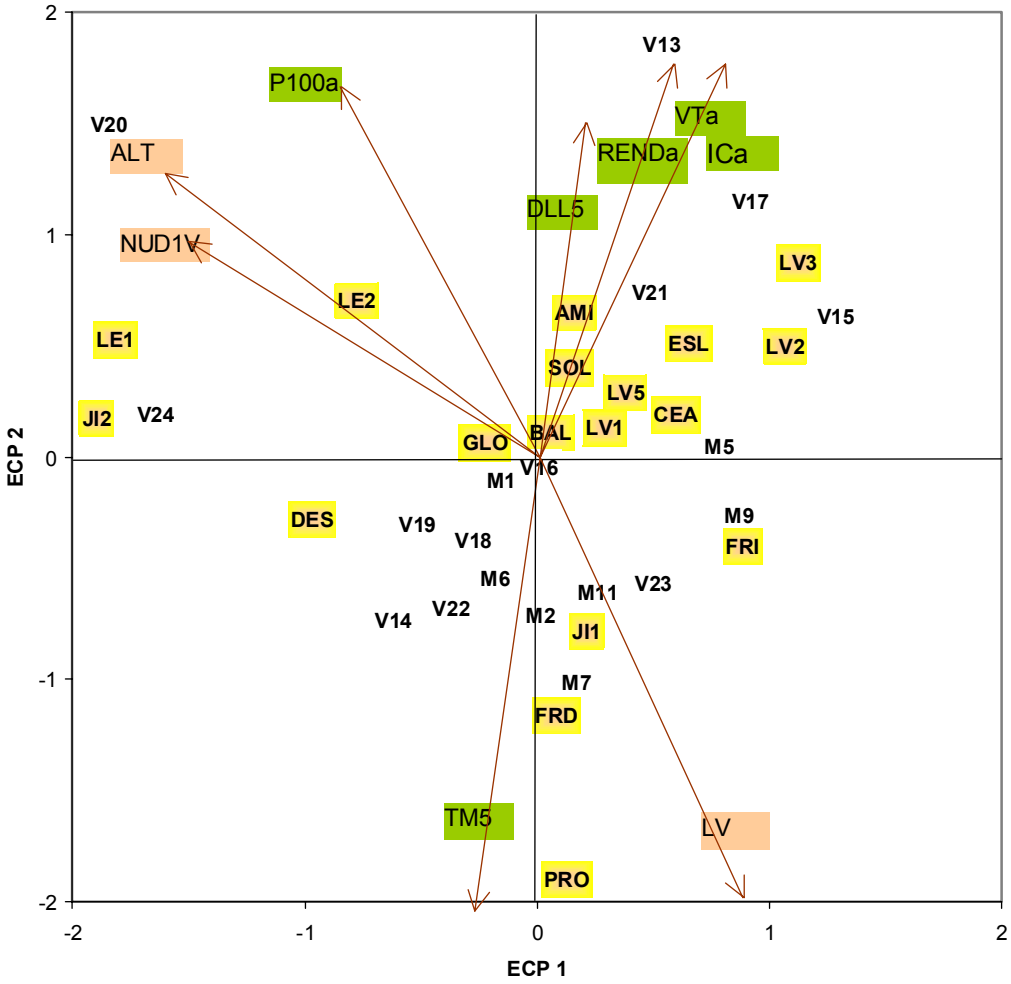


Figura 45. Representación de genotipos y ambientes respecto a los dos primeros ejes principales (ECP) del análisis AMMI de la productividad total de biomasa. Se añaden las direcciones de las covariables altura de la planta (ALT), longitud de la vaina (LV), número de nudos hasta la primera vaina (NUD1V), media de rendimiento en grano, vainas por unidad de superficie, índice de cosecha y peso de 100 semillas de cada ambiente para todos los genotipos (RENDa, VTa, ICa y P100a), temperatura media de mayo (TM5) y días de lluvia en mayo (DLL5).

Como en el caso de la variable REND, la mayoría de los ambientes de Madrid y los de primavera secano V22 y V23 están asociados positivamente con la covariable ambiental TM5 (figura 45). En el caso de V22 y V23 la asociación tiene menor entidad al ser más corta la proyección sobre la dirección de la covariable. También están asociados positivamente con TM5 los ambientes de otoño de 1995 y 1997, y las condiciones de primavera-regadío de 1995 y 1996 (V14, V16, V18 y V19, respectivamente).

Con el resto de las covariables ambientales representadas (DLL5, RENDa, VTa, ICa y P100a) ocurre lo contrario que con TM5 (figura 45). Están asociadas positivamente con los ambientes de Valladolid V15, V17 y V21, y negativamente con los de Madrid. Los ambientes de primavera-secano y primavera-regadío de 1997 (V20 y V24) se encuentran en un dirección próxima a la perpendicular respecto a estas covariables, por lo que su asociación es prácticamente nula con las mismas.

3.6.4.1.3. Vainas por metro cuadrado

BIBLIOTECA VIRTUAL MIGUEL DE CERVANTES

El primer eje de componentes principales en el análisis AMMI de los valores de VT representó el 39% de la suma de cuadrados de la interacción GxA, con 34 grados de libertad. El segundo eje principal explicó el 22%, con 32 grados de libertad (tabla 54).

En la representación del primer eje principal del análisis AMMI respecto de las medias del número de vainas totales por metro cuadrado (figura 46) se pueden apreciar una gran dispersión de los genotipos. Los más estables son Cea, Desso, Solara y Ballet, mientras Lv3, Esla y Progress-9 son los más inestables. Se identifica un grupo con componente negativa del eje de ordenadas que incluye a PRO, JI1, JI2, LE1, LE2 y GLO. Los cuatro últimos genotipos son de floración muy tardía y forman gran número de pisos en el tallo hasta la aparición de la primera vaina (aptitudes forrajeras).

Este grupo de genotipos interacciona positivamente con los ambientes de Madrid M2, M6, M7 y M11, y los ambientes de Valladolid del año 1995 (figura 46), el año de menor rendimiento de todos los analizados. Parece, por lo tanto, que en condiciones extremas de heladas y sequía primaveral, las variedades con aptitud forrajera no se ven tan perjudicadas como las otras a la hora de formar vainas.

Esto no implica que posean mayor rendimiento en grano, que también se ve modificado por el número de granos por vaina y el tamaño del grano.

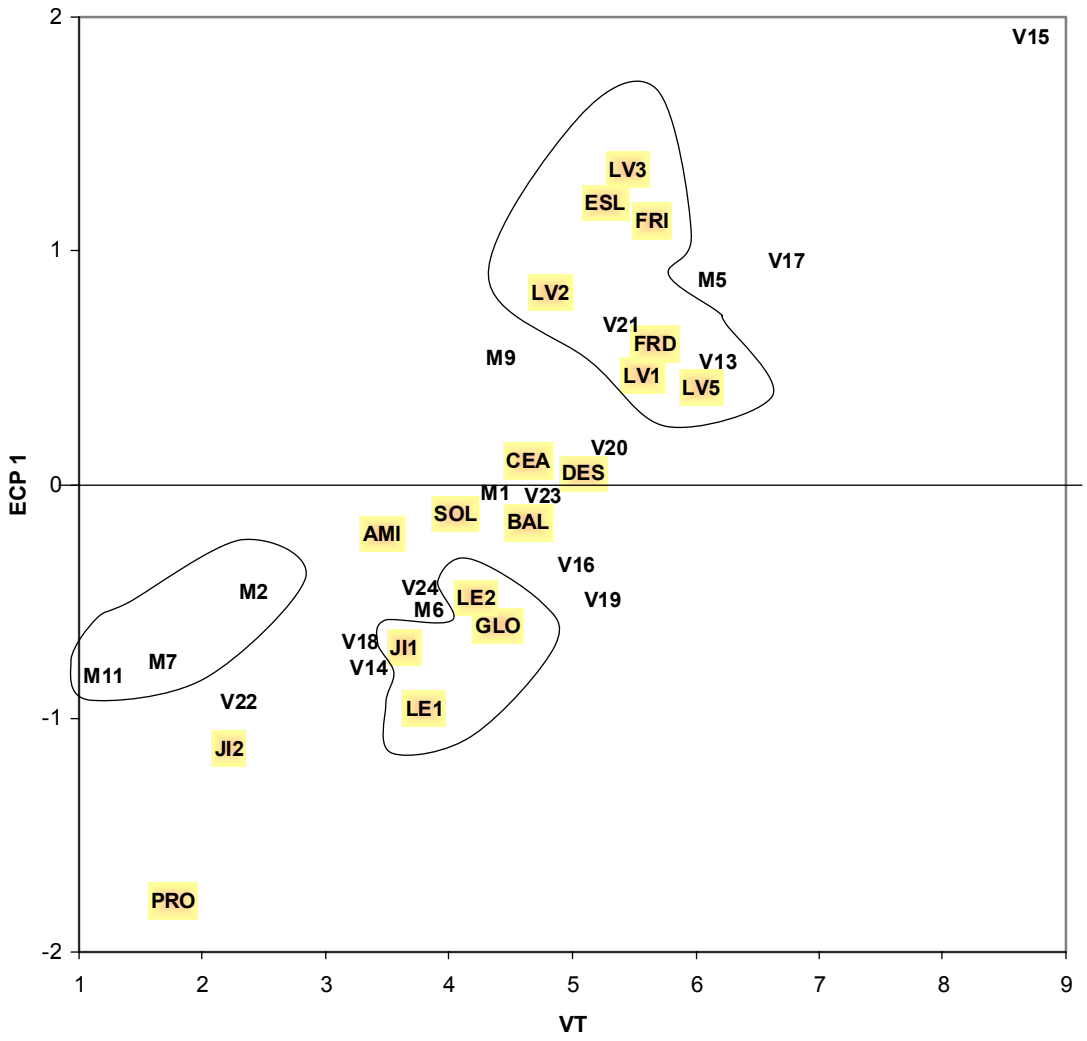


Figura 46. Representación de las componentes del primer eje factorial (ECP1) de genotipos y ambientes, respecto a sus correspondientes medias marginales en el análisis AMMI de las vainas totales por unidad de superficie (VT, en 10^{-2} Ud m^{-2}).

Los genotipos LV3, ESL, FRI y LV2 (todos de grano pequeño) se encuentran en la zona media del eje de ordenadas de la figura 46, lo que implica que en sus valores de VT existe una parte aditiva y multiplicativa importante. El grupo muestra interacción positiva con los ambientes de Valladolid, M5 y M9. La intensidad de esta interacción es máxima con V15, el ambiente con mayor media de VT entre los ensayados.

En la figura 47 puede observarse cómo V15 tiene una componente elevada de ECP2 y se encuentra en la misma dirección que los ambientes de Madrid M5 y M9. Por el contrario, V23 es muy estable respecto a esta variable al tomar un

valor prácticamente nulo para los dos primeros ejes factoriales. Los genotipos LE1, LE2 y JI2 se sitúan en el tercer cuadrante de la figura 47, asociándose con los ambientes V16, V18 y V19.

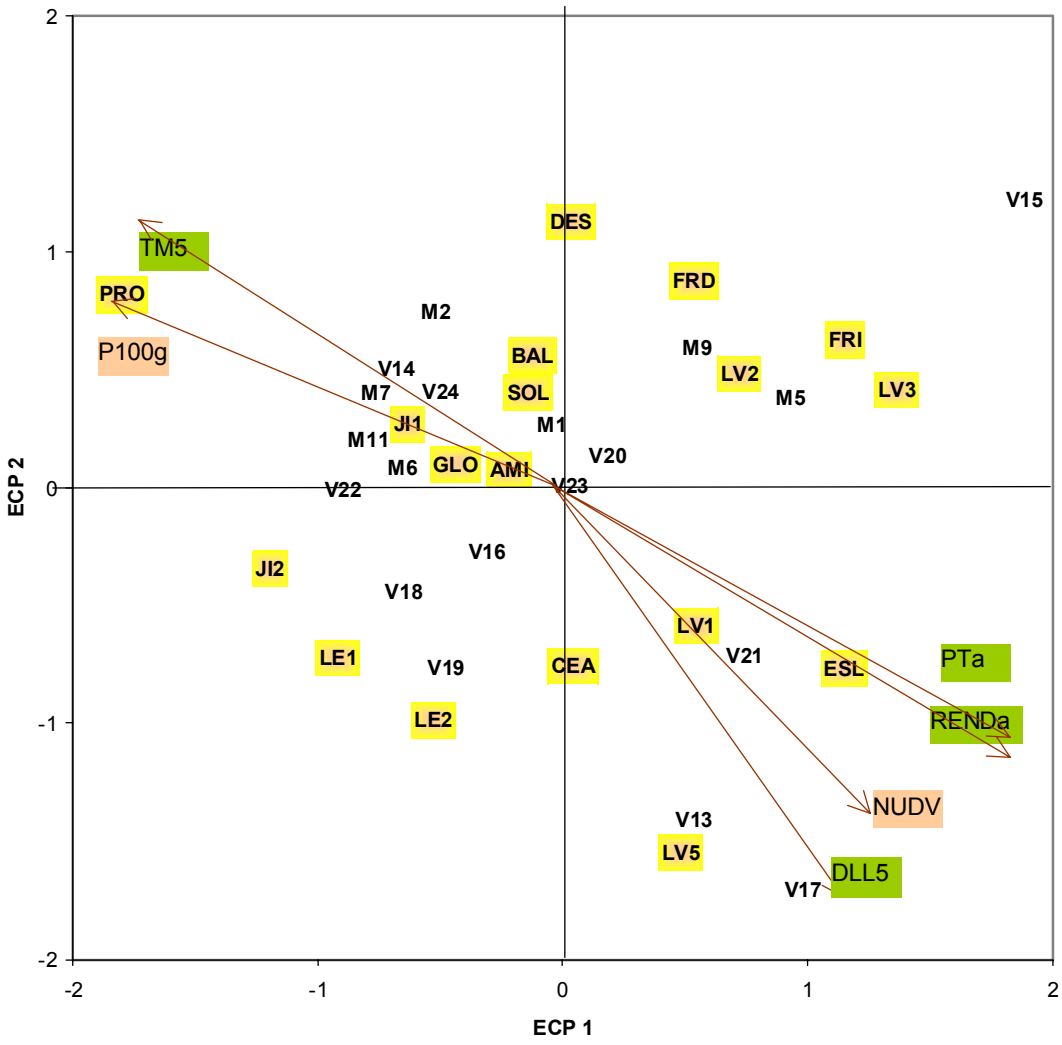


Figura 47. Representación de genotipos y ambientes respecto a los dos primeros ejes principales (ECP) del análisis AMMI de las vainas totales por unidad de superficie. Se añaden las direcciones de las covariables media de peso de 100 semillas de cada genotipo en todos los ambientes (P100g), número de nudos con vaina (NUDV), media de rendimiento en grano y productividad total de biomasa de cada ambiente para todos los genotipos (RENDa y PTa), temperatura media de mayo (TM5) y días de lluvia en mayo (DLL5).

La figura 47 representa las direcciones de las covariables genotípicas P100g y NUDV, y las ambientales TM5, DLL5, RENDa y PTa, seleccionadas por su elevado porcentaje de variación explicada en la regresión con los dos primeros ejes del análisis AMMI (tabla 55). La correlación con la variable VT es negativa

para P100g y TM5, y positiva para el resto (tabla 40 y 42). la primera con correlación negativa con VT y el resto con correlación positiva.

Progress-9 tiene valores altos en ECP1 y ECP2, asociándose intensamente con P100g (figura 47). Como ya se indicó en el epígrafe 3.5.2., la inclusión de esta variedad en el conjunto de genotipos estudiados es en gran parte responsable de la correlación negativa detectada entre el número de vainas por metro cuadrado y el peso medio del grano. Al contrario que Progress-9, genotipos, como Esla y LV1, están asociados negativamente con la covariable P100g. El comportamiento respecto a NUDV es totalmente opuesto al anterior: los genotipos asociados negativamente con P100g lo están positivamente con NUDV, y biceversa.

La covariable ambiental TM5 (temperaturas medias del mes de mayo) se sitúa en la misma dirección que la covariable genotípica P100g, y se asocia con los ambientes M1, M2, M6, M7, M11, V14 y V24 (figura 47). También es interesante destacar la asociación negativa existente entre TM5 y los ambientes de Valladolid V17, V13 y V21.

3.6.4.1.4. Índice de cosecha

Para la variable IC, el primer y segundo término bilineal en el análisis de varianza AMMI representó el 56,52% y el 10,46% de la suma de cuadrados de la interacción GxA, respectivamente (tabla 54). Los 66 grados de libertad de los dos primeros ejes factoriales, de un total de 306 contenidos en el análisis, asumen una cantidad considerable de interacción explicada.

No existe una separación clara de los ambientes en función de la localidad a lo largo del ECP1 (figura 48). El ambiente de Madrid 11 es el de mayor valor aditivo para la variable IC, y muestra un valor de ECP1 muy por encima del resto, lo que implica que mantiene una interacción positiva elevada con la mayoría de los genotipos estudiados. Los tres ambientes de regadío de Madrid (M5, M6 y M7) presentan interacción positiva con todos los genotipos a excepción de GLO, JI2, LE1 y LE2.

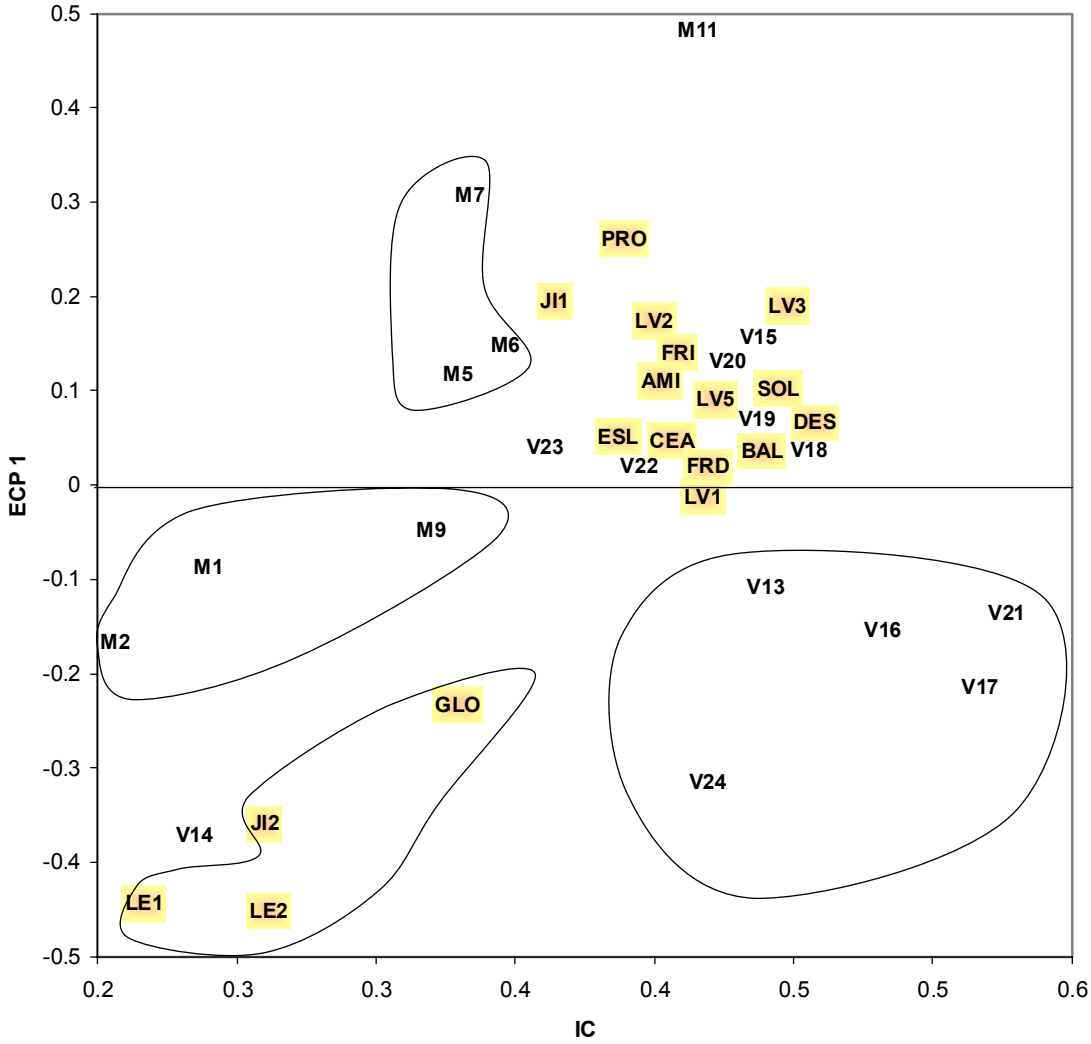


Figura 48. Representación de las componentes del primer eje factorial (ECP1) de genotipos y ambientes, respecto a sus correspondientes medias marginales en el análisis AMMI del índice de cosecha (IC).

Respecto a los ambientes de Valladolid, el grupo formado por V13, V16, V17, V21 y V24 (todas las condiciones de 1994 y 1997, salvo primavera-regadío en el segundo caso) incorpora los ambientes con mayor componente aditiva de IC y valores más negativos de ECP1. Si en la figura 48 los ambientes de Madrid se separaban según el tratamiento de cultivo, los de Valladolid lo hacen según el año.

La representación en el plano definido por los dos ejes principales (figura 49) distingue el comportamiento interactivo de los genotipos en varios grupos. Los

mayores términos de interacción corresponden a los genotipos GLO, JI2, LE1 y LE2, con valores muy altos de ECP1 y bajos de ECP2. El grupo muestra interacción positiva son el ambiente V14, caracterizado por un estrés hídrico muy intenso y heladas tardías que destruyeron gran cantidad de vainas en la mayor parte de los materiales. El desarrollo tardío característico de los cuatro genotipos les permitió mantener en estas condiciones el rendimiento en grano (normalmente bajo), lo que también tuvo reflejo en el índice de cosecha. En el extremo opuesto se la figura se representan la variedad Progress-9 y la línea JI1, muy tempranas, que encuentran las condiciones más favorables para IC en el ambiente de regadío M7.

Las variedades Solara, Ballet y Desso, junto con las líneas de mejora de Valladolid LV2, LV3 y LV5, se encuentran en el primer cuadrante de la figura, y tienen interacción positiva con los ambientes de regadío V20 y M6. Las dos variedades obtenidas en Valladolid, Cea y Esla, se distinguen de este grupo porque tienen componente negativa en ECP2, presentando una ligera interacción positiva con el ambiente de secano V23.

Los grados-día acumulados hasta principio de floración (GDPF), y altura de la planta en el final de floración (ALT) son las covariables genotípicas con valores más altos de R^2 (0,93 y 0,88, respectivamente) en las regresiones respecto a ECP1 y ECP2 (tabla 55). Ambas covariables siguen la misma dirección en la representación de la figura 49, y están asociadas con el grupo de genotipos que presenta menor valor aditivo de IC y mayor interacción GxA: GLO, JI2, LE1 y LE2. Esto está de acuerdo con la correlación significativamente negativa constatada entre ALT e IC (tabla 40). Frisson y Amino se pueden asociar negativamente con GDPF y ALT.

Las covariables ambientales con mayor R^2 en la regresión sobre los ejes del AMMI fueron (tabla 55) el número de días con temperatura mínima inferior a 0ºC en febrero (DTm02) y en la segunda quincena de abril (DTm042), la temperatura media mensual de junio (TM6), y media marginal del peso de 100 granos (P100a). DTm02 y DTm042 tienen direcciones opuestas según las bisectrices del segundo

y cuarto cuadrante en la figura 49, Los ambientes que más se relacionan con estas covariables son V14 (positivamente con DTm042) y M7 (positivamente con DTm02). Ambos presentan un elevado componente de la interacción GxA, con valores elevados de los dos ejes de componentes principales del AMMI.

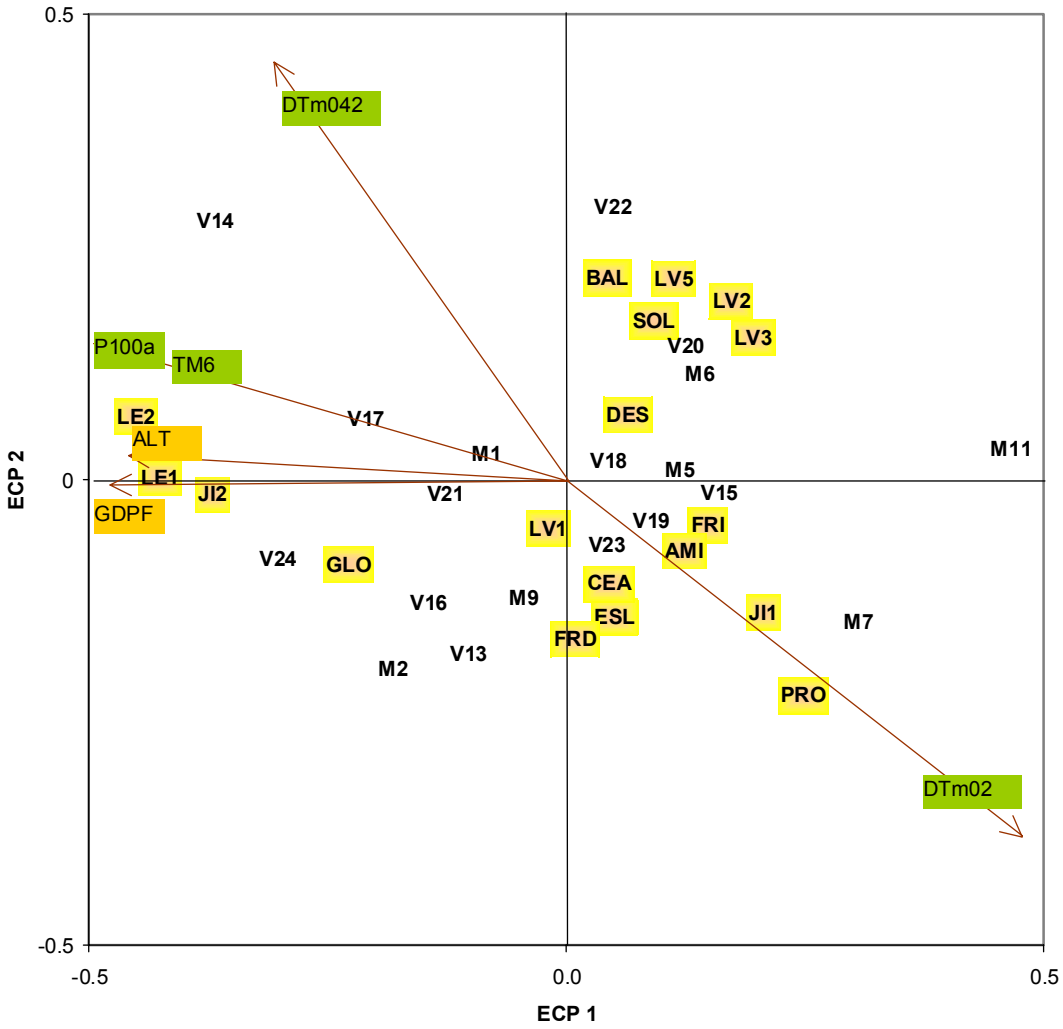


Figura 49. Representación de genotipos y ambientes respecto a los dos primeros ejes principales (ECP) del análisis AMMI del índice de cosecha. Se añaden las direcciones de las covariables altura de la planta (ALT), grados-día desde nascencia hasta principio de floración (GDPF), media de peso de 100 semillas de cada ambiente para todos los genotipos (P100a), temperatura media de junio (TM6), días con temperatura mínima inferior a 0ºC en febrero (DTm02) y días con temperatura mínima inferior a 0ºC en la segunda quincena de abril (DTm042).

Progress-9 y la línea JI1 se asocian negativamente con DTm042. Estos genotipos son muy precoces y se recuperan con mucha dificultad de los daños recibidos por bajas temperaturas.

Las covariables ambientales TM6 y P100a se encuentran superpuestas (figura 49) y en la misma dirección que V17 y M1, por lo que se asocian positivamente con estos ambientes. Para M11 (primavera-secano de 1996) la asociación con las dos covariables es negativa, registrándose una enorme interacción GxA en los índices de cosecha. Nuevamente, el grupo de genotipos formado por GLO, JI2, LE1 y LE2 se separa del resto, presentando interacción negativa con M11.

3.6.4.1.5. Peso de cien semillas

El primer y segundo eje de componentes principales del AMMI explicó respectivamente el 44% y el 20% de la suma de cuadrados de la interacción GxA (tabla 54).

Existe una gran variabilidad tanto en los valores aditivos de P100 como en los valores de ECP1 (figura 50). Los materiales que mayores valores aditivos obtienen son las variedades Progress-9 y Solara (superiores a 23 g), seguidas de Amino y Ballet. De los cuatro genotipos mencionados, sólo Progress-9 tiene un elevado valor de ECP1, siendo de signo negativo. Progress-9 presenta interacción positiva con el ambiente M11, que también tiene un valor muy negativo de ECP1 y una componente aditiva bajo, menor a 15 g.

Los ambientes de Madrid con mayor media marginal de la variable P100 (M1 y M9) presentan valores positivos de ECP1. En esta misma situación está un numeroso grupo de ambientes de Valladolid (V13, V14, V15, V17, V21 y V23) que incluye a todos los ensayados en el año 1994. Todos estos ambientes presentan interacción positiva con el grupo de genotipos formado por GLO, JI2, LE1 y LE2, y negativa prácticamente con el resto.

Los valores aditivos de los ambientes de Valladolid se encuentran siempre por encima de los de Madrid. Los menores valores dentro de los ambientes de Valladolid correspondieron a las estresantes condiciones de siembra en primavera de 1995 (V18 y V22). El ambiente con mayor media de P100 es V16, que se separa del resto de ambientes de otoño de Valladolid (figura 50). V16 interacciona positivamente con los genotipos que tienen mayor tamaño del grano.

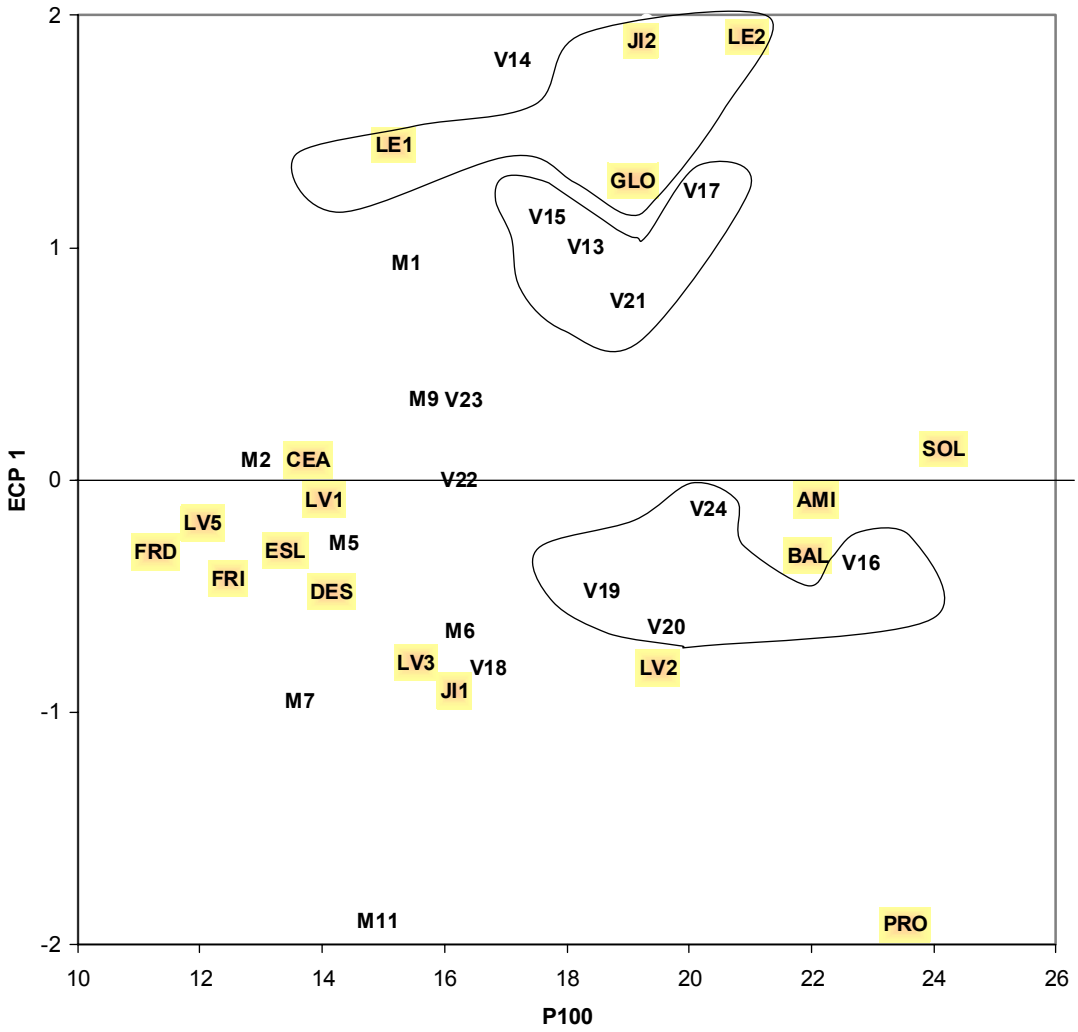


Figura 50. Representación de las componentes del primer eje factorial (ECP1) de genotipos y ambientes, respecto a sus correspondientes medias marginales en el análisis AMMI del peso de 100 semillas (P100, en g).

Existe una gran dispersión tanto de genotipos como ambientes en el plano principal (figura 51). Los ambientes V16 y M11 presentan los valores mínimos de ECP1 y ECP2, respectivamente. M2 y V14 tienen los valores máximos en cada uno de dichos ejes. Las mayores interacciones positivas genotipo x ambiente se registran en: Amino con V16, Progress-9 con M11 y M2, LV5 con M2, LE1 y Glotón con V14.

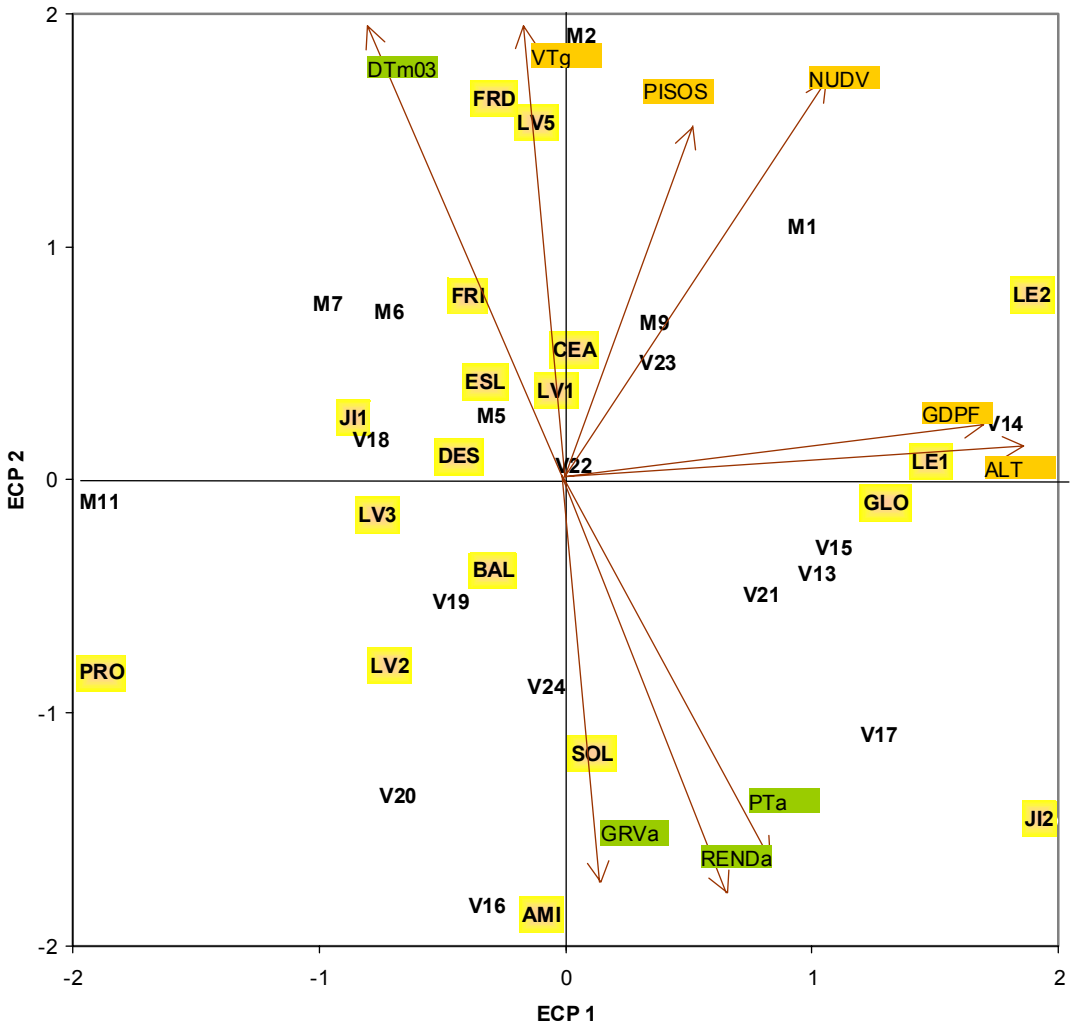


Figura 51. Representación de genotipos y ambientes respecto a los dos primeros ejes principales (ECP) del análisis AMMI del peso de 100 semillas. Se añaden las direcciones de las covariables media de vainas por unidad de superficie de cada genotipo en todos los ambientes (VTg), altura de la planta (ALT), grados-día desde nascencia hasta principio de floración (GDPF), número de nudos con vaina (NUDV), número de pisos florales por tallo (PISOS), media de rendimiento en grano, productividad total de biomasa y granos por vaina de cada ambiente para todos los genotipos (RENDa, PTa y GRVa) y días con temperatura mínima inferior a 0ºC en marzo (DTm03).

El ambiente de primavera-secano de 1995 en Valladolid (V22) es el que menor interacción GxA presenta, con valores de ECP1 y ECP2 cercanos a cero (figura 51). Las condiciones estresantes de frío y temperatura de V22 ocasionaron los valores del peso de cien semillas más bajos en los ambientes de Valladolid, afectando por igual a todos los genotipos en esta variable.

En la figura 51 se representan las direcciones de las covariables con mayor proporción de variación explicada en la regresión de sus valores sobre dichos ejes (tabla 55). Las covariables genotípicas consideradas han sido la altura de la planta (ALT), el número de grados-día acumulados hasta el principio de floración (GDPF), número de nudos con vaina (NUDV) y número de pisos florales (PISOS) en el tallo principal y la media marginal de vainas totales (VTg). Como covariables ambientales se han incluido las medias marginales de REND, PT, y GRV, y el número de días con temperatura mínima inferior a 0ºC en marzo (DTm03).

ALT y GDPF se asocian positivamente con LE1, LE2 y la variedad Glotón (figura 51). Son tres genotipos de gran talla que alcanzan tamaños medios-altos de la semilla, tienen valores de ECP1 próximos a 2 cuando la componente del ECP2 es prácticamente nula.

ALT y GDPF tienen correlación negativa con IC, pero no presentan correlación significativa con P100 (tabla 55). Se asocian con ECP2 mientras que las otras tres covariables genotípicas (VTg, PISOS y NUDV) lo hacen con ECP1. Los genotipos FRD y LV5 tienen valores altos de ECP1 y muy bajos de ECP2, se asocian positivamente con VTg, PISOS y NUDV. En el lado opuesto, presenta asociación negativa con estas covariables las variedades Amino y Solara, que se caracterizan por su reducido número de vainas/planta, de pisos en el tallo principal, y de nudos con vaina. Solara es el genotipo con mayor componente aditivo del peso de 100 semillas, y consigue elevados rendimientos aún teniendo escaso número de vainas/planta.

La covariable DTm03 se representa en la figura 51 próxima a la dirección positiva del ECP1, mientras RENDa, PTa y GRVa ocupan una posición opuesta. Los ambientes que se asocian positivamente con DTm03, y negativamente con el resto de covariables ambientales, son M2, M6 y M7. Las condiciones de otoño de 1995 en Madrid (M2) obtuvieron el menor valor medio ambiental de P100 (por debajo de 14 g), con rendimiento en grano y paja (RENDa, PTa) también muy bajos. Sin embargo, el ambiente de Valladolid con las mismas condiciones de siembra (V14) posee una media marginal de P100 superior a 17 g, y no se asocia con las covariables RENDa, PTa y GRVa. La interacción GxA en V14 y M2 se debe a causas diferentes y, en cualquier caso, asociadas con mayor intensidad al eje ECP1 y ECP2, respectivamente.

3.6.4.1.6. Granos por vaina

En el análisis AMMI de los valores de la variable GRV, el primer eje de componentes principales explicó el 48% de la suma de cuadrados de la interacción GxA, y el segundo eje el 16% (tabla 54).

La figura 52 representa los valores medios de GRV y las componentes de los genotipos y ambientes respecto del primer eje de componentes principales. Al igual que ocurre con otras variables, los genotipos GLO, JI2, LE1 y LE2 muestran elevados componentes de ECP1, e interaccionan positivamente con los ambientes de Valladolid V14 y V24, entre otros. En el lado opuesto de la figura 52 se encuentra la variedad Progress-9, con interacción positiva con los ambientes de Madrid de siembra en primavera en 1996 (M7 y M11).

El margen de variación de los valores genotípicos de GRV es relativamente estrecho. Los valores oscilan entre las 3 (LV2) y las 4,5 (DES) semillas/vaina. En cuanto a medias marginales ambientales, contrastan los valores medios de M1 y M2 (siembra de otoño en 1994 y 1995), con menos de 2,5 semillas/vaina, y los de V16 y V20 (otoño y primavera-regadío de 1997), con valores cercanos a 5 semillas/vaina.

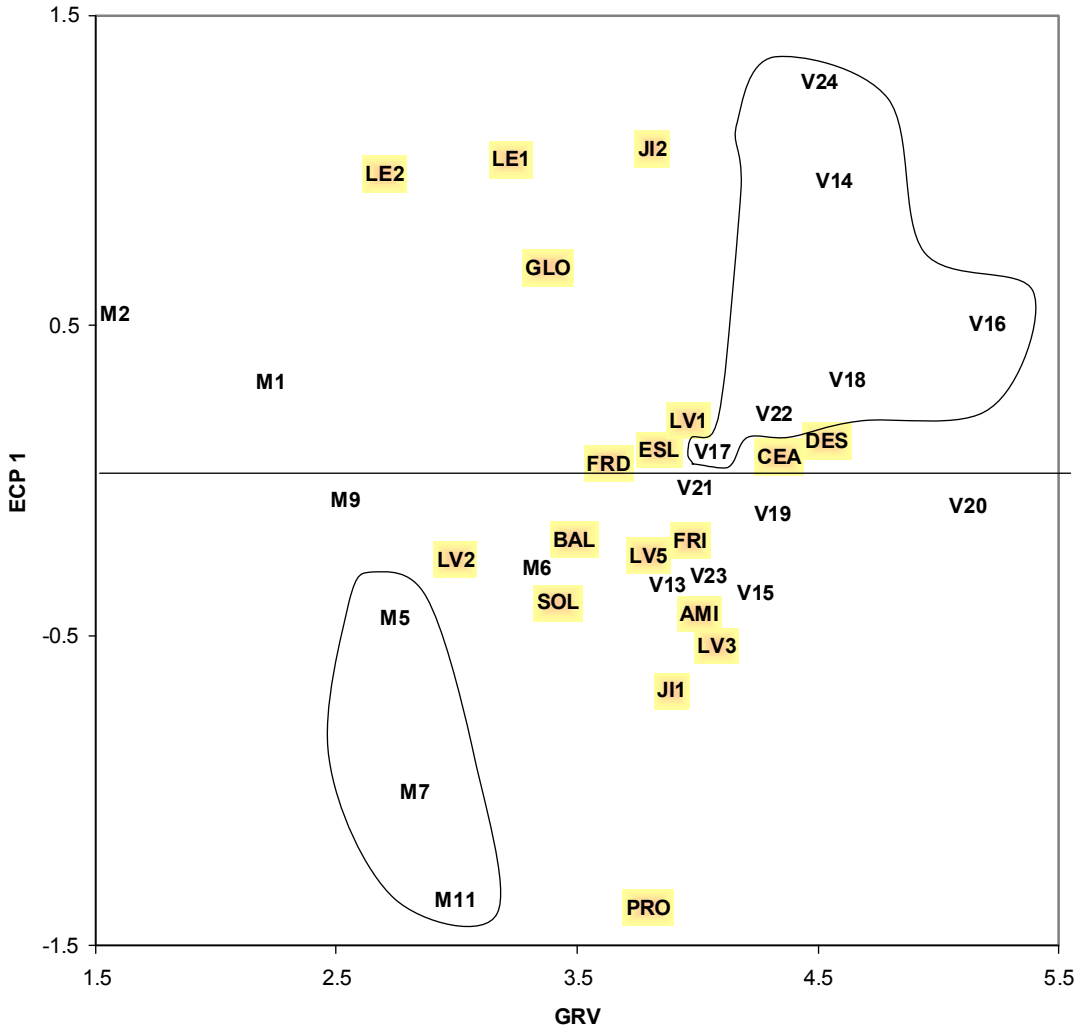


Figura 52. Representación de las componentes del primer eje factorial (ECP1) de genotipos y ambientes, respecto a sus correspondientes medias marginales en el análisis AMMI de los granos por vaina (GRV).

En el plano definido por los dos primeros ejes principales (figura 53) se representa la dirección de dos covariables genotípicas y dos ambientales: porcentaje de abortos (ABOR), altura de la planta (ALT), días con temperatura mínima inferior a 0ºC en febrero (DTm02) y media marginal del peso de cien semillas (P100a). Las dos covariables genotípicas están correlacionadas negativamente con GRV (tabla 40). Próximos a la dirección que definen ambas en la figura 53, se encuentran GLO, LE1, LE2 y JI2, los genotipos de mayor altura y con mayor porcentaje de abortos por vaina.

DTm02 y P100a se asocian significativamente con los dos ejes principales. Las condiciones de Valladolid de 1997 en primavera-secano (V24) y en otoño (V16) se asocian positivamente con P100a (figura 53). En la situación inversa se encuentran las condiciones de regadío de 1996 en Madrid (M7), con asociación positiva respecto a DTm02, una covariable correlacionada negativamente con GRV (tabla 40).

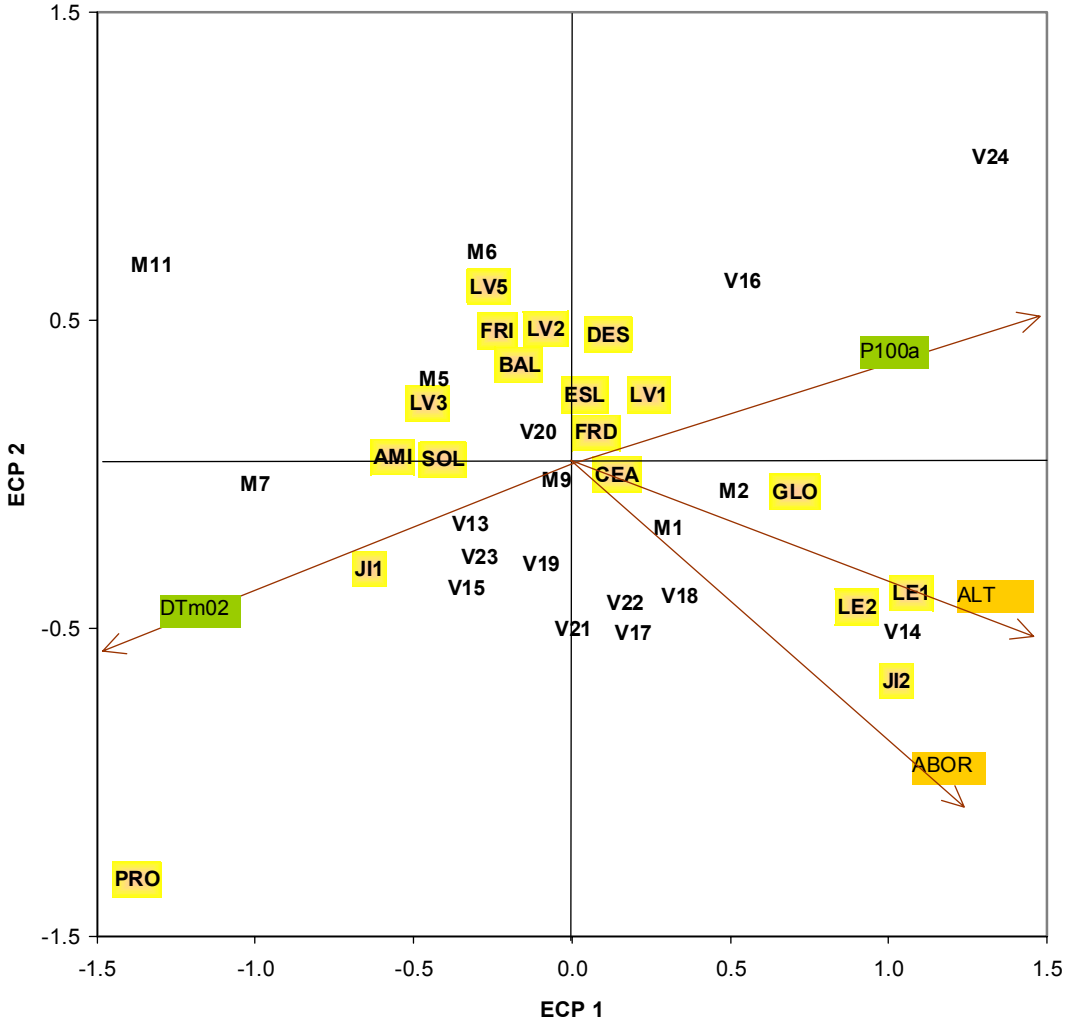


Figura 53. Representación de genotipos y ambientes respecto a los dos primeros ejes principales (ECP) del análisis AMMI de los granos por vaina. Se añaden las direcciones de las covariables altura de la planta (ALT), porcentaje de aborto de semillas en cada vaina (ABOR), media de peso de 100 semillas de cada ambiente para todos los genotipos (P100a) y días con temperatura mínima inferior a 0ºC en febrero (DTm02).

3.6.4.2. Análisis de regresión factorial

Los análisis de regresión factorial permiten, eligiendo el modelo apropiado, interpretar la interacción GxA en base a covariables específicas. El modelo puede así extrapolar los resultados a ambientes no experimentados (Van Eeuwijk *et al.*, 1996).

Se han realizado análisis de regresión factorial de los valores de rendimiento y sus componentes, introduciendo en los modelos las covariables genotípicas y ambientales que se relacionan en las tablas 38 y 39 (apartado 3.5 de esta Memoria). Siguiendo el procedimiento descrito por Baril (1992), se han seleccionado para el análisis únicamente aquellas covariables que explicaban un mayor porcentaje de la interacción GxA.

3.6.4.2.1. Rendimiento en grano

El efecto de la interacción GxA sobre la variable REND fue estudiado con modelos de regresión factorial con 3 covariables genotípicas y 2 covariables ambientales: LV (longitud de la vaina), RENDg, VTg, RENDa y P100a. El modelo completo divide la interacción GxA como sigue:

$$\begin{aligned} GxA_{ij} = {} & LV_{1i}\psi_{1j} + RENDg_{2i}\psi_{2j} + VTg_{3i}\psi_{3j} + \varphi_{1i}RENDa_{1j} + \varphi_{2i}P100a_{2j} + LV_{1i}\gamma_{11}RENDa_{1j} + \\ & LV_{1i}\gamma_{12}P100a_{2j} + RENDg_{2i}\gamma_{21}RENDa_{1j} + RENDg_{2i}\gamma_{22}P100a_{2j} + VTg_{3i}\gamma_{31}RENDa_{1j} + \\ & VTg_{3i}\gamma_{32}P100a_{2j} + \theta_{ij} \end{aligned}$$

Otras covariables que intervienen significativamente en la interacción GxA siguiendo el método de Baril (1992), aunque con menor intensidad que las anteriores, son entre las genotípicas el contenido en grasa del grano (GRAS) y VTg; y entre las ambientales, los días de lluvia en mayo (DLL5), días con temperatura mínima inferior a 0ºC en marzo (DTm03) y temperatura media de mayo (TM5).

El término LV x RENDa representa el 18,22% de la suma de cuadrados de la interacción GxA (tabla 56), con un grado de libertad. Los demás sumandos representan un menor porcentaje aunque, en cualquier caso, hay que tener en cuenta que la suma de cuadrados correspondiente a cada término disminuye a

medida que vamos introduciendo covariables en el modelo. Con las 5 covariables seleccionadas se asume el 73,19% de la suma de cuadrados de la interacción, con el 27% de los grados de libertad.

A la vista de estos resultados, es necesario incluir más de dos covariables en el modelo para obtener un porcentaje de suma de cuadrados de la interacción suficientemente alto. La interpretación del análisis de regresión factorial con mas de dos covariables no es sencilla. De hecho, las proporciones de la interacción explicadas por las covariables dependen del orden en que se van introduciendo en el modelo, lo mismo que los coeficientes de regresión de cada una de ellas. A pesar de todo, existen en la bibliografía trabajos que donde se trata de explicar en términos agronómicos o biológicos el análisis de regresión factorial con un número elevado de covariables. Con este método, Baril *et al*. (1995) estudió la interacción GxA en patata utilizando un modelo con cinco covariables ambientales y tres genotípicas. Este modelo era menos favorable que el propuesto en este trabajo, pues sólamente explicaba el 47,4% de la suma de cuadrados de la interacción GxA, utilizando el 23,8% de los grados de libertad.

Biarnès-Dumoulin *et al*. (1996), en un estudio de regresión factorial del rendimiento en guisante proteaginoso, encontraron un modelo de regresión factorial con pocas covariables que explicaba el 64% de la interacción GxA. En concreto, estos autores consideraron el número de nudos hasta la primera flor y el número medio de nudos con vaina, como covariables genotípicas, y el balance hídrico del suelo durante el periodo de floración como covariable ambiental.

El signo del coeficiente de regresión estimado del producto de LV x RENDa es positivo (tabla 57). Los genotipos AMI, BAL, SOL, CEA, LV2, JI1 y PRO tienen un valor centrado de LV mayor que cero (tabla 58), y se adaptan bien a los ambientes con valores de la covariable RENDa por encima de la media (todos los de Valladolid, salvo los tres ambientes de 1995 y primavera-secano de 1997). Los restantes genotipos, con LV negativo, se adaptan bien a los demás ambientes, con RENDa negativo (su producto tiene signo positivo). No convendría combinar genotipos y ambientes cuyos valores respectivos de LV y RENDa tenga distinto signo.

Tabla 56: Análisis de regresión factorial de los valores de rendimiento en grano (REND, en 10^{-2} g m^{-2}), productividad total de biomasa (PT, en 10^{-2} g m^{-2}), vainas por unidad de superficie (VT, en 10^{-2}Ud m^{-2}), índice de cosecha (IC), peso de 100 semillas (P100, en g) y granos por vaina (GRV).

	REND						PT				
Fuente de Variación	gl	SC	CM	F	R^2	Fuente de Variación	gl	SC	CM	F	R^2
Ambiente	18	595,66	33,09	378,2 *		Ambiente	18	1519,27	84,40	170,3 *	
Genotipo	17	93,02	5,47	62,5 *		Genotipo	17	340,71	20,04	40,4 *	
Genotipo*ambiente	306	128,33	0,42	4,8 *		Genotipo*ambiente	306	540,73	1,77	3,6 *	
LV*RENDa	**1**	**23,38**	**23,38**	**267,2 ***	**18,22**	**PTg*PTa**	**1**	**72,58**	**72,58**	**146,4 ***	**13,42**
RENDg*RENDa	**1**	**10,92**	**10,92**	**124,8 ***	**8,51**	**PTg*DTm02**	**1**	**10,69**	**10,69**	**21,6 ***	**1,98**
VTg*RENDa	**1**	**2,014**	**2,01**	**23,0 ***	**1,57**	**NUD1V*PTa**	**1**	**11,73**	**11,73**	**23,7 ***	**2,17**
LV*P100a	**1**	**6,338**	**6,34**	**72,4 ***	**4,94**	**NUD1V*DTm02**	**1**	**46,6**	**46,60**	**94 ***	**8,62**
RENDg*P100a	**1**	**3,816**	**3,82**	**43,6 ***	**2,97**	**TLL* PTa**	**1**	**2,04**	**2,04**	**4,1 ***	**0,38**
VTg*P100a	**1**	**3,969**	**3,97**	**45,3 ***	**3,09**	**TLL* DTm02**	**1**	**7,78**	**7,78**	**15,7 ***	**1,44**
LV*ambiente	**16**	**11,67**	**0,73**	**8,3 ***	**9,09**	**PTg*ambiente**	**15**	**20,96**	**1,40**	**2,8 ***	**3,88**
RENDg* ambiente	**16**	**11,51**	**0,72**	**8,2 ***	**8,97**	**NUD1V*ambiente**	**15**	**50,15**	**3,34**	**6,7 ***	**9,27**
VTg* ambiente	**16**	**8,39**	**0,52**	**6,0 ***	**6,54**	**TLL*ambiente**	**15**	**19,46**	**1,30**	**2,6 ***	**3,6**
genotipo*RENDa	**14**	**8,69**	**0,62**	**7,1 ***	**6,77**	**genotipo*PTa**	**14**	**12,19**	**0,87**	**1,8 ***	**2,25**
genotipo*P100a	**14**	**3,23**	**0,23**	**2,6 ***	**2,51**	**genotipo*DTm02**	**14**	**34,12**	**2,44**	**4,9 ***	**6,31**
Residual	**224**	**34,42**	**0,15**	**1,7 ***	**26,82**	**Residual**	**227**	**252,44**	**1,11**	**2,2 ***	**46,67**
Error	1019	89,16	0,09			Error	968	479,84	0,50		
Total	1361	909,80				Total	1310	3005,63			

	VT						IC				
Fuente de Variación	gl	SC	CM	F	R^2	Fuente de Variación	gl	SC	CM	F	R^2
Ambiente	18	1112,00	61,78	272,6 *		Ambiente	18	3,20	0,1778	296,1 *	
Genotipo	17	461,20	27,13	119,7 *		Genotipo	17	1,59	0,0935	155,7 *	
Genotipo*ambiente	304	421,00	1,38	6,1 *		Genotipo*ambiente	306	1,19	0,0039	6,5 *	
VTg*VTa	**1**	**116,97**	**116,97**	**516,2 ***	**27,79**	**GDPF*DTm02**	**1**	**0,1692**	**0,1692**	**282,1 ***	**14,22**
TLL*VTa	**1**	**3,84**	**3,84**	**16,9 ***	**0,91**	**GDPF*TM6**	**1**	**0,1407**	**0,1407**	**234,6 ***	**11,82**
VTg* DTm041	**1**	**7,36**	**7,36**	**32,5 ***	**1,75**	**GDPF*ambiente**	**16**	**0,3125**	**0,0195**	**32,6 ***	**26,26**
TLL*DTm041	**1**	**4,71**	**4,71**	**20,8 ***	**1,12**	**genotipo*DTm02**	**16**	**0,0496**	**0,0031**	**5,2 ***	**4,17**
VTg*ambiente	**16**	**11,52**	**0,72**	**3,2 ***	**2,74**	**genotipo* TM6**	**16**	**0,0404**	**0,0025**	**4,2 ***	**3,39**
TLL*ambiente	**16**	**19,19**	**1,20**	**5,3 ***	**4,56**	**Residual**	**256**	**0,4753**	**0,0019**	**3,1 ***	**39,94**
genotipo*VTa	**15**	**9,33**	**0,62**	**2,7 ***	**2,22**	Error	970	0,58	0,0006		
genotipo* DTm041	**15**	**9,74**	**0,65**	**2,9 ***	**2,31**	Total	1312	6,74			
Residual	**240**	**235,56**	**0,98**	**4,3 ***	**55,96**						
Error	940	213,00	0,23								
Total	1280	2099,20									

	P100						GRV				
Fuente de Variación	gl	SC	CM	F	R^2	Fuente de Variación	gl	SC	CM	F	R^2
Ambiente	18	2042,1	113,45	188,5 *		Ambiente	18	329,54	18,31	268,4 *	
Genotipo	17	5831,7	343,04	569,8 *		Genotipo	17	64,48	3,79	55,6 *	
Genotipo*ambiente	306	1204,6	3,94	6,5 *		Genotipo*ambiente	306	99,07	0,32	4,7 *	
GDPF*TM6	**1**	**199,5**	**199,51**	**331,4 ***	**16,56**	**LV* DTm02**	**1**	**17,06**	**17,06**	**250,2 ***	**17,22**
GDPF*PTa	**1**	**40,8**	**40,82**	**67,8 ***	**3,39**	**LV*GRVa**	**1**	**5,17**	**5,17**	**75,8 ***	**5,22**
NUDV*TM6	**1**	**12,9**	**12,89**	**21,4 ***	**1,07**	**GDPF* DTm02**	**1**	**2,30**	**2,30**	**33,7 ***	**2,32**
NUDV*PTa	**1**	**78,9**	**78,89**	**131,1 ***	**6,55**	**GDPF*GRVa**	**1**	**0,08**	**0,08**	**1,2 ns**	**0,08**
GDPF*ambiente	**16**	**223,7**	**13,99**	**23,2 ***	**18,58**	**LV*ambiente**	**16**	**11,11**	**0,69**	**10,2 ***	**11,21**
NUDV*ambiente	**16**	**76,9**	**4,81**	**8,0 ***	**6,38**	**GDPF*ambiente**	**16**	**20,19**	**1,26**	**18,5 ***	**20,38**
genotipo*TM6	**15**	**35,5**	**2,37**	**3,9 ***	**2,95**	**genotipo* DTm02**	**13**	**4,75**	**0,37**	**5,4 ***	**4,8**
genotipo*PTa	**15**	**68,9**	**4,60**	**7,6 ***	**5,73**	**genotipo*GRVa**	**13**	**3,58**	**0,28**	**4,0 ***	**3,62**
Residual	**240**	**467,3**	**1,95**	**3,2 ***	**38,79**	**Residual**	**244**	**34,84**	**0,14**	**2,0 ***	**35,16**
Error	1004	604,4	0,60			Error	976	66,56	0,07		
Total	1346	9232,3				Total	1318	565,68			

*, significativo (P=0,05); ns, no significativo.

gl, grados de libertad; CM, cuadrados medios; R^2, porcentaje de la suma de cuadrados (SC) respecto de la interacción genotipo*ambiente.

GDPF = grados-día acumulados desde la nascencia hasta principio de floración; LV = longitud de la vaina; NUD1V = número de nudos hasta la primera vaina; NUDV = número de nudos con vaina en el tallo principal; TLL = número de tallos por planta; PROT = contenido en proteína del grano

RENDg, PTg y VTg = media de REND, PT y VT, respectivamente, de cada genotipo en todos los ambientes.

TM5 = temperatura media de mayo; TM6 = temperatura media de junio; DTm02 = días con temperatura mínima inferior a 0ºC en febrero; DTm041 = días con temperatura mínima inferior a 0ºC en la primera quincena de abril.

RENDa, PTa, VTa, P100a, GRVa = media de REND, PT, VT, P100 y GRV, de cada ambiente para todos los genotipos.

La interacción LV x P100a representa el 5% de la suma de cuadrados de la interacción GxA con 1 grado de libertad, siendo P100a la covariable introducida en segundo lugar en el modelo de análisis. El coeficiente de regresión de este término es negativo (tabla 57), por lo que las buenas combinaciones genotipo-ambiente son aquellas en que ambas covariables tienen distinto signo. Como puede observarse en la tabla 58, prácticamente coinciden los ambientes con signo positivo para las covariables RENDa y P100a, con la excepción de V14. Por ello, las combinaciones que eran favorables según el producto LV x RENDa son ahora desfavorables, y a la inversa. Desde el punto de vista del producto LV x P100a, nos interesaría cultivar los genotipos con la covariable LV positiva en ambientes con la covariable P100a negativa: AMI, BAL, CEA, JI1, LV2, PRO, SOL en todos los ambientes de Madrid, V18, V22 y V24. Los genotipos con la covariable LV negativa se cultivarían ventajosamente en todos los ambientes de Valladolid, salvo V18, V22 y V24.

Tabla 57: Coeficientes de regresión de las interacciones entre una covariable genotípica y una ambiental según el análisis de regresión factorial de los valores de rendimiento en grano (REND), productividad total de biomasa (PT), vainas por unidad de superficie (VT), índice de cosecha (IC), peso de 100 semillas (P100) y granos por vaina (GRV).

	REND				PT		
	Sin covariable	**RENDa**	**P100a**		**Sin covariable**	**PTa**	**DTm02**
Sin covariable	2,5668	1,0004	0,0004	**Sin covariable**	6,3455	1,0068	0,0038
LV	0,0032	0,0194	-0,2753	**PTg**	1,0023	0,3341	0,0756
RENDg	0,9996	0,4287	-0,0652	**NUD1V**	-0,0015	-0,0842	-0,0729
VTg	0,0012	0,0232	-0,0690	**TLL**	0,0281	-0,1199	0,1950
	VT				**IC**		
	Sin Covariable	**VTa**	**DTm041**		**Sin covariable**	**DTm02**	**TM6**
Sin covariable	4,43350	1,00420	0,00710	**Sin covariable**	0,40190	-0,00460	-0,01123
VTg	1,00200	0,24030	0,01710	**GDPF**	-0,00070	-0,00010	0,00010
TLL	0,01280	-0,42180	-0,33210				
	P100				**GRV**		
	Sin covariable	**TM6**	**PTa**		**Sin covariable**	**DTm02**	**GRVa**
Sin covariable	17,6401	-0,2629	0,8185	**Sin covariable**	3,7153	0,0013	0,9890
GDPF	0,0125	0,0028	0,0030	**LV**	0,1029	0,1348	0,4230
NUDV	-3,1966	0,1236	-0,2381	**GDPF**	0,0001	-0,0003	0,0007

GDPF = grados-día acumulados desde la nascencia hasta principio de floración; LV = longitud de la vaina; NUD1V = número de nudos hasta la primera vaina; NUDV = número de nudos con vaina en el tallo principal; TLL = número de tallos por planta; PROT = contenido en proteína del grano.
RENDg, PTg y VTg = media de REND, PT y VT, respectivamente, de cada genotipo en todos los ambientes.
TM5 = temperatura media de mayo; TM6 = temperatura media de junio; DTm02 = días con temperatura mínima inferior a 0ºC en febrero; DTm041 = días con temperatura mínima inferior a 0ºC en la primera quincena de abril.
RENDa, PTa, VTa, P100a, GRVa = media de REND, PT, VT, P100 y GRV, de cada ambiente para todos los genotipos.

El término RENDg x RENDa representa un 8,5% de la suma de cuadrados de la interacción GxA y le corresponde el mayor coeficiente de regresión positivo (tabla 57). Interesan combinaciones genotipo-ambiente donde la covariable genotípica y ambiental tengan el mismo signo. En la tabla 58 se indica el signo de las covariables RENDg y RENDa.

Tabla 58: Clasificación de genotipos y ambientes según el signo que toman en ellos las covariables genotípicas y ambientales centradas, respectivamente.

Signo de la covariable	LV	RENDg	VTg	PTg	NUD1V	GDPF
Positivo	AMI, BAL, CEA, JI1, LV2, PRO, SOL	AMI, BAL, CEA, DES, ESL, LE2, LV1, LV2, LV3, SOL	BAL, CEA, DES, ESL, FRD, FRI, LV1, LV2, LV3, LV5	AMI, BAL, CEA, ESL, GLO, JI2, LE1, LE2, LV1, LV3, SOL	AMI, BAL, CEA, ESL, GLO, JI2, LE1, LE2, LV1, SOL	CEA, ESL, GLO, JI2, LE1, LE2, LV1
Negativo	DES, ESL, FRD, FRI, GLO, JI2, LE1, LE2, LV1, LV3, LV5	FRD, FRI, GLO, JI1, JI2, LE1, LV5, PRO	AMI GLO JI1 JI2 LE1 LE2 PRO SOL	DES, FRD, FRI, JI1, LV2, LV5, PRO	DES, FRD, FRI, JI1, LV2, LV3, LV5, PRO	AMI, BAL, DES, FRD, FRI, JI1, LV2, LV3, LV5, PRO, SOL
Signo de la covariable	**RENDa**	**P100a**	**PTa**	**VTa**	**DTm02**	**TM6**
Positivo	V13, V15, V16, V17, V19, V20, V21, V23	V13, V14, V15, V16, V17, V19, V20, V21, V23	M5, V13, V15, V16, V17, V19, V20, V21, V23, V24	M5, M9, V13, V15, V16, V17, V19, V20, V21, V23, V24	M1, M5, M7, M9, M11, V13, V15, V17, V19, V21, V23	M1, M2, M5, M6, M9, V13, V14, V15, V17, V18, V19, V21, V22, V23
Negativo	M1, M2, M5, M6, M7, M9, M11, V14, V1,8 V22, V24	M1, M2, M5, M6, M7, M9, M11, V18, V22, V24	M1, M2, M6, M7, M9, M11, V14, V18, V22	M1, M2, M6, M7, M11, V14, V18, V22	M2, M6, V14, V16, V18, V20, V22, V24	M7, M11, V16, V20, V24

LV = longitud de la vaina (10^{-1}m); RENDg, PTg, VTg, = media de rendimiento en grano, productividad total de biomasa y vainas por unidad de superficie, respectivamente, de cada genotipo en todos los ambientes; NUD1V = número de nudos hasta la primera vaina; GDPF = grados-día acumulados desde la nascencia hasta principio de floración.
RENDa, PTa, VTa, P100a, = media de rendimiento en grano, productividad total de biomasa, vainas por unidad de superficie y peso de 100 semillas, respectivamente, de cada ambiente para todos los genotipos; DTm02 = días con temperatura mínima inferior a 0ºC en febrero; TM6 = temperatura media de junio.

Los términos RENDg x RENDa y LV x RENDa tienen el coeficiente de regresión de idéntico signo. Al estar implicada la misma covariable ambiental, la interpretación de la interacción GxA se superpone en gran medida en los dos casos. Cinco de los siete genotipos que tienen signo positivo para la covariable LV lo tienen también para RENDg, por lo que tendrán un comportamiento favorable al combinarlos con los ambientes con signo positivo de la covariable RENDa. Los genotipos FRD, FRI, GLO, JI2, LE1 y LV5, tienen signo negativo de

la covariable RENDg y LV, por lo que se adaptan bien a los ambientes con RENDa negativo: los de Madrid, V14, V18, V22 y V24.

La proporción de la interacción GxA explicada por el término RENDg x P100a es el 2,97%. El signo del coeficiente de este término es el mismo que el de LV x P100a, por lo que la separación de ambientes es exactamente la misma que se comentó en aquél caso.

La interacción de VTg con el ambiente representa menor porcentaje de la suma de cuadrados total de la interacción GxA que los términos que implican al resto de las covariables (tabla 56). Como ocurría en el caso de las covariables RENDg y LV (tabla 58), los genotipos BAL, CEA y LV2 conservan signo positivo en VTg, y los genotipos GLO, JI2 y LE1 signo negativo. Para el primer grupo los términos del producto VTg x RENDa son positivos en la mayoría de los ambientes de Valladolid, mientras el término VTg x P100a es negativo en los mismos ambientes. Con GLO, JI2 y LE1, ocurre lo mismo, pero en los ambientes de Madrid.

El modelo de regresión factorial (tabla 56) incluye 5 términos más en la descomposición de la interacción GxA, los de interacción de cada covariable genotípica con el efecto ambiente, y los de interacción de cada covariable ambiental con el efecto genotipo (LV x ambiente, RENDg x ambiente, VTg x ambiente, genotipo x RENDa y genotipo x P100a). Los coeficientes de regresión (φ_{hi}) correspondientes (tabla 59) indican cómo influyen cada una de las covariables ambientales en cada genotipo, y cada una de las covariables genotípicas en cada ambiente.

La interacción GxA en Ballet y Fride tiene un coeficiente de regresión con la covariable RENDa negativo. Estos dos genotipos son los que mejor responden en los ambientes de bajo rendimiento. También tienen signo negativo los coeficientes correspondientes a los genotipos ESL, FRI, GLO y LE1, pero son menores en valor absoluto. El resto de materiales tienen un coeficiente positivo (destacan en

valor absoluto LV2, LV3 y LV5) por lo que se adaptan bien a los ambientes con RENDa alto.

El coeficiente de regresión de la covariable P100a para la variedad Ballet tiene signo positivo (tabla 59), por lo que se adapta bien a los ambientes que tienen una media marginal del peso de 100 semillas alta. La variedad Solara tiene un coeficiente de regresión negativo, por ello, se adapta bien a los ambientes con P100a bajo, es decir, todos los de Madrid, V18, V22 y V23.

Tabla 59: Coeficientes de regresión de las covariables ambientales para cada genotipo, y de las covariables genotípicas para cada ambiente, en el análisis de regresión factorial de los valores de rendimiento en grano.

Genotipo	RENDa	P100a	Ambiente	LV	RENDg	VTg
AMI	0,0601	-0,0768	**M1**	-0,0858	-0,1155	0,0614
BAL	-0,3425	0,1115	**M2**	-0,9238	-0,1812	-0,1459
CEA	0,0399	0,0778	**M5**	0,5334	0,5084	-0,0486
DES	0,1883	-0,0190	**M6**	0,4954	-0,5730	0,4276
ESL	-0,0574	0,0472	**M7**	0,5576	-0,2172	0,0386
FRD	-0,2444	0,0234	**M9**	0,1732	0,0411	0,1834
FRI	-0,0217	-0,0201	**M11**	0,4774	0,0479	0,1654
GLO	-0,1762	0,0283	**V13**	-0,4300	0,1448	-0,0391
JI1	0,1019	-0,0402	**V14**	-0,5489	0,3432	-0,2261
JI2	0,0051	0,0436	**V15**	-0,9726	0,0743	-0,1496
LE1	-0,0488	0,0048	**V16**	-0,0747	-0,1730	-0,0522
LE2	0,0193	0,0095	**V17**	0,3986	0,1220	0,0320
LV1	0,0082	0,0062	**V18**	-0,2318	0,2519	-0,1337
LV2	0,2212	0,0313	**V19**	-0,1385	-0,5191	-0,1460
LV3	0,1133	-0,0332	**V20**	1,2741	0,8712	0,3637
LV5	0,1214	-0,0719	**V21**	-0,2733	-0,5030	0,0840
PRO	0,0075	0,0013	**V22**	-0,2174	0,2828	-0,1739
SOL	0,0048	-0,1237	**V23**	0,1821	-0,2731	-0,1492
			V24	-0,1950	-0,1325	-0,0917

RENDa, P100a, = media de rendimiento en grano y peso de 100 semillas, respectivamente, de cada ambiente para todos los genotipos.
RENDg, VTg = media de rendimiento en grano y vainas por unidad de superficie, respectivamente, de cada genotipo en todos los ambientes.

Para los ambientes de Madrid, exceptuando M1 y M2, el coeficiente de regresión de la covariable genotípica LV es positivo (tabla 59), mientras para los ambientes de Valladolid, salvo V17, V20 y V23, es negativo. Respecto a VTg, la mayoría de los ambientes de Madrid también tienen coeficiente positivo, y la mayoría de los de Valladolid negativo.

Los resultados del análisis de regresión factorial muestran que una parte importante de la interacción GxA en el rendimiento en grano del guisante proteaginoso es debida a la respuesta diferencial de los genotipos en cada condición ambiental, de acuerdo con las variables longitud de la vaina, medias marginales genotípicas del rendimiento y número de vainas/m^2. La interacción más importante es la de la longitud de la vaina de cada genotipo con la media ambiental del rendimiento.

3.6.4.2.2. Productividad total de biomasa

La interacción GxA en la variable PT se estudió con un modelo de regresión factorial con tres covariables genotípicas (PTg, NUD1V y TLL) y dos covariables ambientales (PTa y DTm02). El modelo completo con estas 5 covariables y sus interacciones representa el 53% de la suma de cuadrados de la interacción GxA, con el 26% de los grados de libertad de dicha interacción.

$$\begin{aligned} GxA_{ij} = {} & PTg_{1i}\psi_{1j} + NUD1V_{2i}\psi_{2j} + TLL_{3i}\psi_{3j} + \varphi_{1i}PTa_{1j} + \varphi_{2i}DTm02_{2j} + PTg_{1i}\gamma_{ij}PTa_{1j} + \\ & PTg_{1i}\gamma_{ij}DTm02_{2j} + NUD1V_{2i}\gamma_{ij}PTa_{1j} + NUD1V_{2i}\gamma_{ij}DTm02_{2j} + +TLL_{3i}\gamma_{ij}PTa_{1j} + \\ & TLL_{3i}\gamma_{ij}DTm02_{2j} + \theta_{ij} \end{aligned}$$

En ray-grass, Balfourier *et al*. (1997), explicó con una covariable genotípica y otra ambiental en un análisis de regresión factorial el 45,5% de la suma de cuadrados de la interacción GxA, en la variable vigor en otoño y un 72,8% para la variable vigor en primavera. Argillier *et al*. (1994), introduciendo en el modelo dos covariables genotípicas y una ambiental explicaron el 55% de la suma de cuadrados de la interacción GxA del rendimiento total de biomasa en maíz. La precocidad en la floración fue un aspecto clave.

El término más importante del modelo fue el producto PTg x PTa, que supone el 13,4% de la suma de cuadrados de la interacción GxA. En segundo lugar se encuentra la interacción NUD1V x DTm02, con el 8,62% de la suma de cuadrados. El término NUD1V x ambiente representa el 9,27%, con 15 grados de libertad. El término genotipo x DTm02 también tiene un peso importante en el modelo de regresión (tabla 56).

En la regresión factorial realizada por Biarnès-Dumoulin *et al*. (1996) con valores de rendimiento de guisante proteaginoso, la interacción entre el número de nudos hasta la primera vaina (NUD1V) y la disponibilidad hídrica fue el término que más repercusión tuvo en la interacción GxA total La precocidad de floración parece jugar un papel importante en esta interacción.

Dado que el término PTg x PTa tiene un coeficiente positivo (tabla 57), será interesante combinar los genotipos y los ambientes que tienen el mismo signo de estas dos covariables centradas. Los genotipos AMI, BAL, CEA, ESL, GLO, JI2, LE1, LE2, LV1, LV3 y SOL, cultivados en las condiciones de Valladolid, obtienen valores mayores de PT, salvo en el año 1995 (heladas tardías y sequía). El resto de genotipos tienen un término PTg x PTa mayor en las condiciones de Madrid.

La interacción NUD1V x DTm02 tiene un coeficiente negativo (tabla 57). Los signos de NUD1V y PTg son los mismos en la mayoría de los genotipos (tabla 58), al tratarse de covariables estrechamente correlacionadas (tabla 40). Han dado buenos resultados las combinaciones de los genotipos que tienen un valor alto del número de nudos hasta la primera vaina con los ambientes del año 1995, tanto en Madrid como de Valladolid, así como con los de 1997 en Valladolid. Son éstas las condiciones en que menor número de días con temperatura mínima por debajo de 0ºC se registraron en febrero. Los genotipos que necesitan formar un mayor número de nudos para empezar a florecer se vieron favorecidos cuando la primavera se adelantaba.

Respecto al termino NUD1V x ambiente se aprecia una diferenciación clara entre los ambientes de Valladolid. Para los de cultivo en regadío el coeficiente tiene signo positivo (tabla 60), mientras que para los de secano el coeficiente es negativo, exceptuando el caso de siembra primaveral en 1997. Todos los ambientes de regadío son favorables para los genotipos con alto número de nudos hasta la primera vaina: AMI, BAL, CEA, ESL, GLO, JI2, LE1, LE2, LV1, SOL. Para los ambientes de Madrid de 1995 y el de primavera-secano de 1994 el término es negativo, y para los ambientes de 1994 y 1996 positivo. En estas últimas condiciones los genotipos más productivos son los mismos que los comentados para Valladolid en regadío.

Tabla 60: Coeficientes de regresión de las covariables ambientales para cada genotipo, en el análisis de regresión factorial de los valores de productividad total de biomasa (PT), índice de cosecha (IC) y granos por vaina (GRV)

	PT	IC	GRV
Ambiente	**NUD1V**	**GDPF**	**GDPF**
M1	0,3255	0,0001	0,0042
M2	-0,1915	0,0003	0,0022
M5	0,0597	-0,0003	-0,0018
M6	-0,1280	-0,0004	-0,0059
M7	0,1681	0,0002	-0,0021
M9	-0,1493	0,0001	-0,0002
M11	0,0472	-0,0002	-0,0067
V13	-0,3690	0,0002	-0,0008
V14	-0,0983	0,0005	0,0052
V15	-0,1442	-0,0003	0,0011
V16	-0,4589	0,0001	-0,0033
V17	0,0378	0,0004	0,0023
V18	0,0726	-0,0002	0,0027
V19	0,2446	-0,0001	0,0019
V20	0,7517	-0,0005	-0,0035
V21	-0,0197	0,0003	0,0027
V22	-0,0574	-0,0003	0,0027
V23	-0,1194	-0,0001	-0,0002
V24	0,0284	0,0003	-0,0007

NUD1V = número de nudos hasta la primera vaina; GDPF = grados-día acumulados desde la nascencia hasta principio de floración.

3.6.4.2.3. Vainas por metro cuadrado

El efecto de la interacción GxA en la variable VT fue descompuesto mediante modelos de regresión factorial con 2 covariables genotípicas y 2 ambientales: VTg, TLL (número de tallos por planta), VTa y DTm041 (días con temperatura mínima inferior a 0ºC en la primera quincena de abril). El modelo completo con las cuatro covariables supone el 54% de la suma de cuadrados de la interacción GxA, con el 21% de los grados de libertad. La mayor parte de la interacción la explica, con un solo grado de libertad, el término VTg x VTa, con casi el 28% de la suma de cuadrados total (tabla 56).

El coeficiente de regresión del término VTg x VTa nos indica que interesa combinar genotipos y ambientes con las dos covariables del mismo signo (tabla 57). Los genotipos BAL, CEA, DES, ESL, FRD, FRI, LV1, LV2, LV3 y LV5 responden bien en la mayor parte de los ambientes de Valladolid (con la excepción de los de 1995), y en las condiciones de primavera de 1994 en Madrid (M5 y M9).

3.6.4.2.4. Índice de cosecha

El modelo de regresión factorial para el análisis de la interacción GxA en la variable IC tiene en cuenta la covariable genotípica GDPF (grados-día acumulados de nascencia hasta el principio de floración), y dos covariables ambientales: DTm02 (días con temperatura mínima inferior a 0ºC en el mes de febrero) y TM6 (temperatura media del mes de junio).

El término GDPF x DTm02 explicó más del 14% de la interacción GxA, con un grado de libertad (tabla 56), y el término GDPF x TM6, casi el 12%. El término GDPF x ambiente representa el 26,26% de la suma de cuadrados total, con 16 grados de libertad. El modelo completo puede explicar el 60% de la suma de cuadrados de la interacción GxA, con el 16% de los grados de libertad. De los modelos de regresión factorial utilizados para las seis variables de rendimiento, es el de IC el que asume mayor porcentaje de la interacción GxA: el 60% de la suma de cuadrados total, con el 16% de los grados de libertad.

El coeficiente de regresión del primer término GDPF x DTm02 es muy bajo, y de signo negativo (tabla 57), lo que indica que interesa combinar genotipos y ambientes con distinto signo en ambas covariables centradas. Los genotipos CEA, GLO, JI2, LE1 y LE2 (todos salvo CEA con índices de cosecha muy bajos) se adaptaron bien en los ambientes de Madrid del año 1995, y de Valladolid en 1995 y 1997. Las heladas tardías y el estrés hídrico de los ambientes de 1995 afectaron a los valores de IC de estos genotipos en menor medida que al resto debido a su desarrollo más tardío.

Los genotipos AMI, BAL, DES, FRD, FRI, JI1, LV2, LV3, LV5, PRO, SOL se adaptaron bien a los ambientes en que se contabilizaron mayor número de días de helada en febrero (DTm02): los de 1994 y 1996. En estos ambientes se vió favorecido un desarrollo vegetativo rápido de las plantas y una floración más precoz. Como en 1994 y 1996 no hubo incidencia de heladas tardías, la interacción fue positiva. En el año 1995 se dañaron las vainas ya formadas por estas circunstancias, mientras que en 1997 las condiciones de final del periodo de llenado del grano fueron más desfavorables.

El coeficiente del término GDPF x TM6 es positivo (tabla 57). El comportamiento de los genotipos CEA, GLO, JI2, LE1 y LE2 respecto a IC fue favorable en la mayoría de los ambientes al tener signo positivo en las dos covariables (tabla 58). El resto de genotipos muestran mejor comportamiento en M7, M11, V16, V20 y V24.

El término GDPF x ambiente es el que mayor porcentaje de la suma de cuadrados de la interacción representa. No existe una asociación clara entre los tratamientos de cultivo y años con los signos del coeficiente de regresión de GDPF. Parece, sin embargo, que los ambientes de otoño tienden a tener coeficiente positivo (tabla 60), por lo que se combinan mejor con los genotipos que tienen valores de GDPF altos (CEA, GLO, JI2, LE1, LE2).

3.6.4.2.5. Peso de cien semillas

El efecto de la interacción GxA para la variable P100 se estudió con un modelo de regresión factorial que incluía dos covariables genotípicas y dos covariables ambientales: GDPF (grados-día acumulados desde nascencia hasta final de floración), NUDV (número de nudos con vaina), TM6 (temperatura media del mes de junio), y PTa. El modelo explicó el 61% de la interacción GxA, con el 21% de los grados de libertad (tabla 56). El término GDPF x TM6 representó el 16,5% da suma de cuadrados de la interacción, con un solo grado de libertad, mientras el producto GDPF x ambiente explicó casi el 19%, con 16 grados de libertad.

Respecto a las covariables GDPF y TM6, cuyo término de interacción es positivo (tabla 57), el comportamiento de genotipos y ambientes para el peso de cien semillas es idéntico al que se ha comentado en el caso del índice de cosecha. Las temperaturas altas en junio favorecen únicamente a los genotipos más tardíos. El resto de materiales obtienen valores más altos de P100 en ambientes cuya temperatura media de junio fue menor (año 1997 en Valladolid y 1996 en Madrid).

3.6.4.2.6. Granos por vaina

El efecto de la interacción GxA en los valores de la variable GRV fue dividido en los modelos de regresión factorial teniendo en cuenta dos covariables genotípicas y dos ambientales: LV, GDPF, DTm02 y GRVa. El modelo explicó el 64,8% de la suma de cuadrados de la interacción GxA, con el 32% de los grados de libertad (tabla 56). El término LV x DTm02 representa el 17,2% de la suma de cuadrados de la interacción, con un grado de libertad. Los términos LV x ambiente y GDPF x ambiente suponen respectivamente el 11 y 20% de la suma de cuadrados de la interacción GxA, con 16 grados de libertad en cada caso.

Teniendo en cuenta que al coeficiente de regresión de LV x DTm02 es positivo (tabla 57), se obtienen mayores valores de GRV en las combinaciones de genotipos y ambientes cuyas respectivas covariables centradas tengan el mismo signo.

Los ambientes de Valladolid de 1997 y de primavera-secano de 1996 (V23), junto a todas las condiciones de siembra primaveral en Madrid tienen un coeficiente de regresión de la covariable GDPF negativo (tabla 60). En estos ambientes obtienen mayor valor de GRV los genotipos que tienen signo negativo para la covariable centrada GDPF: AMI, BAL, DES, FRD, FRI, JI1, LV2, LV3, LV5, PRO y SOL.

3.6.5. Clasificación de genotipos y ambientes mediante análisis de grupos

Los análisis de grupos que se presentan a continuación se han realizado siguiendo el método de Ward (1963), tomando la distancia euclídea al cuadrado como medida de similitud. Este método minimiza la suma de cuadrados de cada dos (hipotéticos) grupos que se pueden formar en cada paso del análisis (Fox y Rosielle, 1982b). Los genotipos y ambientes se agrupan de acuerdo con su respuesta, es decir, en conjuntos cualitativamente homogéneos en cuanto a su

estabilidad. De esta forma, dentro de dichas agrupaciones no hay interacción GxA, aunque sí exista entre ellas.

3.6.5.1. Parámetros fenológicos

Aplicando el método Ward a los datos fenológicos de grados-día acumulados desde la nascencia hasta principio (GDPF) y final de floración (GDFF) de los 18 genotipos estudiados (matriz 18x2), se han obtenido los grupos que se muestran en la figura 54. El grupo formado por GLO, JI2, LE1 y LE2, se caracteriza por tener valores elevados de GDFF y plantas de gran talla. En el resto de genotipos se distinguen JI1, LV2, LV5 y PRO como los más tempranos (valores de GDPF menores). La precocidad de estos materiales se manifiesta sobre todo en los ambientes de otoño (figuras 14 a 17).

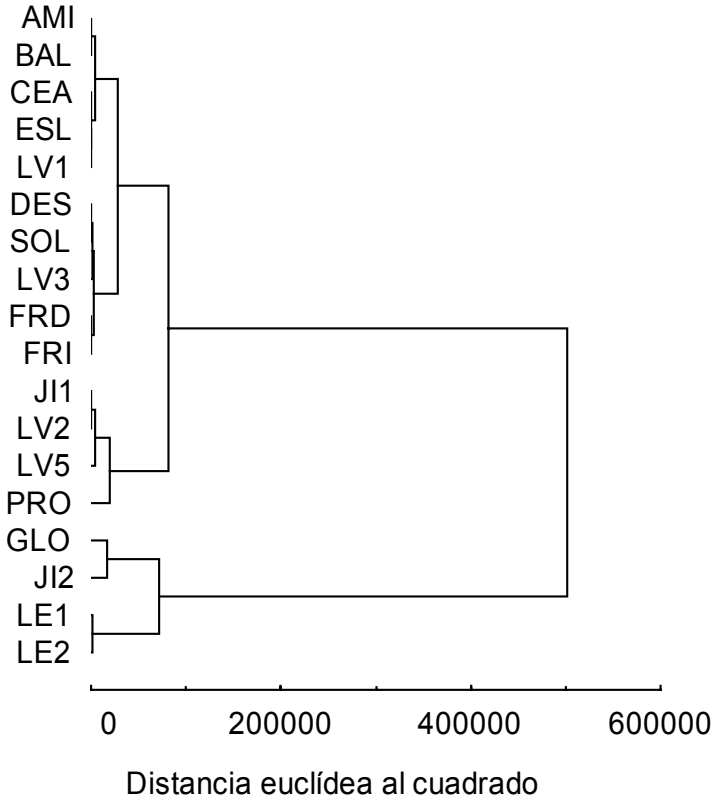


Figura 54. Clasificación de los genotipos (método de Ward, 1963) en función de los grados-día acumulados desde nascencia hasta principio y final de floración.

Tomando como criterio de clasificación el número de días desde nascencia hasta principio (DPF) y final de floración (DFF), el agrupamiento entre GLO, JI2, LE1 y LE2, mencionado en el párrafo anterior, se mantiene (figura 55). Este hecho confirma la similitud en el comportamiento de estos materiales en el AMMI de los valores del rendimiento y sus componentes (apartado 3.6.4.1). También es destacable la separación del grupo formado por JI1, LV2, LV5, PRO, LV3 y FRD. Los cuatro primeros constituían un grupo cuando se analizaban los datos de grados-día acumulados (figura 54), cuando LV3 y FRD (genotipos también tempranos) permanecían en un grupo intermedio.

BIBLIOTECA VIRTUAL

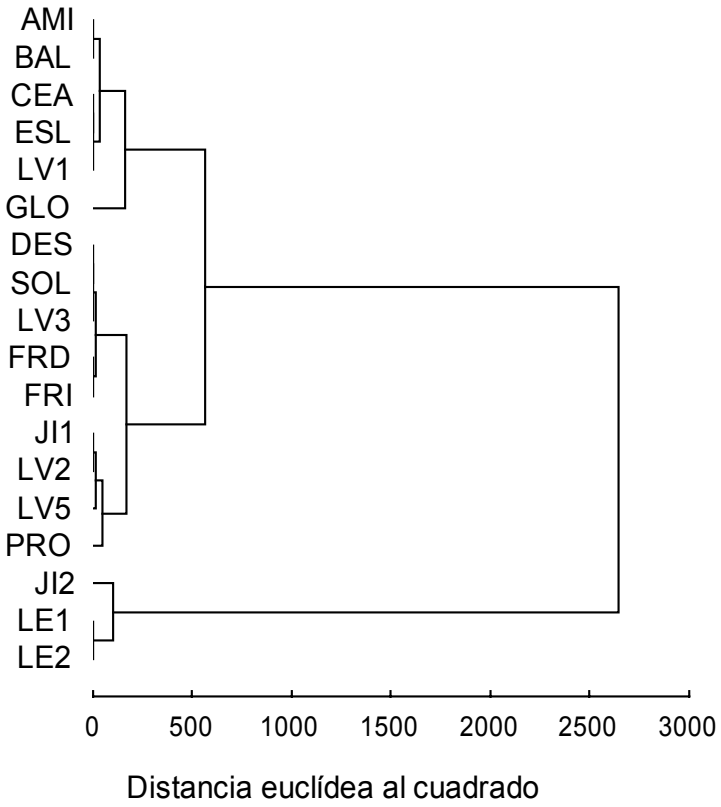


Figura 55. Clasificación de los genotipos (método de Ward, 1963) en función de los días desde nascencia hasta principio y final de floración.

En el análisis con la matriz completa de datos genotipo x ambiente (matriz 18x19) de grados-día acumulados hasta principio de floración los genotipos se clasifican en conjuntos cualitativamente homogéneos en cuanto a su estabilidad. El grupo de genotipos mas claramente diferenciado es el formado por LE1 y LE2

(figura 56), que se comportan igual en todos los ambientes respecto a la variable GDPF. También se identifica aquí el conjunto constituido por los genotipos más tempranos (JI1, PRO, FRD, LV2, LV3 y LV5), siendo JI1 y PRO los materiales más próximos. En el resto de genotipos, Glotón muestra un comportamiento similar al de variedades como Solara y Desso.

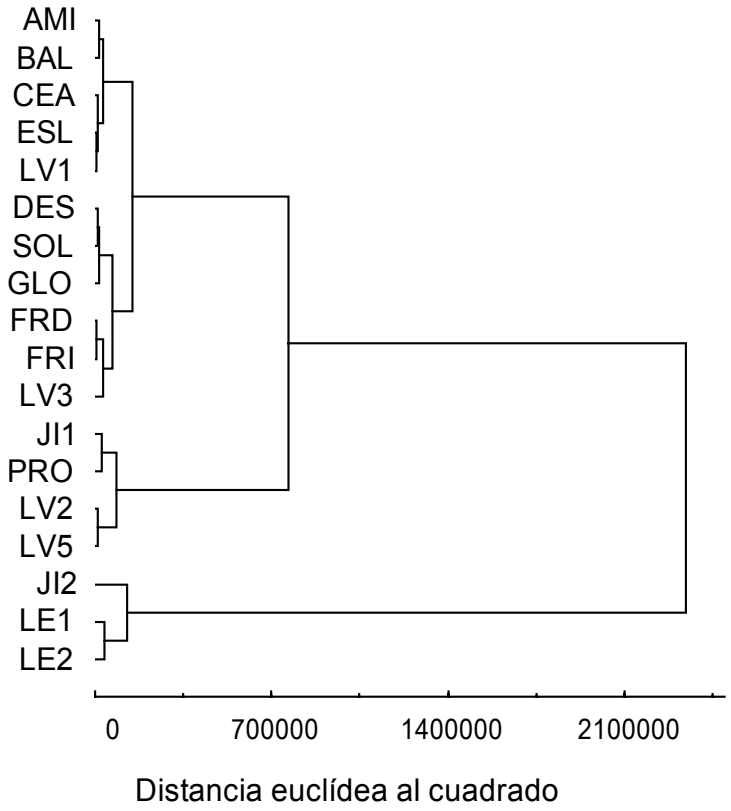


Figura 56. Clasificación de los genotipos (método de Ward, 1963) a partir de sus correspondientes valores de grados-día acumulados desde nascencia hasta principio de floración en cada ambiente (matriz GxA).

La figura 54 muestra la clasificación de genotipos en base a los datos conjuntos de GDPF y GDFF. GLO, JI2, LE1 y LE2 permanecen agrupados y muestran un final de floración muy tardío en todas las condiciones de cultivo ensayadas. Cuando se analiza la matriz de datos GxA completa (figuras 56 y 57), este agrupamiento se produce con los datos de GDFF y no con los de GDPF, donde Glotón tiene un comportamiento diferente. Esta variedad es más precoz que los otros tres genotipos del grupo, pero su desarrollo vegetativo es similar.

Si se tiene en cuenta el número de grados-día entre principio y final de floración (D2), los grupos formados son similares (figura 58), con la diferencia de que Progress-9 se desliga del conjunto de genotipos tempranos en que se encuadraba respecto a GDPF y GDFF. GLO, JI2, LE1 y LE2 constituyen el grupo con valores más altos de D2, mientras JI1, FRD, LV3 y LV5 son los genotipos con los valores más bajos (figura 58).

La figura 59 muestra los grupos de ambientes formados a partir de sus datos de grados-día acumulados entre nascencia y principio y final de floración (matriz 19x2). Se agrupan por un lado, M5, V13, V15, V16, V17, V20 y V21. Por otro, el resto de ambientes de Madrid, y los ambientes de Valladolid del año 1995, junto con los de primavera de 1996 y primavera-secano de 1997.

Los ambientes de primavera de cada año permanecen normalmente agrupados, es decir, no se establecen diferencias en grados-día acumulados hasta principio y final de floración en las condiciones de secano y regadío (figura 59). Estos registros térmicos fueron diferentes en los ambientes de Madrid M5 y M9 (año 1994) se incluyen en diferentes grupos, al igual que ocurre con V20 y V24 (Valladolid, año 1997). Es estos casos la disponibilidad hídrica en el suelo modificó significativamente la fecha de floración.

Los registros medios de grados-día desde nascencia hasta principio y final de floración de los genotipos tratados, coinciden cuando se ensayan en Madrid y cuando se ensayan en las condiciones más estresantes de Valladolid: los ambientes de 1995. primavera- secano y regadío de 1996 y primavera-secano de 1997. El cultivo se vio afectado en estos ambientes por circunstancias como heladas tardías, déficit hídrico, o excesos de temperatura. Parece ser que en Madrid existe un mayor riesgo de estrés hídrico y altas temperaturas al final de la floración que en Valladolid, lo que contribuye a acelerar el ciclobiológico de la planta (Pumphrey *et al.*, 1979; Ridge y Pye, 1985; Jeuffroy, 1991, 1994). Únicamente las condiciones de regadío de Madrid muestran un comportamiento similar a las condiciones medias de Valladolid.

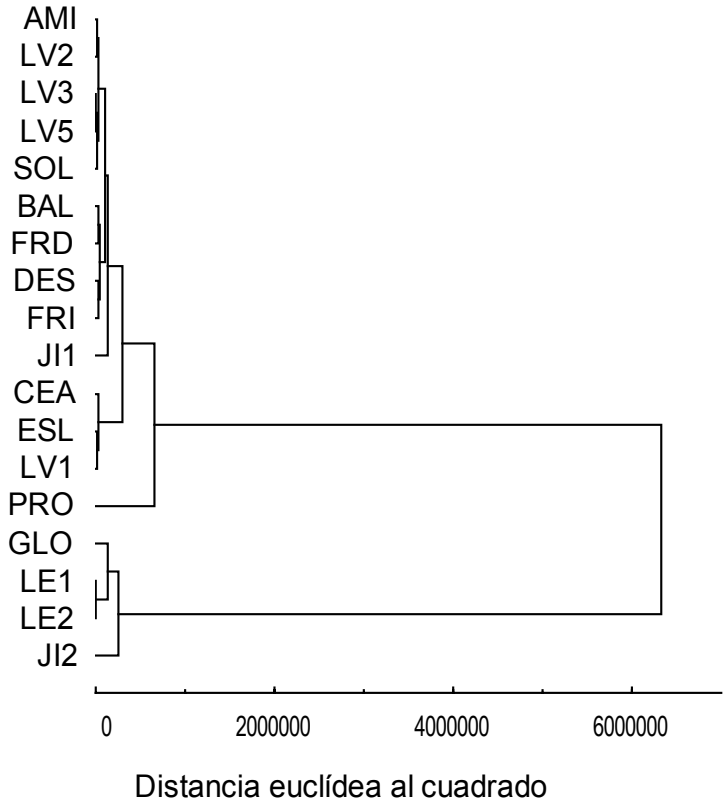


Figura 57. Clasificación de los genotipos (método de Ward, 1963) a partir de sus correspondientes valores de grados-día acumulados desde nascencia hasta final de floración en cada ambiente (matriz GxA).

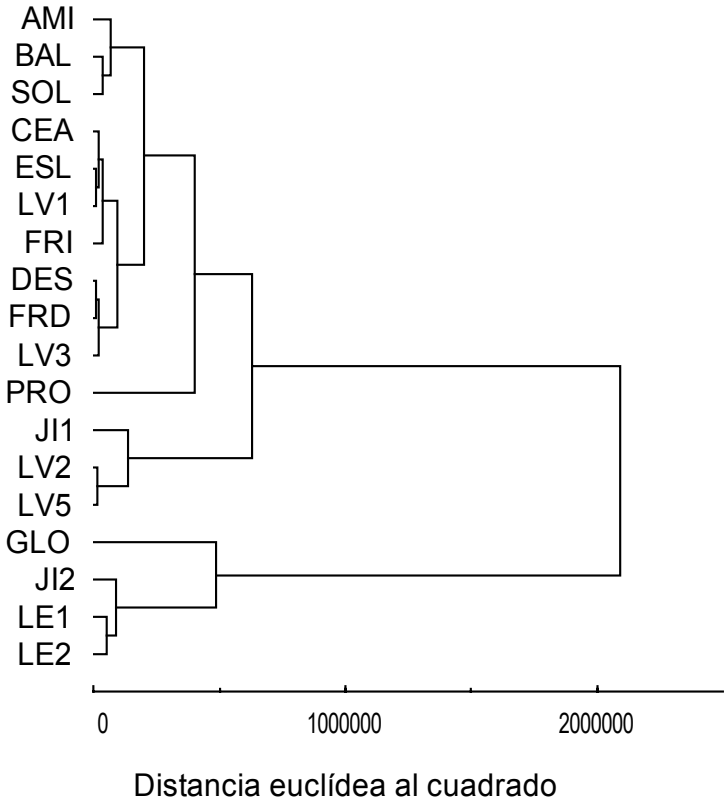


Figura 58. Clasificación de los genotipos (método de Ward, 1963) a partir de sus correspondientes valores de grados-día acumulados desde desde principio hasta final de floración en cada ambiente (matriz GxA).

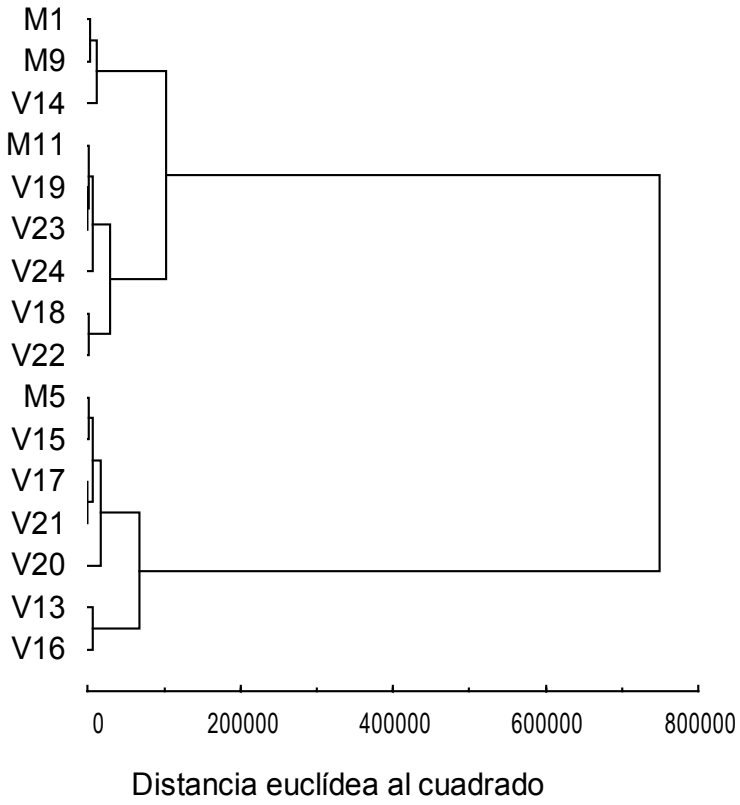


Figura 59. Clasificación de los ambientes (método de Ward, 1963) en función de los grados-día acumulados desde nascencia hasta principio y final de floración.

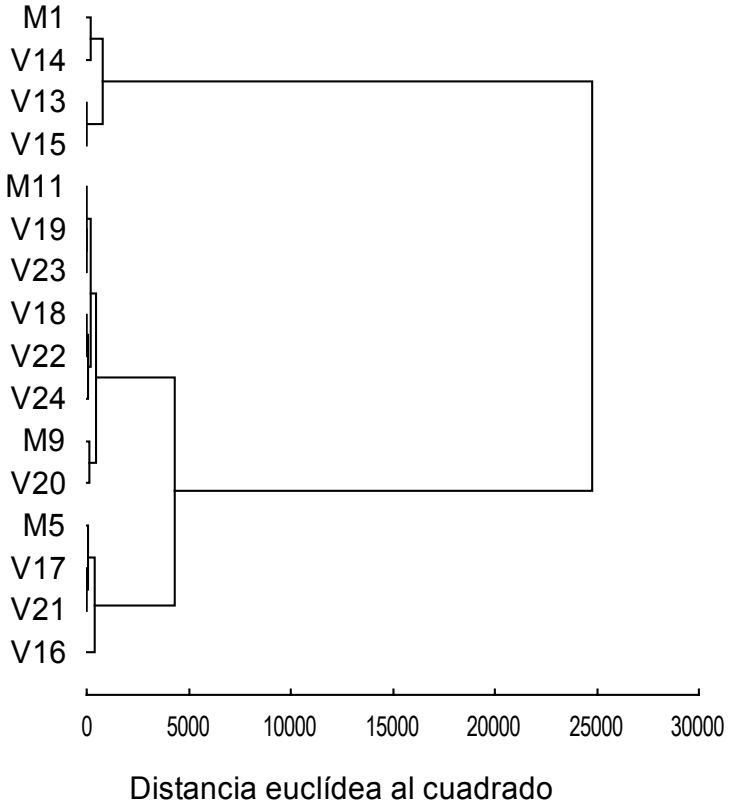


Figura 60. Clasificación de los ambientes (método de Ward, 1963) en función de los días desde nascencia hasta principio y final de floración.

Los grupos formados con los datos del número de días transcurridos desde la nascencia hasta el principio y final de floración (figura 60) son muy distintos a los obtenidos con los datos de grados-día acumulados en esos periodos (tabla 60). Estudiando DPF y DFF, se distingue nítidamente del resto el grupo formado por M1, V13, V14 y V15, que incluye cuatro ambientes de otoño: el único de Madrid considerado en el estudio, y todos los de Valladolid, salvo el de 1997. Este último ambiente (V16) se encuentra en un segundo grupo, junto a las condiciones de regadío en 1994 en las dos localidades, y de primavera-secano del mismo año en Valladolid.

Cuando se realiza el análisis de grupos anterior, empleando solamente los registros de Valladolid (resultados no mostrados), no se separan las condiciones de secano y regadío, y se diferencian aún más del resto el grupo de ambientes de otoño (V13, V14, V15, V16). En las condiciones de siembra en otoño el periodo medido en DPF y DFF va a ser siempre más amplio que en las condiciones de siembra en primavera. En el resto de ambientes se pueden distinguir tres subgrupos según los años, de modo que los ambientes de 1996 y 1997 quedan clasificados en la misma categoría.

Los resultados del análisis de grupos han permitido constatar una influencia muy importante de las condiciones ambientales en la fenología de los genotipos. Numerosos estudios han relacionado el efecto de la temperatura y el régimen de humedad en el periodo de floración con el rendimiento del guisante proteaginoso en condiciones mediterráneas (Boswell, 1926; Fletcher et al., 1966; Pumphrey et al., 1979 y Jeuffroy 1991, 1994). La sensibilidad a altas temperaturas y al estrés hídrico en el periodo de floración ha hecho que los genotipos más tardíos (como LE1 y LE2) no se adapten a las condiciones de secano de Madrid, donde estas condiciones de estrés se producen en fechas mas tempranas que en Valladolid, con el consiguiente acortamiento del ciclo de la planta.

3.6.5.2. Rendimiento y sus componentes

3.6.5.2.1. Clasificación de los genotipos

La clasificación de los genotipos respecto de la variable rendimiento en grano se representa en la figura 61. Se destaca, en primer lugar, un grupo bastante homogéneo constituido por AMI, LV3, CEA, ESL, LV1, LV2, BAL, SOL y DES, que se separa nítidamente del resto. Se encuentran aquí todas las variedades y líneas de mejora de Valladolid, salvo LV5, así como 4 variedades comerciales de elevado rendimiento obtenidas en el Servicio de Investigación Agraria de la Junta de Castilla y León.

BIBLIOTECA VIRTUAL MIGUEL D

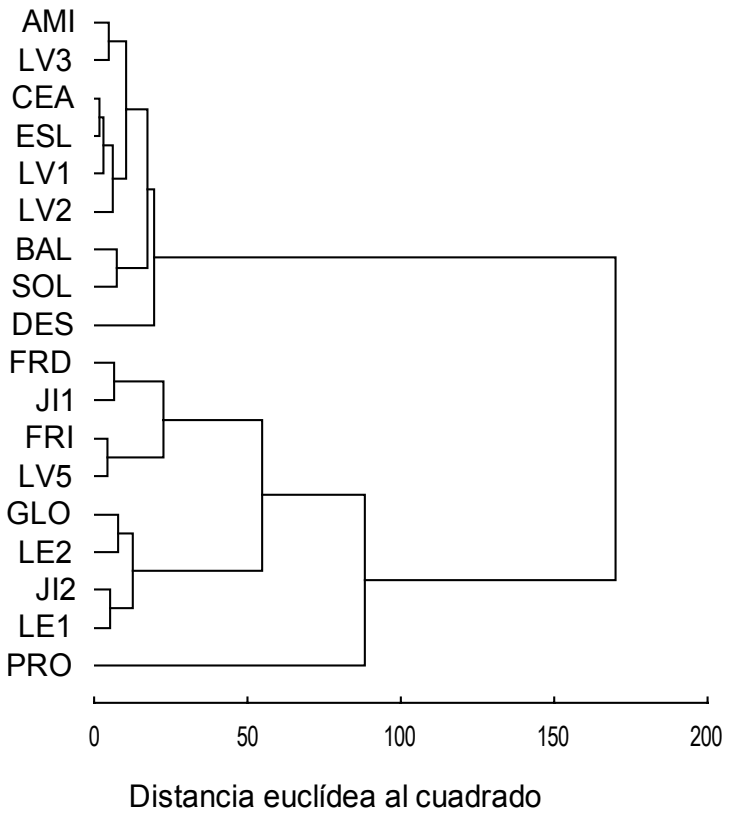


Figura 61. Clasificación de los genotipos (método de Ward, 1963) en función de sus rendimientos en grano en ambientes estandarizados.

En el resto de genotipos se pueden distinguir tres subgrupos. El primero de ellos está formado por FRD, JI1, FRI y LV5, de grano pequeño y con hoja normal. En este subgrupo se encuentra la variedad Frisson (con desarrollo vegetativo escaso), y dos genotipos de grano rugoso: FRD y JI1. Son todos, por otro lado, genotipos de floración temprana (tabla 1) y de bajo rendimiento (tabla 18). De acuerdo con esto, Van Oosterom *et al*. (1993), empleando la misma técnica de clasificación, también encontraron agrupaciones de genotipos de cebada en función de la precocidad en el espigado.

El segundo subgrupo está constituido por los genotipos de mayor desarrollo vegetativo, GLO, LE1, LE2 y JI2. Todos alcanzan una gran talla, tienen hojas de morfología normal y, salvo GLO, son de carácter tardío. Están en este conjunto los genotipos con flor morada estudiados.

Por último, Progress-9, la única variedad de verdeo incluida en el estudio, muestra un comportamiento muy distinto al resto de los materiales ensayados y se separa en el tercer subgrupo.

Respecto a la productividad total de biomasa, los genotipos quedaron clasificados en dos grupos (figura 62), separándose claramente los menos productivos en todos los ambientes (FRD, FRI, JI1 y PRO) del resto. Si se excluyen esos cuatro elementos, el conjunto se puede subdividir en dos clases. Una de ellas aglutina los materiales con valores mas altos de PT en un amplio número de ambientes (AMI, SOL, BAL, LE2, DES, JI2, GLO y LE1). La otra incluye a todos los genotipos obtenidos en Valladolid: CEA, ESL, LV1, LV2, LV3 y LV5. La media de la variable PT de estos cinco últimos genotipos es máxima (tabla 19) en los ambientes de primavera de Madrid de 1994, tanto en secano como regadío (M5 y M9), así como en los ambientes de otoño de 1996 y de regadío de 1994 en Valladolid (V15 y V17).

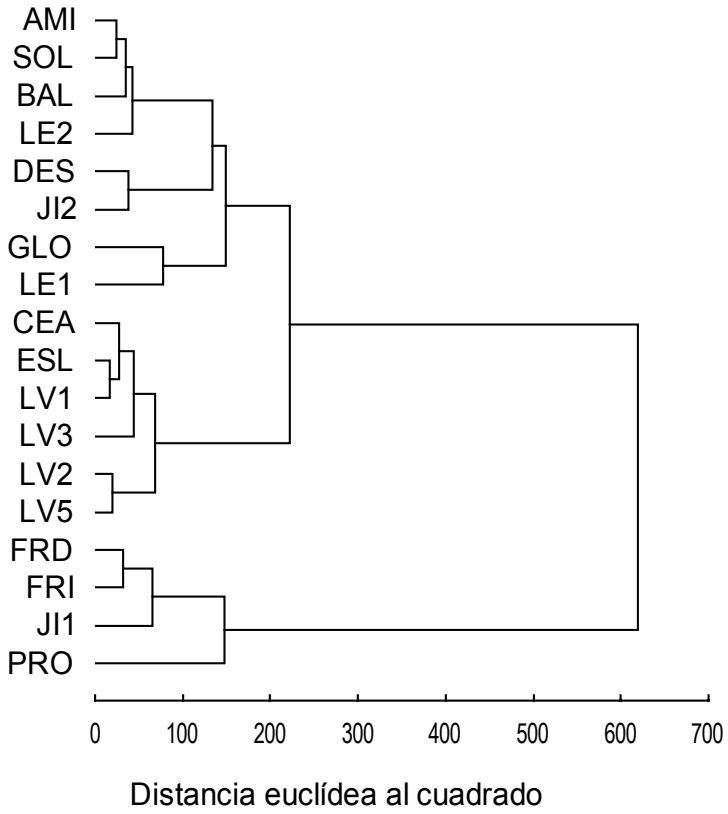


Figura 62. Clasificación de los genotipos (método de Ward, 1963) en función de su productividad total de biomasa en ambientes estandarizados.

Para la variable VT, los genotipos se distribuyen en dos grupos homogéneos, con 9 elementos cada uno (figura 63). Por un lado, AMI, JI1, BAL, SOL, GLO, LE1, LE2 JI2 y PRO. Por otro, todos los genotipos obtenidos en Valladolid y las variedades Desso, Fride y Frisson. La media del número de vainas por unidad de superficie de este segundo grupo es superior en todos los ambientes a la media del primero (tabla 20).

En el dendrograma correspondiente a la variable IC se separan claramente los genotipos GLO, JI2, LE1 y LE2 del resto (figura 64). Este grupo se identifica también en el análisis AMMI (figura 48) y en el análisis de grupos de grados-día de nascencia a final de floración (figura 57). En un segundo corte del dendrograma la variedad Glotón se desliga de los otros tres genotipos, del mismo modo que se constató en el análisis de grupos de los datos fenológicos. La media

de la variable IC de los genotipos GLO, JI2, LE1 y LE2 está siempre por debajo de la media del resto de genotipos en prácticamente todos los ambientes ensayados (tabla 21). Únicamente en los ambientes de Valladolid de 1994 (V14, V17 y V21) dichos valores son semejantes.

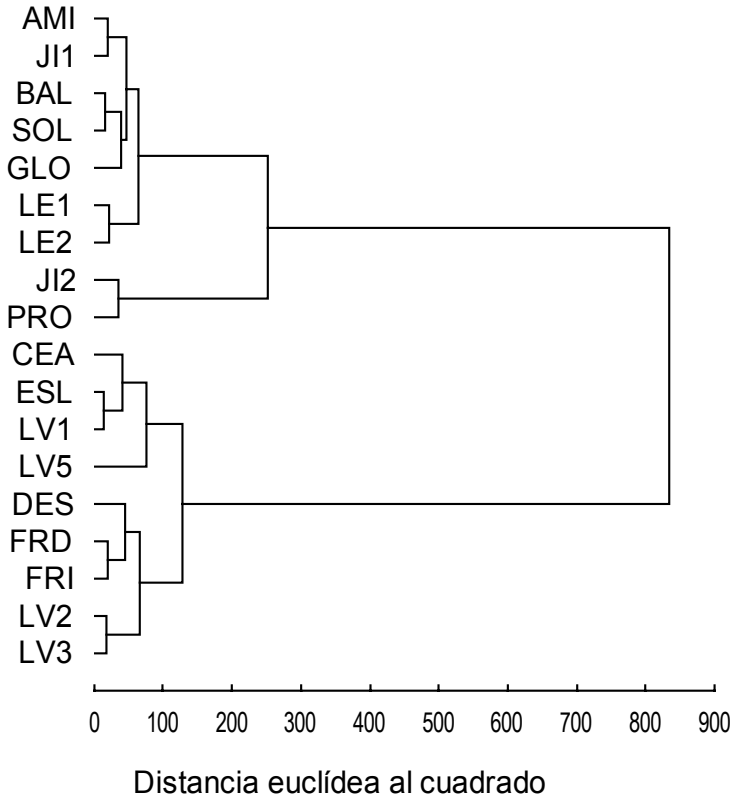


Figura 63. Clasificación de los genotipos (método de Ward, 1963) en función de sus vainas totales por unidad de superficie en ambientes estandarizados.

El análisis de grupos realizado con los valores de P100 (figura 65) define dos conjuntos diferentes de genotipos. El primero está formado por AMI, BAL, SOL, PRO, GLO, JI2, LE2 y LV2, que tienen valores elevados de la componente aditiva del peso de cien semillas. El segundo grupo lo integran los genotipos de grano pequeño: CEA, ESL, DES, LV1, LV3, LE1, JI1, FRD, LV5 y FRI. En este último grupo se pueden separar FRD, LV5, FRI del resto, al poseer los valores mínimos de P100 del conjunto.

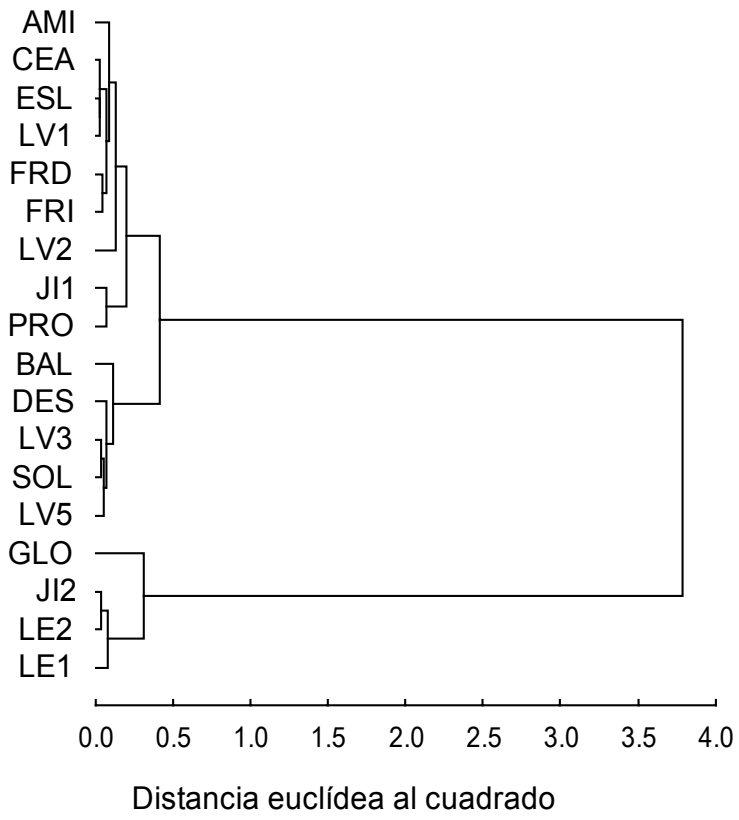


Figura 64. Clasificación de los genotipos (método de Ward, 1963) en función de sus índices de cosecha en ambientes estandarizados.

En lo que se refiere a la variable GRV, el dendrograma (figura 66) clasifica los materiales de modo análogo a como se ha comentado en el caso de IC. Se separan del resto los genotipos GLO, JI2, LE1 y LE2, que tienen una media inferior en todos los ambientes (tabla 23), sobre todo en los más estresantes (M2, M6, V14, V18, V22 y V24).

Analizando los valores genotípicos correspondientes a cada una de las variables de rendimiento y sus componentes (matriz de datos 18x6) se puede diferenciar el grupo formado por AMI, BAL, SOL, LV2, GLO, LE1, LE2, JI1, JI2 y PRO. En este grupo las variables REND, VT, IC y GRV obtienen mayores valores, y PT y P100 valores más bajos (figuras 67 y 68).

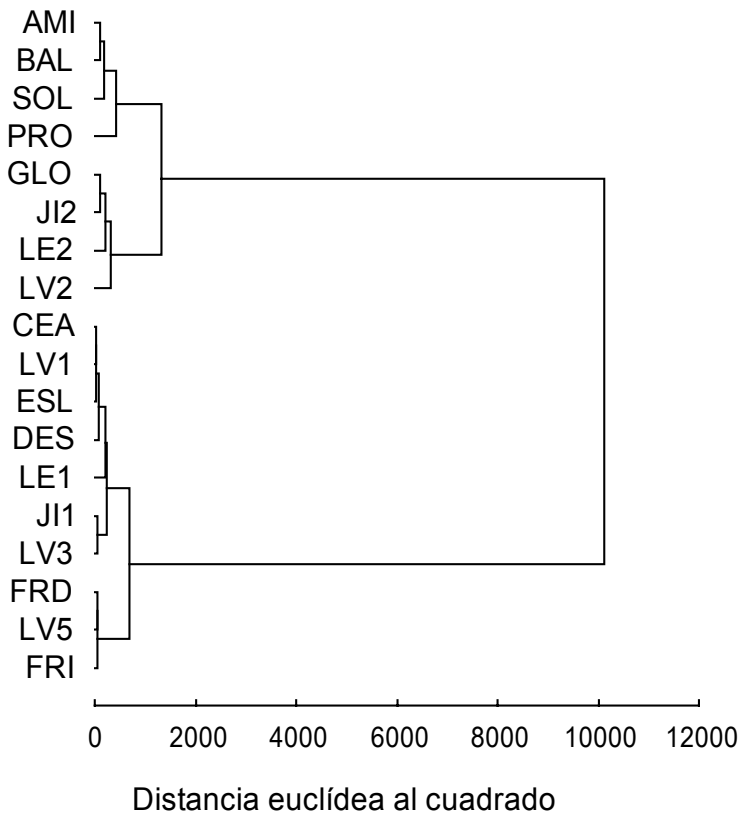


Figura 65. Clasificación de los genotipos (método de Ward, 1963) en función de su peso de 100 semillas en ambientes estandarizados.

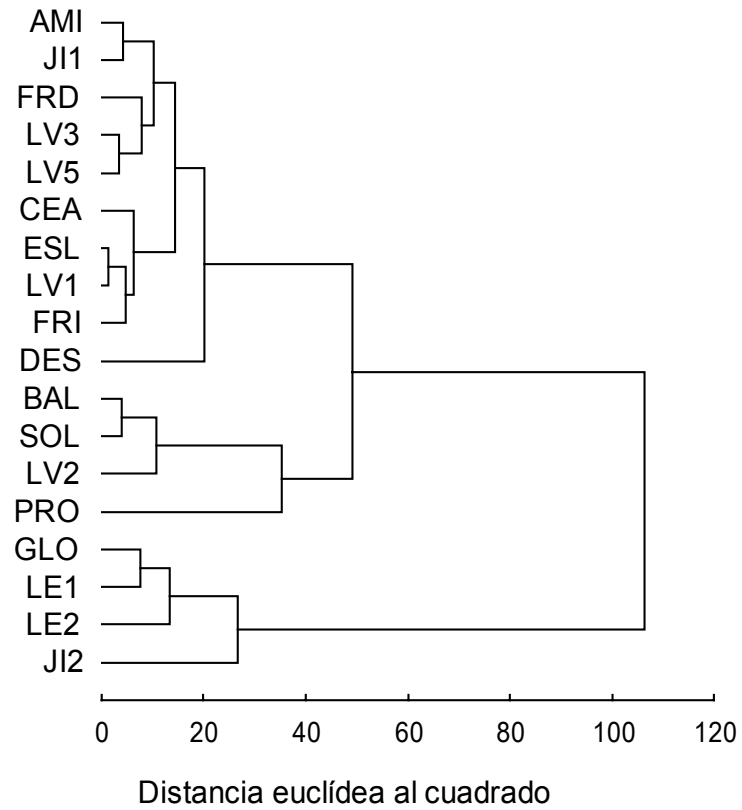


Figura 66. Clasificación de los genotipos (método de Ward, 1963) en función de sus granos por vaina en ambientes estandarizados.

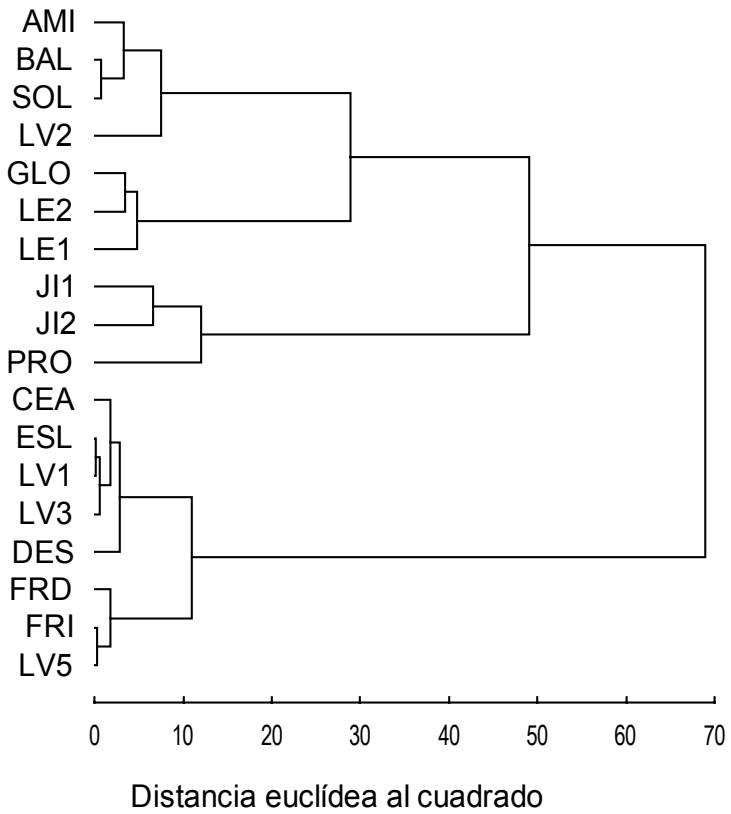


Figura 67. Clasificación de los genotipos (método de Ward, 1963) en función de sus valores estandarizados de rendimiento en grano, productividad total de biomasa, vainas por unidad de superficie, índice de cosecha, peso de 100 semillas y granos por vaina (matriz 18x6).

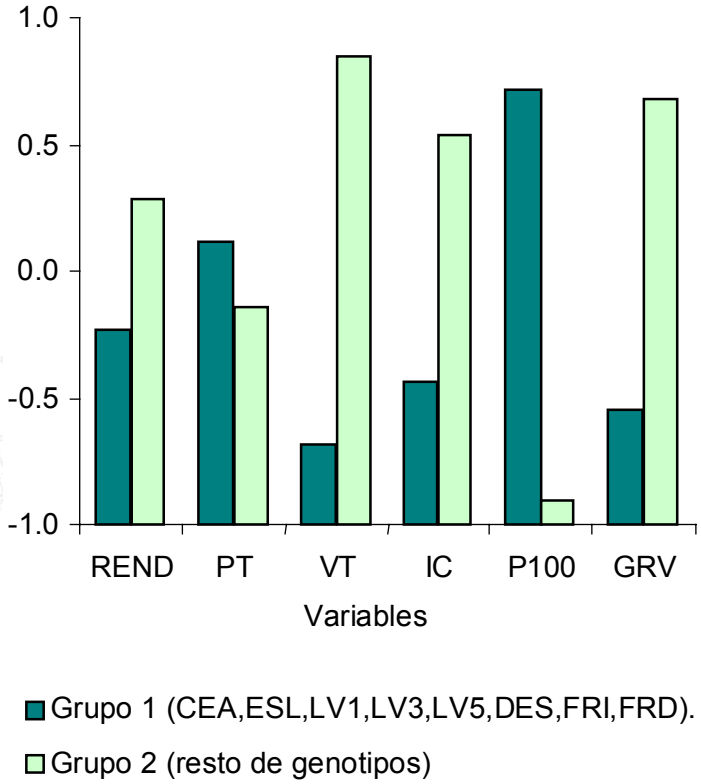


Figura 68. Valores estandarizados del rendimiento en grano (REND), productividad total de biomasa (PT), vainas por unidad de superficie (VT), índice de cosecha (IC), peso de 100 semillas (P100) y granos por vaina (GRV) de los dos primeros grupos de genotipos, clasificados en función de estas variables (truncamiento del dendrograma de la figura 67 en el primer nivel).

3.6.5.2.2. Clasificación de los ambientes

Empleando la misma técnica de clasificación con los datos estandarizados de rendimiento en grano de los ambientes, se obtuvo el dendrograma que muestra la figura 69. Se definen dos grupos de ambientes que se separan según la localidad. Dentro del grupo de ambientes de Valladolid, se distinguen los más productivos (los del año 1994, otoño-secano de 1996 y 1997, y primavera-regadío de 1997), y los menos productivos (los del año 1995, primavera-regadío de 1996, y primavera-secano de 1996 y 1997). Con la misma técnica de clasificación, Van Oosterom *et al*. (1993) distinguieron en cebada entre ambientes de alto y bajo rendimiento.

BIBLIOTECA VIRTUAL MIGUEL DE CERVANTES

La distribución de los ambientes en función de la productividad total de biomasa (figura 70) es distinta a la mostrada para el rendimiento en grano (figura 69). En el dendrograma se distingue el grupo de M1, M2, M6, M7, V14, V16, V18, V19, V20 y V24, del que forman M5, M9, M11, V13, V15, V17, V21, V23. Los ambientes del segundo grupo poseen una media de PT superior a la del primer grupo para los genotipos AMI, ESL, LV1, LV2, LV3 y SOL, y una componente positiva del primer eje principal del AMMI (figura 44).

Las clases que se detectan en el análisis realizado con los datos del número de vainas por metro cuadrado son bastante heterogéneas (figura 71). Se agrupan casi todos los ambientes de Madrid y cinco de Valladolid: M1, M2, M5, M7, M9, M11, V14, V15, V20, V23 y V24, con una media de VT que solo supera al resto de condiciones de cultivo, para los genotipos BAL, DES, FRD, FRI y JI1 (tabla 20).

La clasificación de ambientes según los valores del índice de cosecha (figura 72) separa del resto a M2, V14 y V24 (otoño de 1994 en las dos localidades y primavera-secano de 1997 en Valladolid). En estas condiciones, los valores medios de IC son superiores a los del resto de ambientes para BAL, FRD, GLO, JI2, LE1 y LE2, genotipos que a nivel general producen poco grano respecto a la producción de paja. Siendo menores en Madrid los índices de cosecha medios, no se pueden establecer grupos homogéneos de ambientes en cuanto a la

estabilidad. La clasificación obtenida en el análisis de grupos no parece guardar relación con la distribución de ambientes en la representación del AMMI (figura 48).

Sobre el dendrograma correspondiente a la variable P100 (figura 73) se observan dos grupos en un primer nivel. Uno de ellos constituido por todos los ambientes de otoño (M1, V13, V14 y V15), así como los ambientes de primavera en Valladolid (V17 y V21). La media de P100 en estos ambientes supera a la del resto para los genotipos GLO, JI2, LE1 y LE2 (tabla 22). El segundo grupo, los 13 ambientes restantes, es muy heterogéneo.

El grupo formado por M2, V14, V16 y V24 en la clasificación de ambientes con los datos del número de granos por vaina (figura 74) es el mismo que el obtenido con los valores del índice de cosecha (figura 72), pero incluyendo a V16.

En el análisis de grupos del conjunto de ambientes teniendo en cuenta los datos de las 6 variables, se han identificado dos grupos de estabilidad. En uno de ellos se incluyen todos los ambientes de Madrid, los de Valladolid de 1995, y los de primavera-secano de 1996 y 1997 en la misma localidad (figuras 75 y 76). En el otro grupo están el resto de condiciones de cultivo (V13, V15, V16, V17, V19, V20 y V21), y en él las variables consideradas toman un mayor valor. Este segundo grupo coincide con el obtenido en el análisis de los datos fenológicos de GDPF y GDFF (figura 59), con la diferencia de que en aquella clasificación se incluía M5 y excluía V19.

En el análisis de grupos del conjunto de ambientes teniendo en cuenta los datos de las 6 variables, se han identificado dos grupos de estabilidad. En uno de ellos se incluyen todos los ambientes de Madrid, los de Valladolid de 1995, y los de primavera-secano de 1996 y 1997 en la misma localidad (figuras 75 y 76). En el otro grupo están el resto de condiciones de cultivo (V13, V15, V16, V17, V19, V20 y V21), y en él las variables consideradas toman un mayor valor. Este segundo grupo coincide con el obtenido en el análisis de los datos fenológicos de GDPF y GDFF (figura 59), con la diferencia de que en aquella clasificación se incluía M5 y excluía V19.

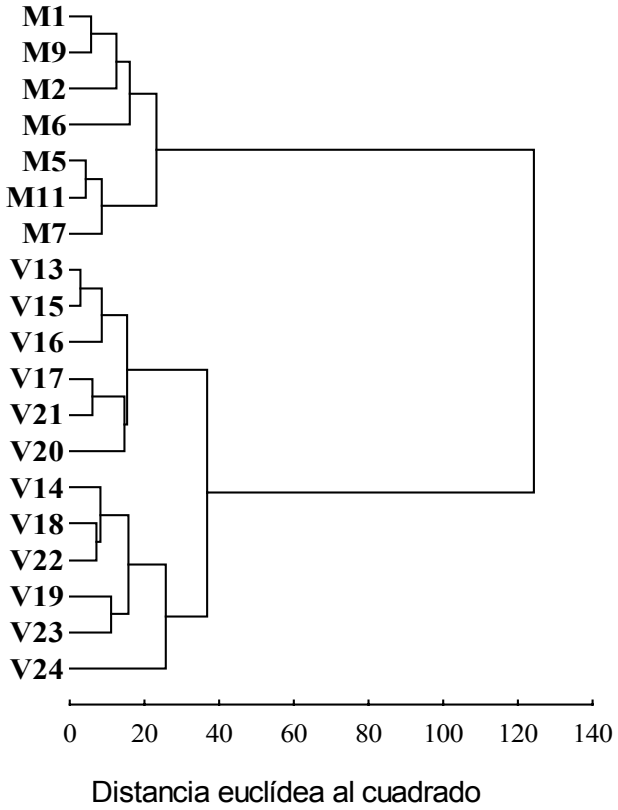


Figura 69. Clasificación de los ambientes (método de Ward, 1963) en función de sus rendimientos en grano en ambientes estandarizados.

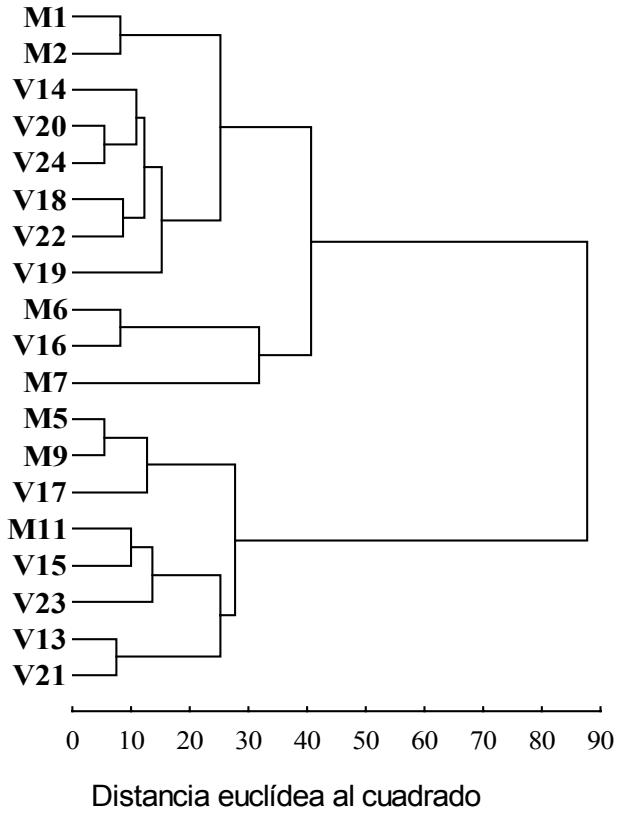


Figura 70. Clasificación de los ambientes (método de Ward, 1963) en función de su productividad total de biomasa en ambientes estandarizados

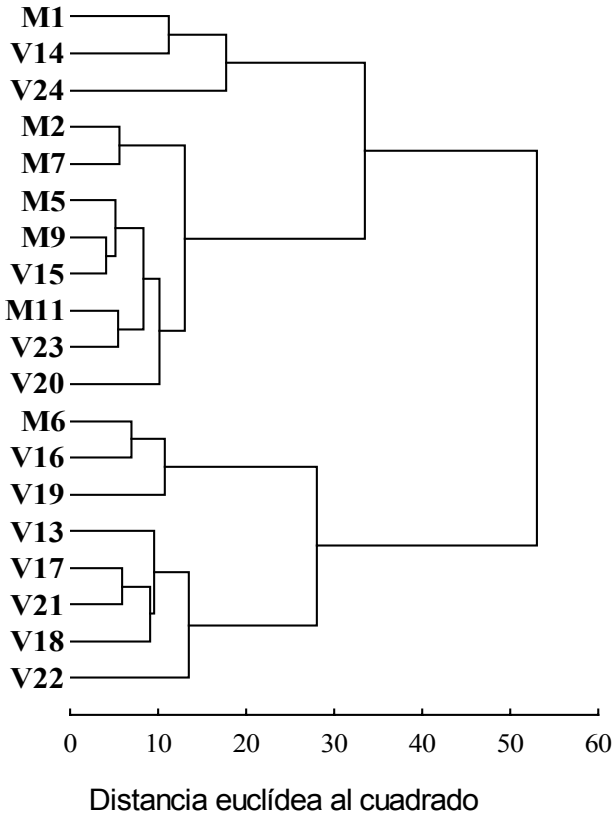


Figura 71. Clasificación de los ambientes (método de Ward, 1963) en función de sus vainas totales por unidad de superficie en ambientes estandarizados.

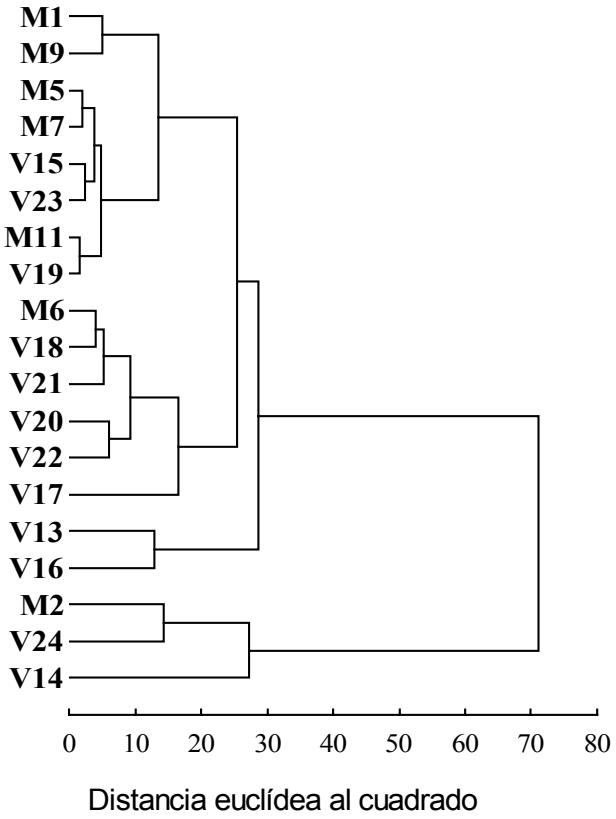


Figura 72. Clasificación de los ambientes (método de Ward, 1963) en función de sus índices de cosecha en ambientes estandarizados.

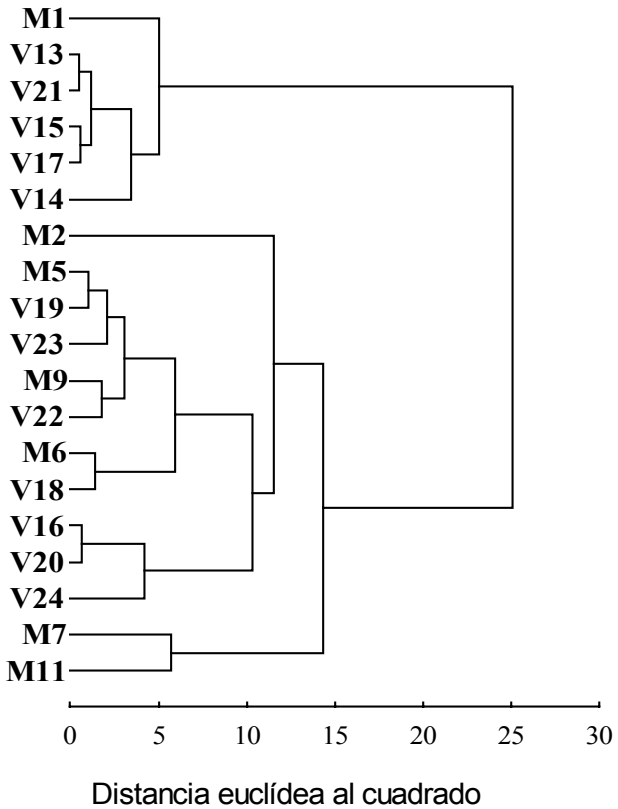


Figura 73. Clasificación de los ambientes (método de Ward, 1963) en función de su peso de 100 semillas en ambientes estandarizados.

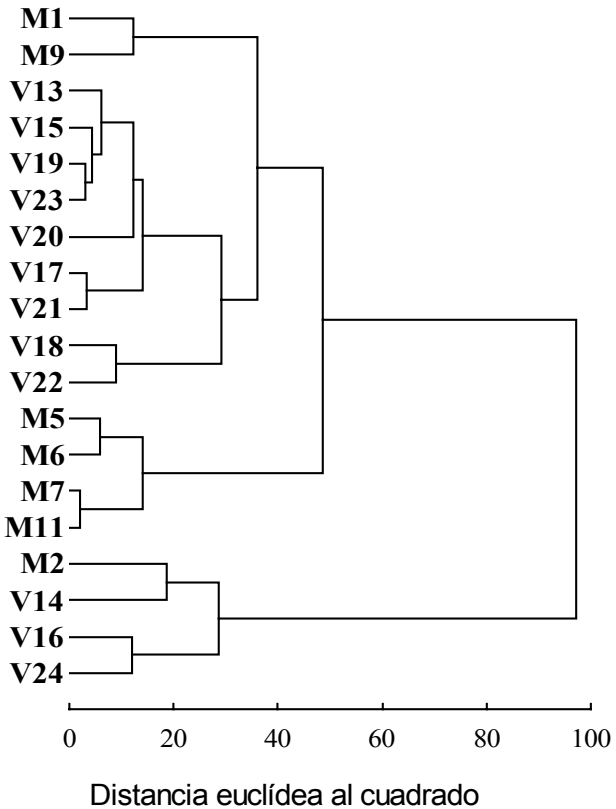


Figura 74. Clasificación de los ambientes (método de Ward, 1963) en función de sus granos por vaina en ambientes estandarizados.

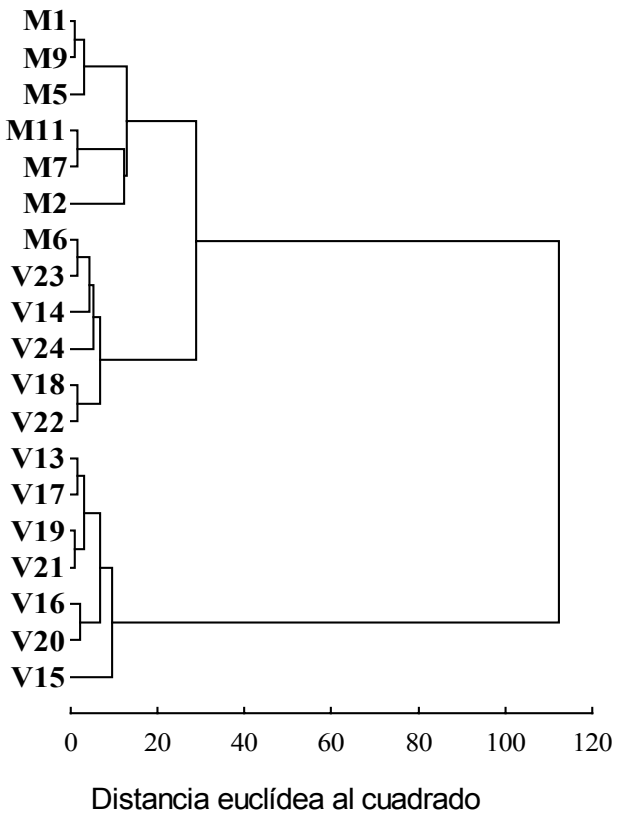


Figura 75. Clasificación de los ambientes (método de Ward, 1963) en función de sus valores estandarizados de rendimiento en grano, productividad total de biomasa, vainas por unidad de superficie, índice de cosecha, peso de 100 semillas y granos por vaina (matriz 19x6).

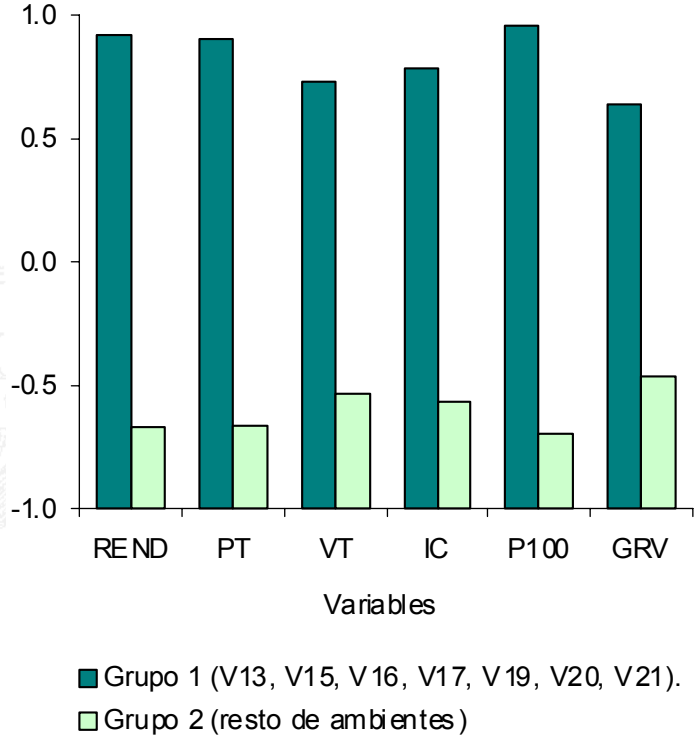


Figura 76. Valores estandarizados del rendimiento en grano (REND), productividad total de biomasa (PT), vainas por unidad de superficie (VT), índice de cosecha (IC), peso de 100 semillas (P100) y granos por vaina (GRV) de los dos primeros grupos de ambientes, clasificados en función de estas variables (truncamiento del dendrograma de la figura 75 en el primer nivel).

Las técnicas de análisis de grupos realizados (Ward, 1963; Fox y Rosielle, 1982b) son las más difundidas. Abou-El-Fittouch *et al*. (1969) las aplicaron para evaluar la aptitud de distintas localidades para el cultivo de algodón. Van Oosterom *et al*. (1993) utilizaron también el método en cebada, para la clasificación tanto de genotipos como de ambientes. Cooper y DeLacy (1994) estudiaron en trigo la interacción entre grupos de genotipos y grupos de ambientes obtenidos con estas técnicas. Cubero y Flores (1994), sin embargo, no recomiendan generalizar el uso del método de Ward, sino elegir las medidas de similaridad y los criterios de agrupación adecuados en cada caso.

3.6.6. Estudio comparativo de los métodos de análisis de la interacción GxA

3.6.6.1. Ordenación de los genotipos según la magnitud y estabilidad de sus valores medios

En las tablas 61, 62 y 63 se indican las ordenaciones del conjunto de materiales según distintos métodos de análisis utilizados en este trabajo, calculando un valor promedio para cada genotipo. Se dan valores decimales cuando grupos pares de genotipos quedan clasificados en el mismo lugar.

El mayor valor de rendimiento medio corresponde a la variedad Ballet, seguida de Amino y Solara (tabla 61). La ordenación según la medida de Lin y Binns (1988) es muy parecida, de acuerdo con los resultados de Kang y Pham (1991), y Cubero y Flores (1994), pero aporta algunas diferencias. La variedad Solara, en tercer lugar en rendimiento medio, le corresponde el octavo puesto según la medida de Lin y Binns. La variedad Cea pasa del sexto al tercer lugar, respectivamente. El método de ordenación estratificada (Fox *et al*., 1990) considera a Ballet y Solara como los genotipos más frecuentemente incluidos entre los de mayor rendimiento, y a Progress-9 y JI1 entre los menos productivos. Esta clasificación coincide con la obtenida en base a la media marginal de rendimiento en todos los ambientes.

Tabla 61: Ordenación de los genotipos en función del análisis de los valores de rendimiento en grano (REND) y productividad total de biomasa (PT), según distintos métodos.

	REND								
Genotipo	**Media**	**P**	**FOX**	**Kmed**	**Krang**	**W**	**R**	**AMMI**	**Promedio**
AMI	2	2	3	3,5	6	6	3,5	2	**1**
BAL	1	1	1	1	5	8	7	1	**3**
CEA	6	3	8	10	2,5	4	1,5	12	**5**
DES	4	5	5	14	12	16	11,5	9	**11**
ESL	7	6	7	5,5	2,5	3	1,5	3	**2**
FRD	15	16	15	5,5	17,5	14	17	7,5	**14**
FRI	12	11	12	3,5	8	5	13	17	**9**
GLO	11	13	10	7,5	14,5	9	16	13,5	**12**
JI1	17	17	18	12,5	7	12	14,5	18	**17**
JI2	16	14	16	15	14,5	10	9,5	7,5	**13**
LE1	14	15	13	17	17,5	15	11,5	15	**16**
LE2	10	12	11	18	16	17	14,5	10,5	**15**
LV1	8	7	6	10	2,5	2	3,5	4	**4**
LV2	9	9	9	16	10	7	6	13,5	**10**
LV3	5	4	4	12,5	10	13	8	5	**7**
LV5	13	10	14	7,5	10	1	5	10,5	**8**
PRO	18	18	17	10	13	18	18	16	**18**
SOL	3	8	2	2	2,5	11	9,5	6	**6**
	PT								
Genotipo	**Media**	**P**	**FOX**	**Kmed**	**Krang**	**W**	**R**	**AMMI**	**Promedio**
AMI	7	7	9	12	12	10	7	4	**8**
BAL	3	2	3	2	1	4	2	1	**1**
CEA	6	6	6	12	6	8	3,5	5	**5**
DES	13	12	12	6,5	10	7	11,5	16	**10**
ESL	9	9	7	12	2,5	3	6	10,5	**6**
FRD	16	16	16	6,5	16	9	13,5	8	**12**
FRI	14	15	14	6,5	16	5	16,5	16	**13**
GLO	2	3	1	6,5	4	15	9	2	**4**
JI1	17	17	17	15	9	11	15	12	**17**
JI2	11	11	10	6,5	16	16	16,5	18	**14**
LE1	1	1	2	12	7,5	17	10	9	**9**
LE2	4	4	5	6,5	5	14	4	6,5	**7**
LV1	8	8	8	2	7,5	1	1	6,5	**3**
LV2	12	13	13	17,5	18	12	11,5	16	**15**
LV3	10	10	11	17,5	14	13	13,5	13,5	**16**
LV5	15	14	15	16	13	6	8	13,5	**11**
PRO	18	18	18	12	11	18	18	10,5	**18**
SOL	5	5	4	2	2,5	2	3,5	3	**2**

P, índice de superioridad de Lin y Binns (1988); FOX, rangos estratificados de Fox (1990); Kmed y Krang, consistencia del comportamiento con los datos medios y con los rangos, respectivamente (Ketata, 1989); W, ecovalencia (Wricle, 1962); R, regresión conjunta; AMMI, análisis multiplicativo.

Una situación similar se observa con el resto de variables consideradas. En la ordenación de los materiales según su productividad total media, la medida de Lin y Binns y el método de los rangos estratificados otorgan los valores mayores a las variedades Ballet, Glotón y Solara y a las líneas LE1 y LE2. La ordenación según

estos dos métodos es coincidente con la generada por los valores medios de la variable PT, lo que está de acuerdo con los resultados de Flores *et al*. (1998). Estos autores estudiaron mediante un análisis de componentes principales los resultados de 22 métodos distintos de análisis de la interacción GxA, empleando datos de genotipos de haba y de guisante en ambientes del sur de España, constatando que la medida de Lin y Binns, la ordenación estratificada, el método de consistencia de comportamiento (tanto del rendimiento como de los rangos del rendimiento) y el análisis de grupos tenían únicamente en cuenta el nivel de rendimiento medio en todos los ambientes

Para las vainas totales por unidad de superficie las tres primeras ordenaciones que se presentan en la tabla 62 coinciden en que los genotipos con mayor valor son LV5, FRD, FRI y LV1. En el índice de cosecha el ordenamiento según el método de los rangos estratificados difiere bastante del obtenido según el valor medio de la variable (tabla 62). DES, BAL, LV3 y SOL son los genotipos con mayor índice de cosecha, mientras los mejor colocados según el método de rangos estratificados son FRD, LV5, LV1 y FRI.

Los genotipos con mayor peso de la semilla son SOL, PRO, BAL y AMI, según los tres primeros métodos (tabla 63). Esta similitud de estos tres métodos se da también para la variable granos por vaina, seleccionando los genotipos DES, CEA, AMI y LV3 como los cuatro cuyos valores son más elevados (tabla 63).

Elevados valores de rendimiento en grano y productividad total de biomasa, a pesar de ser variables muy correlacionados, sólo coinciden en los genotipos Solara y Ballet. La elevada productividad de biomasa en otros genotipos (LE1, LE2 y GLO) se debe más bien a su elevada masa forrajera. Solara y Ballet también destacan por su índice de cosecha y peso del grano elevados. Sin embargo, el número de vainas totales es superior en otros genotipos, que luego no destacan por su rendimiento en grano.

En la tabla 61 se indica la ordenación de la consistencia del comportamiento tanto de los valores medios como de los rangos. Un genotipo es considerado estable si su rendimiento medio o su rango es relativamente consistente en todos

los ambientes, mostrando alto rendimiento medio o bajo rango medio, y baja desviación estándar. Los genotipos Ballet y Solara son los de mayor adaptación general, con rendimientos elevados y estables. También están en los primeros lugares Amino y Frisson. Amino ya destacó en la ordenación por rendimiento medio y por estratificación de los rangos, pero Frisson no. Este cultivar posee alta estabilidad aunque su rendimiento se sitúa en el lugar 12º. La clasificación según la consistencia del comportamiento de los rangos coloca en los primeros puestos a Cea, Esla y LV1, que tampoco destacan por su rendimiento medio. Estos resultados difieren de los obtenidos por Flores *et al*. (1998), dónde el nivel de rendimiento estaba asociado intensamente sobre la estabilidad.

La ordenación por la consistencia del comportamiento de los valores de la productividad total de biomasa también es distinta de la obtenida mediante los tres primeros métodos (tabla 61). Además de Ballet y Solara, destaca en los primeros puestos la línea LV1, que con las ordenaciones basadas en valores medios se situaba en octavo lugar. La consistencia de los rangos sitúa en los primeras posiciones a BAL, SOL, ESL, GLO y LE2.

Cuando los genotipos se ordenan según su valor medio del número de vainas totales por unidad de superficie y su estabilidad a través del método de consistencia del comportamiento, FRD, LV5, LV1, GLO y SOL alcanzan las primeras posiciones. GLO y SOL son estables según la consistencia de los valores medios pero no según la de los rangos, y producen pocas vainas por metro cuadrado.

La ordenación del peso de 100 semillas según los tres primeros métodos difiere poco de la obtenida en función de la consistencia del comportamiento (tabla 63). Como excepción, el cultivar Amino tiene un elevado valor medio de la variable pero muy baja estabilidad. La tabla 63 muestra que los genotipos con mayor consistencia en el número de granos por vaina son Esla, LV1, Amino y Cea (los dos últimos destacan por su elevado valor medio). El método de consistencia de comportamiento aporta información muy valiosa sobre la estabilidad de los componentes del rendimiento de los materiales ensayados.

Tabla 62: Ordenación de los genotipos en función del análisis de los valores del número de vainas por unidad de superficie (VT) y del índice de cosecha (IC), según distintos métodos.

	VT								
Genotipo	**Media**	**P**	**FOX**	**Kmed**	**Krang**	**W**	**R**	**AMMI**	**Promedio**
AMI	15	15	15	11	10,5	2	11,5	9,5	**12**
BAL	10	10	12	7	10,5	4	8	6	**6**
CEA	9	8	8	11	13,5	6	3	4	**8**
DES	7	9	7	7	10,5	11	4	2,5	**7**
ESL	6	6	5	17,5	15	15	11,5	13,5	**11**
FRD	2	4	1	1	1	10	2	2,5	**2**
FRI	3	2	6	7	3	14	8	8	**4**
GLO	11	12	10	3,5	16	8	17	11,5	**13**
JI1	16	16	18	11	10,5	3	15	15,5	**14**
JI2	17	17	16	11	7,5	9	15	17	**16**
LE1	14	14	11	14	18	13	18	15,5	**17**
LE2	13	13	13	15,5	17	7	13	11,5	**15**
LV1	4	3	3	3,5	4,5	5	1	5	**1**
LV2	8	7	9	15,5	13,5	12	5	9,5	**10**
LV3	5	5	4	17,5	4,5	16	8	13,5	**9**
LV5	1	1	2	3,5	2	17	6	1	**3**
PRO	18	18	17	11	7,5	18	15	18	**18**
SOL	12	11	14	3,5	6	1	10	7	**5**
	IC								
Genotipo	**Media**	**P**	**FOX**	**Kmed**	**Krang**	**W**	**R**	**AMMI**	**Promedio**
AMI	8	8	16	7	12	9	6,5	9,5	**11**
BAL	2	2	12	1	6,5	12	11	2,5	**8**
CEA	12	12	8	6	13	2	9,5	5	**10**
DES	1	1	7	3	1	3	2	4	**1**
ESL	9	10	6	11	5	5	6,5	7	**7**
FRD	6	7	1	2	11	7	9,5	2,5	**4**
FRI	10	9	4	13	3	4	3	11	**9**
GLO	15	15	10	8,5	16	13	16	14,5	**14**
JI1	14	14	15	8,5	15	11	13,5	13	**12**
JI2	16	16	18	16	9	16	15	16	**15**
LE1	18	18	11	14	9	17	17,5	17,5	**17**
LE2	17	17	13	18	14	18	17,5	17,5	**18**
LV1	7	6	3	5	4	1	5	1	**2**
LV2	11	11	9	16	17	14	12	12	**13**
LV3	3	4	5	11	9	10	1	9,5	**5**
LV5	5	5	2	11	6,5	8	4	8	**6**
PRO	13	13	17	16	18	15	13,5	14,5	**16**
SOL	4	3	14	4	2	6	8	6	**3**

P, índice de superioridad de Lin y Binns (1988); FOX, rangos estratificados de Fox (1990); Kmed y Krang, consistencia del comportamiento con los datos medios y con los rangos, respectivamente (Ketata, 1989); W, ecovalencia (Wricle, 1962); R, regresión conjunta; AMMI, análisis multiplicativo.

Analizando el valor de su ecovalencia de los genotipos, o contribución de los mismos a la interacción GxA, podemos decir que LV1 y LV5 son los más estables, en cuanto a rendimiento en grano, desde el punto de vista dinámico (tabla 61). Progress-9, el genotipo más diferente del conjunto (el único de verdeo) es el que

más influye en la interacción. La ordenación no coincide con la generada por los valores medios de productividad. De hecho, tanto la ecovalencia como la regresión conjunta son criterios de estabilidad no asociados generalmente con el nivel de rendimiento (Flores *et al*., 1998).

Tabla 63: Ordenación de los genotipos en función del análisis de los valores del peso de 100 semillas (P100) y granos por vaina (GRV), según distintos métodos.

	P100								
Genotipo	**Media**	**P**	**FOX**	**Kmed**	**Krang**	**W**	**R**	**AMMI**	**Promedio**
AMI	4	4	2	16,5	3	15	4	2	**3**
BAL	3	3	3	1	2	4	1	3	**1**
CEA	14	15	14	8,5	8	1	8,5	4,5	**7**
DES	12	12	12	14	13,5	7	3	11,5	**12**
ESL	15	14	15	8,5	16	3	14	8	**13**
FRD	18	18	18	8,5	13,5	10	17	17,5	**18**
FRI	16	16	16	8,5	11	5	16	16	**15**
GLO	8	7	8	14	5	12	8,5	11,5	**10**
JI1	9	9	9	2,5	10	8	10,5	11,5	**5**
JI2	6	8	6	18	13,5	16	12	15	**14**
LE1	11	11	11	16,5	17	14	6	17,5	**16**
LE2	5	6	5	8,5	9	17	13	11,5	**11**
LV1	13	13	13	8,5	6,5	2	6	4,5	**4**
LV2	7	5	7	14	6,5	13	6	6	**8**
LV3	10	10	10	8,5	13,5	6	10,5	11,5	**9**
LV5	17	17	17	8,5	18	11	18	11,5	**17**
PRO	2	2	4	4	4	18	15	7	**6**
SOL	1	1	1	2,5	1	9	2	1	**2**
	GRV								
Genotipo	**Media**	**P**	**FOX**	**Kmed**	**Krang**	**W**	**R**	**AMMI**	**Promedio**
AMI	3	3	3	3	2	5	7	6,5	**4**
BAL	13	12	17	6,5	7	4	12,5	9	**10**
CEA	2	1	1	1,5	1	2	2,5	1,5	**1**
DES	1	2	2	9	5	13	1	1,5	**5**
ESL	5	5	11	1,5	4	1	5	3	**3**
FRD	11	9	12	10	9,5	7	9	5	**9**
FRI	8	6	7	5	8	8	10	6,5	**7**
GLO	15	14	13	15	16	12	12,5	15,5	**15**
JI1	10	10	9	13	16	14	8	11	**11**
JI2	7	11	6	13	12,5	17	11	13,5	**13**
LE1	16	16	15	18	18	16	17	17	**17**
LE2	18	18	16	16,5	16	15	14,5	18	**18**
LV1	6	4	8	4	3	3	2,5	4	**2**
LV2	17	17	18	13	9,5	6	16	13,5	**14**
LV3	4	7	4	8	6	9	4	8	**6**
LV5	9	8	10	11	11	11	6	10	**8**
PRO	12	15	5	16,5	14	18	18	15,5	**16**
SOL	14	13	14	6,5	12,5	10	14,5	12	**12**

P, índice de superioridad de Lin y Binns (1988); FOX, rangos estratificados de Fox (1990); Kmed y Krang, consistencia del comportamiento con los datos medios y con los rangos, respectivamente (Ketata, 1989); W, ecovalencia (Wricle, 1962); R, regresión conjunta; AMMI, análisis multiplicativo.

Según el análisis uniparamétrico de regresión conjunta (R), la estabilidad del rendimiento y sus componentes se ha ordenado (tablas 61, 62 y 63) en función de la suma de las posiciones obtenidas en base a tres criterios: valor medio de la variable más elevado, coeficiente de regresión más próximo a uno, y desviación de la regresión (S_{di}) más baja. Los rendimientos en grano más estables corresponden a los genotipos Esla, Cea, LV1 y Amino (tabla 61). En la ordenación correspondiente a la productividad total de biomasa destacan también LV1 y Cea, junto a las variedades Solara, Ballet y Frisson. Solara y Ballet tienen además un buen nivel de productividad.

Si se utiliza el método de ordenación de la ecovalencia, que sigue exclusivamente criterios de estabilidad, toman los primeros lugares para el número de vainas totales por unidad de superficie los genotipos con valores medios bajos como SOL, AMI, JI1 y BAL. La estabilidad del índice de cosecha según este mismo método es mayor en los genotipos LV1, CEA, DES, FRI, ESL y SOL, de los cuales solo alcanzan valores altos DES y SOL. Respecto a los materiales mas estables de P100, únicamente la variedad Ballet tiene valores altos de la variable. Los genotipos que mantienen estable un tamaño del grano pequeño (CEA, LV1 y ESL) también muestran estabilidad en el número de granos por vaina. Para GRV, Ballet se distingue de estos tres genotipos por tener valores medios más bajos.

La ordenación para el rendimiento en grano según el método AMMI, que considera simultáneamente los valores medios y la estabilidad, es similar a la del promedio de todos los métodos empleados (tabla 61). De hecho, los cuatro primeros genotipos clasificados en ambos coinciden. Dado que es difícil conjugar niveles elevados de productividad con elevada estabilidad (Eberhart y Russell, 1966; Cubero y Flores, 1994), el método AMMI es una herramienta de gran interés en procesos de selección.

Para la productividad total de biomasa, los genotipos mejor calificados son BAL, GLO, SOL, AMI y CEA (tabla 61). El método multiplicativo AMMI considera que los genotipos con mayor y más estable número de vainas por unidad de

superficie a LV5, FRD, DES, CEA y LV1 (tabla 62). Respecto a la variable granos por vaina, la variedad Desso ocupa un lugar destacable, aunque el criterio de ecovalencia la coloca en los últimos lugares (tabla 63).

Considerando conjuntamente todos los métodos de ordenación, los genotipos con rendimientos mayores y más estables son AMI, ESL, BAL, LV1 y CEA. Las mayores y más estables productividades totales de biomasa corresponden a BAL, SOL, LV1, GLO y LE2. Los dos últimos son genotipos presentan un gran desarrollo vegetativo e índices de cosecha menores a la media.

De los genotipos bien clasificados para el rendimiento en grano, solo la línea LV1 y las variedades Solara y Ballet están bien clasificadas para el número de vainas por unidad de superficie, cuando se tienen en cuenta todos los métodos de ordenación (tablas 61 y 62). LV5 es el genotipo con mejor calificación de estabilidad-valor en cuanto a vainas por unidad de superficie, sin embargo, ocupa un discreto 8º puesto en el ranking por el rendimiento en grano.

LV1 es el único genotipo que ocupa los primeros lugares en todas las componentes del rendimiento. En el extremo opuesto está la variedad Glotón, cuyos valores favorables de PT se deben únicamente a una elevada producción de paja.

A excepción de Esla, que tiene grano pequeño, ningún genotipo situado en el primer tercil en el ordenamiento global del rendimiento en grano, está mal clasificado (tercer tercil) en alguno de sus tres componentes. De los cuatro genotipos más inestables en el rendimiento, dos (PRO y JI1) son de grano grueso. Se puede decir, con todo, que el número de vainas totales y de granos por vaina contribuye más al valor y a la estabilidad del rendimiento que el tamaño del grano.

Un índice de cosecha elevado es un aspecto interesante de cara a la mejora de la estabilidad del rendimiento. Hay que tener en cuenta, en cualquier caso, que dichos valores se pueden alcanzar tanto con productividades altas (LV1 y Solara) como bajas (Fride).

3.6.6.2. Eficiencia y utilidades de los modelos de análisis de la interacción GxA

Tradicionalmente, muchos mejoradores han usado el termino “estabilidad” para caracterizar a los genotipos que muestran un rendimiento relativamente constante, independientemente de las condiciones ambientales (Flores *et al.*, 1998; Argillier *et al*., 1994), buscándose materiales con varianza mínima para el rendimiento en diferentes ambientes. Esta idea de estabilidad esta de acuerdo con el término de homeostasis, ampliamente utilizado en genética cuantitativa. y puede considerarse un concepto biológico o estático. Sin embargo, un genotipo que muestra un comportamiento constante en todos los ambientes no necesariamente responde con un incremento del rendimiento a la mejora de las condiciones ambientales. Este tipo de estabilidad, entonces, no es aceptable desde un punto de vista ‘agronomico’ o ‘dinámico’ (Becker y Leon, 1988). En el concepto dinámico no es necesario que la respuesta genotípica a las condiciones ambientales sea la misma para todos los genotipos.

En este trabajo han sido aplicados, entre los disponibles, un conjunto diverso de métodos de análisis de la estabilidad y de la interacción GxA. Cada uno de ellos presenta ventajas e inconvenientes que es preciso ponderar para elegir el más apropiado en cada caso. Como se comenta a continuación, es interesante en muchas ocasiones el uso combinado de estrategias de análisis que aporten una información complementaria (Kang y Pham, 1991; Brancourt-Humel *et al*., 1997; Flores *et al*., 1998).

Los métodos no paramétricos son simples de realizar, pero no permiten estudiar las interacciones cualitativas. A través del método de ordenación estratificada se identifican únicamente los genotipos con adaptación amplia, y no se obtiene información sobre la adaptación de los genotipos a ambientes específicos (Brancourt-Humel *et al*., 1997).

Entre los métodos uniparamétricos, la regresión conjunta es una de los más utilizadas porque es fácil de realizar, valorar e interpretar. Esta metodología parece ser muy útil en los análisis en que se considera un gran grupo

heterogéneo de genotipos en un número limitado de ambientes (Romagosa y Fox, 1993), como es el caso del estudio de colecciones pero, sin embargo, no tiene en cuenta el carácter multidimensional del comportamiento de los genotipos.

Hühn (1990) comparó los estadísticos no paramétricos con las medidas uniparamétricas de estabilidad. Constatando altas correlaciones de los análisis no paramétricos con la ecovalencia y las desviaciones de la regresión lineal, y correlaciones no significativas con los coeficientes de regresión y la varianza ambiental.

La regresión lineal continúa jugando un papel importante en el estudio de la interacción GxA porque, a pesar de sus inconvenientes, tiene la ventaja de su gran simplicidad y significación biológica. La mayor limitación del método de regresión es la poca repetibilidad de b_i y S_{di} (Jalaluddin y Harrison, 1993). Su utilidad en la medida de la adaptabilidad genotípica asume que los genotipos responden linealmente a los ambientes.

Las técnicas multivariantes se han comparado en muchos trabajos con las univariantes. Son en general más efectivas explicando la interacción GxA que los modelos de regresión lineal (Zobel *et al*., 1988; Nachit *et al*., 1992a).

Los métodos multiparamétricos parecen más adaptados para describir la respuesta de los genotipos a diferentes condiciones ambientales. Estas técnicas estadísticas, que se basan en cálculos complejos, no se han desarrollado hasta la aparición de ordenadores potentes, y son por lo tanto más recientes (Brancourt-Humel *et al*., 1997). El modelo multiplicativo AMMI y la regresión factorial ha permitido en muchas ocasiones explicar una parte importante de la interacción GxA (Cornelius, 1993; Romagosa *et al*., 1993; Baril, 1992; Biarnès-Dumoulin *et al*., 1996).

Para comparar los métodos a partir de datos experimentales concretos es necesario considerar la eficiencia de los mismos, o porcentaje de la suma de cuadrados de la interacción explicada por el modelo. Por otro lado debe tenerse en cuenta la parsimonia, definida por el porcentaje de grados de libertad de la

interacción utilizados por dicho modelo. El análisis óptimo será aquél que descomponga la mayor parte de la interacción con el menor número posible de grados de libertad y, además, contribuya a comprender las bases biológicas o agronómicas de la interacción GxA (Baril *et al*., 1995; Brancourt-Humel *et al*., 1997).

En la figura 77 se representan los valores de eficiencia y parsimonia de los modelos AMMI con uno y dos ejes de componentes principales de la interacción GxA, y los análisis de regresión conjunta y regresión factorial aplicados a las variables de rendimiento y sus componentes. El modelo univariante de regresión conjunta utiliza el menor porcentaje de grados de libertad de la interacción, siendo para todas las variables inferior al 10%. El método no podría considerarse válido para las variables PT, IC, P100 y GRV, donde la eficiencia es menor del 20%. En el rendimiento en grano y número de vainas por unidad de superficie, sin embargo, la eficiencia es mayor del 30%. Para estas variables, puede considerarse que existe una respuesta lineal de los genotipos a las condiciones ambientales.

La regresión conjunta describe bien la interacción genotipo x ambiente cuando los rendimientos medios de cada ambiente (localidad, año), y la propia interacción, se ven afectados por factores específicos. Esta situación se da a menudo cuando se estudian ambientes cuya potencialidad se diferencia por estar limitada o no por situaciones de estrés, como en los estudios de Finlay y Wilkinson (1963), Nguyen *et al*. (1980) y Gray (1982). En el presente trabajo características limitantes como la incidencia de bajas temperaturas durante la floración o situaciones de estrés hídrico han diferenciado claramente los ambientes de alto y bajo rendimiento. En este sentido, la estrecha relación detectada entre los efectos del frío y del estrés hídrico en los experimentos de Annicchiaricco (1997a) en trigo duro, contribuyó a mejorar la proporción de la interacción genotipo x localidad explicada por el modelo de regresión.

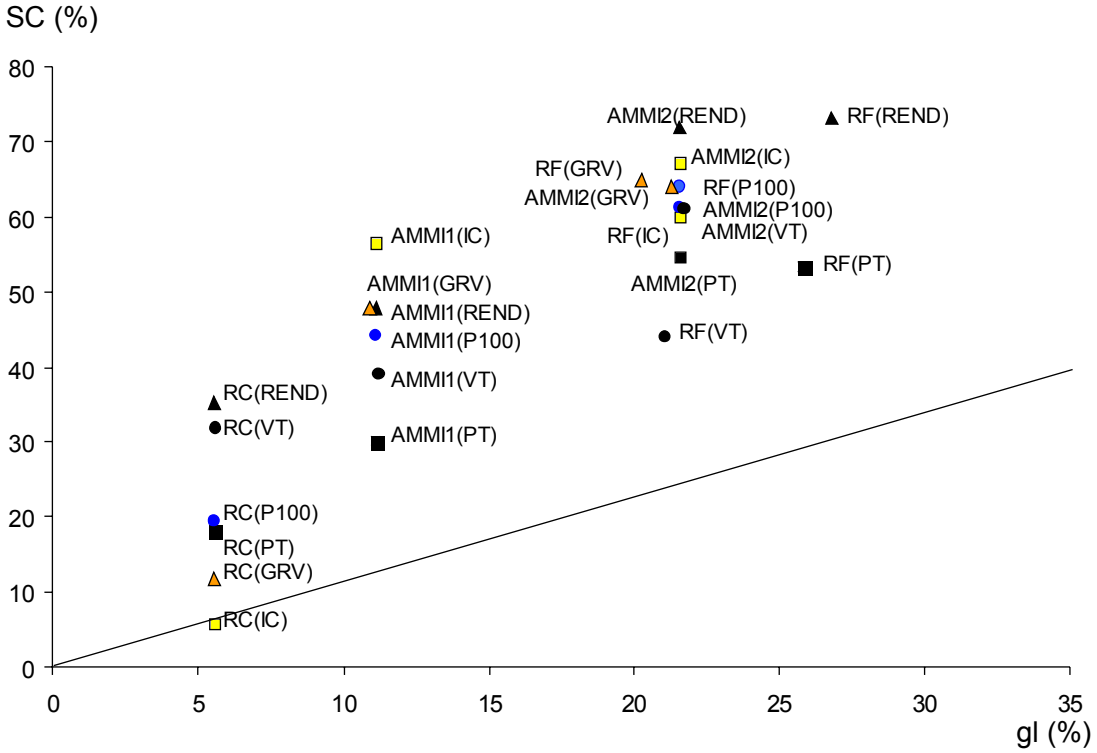


Figura 77. Comparación de los porcentajes de grados de libertad (gl) utilizados y de la suma de cuadrados (SC) de la interacción GxA explicada por los modelos de análisis de regresión conjunta (RC), análisis multiplicativo (AMMI1 y AMMI2) y regresión factorial (RF) de los valores de rendimiento en grano (REND), productividad total de biomasa (PT), vainas por unidad de superficie (VT), índice de cosecha (IC), peso de 100 semillas (P100) y granos por vaina (GRV).

El modelo AMMI2 explica un porcentaje de la interacción muy superior al AMMI1. Por ejemplo, en el rendimiento en grano estos valores están en torno al 70 y 50% respectivamente. Desde el punto de vista de la parsimonia, por el contrario, el incluir un segundo eje en el modelo empeora la calidad del análisis en todas las variables (figura 77).

Los métodos AMMI2 y regresión factorial tienen una parsimonia similar, del 20-30%, mientras las eficiencias se sitúan entre el 45 y el 75%. Los análisis más eficientes han sido los AMMI2 y regresión factorial de los valores del rendimiento en grano, índice de cosecha, peso de cien semillas y granos por vaina. Los resultados de eficiencia y parsimonia mostrados están dentro de los intervalos que aportan Brancourt-Hulmel *et al.* (1997), en un estudio donde se comparan un conjunto amplio de trabajos. En esta revisión, los modelos de regresión factorial

explican entre el 50 y 70% de la suma de cuadrados de la interacción, con un porcentaje de grados de libertad comprendido entre 20 y 40%; los modelos AMMI1 explican entre el 25 y 80% con el 10-30% de los grados de libertad, y los AMMI2 entre el 70 y 90% con el 30-50% de los grados de libertad.

Los residuos de los modelos de regresión conjunta, AMMI y regresión factorial fueron significativos (P<0,05) para todos los grupos de datos analizados (tablas 50, 54 y 56), lo que es habitual en estudios de este tipo (Baril *et al*., 1995; Yau, 1995; Gauch y Zobel, 1996).

La mayor idoneidad del AMMI sobre el análisis de regresión conjunta en el estudio de la interacción GxA (Gauch y Zobel, 1996, 1997) ha sido puesta de manifiesto en numerosos trabajos: Nachit et al. (1992a) y Yau (1995) en trigo, Fox *et al.* (1990) en triticale, Argillier et al. (1994) en maíz... Analizando datos de distintos genotipos de trigo panadero obtenidos en el ICARDA-CIMMYT, Yau (1995) mostró que la heterogeneidad de la regresión no se veía afectada por la diversidad de las muestras. Esta heterogeneidad estaba inversamente correlacionada con el número de ambientes considerados cuando se comparaban materiales de similar diversidad. Por el contrario, la cantidad de suma de cuadrados de la interacción explicada por el primer eje de componentes principales en el AMMI fue alta y no se vio afectada por la diversidad en las muestras.

Yau (1995) comprobó que el porcentaje de la suma de cuadrados de la interacción explicada por la heterogeneidad de la regresión era mayor cuanto menor era el número de datos. Sin embargo, el método de regresión conjunta es eficaz para un número elevado de genotipos ensayados en muy pocos ambientes, como ocurría en el trabajo de Finlay y Wilkinson (1963): 277 genotipos en 7 ambientes diferentes.

A pesar de que el análisis de regresión conjunta es menos eficaz que el AMMI, muchos mejoradores siguen utilizándolo porque da idea de la respuesta de los genotipos a las condiciones de cultivo (Yau, 1995). En cualquier caso, debe tenerse en cuenta que el análisis de regresión conjunta es una técnica efectiva

únicamente cuando la heterogeneidad de la regresión es significativa y representa una parte razonablemente alta de la interacción GxA.

Se puede decir que los modelos multiplicativos constituyen una generalización de la regresión conjunta (Cruz, 1992). Comparar la regresión conjunta con la regresión factorial no es más que contrastar respectivamente un modelo de regresión con una sola covariable (el rendimiento medio de los ambientes) con otros modelos que incluyan más de una covariable, sea ambiental o genotípica. Lógicamente la explicación de la interacción GxA va a ser mayor cuanto mayor sea el número de covariables que se introducen en el modelo.

No se ha verificado una relación clara entre la ecovalencia y los coeficientes de regresión factorial, tal como han encontrado Voltas *et al.* (1999). Aunque cabría esperar que valores altos de ecovalencia coincidieran con coeficientes de regresión más elevados, al emplear modelos con varias covariables, sus coeficientes correspondientes pueden compensarse unos con otros, de modo que esta relación no pueda apreciarse. En base a la ecovalencia y regresión conjunta (dos métodos uniparamétricos) se establecen criterios de selección similares.

Los métodos AMMI y regresión factorial presentan en general una eficiencia y una parsimonia comparables. Para algunos autores el método de regresión factorial es más completo (Baril *et al*., 1995; Argillier *et al*., 1994), ya que permite integrar directamente la información relativa a los ambientes y a los genotipos, y dar un significado biológico de los fenómenos de la interacción GxA. Para otros autores, más partidarios del análisis AMMI (Van Eeuwijk, 1995; Voltas *et al*., 1999; Vargas *et al*., 1999), la representación de las direcciones de las covariables respecto a los mismos ejes de componentes principales sobre los que se toman las coordenadas genotípicas y ambientales, también hace que el método deje de ser meramente descriptivo y mejore la interpretación biológica de la interacción GxA.

El análisis de grupos pone en evidencia la diferente respuesta del rendimiento de los genotipos a través de los ambientes. Es una herramienta muy útil en el estudio de la interacción GxA y por ello, ampliamente utilizada (Flores *et al.*,

1998). Una importante desventaja de la técnica, sin embargo, es que la clasificación no informa por sí misma de la respuesta específica de los genotipos en ambientes concretos. Este problema se puede solucionar combinando el análisis de grupos con el AMMI (Romagosa y Fox, 1993).

3.6.6.3. Interpretación conjunta de los resultados del análisis de la interacción GxA

Las covariables seleccionadas por su relación con los ejes principales del AMMI2 y las que explican cada variable a través del método de regresión factorial no son coincidentes, más que en el caso del índice de cosecha y peso de cien semillas. En las variables REND, PT y GRV solo coincide una, y en VT, ninguna. En algunas ocasiones las dos técnicas han permitido seleccionar las mismas covariables ambientales para explicar la interacción en ray-grass (van Eeuwijk y Elgersma, 1993) y en cebada (Voltas *et al*., 1999).

A la vista de los resultados obtenidos, las covariables que pueden considerarse más relevantes a la hora de explicar la interacción GxA, en el rendimiento del guisante y sus componentes, son el número de nudos hasta la primera vaina (NUD1V), y los grados-día acumulados desde nascencia hasta principio de floración (GDPF), dos parámetros positivamente correlacionados. Entre las covariables ambientales es particularmente importante el número de días con temperatura mínima por debajo de cero grados en febrero (DTm02). En ambos casos se pone de manifiesto la importancia de la precocidad de floración en la interacción.

Con los métodos AMMI y regresión factorial se definen grupos de genotipos y de ambientes con interacción positiva, con el primero de un modo gráfico y, con el segundo, a través de los signos de las covariables centradas y de los coeficientes de la regresión. Entre los grupos de genotipos con comportamiento diferenciado en varios modelos y para distintas variables, se encuentra el que forman GLO, JI2, LE1 y LE2 (figuras 43 a 66 y tabla 58), que se caracteriza por tener aptitud forrajera y maduración tardía. Por otro lado, el conjunto de PRO, JI1, FRD, FRI,

LV5, BAL y SOL se agrupa claramente según el primer eje de componentes principales del AMMI2 (figuras 42). De este último grupo se separan en el primer plano principal BAL y SOL (figura 43), quedando en él los genotipos más tempranos y poco productivos del conjunto de materiales ensayados. Esta misma separación se observa en el análisis de grupos y en la regresión factorial a través de la covariable GDPF (figuras 54, 55, 56, 61, 62, y tabla 58).

Los resultados del AMMI muestran que los genotipos más estables en rendimiento en grano son Solara, Ballet, Amino, Esla, LV1 y LV5 (figura 43). Todos estos materiales tienen pocos tallos por planta (TLL); concentran su producción la mayoría de las veces en un solo tallo fructífero, en oposición a lo que ocurre en otros materiales de aptitud forrajera (LE1 y LE2) y de grano rugoso (PRO, JI1 y FRD). Tampoco destacan (figura 43) como más estables los genotipos con los mayores contenidos en proteína del grano (PROT). Los seis genotipos mencionados, salvo *LV5*, se clasifican en al mismo grupo en el análisis *cluster* de los datos de rendimiento en grano (figura 61). Como en la ordenación de los genotipos comentada en el apartado 3.6.6.1, el AMMI muestra que Esla, Ballet y LV1 deben la estabilidad de sus altos rendimientos a su comportamiento en el peso de 100 semillas y granos por vaina. Solara, Amino y LV5, sin embargo, son inestables respecto a estas dos componentes del rendimiento.

Los genotipos más estables en cuanto a rendimiento en grano son también estables en lo que respecta a la productividad total de biomasa. La mayor estabilidad en este carácter (figura 45) se obtiene en plantas no excesivamente altas (ALT) y moderado número de nudos hasta la primera vaina (NUD1V).

La componente vainas por metro cuadrado, cuya reducción puede ser la causa principal de la disminución en la productividad de las leguminosas (Muchow, 1985), no define claramente los genotipos más estables en cuanto a rendimiento en grano. Mientras Amino, Ballet y Solara son estables respecto a la componente P100g, otros genotipos de rendimiento estable (Esla, LV1 y LV5) se encuentran en posición opuesta respecto a dicha covariable (figura 47). La

estabilidad del número de granos por vaina y tamaño del grano está inversamente relacionada con la altura de la planta.

Respecto a los ambientes, es clara la diferenciación entre las condiciones de las dos localidades, Valladolid y Madrid, en los tres métodos paramétricos de análisis empleados. Dentro de las condiciones de Valladolid se destaca un comportamiento distinto de los ambientes más estresantes: los del año 1995 y los de primavera-secano cuyas condiciones meteorológicas fueron más desfavorables (V24).

Dejando aparte las condiciones de 1995, con valores de rendimiento excesivamente bajos, los ambientes en que menos interacción GxA se registró fueron los de primavera de 1996 en Valladolid (V19 y V23). Sin embargo, en otoño de este mismo año, tanto los rendimientos medios como la interacción GxA fueron los mayores de los 19 ambientes estudiados. En este año no hubo heladas tardías y se recogieron las mayores precipitaciones entre enero y junio del conjunto. La estabilidad de V19 y V23 se manifiesta también en las componentes del rendimiento P100 y GRV. Los valores de VT son estables para V23, y no tanto para V19. El agrupamiento de los dos ambientes en el análisis *cluster* del rendimiento y sus componentes (figuras 69, 71, 73 y 74) concuerda perfectamente con el comportamiento reflejado en el AMMI.

Además de agrupar genotipos y ambientes con comportamiento similar, los métodos AMMI y regresión factorial permiten identificar las combinaciones genotipo-ambiente más favorables desde el punto de vista de su interacción. Los genotipos de maduración más tardía (GLO, JI2, LE1 y LE2) tienen buena adaptación específica a las condiciones más desfavorables de Valladolid. Los cultivares Solara y Ballet y la línea LV5 muestran un mejor comportamiento en los ambientes de siembra en primavera de Madrid, sobre todo en condiciones de regadío (figura 43).

Entre las condiciones de siembra otoñal se aprecian grandes diferencias entre localidades. En Valladolid existe un amplio grupo de genotipos cuya respuesta es muy favorable a la siembra en otoño. En Madrid, sin embargo, sólo los genotipos

menos productivos (los de grano rugoso: PRO, JI1 y FRD) tienen interacción positiva con las condiciones de otoño. La siembra otoñal de estos genotipos en Valladolid presenta más problemas que en Madrid, al tratarse de materiales muy sensibles al frío.

BIBLIOTECA VIRTUAL MIGUEL DE CERVANTES

4. CONCLUSIONES

Con la realización de este trabajo se han extraído las siguientes conclusiones:

1. El diseño factorial empleado ha mostrado ser eficaz para determinar las proporciones relativas de la variación total del rendimiento del guisante proteaginoso debidas a causas genéticas y del medio, distinguiendo efectos aditivos y de interacción.

2. Los efectos principales del genotipo y del ambiente, y la interacción genotipo x ambiente en los análisis de varianza combinados de los valores de productividad total de biomasa, índice de cosecha, y rendimiento en grano y sus componentes, fueron estadísticamente significativos. El efecto aditivo ambiental fue siempre superior al efecto genotípico y de interacción, salvo en el caso del tamaño del grano, donde destaca la componente genotípica.

3. La interacción genotipo x ambiente explicó entre el 13 y el 20% de la variación total de las componentes de productividad, dependiendo de la variable considerada. Estos valores ponen de manifiesto la dificultad existente en la selección de guisante proteaginoso para estabilidad del rendimiento. Los efectos del factor año, localidad y tratamiento de cultivo (fecha de siembra y régimen de humedad) han sido estadísticamente significativos en todas las variables estudiadas. La interacción genotipo x año representó un mayor porcentaje de la suma de cuadrados total que la interacción genotipo x localidad en los análisis de varianza de los valores de todos los parámetros estudiados, a excepción del rendimiento en grano.

4. Las condiciones de siembra otoñal fueron más favorables para los genotipos de talla alta, los más tardíos. El rendimiento en grano en este grupo fue inferior que en el resto de genotipos en los ambientes de siembra en primavera, sin observarse diferencias estadísticamente significativas en los de siembra otoñal. En condiciones de secano, las líneas y variedades de talla alta tuvieron granos más gruesos que el resto, mientras en regadío no se apreciaron

diferencias en ese sentido. La mayor productividad total de biomasa de los genotipos de talla alta fue detectable únicamente en condiciones de regadío.

5. Los genotipos semiafilos han obtenido valores mayores de rendimiento en grano e índices de cosecha que las líneas y variedades de hoja convencional, independientemente del tratamiento de cultivo. En las condiciones de siembra en otoño el incremento de productividad asociado a los genotipos semiafilos parece estar relacionado con un aumento en el número de granos por vaina, mientras en los ambientes de primavera (secano y regadío) la componente del rendimiento que marca las diferencias es el número de vainas totales por unidad de superficie.

6. Las correlaciones entre el rendimiento y sus componentes alcanzaron mayor grado de significación considerando medias marginales ambientales que medias marginales genotípicas. La componente correlacionada en un mayor número de ambientes con el rendimiento en grano fue el número de vainas por metro cuadrado. El tamaño del grano fue la componente correlacionada significativamente con el rendimiento en un menor número de ambientes.

7. El contenido en proteína del grano acusó una componente genética importante, mostrando una correlación negativa con el rendimiento en grano cuando se consideraban los valores medios de cada genotipo en todos los ambientes, pero no cuando se consideraban los valores de cada genotipo independientemente. Los materiales que emiten mayor número de tallos por planta han producido granos con menor humedad en la recolección y mayores contenidos en proteína y grasa.

8. La incidencia de heladas tardías, el estrés hídrico y el exceso de temperatura en el periodo de floración a madurez se han identificado como los principales elementos ambientales limitantes del rendimiento en grano. La selección de genotipos en ambientes donde concurran estas condiciones desfavorables es problemática. Los genotipos que necesitan formar un mayor número de nudos para empezar a florecer se ven favorecidos cuando la primavera se adelanta. Estos materiales tardíos son menos productivos por estar más expuestos al estrés hídrico entre la floración y el estado límite de aborto. Por otra parte, las

variedades excesivamente tempranas presentan problemas en los ambientes con mayor riesgo de heladas. Es necesario optimizar la elección de los genotipos y el manejo del cultivo, tanto en la fecha de siembra como la dotación de riego, para evitar el estrés hídrico en la fase crítica. En este orden de cosas se ha comprobado, por ejemplo, que los genotipos Glotón, JI2, LE1 y LE2 son demasiado tardíos para Madrid, pero pueden ser interesantes en la mejora de la adaptación a bajas temperaturas en primavera en las condiciones de Valladolid.

9. Los genotipos que, de acuerdo con el análisis multiplicativo, pudieran seleccionarse en los ambientes de mayor rendimiento potencial no han mostrado un comportamiento adecuado en los ambientes más desfavorables. La elevada interacción GxA detectada indica que en la selección para estabilidad del rendimiento deberían estudiarse simultáneamente ambientes de alto y bajo rendimiento potencial.

10. La ordenación según métodos no paramétricos y uniparamétricos (consistencia del comportamiento, rangos estratificados, ecovalencia...) ha demostrado que es difícil seleccionar genotipos que conjuguen rendimientos altos y estables. La clasificación de materiales según el modelo AMMI es más útil y equilibrada que la obtenida con aquellos métodos, al considerar simultáneamente valores medios y estabilidad como criterios de selección. Los genotipos así mejor clasificados han sido las variedades Amino, Esla y Ballet, así como la línea de mejora LV1.

11. Los modelos multiparamétricos han permitido relacionar la estabilidad del rendimiento con sus componentes, aportando nuevos datos acerca de las causas biológicas y agronómicas de la interacción GxA en guisante proteaginoso. Las covariables genotípicas que mejor han descrito el comportamiento interactivo de los componentes de rendimiento han sido la altura de la planta, nudos hasta la primera vaina, grados-día acumulados desde nascencia hasta el principio de floración y número de tallos por planta. En los genotipos con rendimientos más estables concurren un número escaso de tallos por planta y una talla no excesivamente alta. Los caracteres

ambientales más implicados en la interacción GxA han sido el número de días de helada en primavera y las temperaturas medias en los meses de mayo y junio.

12. Los modelos de análisis de regresión factorial han precisado incluir siempre más de dos covariables para obtener un porcentaje explicado de la interacción GxA suficientemente alto, lo que dificulta la interpretación de los resultados. Por otro lado, las proporciones de la interacción explicadas por las covariables y sus coeficientes de regresión dependen del orden en que se van introduciendo en el modelo. Estos dos inconvenientes son superados por el análisis AMMI que, por otra parte, también permite interpretar la influencia de covariables externas sobre la interacción a partir de sus regresiones con los ejes de componentes principales del modelo.

13. Los modelos AMMI2 y regresión factorial han alcanzado una eficiencia siempre superior a la del análisis de regresión conjunta, aunque manteniendo valores de parsimonia más desfavorables. Los resultados en ocasiones divergentes en los modelos de análisis aplicados reflejan la enorme complejidad del fenómeno de la interacción GxA, y la conveniencia de emplear conjuntamente métodos diferentes para profundizar en su estudio. En este sentido, la identificación de "grupos de estabilidad" mediante técnicas de clasificación (*clusters*) complementa en gran medida la información obtenida en otros análisis multifactoriales.

5. BIBLIOGRAFÍA

Abou-El Fittouh, H.A.; Rawlings, J.O.; Miller, P.A., (1969). Classification of environments to control genotype by environment interactions with an application to cotton. Crop Sci., 9: 135-140.

Açikgöz E.A.; Katkat, A.V.; Ömeroğlu, S.; Okan, B.,(1989). Mineral elements and amino acid concentrations in field pea and common vetch herbages and seeds. J. Agron. Crop Sci., 155: 179-185.

Acosta, J.A.; Kohashi, J., (1989). Effect of water stress on growth and yields of indeterminate dry-bean (*Phaseolus vulgaris*) cultivars. Field Crops Res., 20: 81-93.

Adams, M.W., (1967). Basis of yield component compensation in crop plants with special reference to field bean (*Phaseolus vulgaris*). Crop Sci., 7: 505-510.

Aitken, Y., (1978). Flower initiation in relation to maturity in crop plants in sowing time and maturity type in pea (*Pisum sativum* L,) in Australia. Aust. J. Agric. Res., 29: 983-1001.

Allard, R.W., (1999). Principles of Plant Breeding, John Wiley & sons, New York, 254 pp.

Allard, R.W.; Bradshaw, A.D., (1964). Implications of genotype-environmental interactions in plant breeding. Crop Sci., 4: 135-140.

Annicchiarico, P., (1992). Cultivar adaptation and recommendation from alfalfa trials in northern Italy. J. Genet. Breed., 46: 269-277.

Annicchiarico, P., (1997a). Additive main effects and multiplicative interaction (AMMI) analysis of genotype-location interaction in variety trials repeated over years. Theor. Appl. Genet., 94: 1072-1077.

Annicchiarico, P., (1997b). Joint regression *vs* AMMI analysis of GxA interactions for cereals in Italy. Euphytica, 94: 53-62.

Annicchiarico, P.; Perenzin, M., (1994). Adaptation patterns and definition of macro-environments for selection and recommendation of common wheat genotypes in Italy. Plant Breed., 113: 197-205.

Argillier, 0.; Hébert, Y.; Barrière, Y., (1994). Statistical analysis and interpretation of line x environment interaction for biomass yield in maize. Agronomie, 14: 661-672.

Atlin, G.N., Frey, K.J., (1989). Breeding crop varieties for low-input agriculture. Am. J. Alternative Agric., 4: 53-58.

Ayögdu, L.; Açikgöz, E., (1995). Effect of seeding rate on seed and hay yield in common vetch (*Vicia sativa* L.). J. Agron. Crop Sci., 174 : 181-187.

Badenhausser, I.; Bournoville, R.; Cantot, P.; Rivault, E.; Giraud, E., (1991). Action du puceron *Acyrthosiphon pisum* (Harris) (Hom., Aphididae) sur les facteurs de production du pois protéagineux de printemps, en phase de floraison. J. Appl. Ent., 111: 1-19.

Baker, R.J., (1971). Effects of stem rust and leaf rust of wheat on genotype-environmental interaction for yield. Can. J. Plant Sci., 51: 457-461.

Baker, R.J., (1988). Tests for crossover genotype-environmental interactions. Can. J. Plant Sci., 68: 405-410.

Balfourier, F.; Oliveira, J.A.; Charmet, G.; Arbones, E., (1997). Factorial regression analysis of genotype by environment interaction in ryegrass populations, using both isozyme and climatic data as covariates. Euphytica, 98: 37-46.

Barah, B.C.; Binswanger, H.P.; Rana, B.S.; Rao, N.G.P., (1981). The use of risk aversion in plant breeding: concept and application. Euphytica, 30: 451-458.

Baril, C.P., (1992). Factor regression for interpreting genotype-environment interaction in bread wheat trials. Theor. Appl. Genet., 83: 1022-1026.

Baril, C.P.; Denis, J.B.; Wustman, R.; Van Eeuwijk, F.A., (1995). Analysing genotype by environment interaction in Dutch potato variety trials using factorial regression. Euphytica, 82: 149-155.

Baril, C.P.; Verhaegen, D.; Vigneron, P.; Bouvet, J.M.; Kremer, A., (1997). Structure of the specific combining ability between two species of Eucalyptus. II. A clustering approach and a multiplicative model. Theor. Appl. Genet., 94: 804-809.

Becker H.C.; León. J., (1988). Stability analysis in plant breeding. Plant Breed., 101: 1-23.

Becker, H.C., (1981). Correlations among some statistical measures of phenotypic stability. Euphytica, 30: 835-840.

Berry, G.J.; Aitken, Y., (1979). Effect of photoperiod and temperature on flowering in pea (*Pisum sativum* L.). Aust. J. Plant. Physiol., 6: 573-587.

Biarnès-Dumoulin, V.; Denis, J.B.; Lejeune-Hénaut, I.; Etévé, G., (1996). Interpreting yield instability in pea using genotypic and environmental covariates. Crop Sci., 36: 115-120.

Binswanger, H.P.; Barah, B.C., (1980). Yield Risk, Risk Aversion and Genotype Selection: Conceptual Issues and Approaches. Research Bulletin 3, ICRISAT, Patancheru.

Blum, A., (1988). Plant Breeding for Stress Environments. CRC Press Inc. Boca Ratón, Florida, 223 pp.

Blum, A., (1989). Breeding methods for drought resistance. En: Plants Under Stress. Biochemistry, Physiology and Ecology and their Application to Plant Improvement. H.G. Jones, T.J. Flowers, M.B. Jones (eds.), Cambridge Univ. Press.

Blum, A.; Poyarkova, H.; Golan, G.; Mayer, J., (1983). Chemical desiccation of wheat plants as a simulator of post-anthesis stress. I. Effects on translocation and kernel growth. Field Crops Res., 6: 51-58.

Boiffin, J.; Sebillotte, M.; Couvreur F., (1976). Incidence de la simplification du travail du sol sur l'élaboration des rendements du blé et du maïs. En: Simplification du Travail du Sol en Production Céréalière. ITCF (ed.), Paris, pp. 239-280.

Boswell, V.R., (1926). The influence of temperature upon the growth and yield of garden peas. Proc. Amer. Soc. Hort. Sci., 23: 162-168.

Bourgeois, G.; Jenni, S.; Laurence, H.; Tremblay, N., (2000). Improving the prediction of processing pea maturity based on the growing degree-day approach. Hort. Science, 35: 611-614.

Brancourt-Hulmel, M.; Biarnès-Dumoulin V.; Denis, J.B., (1997). Points de repère dans l'analyse de la stabilité et de l'interaction génotype-milieu en amélioration des plantes. Agronomie, 17: 219-246.

Brancourt-Hulmel, M.; Lecomte, C., (1994). Sélection et stabilité du rendement chez le blé tendre d'hiver. Agronomie, 14: 611-625.

Braun, H.J.; Pfeiffer, W.H.; Pollmer, W,G., (1992). Environment for selecting widely adapted spring wheat. Crop Sci., 32: 1420-1427.

Brites, C.; Ravares de Sousa, M.; Duarte, I.; Pereira, G., (1995). Quality differences in chickpea cultivars: genotype x environment interaction. En: Proc. 2th European Conf. on Grain Legumes. AEP (ed.), Copenhagen, p. 420.

Campbell, L.G.; Laferer, H.N., (1977). Cultivar x environment interaction in soft red winter wheat yield test. Crop Sci., 17: 604-608.

Cantot, P., (1989). Action larvaire de *Sitona lineatus* L. sur quelques facteurs de production du pois protéagineus (*Pisum sativum* L.). Agronomie, 9: 765-770.

Carrouée, B.; Duchêne, E., (1993). Teneur en protéines du pois. Comment maîtriser les variations. Perspect. Agric., 183: 75-81.

Carrouée, B.; Duchêne, E., (1994). Stade de développement du pois. En: Agrophysiologie du pois protéagineux. Applications à la Production Agricole. B. Ney, E. Duchême, B. Carrouée, F. Angevin (eds.), UNIP-ITCF-INRA, FNAMS, Paris, pp. 35-38.

Carrouée, B.; Grosjean, F.; Peyronnet, C.; Weiss, P., (1994). Guisantes. Utilización en Alimentación Animal. UNIP-ITCF. Paris, 96 pp.

Carrouée, B.; Lesouder, C., (1992). Prévision du risque de fuite en azote derrière une culture de pois. Perspect. Agric., 171: 62-68.

Carrouée, B.; Summerfield, R.J.; Gent, G., (1997). Trend in support for research and development of cool season food legumes in the developing countries. International Food Legume Research Conference III. Adelaide, p. 30.

Ceccarelli, S., (1989). Wide adaptation: How wide?. Euphytica, 40: 197-205.

Ceccarelli, S.; Grando, S.; Hamblin, J., (1992). Relationship between barley grain yield measured in low- and high-yielding environments. Euphytica, 64: 49-58.

Ceccarelli, S.; Nachit, M.M.; Ferrara, G.O.; Mekni, M.S.; Tahir, M.; Van Leur, J.; Ssrivastava, J.P., (1987). Breeding strategies for improving cereal yield and stability under drought. En: Drought Tolerance in Winter Cereals. J.P. Srivastava, E. Porceddu, E. Acevedo, S. Varma (eds.), John Wiley, Chichester, pp. 101-114.

Champ, M.; Berot, S.; Kozlowski, F.; Lecanu, G.; Delort-Laval, J., (1991). Volatile fatty acid production from lupin meal in the caecum of the rat: the role of cell wall polysaccharides and galactosides. Anim. Feed Sci. Technol., 32: 177-183.

Charmet, G.; Balfourier, F.; Ravel, C.; Denis, J.B., (1993). Genotype x environment interactions in a core collection of French perennial ryegrass populations. Theor. Appl. Genet., 86: 731-736.

Cooper, M.; DeLacy, I.H., (1994). Relations among analytical methods used to study genotypic variation and genotype-by environment interaction in plant breeding multi-environment experiments. Theor. Appl. Genet., 88: 561-572.

Cooper, M.; Hammer, G.L., (1996). Plant Adaptation and Crop Improvement. CAB International, Wallingford, UK, 636 pp.

Cornelius, P.L., (1993). Statistical tests and retention of terms in the additive main effects and multiplicative interaction model cultivar trial. Crop Sci., 33: 1186-1193.

Cousin, R.,(1976). Amélioration génétique du pois d'hiver. Ann. Amel. Plant., 26: 235-263.

Cousin, R., (1983). Breeding for yield and protein content in pea. En: Proceedings of Symposium on Perspectives for Peas and Lupins as Protein Crops. R. Thompson, R, Casey (eds.), The Hague: Martinus Nijhoff, pp. 146-164.

Crossa, J., (1990). Statistical analyses of multilocation trials. Adv. Agron., 44: 55-85.

Crossa, J.; Fox, P.N.; Pfeiffer, W.H.; Rajaram, S.; Gauch, H.G., (1991). AMMI adjustment for statistical analysis of international wheat yield trial. Theor. Appl. Genet., 81: 27-37.

Crossa, J.; Gauch, H.G.; Zobel, R.W., (1990). Additive main effects and multiplicative interaction analysis of two international cultivar trials. Crop Sci., 30: 493-500.

Cruz, R.M., (1992). More about the multiplicative model for the analysis of genotype-environment interaction. Heredity, 68: 135-140.

Cubero, J.I.; Flores, F., (1994). Métodos estadísticos para el estudio de la estabilidad varietal en ensayos agrícolas. Junta de Andalucía, 176 pp.

Cubero, J.I.; Flores, F.; Millán, T., (1997). Complementos de mejora vegetal. Comparación de variedades. Universidad de Córdoba, Córdoba, I.S.B.N.: 84 7801 412 8, pp. 64-92.

Cubero, J.I.; Moreno M.T., (1983). Leguminosas de Grano. Mundi-Prensa. 359 pp.

Davies, D.R., (1976). Peas. En: Evolution of Crop Plants. N.W. Simmonds (ed.). Longman, London, pp. 172-174.

Decoux, G.; Denis, J.B., (1991). INTERA. Logiciels pour l'interprétation statistique de l'interaction entre deux facteurs. Laboratoire de Biométrie, INRA, Versailles, 174 pp.

DeLacy, I.H.; Eisemann, R.L.; Cooper, M., (1990). The importance of genotype by environment interaction in regional variety trials. En: Genotype-by-Environment Interaction and Plant Breeding. M.S. Kang (ed.), Louisiana State University, Baton Rouge, pp. 287-300.

Denis, J.B., (1980). Analyse de régression factorielle. Biom. Prexim., 20: 1-34.

Denis, J.B., (1988). Two way analysis using covariates. Statistics, 19: 123-132.

Dumoulin, V.; Ney, B.; Etévé, G., (1994). Variability of seed and plant development in pea. Crop Sci., 34: 992-998.

Duthion, C.; Pigeaire, A., (1991). Seed lengths corresponding to the final stage in seed abortion of thee grain legumes. Crop Sci., 31: 1579-1583.

Duthion, C.; Sagan, M., (1994). Nutrition azotée et production du pois. En: Agrophysiologie du pois protéagineux. Applications à la Production Agricole. B. Ney, E. Duchême, B. Carrouée, F. Angevin (eds.), UNIP-ITCF-INRA, FNAMS, Paris, pp. 179-184.

Eagles, H.A.; Hinz,P.N.; Frey, K.J., (1977). Selection of superior cultivars of oats by using regression coefficients. Crop Sci., 17: 101-105.

Eberhart, S.A.; Russell, W.A., (1966). Stability parameters for comparing varieties. Crop Sci., 6: 36-40.

Eberhart, S.A.; Russell, W.A., (1969). Yield and stability for a 10-line dialled of single-cross and double-cross maize hybrids. Crop Sci., 9: 357-361.

Ehdaie, B.; Waines, J.G., (1989). Adaptation of landraces and improved spring wheat genotypes to stress environments. J. Genet. Breed., 43: 151-156.

Eisemann, R.L.; Cooper, M.; Woodruff, D.R., (1990). Beyond the analytical methodology better interpretation and exploitation of genotype-by-environment interaction in breeding. En: Genotype-by-Environment Interaction and Plant Breeding. M.S. Kang (ed.), Louisiana State University, Baton Rouge, pp. 108-117.

Federici, C.T.; Ehdaie, B.; Waines, J.G., (1990). Domesticated and improved spring wheat genotypes to stress environments. Agron. J., 82: 896-900.

Finlay, K.S.; Wilkinson, G.N., (1963). The analysis of adaptation in a plant-breeding programme. Aust. J. Agric. Res., 14: 742-754.

Fletcher, H.F.; Ormrod, D.P.; Maurer, A.R.; Stanfield, B., (1966). Response of peas to environment. I. Planting date and location. Can. J. Plant Sci., 46: 77-85.

Flinn, A.M., (1969). A nutritional study of fruit maturation in *Pisum arvense* L. Thesis doctoral. Queen's University. Belfast.

Flinn, A.M.; Pate, J.S., (1968). Biochemical and physiological changes during maturation of fruit of the field pea (*Pisum arvense* L.). Ann. Bot., 32: 479-495.

Flinn, J.C.; Garrity, D.P., (1989). Yield stability and modern rice technology. En: Variability in Grain Yield: Implications for Agricultural Research and Policy in Developing Countries. J.R. Anderson y P.B.R. Hazell (eds.), John Hopkins University Press, Baltimore, pp. 251-264.

Flores, F.; Moreno, M.T.; Cubero, J.I., (1998). A comparison of univariate and multivariate methods to analyze GxE interaction. Field Crops Res., 56: 271-286.

Fox, P.N.; Crossa, J.; Romagosa, I., (1997). Multi-environment testing and genotype x environment interaction. En: Statistical Methods for Plant Variety Evaluation. R.A. Kempton, P.N. Fox (eds.), Chapman y Hall, London, pp. 117-137.

Fox, P.N.; Rosielle, A.A., (1982a). Reference sets of genotypes and selection for yield in unpredictable environments. Crop Sci., 22: 1171-1175.

Fox, P.N.; Rosielle, A.A., (1982b). Reducing the influence of environmental main-effects on pattern analysis of plant breeding environments. Euphytica, 31: 645-656.

Fox, P.N.; Rosielle, A.A.; Boyd, W.J.R., (1985). The nature of genotype x environment interactions for wheat yield in Western Australia. Field Crops Res., 11: 387-398.

Fox, P.N.; Skovmand, B.; Thompson, B.K.; Braun, H.J.; Cormier, R., (1990). Yield and adaptation of hexaploid spring triticale. Euphytica, 47: 57-64.

Francis, T.R.; Kannenberg, L.W., (1978). Yield stability studies in short-season maize. I A descriptive method for grouping genotypes. Can. J. Plant Sci., *58:* 1029-1034.

Franco, F., (1999). Futuro de las leguminosas de grano en el período 2000-2006. Vida Rural, pp. 30-32.

Freeman, G.H., (1973). Statistical methods for the analysis of genotype-environment interactions. Heredity, 31: 339-354.

Freeman, G.H., (1990). Modem statistical methods for analyzing genotype x environment interactions. En: Genotype-by-Environment Interaction and Plant Breeding. M.S. Kang *(*ed.), LSU Agricultural Center, Baton Rouge, pp. 118-125.

Freeman, G.H.; Perkins, J.M., (1971). Environmental and genotype-environmental components of variability. VIII Relations between genotypes grown in different environments and measures of these environments. Heredity, 27: 15-23.

French, R.J.; Kan, T.N., (1997). Plant characters associated with high seed yield of field pea (*Pisum sativum* L.) in a Mediterranean environment: dry matter production and harvest index. International Food Legume Research Conference III. Adelaide, p.115.

Gabriel, K.R., (1971). The biplot graphic display of matrices with application to principal components analysis. Biometrika, 58: 453-467.

Gallais, A., (1992a). Adaptation et adaptabilité en amélioration des plantes. Sel FR., 42: 55-57.

Gallais, A., (1992b). Bases génétiques et stratégie de sélection de l'adaptation générale. Sel FR., 42: 59-78.

Gauch, H.G., (1988). Model selection and validation for yield trials with interaction. Biometrics, 44: 705-715.

Gauch, H.G., (1990). Using interaction to improve yield estimates. En: Genotype-by-Environment Interaction and Plant Breeding. M.S. Kang (Ed.). Louisiana University. Baton Rouge, pp. 141-150.

Gauch, H.G., (1992). Statistical Analysis of Regional Yield Trials: AMMI Analysis of Factorial Designs. Elsevier, Amsterdam, 278 pp.

Gauch, H.G.; Zobel, R.W., (1988). Predictive and postdictive success of statistical analyses of yield trial. Theor. Appl. Genet., 76: 1-10.

Gauch, H.G.; Zobel, R.W., (1996). AMMI analysis of yield trials. En: Genotype-by-Environment Interaction. M.S. Kang, H.G. Gauch (eds.), CRC Press, Boca Raton, pp. 85-122.

Gauch, H.G.; Zobel, R.W., (1997). Identifying mega-environments and targeting genotypes. Crop Sci., 37: 311-322.

Gent, G.P., (1988). Pea Growing Handbook. Peterborough, England, 264 pp.

Gollob, H.F., (1968). A statistical model which combines features of factor analytic and analysis of variance techniques. Psychom., 33: 73-115.

Gorman, D.P.; Kang, M.S.; Milam, M.R., (1989). Contribution of weather variables to genotype x environment interaction in grain sorghum. Plant Breed., 103: 299-303.

Gowda, C.L.L.; Ali, M.; Erskine, W.; Halila, H.; Johansen, C.; Kusmenoglu, Y.; Mahmoud, S.A.; Malik, B.A.; Meskine, M.; Rahman, M.M.; Sapkota, R.P.; Xuxuao, Z., (1997). Trend in support for research and development of cool season food legumes in the developing countries. International Food Legume Research Conference III. Adelaide, p. 26.

Gray, E., (1982). Genotype-environment interactions and stability analysis for forage yield of orchardgrass clones. Crop Sci., 22: 19-23.

Griffiths, D.W., (1982). The polyphenolic content and enzyme inhibitory activity of testas from bean (Vicia faba and pea (*Pisum* spp.) varieties. Nutr. Abst. Rev., 52: 1584.

Grimm, S.S.; Jones, J.W.; Boote, K.J.; Heskeh, J.D., (1993). Parameter estimation for predicting flowering date of soybean cultivars. Crop Sci., 33: 137-144.

Grosjean, F., (1985). Combining pea for animal feed. En: The Pea Crop. P.D. Hebblethwaite, M.C. Heath, T.C.K. Dawkins (eds.). Butterworths. London, pp. 154-462.

Gueguen, J.; Barbot, J., (1988). Quantitative and qualitative variability of pea (*Pisum sativum* L.) protein composition. J. Sci. Food Agric., 42: 209-224.

Hamblin, J.; Fisher, H.M.; Ridings, H.I., (1980). The choice of locality for plant breeding when selecting for high yield and general adaptation. Euphytica, 29: 161-168.

Hamdi, A.; Erskine, W.; Gates, P., (1991). Relationships among economic characters in lentil. Euphytica, 57: 109-116.

Hardman, L.L.; Brun, W.A., (1971). Effect of atmospheric carbon dioxide enrichment at different developmental stages on growth and yield components of soybeans. Crop Sci., 11: 886-888.

Hardwick, R.C., (1988). Critical physiological traits in pulse crops. En: World Crops: Cool Season Food Legumes. R.J. Summerfield (ed.). Kluwer Academic Publishers, pp. 885-896.

Hardwick, R.C.; Wood, J.T., (1972). Regression methods for studying genotype-environment interactions. Heredity, 28: 209-222.

Haro de, A., (1983). La calidad nutritiva de las leguminosas-grano y su control genético. En: Leguminosas de Grano. J.I. Cubero; M.T. Moreno (eds.), Mundi-Prensa, pp. 211-247.

Harvey, D.M., (1971). Translocation of ^{14}C in *Pisum sativum* L. tissue. Annual Report, John Innes Institute, Norfolk, 62: 35.

Haussmann, B.I.G.; Geiger, H.H., (1994). Effects of heterozygosity and heterogeneity on the adaptation of sorghum *(Sorghum bicolor* (L) Moench) to a semiarid area of Kenya. En: Biometrics in Plant Breeding: Applications of Molecular Markers. J.W. *Van* Ooijen, J. Jansen (eds.), Proccedings of the ninth meeting of the EUCARPIA Section Biometrics in Plant Breeding, Wageningen, pp. 107-115.

Heath, M.C.; Hebblethwaite, P.D., (1984). A basis for improving the dried pea crop. Outlook Agric., 14: 195-202.

Heath, M.C.; Hebblethwaite, P.D., (1987). Agronomic problems associated with the pea crops. En: The Pea Crop. P.D. Hebblethwaite, M.C. Heath, T.C.K. Dawkins (eds.). Butterworths. London, pp. 19-29.

Hebblethwaite, P.D.; Hawtin, G.C.; Lutman, P.J.W., (1983). The husbandry of establishment and maintenance. En: The Faba Bean (*Vicia faba* L.). P.D. Hebblethwaite (ed.). Butterworths. London, pp. 271-312.

Hedley, C.L.; Ambrose, M.J., (1981). Designing “leafless” plants for improving yields of the dried pea crop. Adv. Agron., 34: 225-227.

Hedley, C.L.; Ambrose, M.J., (1985). The application of plant physiology to the development of dried pea crop plants. En: The Pea Crop. P.D. Hebblethwaite, M.C. Heath, T.C.K. Dawkins (eds.). Butterworths. London, pp. 95-104.

Heitholt, J.J.; Egli, D.B.; Leggett, J.E., (1986). Characteristics of reproductive abortion in soybean. Crop Sci., 26: 589-595.

Hoogendoom, J.; Pfeiffer, W.H.; Rajaram, S.; Gale, M.D., (1988). Adaptive aspects of dwarfing genes in CIMMYT germplasm. En: Proceedings of the Seventh International Wheat Genetics Symposium, Held at Cambridge, UK, pp. 1093-1100.

Hühn, M., (1990). Nonparametric estimation and testing of genotype x environment interactions by ranks. En: Genotype by Environment Interaction and Plant Breeding. M.S. Kang (ed.), Louisiana State University, Baton Rouge, pp. 69-93.

Hühn, M., (1996). Nonparametric analysis of genotype x environment interactions by ranks. En: Genotype by Environment Interaction. M.S. Kang, H.G. Gauch (eds.), CRC Press, Boca Raton, New York, pp. 235-271.

Hühn, M.; Lolito, S.; Piepho, H.P., (1993). Relationships between genotype x environment interactions and rank orders for a set of genotypes tested in different environments. Theor. Appl. Genet., 86: 943-950.

Husain, M.M.; Hill, G.D.; Gallagher, J.N., (1988). The response of field beans (*Vicia faba* L.) to irrigation and sowing date. 1: Yield and yield components. J. Agric. Sci. Camb., 111: 221-232.

INIA, (1977). El Encín. "Suelo y Clima". Dpto. de Ecología. INIA. Madrid, 214 pp.

INM, (1995). Calendario meteorológico Ministerio de Obras Públicas, Transportes y Medio Ambiente (ed.). Instituto Nacional de Meteorología, 284 pp.

Jalaluddin, M.D.; Harrison, S.A., (1993). Repeatability of stability estimators for grain yield in wheat. Crop Sci., 33: 720-725.

Jannink, J.L.; Liebman, M.; Merrick, L.C., (1996). Biomass production and nitrogen accumulation in pea, oat and vetch green manure mixtures. Agron. J., 88 : 231-240.

Jeuffroy, M.H., (1991). Pois protéagineux et fortes températures. Perspect. Agric., 154: 87-93.

Jeuffroy, M.H., (1994). Composantes du rendement. Le nombre de graines par tige. En: Agrophysiologie du Pois Protéagineux. Applications à la Production Agricole. B. Ney, E. Duchêne, B. Carrouée, F. Angevin (eds.), INRA, ITCF, UNIP. Paris, pp. 93-110.

Jeuffroy, M.H.; Duthion, C.; Meynard, J.M., Pigeaire, A., (1990). Effect of a short period of high day temperatures during flowering on the seed number per pod of pea (*Pisum sativum* L.). Agronomie, 2: 139-145.

Johnston, T.J.; Pendleton, J.W.; Peters, D.B.; Hicks, D.R., (1969). Influence of supplemental light on apparent photosynthesis, yield, and yield components of soybeans (*Glycine max* L.). Crop Sci., 9: 557-581.

Kang, M.S., (1988). A Rank-sum method for selecting high-yielding, stable corn genotypes. Cereal Res. Commun., 16: 113-115.

Kang, M.S.; Gauch, H.G., (1996). Genotype by Environment Interaction. CRC Press, Boca Raton, New York, 416 pp.

Kang, M.S.; Pham, H.N., (1991). Simultaneous selection for high yielding and stable crop genotypes. Agron. J. 83: 161-165.

Kempton, R.A., (1984). The use of biplots in interpreting variety by environment interactions. J. Agr. Sci. Camb., 103: 123-135.

Ketata, H.; Yan, S.K.; Nachit, M., (1989). Relative consistency performance across environments, Int. Sym. on Physiology and Breeding of Winter Cereals for Stressed Mediterranean Environments. Montpellier.

Knight, R., (1970). The measurement and interpretation of genotype environment interaction. Euphytica, 19: 225-235.

Kwon, S.H.; Torrie, J.H., (1964). Heritability of and interrelationships among traits of two soybean populations. Crop Sci., 95: 795-797.

Langer, I.; Frey, K.J.; Bailey, T., (1979). Associations among productivity production response and stability indexes in oat varieties. Euphytica, 28: 17-24.

Lawn, R.J., (1988). Breeding for improved plant performance in drought-prone environments. En: Drought Research Priorities for the Dry Land Tropics, F.R. Bidinger, C. Johansen (eds.), ICRISAT, Patancheru.

León, J., (1985). Beitrage zur erfassung der phánotypischen stabiiität unter besonderer berüecksichtigung unterschiediincher heteroge- nitáts- und heterozygotiegrade sowie einer zusammenfassenden beurteifung ven ertragshó-he und ertragssicherheit. Dissertation, Christian-Albrechts-Universität Kiel.

Lin, C.S.; Binns, M.R., (1988). A superiority measure of cultivar performance for cultivar x location data. Can. J. Plant Sci., 68: 193-198.

Lin, C.S.; Binns, M.R., (1989). Comparison of unpredictable environmental variation generated by year and by seeding-time factors for measuring type 4 stability. Theor. Appl. Genet., 78: 61-64.

Lin, C.S.; Binns, M.R.; Lefkovitch, L.P., (1986). Stability analysis: Where do we stand?. Crop Sci., 26: 894-900.

Ludlow, M.M.; Muchow, R.C., (1989). A critical evaluation of traits for improving crops yield in water-limited environments. Adv. Agron., 43: 107-153.

Lumen de, B.O., (1990). Molecular approaches to improving the nutritional and functional properties of plant seeds as food sources: developments and comments. J. Agric. Food Chem., 38: 1779-1788.

Mahon, J.D., (1990). Photosynthetic carbon dioxide exchange, leaf area, and growth of field-grown pea genotypes. Crop Sci., 30: 1093-1098.

Mandel, J., (1961). Non-additivity in two- way analysis of variance. J. Am. Stat. Assoc., 56: 878-888.

Mandel, J., (1969). The partitioning of interaction in analysis of variance. Journal of Research of the National Bureau of Standards B. Mathematical Sciences. 73: 309-328.

Mandel, J., (1971). A new analysis of variance model for non-additive data. 13: 1-18.

MAPA (1999). Anuario de Estadística Agroalimentaria. Ministerio de Agricultura, Pesca y Alimentación (ed.). 704 pp.

Marquardt, R.R.; Bell, J.M., (1988). Future potential of pulses for use in animal feeds. En: World Crops: Cool Season Food Legumes. R.J. Summerfield (ed.). Kluwer Academic Publishers, pp. 421-444.

Martín, I.; Tenorio, J.L.; Ayerbe, L., (1994). Yield, growth, and water use of conventional and semileafless peas in semiarid environments. Crop Sci., 34: 1576-1583.

Marx, G.A., (1985). The pea genome: a source of immense variation. En: The Pea Crop. P.D. Hebblethwaite, M.C. Heath, T.C.K. Dawkins (eds.). Butterworths, London, pp. 45-54.

Matthews, P.; Arthur, E., (1985). Genetic and environmental components of variation in protein content of peas. En: The Pea Crop. P.D. Hebblethwaite, M.C. Heath, T.C.K. Dawkins (eds.). Butterworths. London, pp. 369-381.

Maurer, A.R.; Ormrod, D.P.; Flecher, H.F., (1968). Response of peas to environment IV. Effect of five soil water regimes on growth and development of peas. Can. J. Plant Sci., 48: 129-137.

May, K.W.; Kozub, G.C., (1993). Genotype x environment interactions for two-row barley grain yield and implications for selection of genotypes. Can. J. Plant Sci., 73: 939-946.

Mcallister, D.F.; Krober, O.A., (1958). Response of soybeans leaf and pod removal. Agron. J., 50: 674-677.

Meadley, J.Y.; Milbourn, G.M., (1970). The growth of vining peas. II The effect of density of planting. J. Agric. Sci. Camb., 74: 273-278.

Menz, K.M., (1980). A comparative analysis of wheat adaptation across international environments using stochastic dominancia and pattern analysis. Field Crops Res., 3: 33-41.

Mercier, C., (1979). Les galactosides des graines de légumineuses. En: Les matières Premières et Alimentation de Volailles. INRA (ed.), Paris, pp. 79-89.

Metayer, J.P.; Grosjean, F.; Peyronnet, C.; Carrouée, B., (1992). Composition of peas grown in France for animal feeding: results of surveys. En: Proceeding of the 1th European Conference on Grain Legumes. AEP (ed.), Angers, pp. 447-448.

Molina-Cano, J.L.; García Del Moral, L.F.; Ramos, J.M.; García Del Moral, M.B.; Jiménez-Tejada, P.; Romagosa, I.; Roca De Togores, F., (1990). Quantitative phenotypical expression of three mutant genes in barley and the basis for defining an ideotype for Mediterranean environments. Theor. Appl. Genet., 80: 762-768.

Mooers, C.A., (1921). The agronomic placement of varieties. J. Am. Soc. Agron., 13: 337-352.

Moore, S. O'brien, L., (1997). Phenology and grain yield of field pea. International Food Legume Research Conference III. Adelaide, p.117.

Moreno, M.T., (1983). Las leguminosas de grano: una visión de conjunto. En: Leguminosas de Grano. J.I. Cubero; M.T. Moreno (eds.), Mundi-Prensa, pp. 15-34.

Moreno-González, J.; Crossa, J., (1997). Combining genotype, environment and attribute variables in regression models for predicting the cell-means of multi-environment cultivar trial. Theor. Appl. Genet., 96: 803-811.

Morgan, J.M.; Hare, R.A.; Fletcher, R.J., (1986). Genetic variation in osmoregulation in bread and durum wheats and its relationship to grain yield in a range of field environments. Aust. J. Agric. Res., 37: 449-457.

Muchow, R.C., (1985). Phenology, seed yield and water use of grain legumes grown under different soil water regimes in a semi-arid tropical environment. Field Crops Res., 11: 81-97.

Muehlbahuer, F.J.; Cubero, J.I.; Summerfield. R.J., (1985). Lentil (*Lens culinaris* Medic.). En: Grain Legume Crops. R.J. Summerfield, E.H. Roberts (eds.), Collins, pp. 266-311.

Müller, P.; Weber, W.E.; Ssteinrücken, G.; Diener, G., (1994). Classification of locations in sugar beet trials. Eucarpia, Wageningen, p. 4.

Munier-Jolain, N.; Ney, B., (1994). Composantes du rendement. Analyse de la variabilité inter annuelle du pois d'une graine. En: Agrophysiologie du Pois Protéagineux. Applications à la Production Agricole. B. Ney, E. Duchêne, B. Carrouée, F. Angevin (eds.), INRA, ITCF, UNIP. Paris, pp. 111-116.

Nachit, M.M., (1989). Moisture stress tolerance and yield stability in durum wheat (*Triticum durum* L. var. *durum*) under Mediterranean dryland conditions. En: Science for Plant Breeding. EUCARPIA congress, Göttingen, Germany.

Nachit, M.M.; Nachit, G.; Ketata, H.; Gauch, H.G.; Zobel, R.W., (1992a). Use of AMMI and linear regression models to analyse genotype-environment interaction in durum wheat. Theor. Appl. Genet., 83: 597-601.

Nachit, M.M.; Ouassou, A., (1988). Association of yield potential, drought tolerance and stability of yield in *Triticum durum* L. var. *durum.* En: Proceedings of the Int. Wheat Genetics Symposium. Inst. of Plant Science, Cambridge, pp. 867-870.

Nachit, M.M.; Sorrelis, M.E.; Zobel, R.W.; Gauch, H.G.; Fischer, R.A.; Coffman, W.R., (1992b). Association of morpho-physiological traits with grain yield and components of genotype-environment interaction in durum wheat. I. J. Genet. Breed., 46: 363-368.

Nachit, M.M.; Sorrelis, M.E.; Zobel, R.W.; Gauch, H.G.; Fischer, R.A.; Coffman, W.R., (1992c). Association of environmental variables with sites mean grain yield and components of genotype-environment interaction in durum wheat. II. J. Genet. Breed., 46: 369-372.

Ney, B., (1994). Modélisation de la croissance aérienne d'un peuplement de pois. En: Agrophysiologie du Pois Protéagineux. Applications à la Production Agricole. B. Ney, E. Duchêne, B. Carrouée, F. Angevin (eds.), INRA, ITCF, UNIP. Paris, pp. 39-48.

Ney, B.; Dumoulin, V., (1994). Variabilité génétique du développement du pois. Analyse critique de la notion de précocité. En: Agrophysiologie du Pois Protéagineux. Applications à la Production Agricole. B. Ney, E. Duchêne, B. Carrouée, F. Angevin (eds.), INRA, ITCF, UNIP. Paris, pp. 229-238.

Ney, B.; Duthion, C.; Fontaine, E., (1993). Timing of reproductive abortions in relation to cell division, water content and growth of the seeds of pea seeds. Crop Sci., 33: 267-270.

Ney, B.; Duthion, C.; Turc, O., (1994). Phenological response of pea to water stress during reproductive. Crop Sci., 34: 141-146.

Ney, B.; Turc, O., (1993). Heat-unit based description of the reproductive development of pea. Crop Sci., 33: 510-514.

Ney, B.; Turc, O., (1994). Modélisation du développement reproducteur du pois en conditions non limitantes. En: Agrophysiologie du pois protéagineux. Applications à la Production Agricole. B. Ney, E. Duchême, B. Carrouée, F. Angevin (eds.), UNIP-ITCF-INRA, FNAMS, Paris, pp. 27-34.

Nguyen, H.T.; Sleper, D.A.; Hunt, K.L., (1980). Genotype environment interactions and stability analysis for herbage yield of tall fescue syntheties. Crop Sci., 20: 221-224.

Nofsinger, L.S.; Santen, E., (1995). Yield and yield components of spring-sown white lupin in the southeastern USA. Agron. J., 87: 493-497.

Okuno, T.; Kikuchi, F.; Kumagai, K.; Okuno, C.; Shiyomi, M.; Tabuchi, H., (1971). Evaluation of varietal performance in several environments. Bulletin of the National Institute of Agricultural Sciences, Tokyo, 18: 93-147.

Ombakho G.A. Miller F.R. (1994). Performance, stability, and prediction of performance in single, three way, and double-cross hybrids of sorghum. Int. Sorghum Millets Newsl. 35: 77.

Ouattar, S.; Jones, R.J.; Crookston, R.K.; Kajeiou, M., (1987). Effect of drought on water relations of developing maize kernels. Crop. Sci., 27: 730-735.

Pandey, J.P.; Torrie, J.H., (1978). Path coefficient analyses of seed yield components in soybeans (*Glycine max* (L.) Merr.). Crop Sci., 13: 505-507.

Pandey, S.; Gritton, E.T., (1975). Genotypic and phenotypic variances and correlations in peas. Crop Sci., 15: 353-356.

Parisot-Baril, C., (1992). Étude de la stabilité du rendement chez le blé tendre d'hiver *(Triticum aestivum* L. Thell*.)* Thése de doctorat de l'université Paris-Sud.

Pate, J.S. (1975). Pea. En: Crop Physiology. L.T. Evans (ed.), University Press, Cambridge, 374 pp.

Patel, J.D.; Reinbergs, E.; Mather, D.E.; Choo, T.M.; Sterling, J.D.E., (1987). Natural selection in a doubled-haploid mixture and a composite cross of barley. Crop Sci., 27: 474-479.

Paton, D.M., (1968). Photoperiod and temperature control of flower initiation in the late pea cultivar Greenest. Aust. J. Biol. Sci., 21: 609-617.

Perkins, J.M.; Jinks, J.L., (1968a). Environmental and genotype-environmental components of variability. III. Multiple lines and crosses. Heredity, 23: 339-356.

Pfeiffer, W.H., (1988). Drought tolerance in bread wheat – Analysis of yield improvement over the years in CIMMYT germoplasm. En: Wheat Production Constraints in Tropical Environments. A.R. Klatt (ed.), CIMMYT, Mexico, pp. 274-278.

Pfeiffer, W.H.; Braun, H.J., (1989). Yield stability in bread wheat. En: Variability in Grain Yields: Implications for Agricultural Research and Policy in Developing Countries. J. R. Anderson, P.B.R. Hazell (eds.), Johns Hopkins University Press, Baltimore, pp. 157-174.

Picard, J., (1984). Quelques caractéristiques protéine communes d'intérêt agronomique. Journée nationale sur les protéagineux. Pourquoi pois?. 22 pp.

Pigeaire, A., (1984). Elaboration des composantes du rendement chez le soja de type indéterminé (cv. Hodgson et Kingsoy). Thèse de Docteur-Ingénieru, INP, Toulouse, 163 pp.

Pinthus, M.J., (1973). Estimate of genotypic value: a proposed method. Euphytica, 22: 121-123.

Pumphrey, F.V.; Raming, R.E.; Allmaras, R.R., (1979). Field response of peas (*Pisum sativum* L.) to precipitation and excess heat. J. Am. Soc. Hortic. Sci., 104: 548-550.

Rameau, C.; Denis, J.B., (1992). Characterization of environments in long-term multi-site trials in *Asparagus*, through yield of standard varieties and use of environmental covariates. Plant Breed., 109: 183-191.

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.

Rathjen, A.J.; Pederson, D.G., (1986). Selecting for improved grain yields in variable environments. DSIR Plant Breeding Symposium. Agronomy Society. Special Publication 5, N.Z. Agronomy Society.

Reddy, S.J.; Mcginnis, J.: Muehlbauer, F.; Campbell, A., (1979). Methionine content and availability in varieties and breeding lines of peas for chickens. Poult. Sci., 58: 376-381.

Ridge; P.E.; Pye, D.L., (1985). The effects of temperature and frost at flowering on the yield of peas grown in a Mediterranean environment. Field Crops Res., 12: 339-346.

Roche, R., (1996). Prévision du nombre de nœuds reproducteurs chez le pois en conditions potentielles. En Forum Pois. Paris. UNIP (ed.), pp. 14-15.

Rodríguez-Maribona, B.; Tenorio, J.L.; Conde, J.R. Ayerbe, L., (1992). Correlation between yield and osmotic adjustment of peas (*Pisum sativum* L.) under drought stress. Field Crops Res., 29: 15-22.

Rodríguez-Maribona, B.; Tenorio, J.L.; Conde, J.R.; Ayerbe, L., (1993). Rendimiento y sus componentes en variedades de guisante (*Pisum sativum* L.) con diferentes grados de estrés hídrico. Invest. Agr.: Prod. Veg., 8: 153-164.

Roemer, T., (1917). Sind die ertragsreichen sorten ertragssicherer?. Mitt. DLG, 32: 87-89.

Romagosa, I.; Fox, P.N., (1993). Genotype x environment interaction and adaptation. En: Plant Breeding: Principles and Prospects. M.D. Hayward, N.O. Bosemart, I. Romagosa (eds.), Chapman and Hall, London, pp. 373-390.

Romagosa, I.; Fox, P.N.; Garcia Del Moral, L.F.; Ramos, J.M.; Garcia Del Moral, B.; Roca De Togores Y F.; Molina-Cano J.L., (1993). Integration of statistical and physiological analyses of adaptation of near-isogenic barley lines. Theor. Appl. Genet., 86: 822-826.

Rosielle, A.A.; Hamblin, J., (1981). Theoretical aspects of selection for yield in stress and non-stress environments. Crop Sci., 21: 943-946.

Saeed, M.; Francis, C.A., (1984). Association of weather variables with genotype x environment interactions in grain sorghum. Crop Sci., 24: 13-16.

Saindon, G.; Schaalje, G.B., (1993). Evaluation of locations for testing dry bean cultivars in western Canada using statistical, procedures, biological interpretation and multiple traits. Can. J. Plant Sci., 73: 985-994.

Salter, P.J., (1963). The effect of wet or dry soil conditions at different growth stages on the components of yield of pea crop. J. Hortic. Sci., 38: 321-334.

Salter, P.J.; Drew, D.H., (1965). Root growth as a factor in the response of *Pisum sativum* L. to irrigation. Nature, 206: 1063-1064.

Sangakkara, V.R., (1989). Relationship between seed characters, plant growth and yield parameters of *Phaseolus vulgaris*. J. Agron. Crop Sci., 163: 105-189.

SAS Institute Inc., (1988). SAS/STAT user's guide, release 6.03 edition. SAS Institute Inc. (ed.). Cary, N.C., U.S.A. 1028 pp.

Savage, G.P., (1989). Antinutritive factors in peas. En: Recent Advances of Research in Antinutritional Factors in Legume Seeds. J. Huisman, R.F.B. van der Poel, I.E. Liener (eds.). Pudoc, Wageningen, pp. 342-350.

Scheffé, H., (1959). The analysis of variance. John Wiley, New York.

Schnell, F.W.; Schnidt, C., (1975). The association of earliness with yield during generative development of maize hybrids. Cereal Res. Commun.,3: 215-225.

Schroeder, H.E., (1982). Quantitative studies on the cotyledonary proteins in genus *Pisum*. J. Sci. Food Agric., 33: 623-633.

Senthong, C.; Pandey, R.K., (1989). Response of five food legume crops to an irrigation gradient imposed during reproductive growth. Agron. J., 81: 680-686.

Shafii, B.; Mahler, K.A.; Price, W.J.; Auld, D.L., (1992). Genotype x environment interaction effects on winter rapeseed yield and oil content. Crop Sci., 32: 922-927.

Shukla, G.K., (1972). Some statistical aspects of partitioning genotype-environmental components of variability. Heredity, 29: 237-245.

Simmonds, N.W., (1962). Variability in crop plants, its use and conservation. Biol. Rev., 37: 422-465.

Sing, P., (1991). Influence of water-deficits on phenology, growth and dry-matter allocation in chick-pea (*Cicer arietinum*). Field Crops Res., 28: 1-15.

Singh, R.K., (1985). Genotypic and phenotypic variability correlations in pea. Indian J. Agric. Sci., 55: 147-150.

Smillie, R.M., (1962). Photosynthetic and respiratory activities of growing pea leaves. Plant Physiol., 37: 716-721.

Smit, M.A.; de Beer, G.P.; Grobler, H.S.J.; Sullivan, S.C., (1992). Report on the National Soybean Cultivar Trials 1991/92. Oil and Protein Seed Centre, Department Of Agriculture, Potchefstroom, South Africa.

Snoad, B.; Arthur, A.E., (1974). Genotype-environment interactions in peas. Theor. Appl. Genet., 44: 222-231.

Stelling, D.,(1989). Problems of breeding for improved standing ability in dried peas, *Pisum sativum* L. J. Agron. Crop Sci., 163: 21-32.

Stelling, D.; Ebmeyer, E.; Link, W., (1994). Yield stability in Faba bean, *Vicia faba* L. 2. Effects of heterozygosity and heterogeneity. Plant Breed., 112: 30-39.

Summerfield, R.J.; Roberts, E.H.; Ellis, R.H.; Lawn, R.J., (1991). Towards the reliable prediction of time to flowering in six annual crops. I. The development of simple models for fluctuating field environments. Exp. Agric., 27: 11-31.

Sutcliffe, J.F.; Pate, J.S., (1977). The Physiology of the Garden Pea. Academic Press. London, 500 pp.

Sützel, H.; Aufhammer, W., (1992). Grain yield in determinate and indeterminate cultivars of *Vicia faba* with different plant distribution patterns and population densities. J. Agric. Sci. Camb., 118: 343-352.

Taweekul, N.; Mckenzie, B.A.; Hill, G.D., (1997). Environment influences on quality of pea seed. International Food Legume Research Conference III. Adelaide, p.117.

Truong, H.H.; Duthion, C., (1993). Time of flowering of pea (*Pisum sativum* L) as a function of leaf appearance and node of fist flower. Ann. Bot., 72: 133-142.

Tukey, J.W., (1949). One degree of freedom for non-additivity. Biometrics, 5: 232-242.

Turc, O., (1988). Elaboration du nombre de graines chez le pois protéagineux (*Pisum sativum* L.) (cv. Frisson, Finale et leurs homologues afila): influence du rayonnement intercepté et application au diagnostic cultural. Thèse de Doctorat, Université des Sciences et Téchniques du Languedoc, Montpellier, 95 pp.

Turc, O.; Lecoeur, J.; Combaud, S.; Wery, J., (1996). Les stress hydriques précoces: un puissant modulateur de l'architecture du pois. En: Forum Pois. UNIP (ed.), Paris, pp. 16-17.

Turc, O.; Ney, B., (1994). Déficit hydrique et mise en place des graines chez le pois. En: Agrophysiologie du pois protéagineux. Applications à la Production Agricole. B. Ney, E. Duchême, B. Carrouée, F. Angevin (eds.), UNIP-ITCF-INRA, FNAMS, Paris, pp. 171-178.

Turk, K.J.; Hall, A.E.; Asbell, C.W., (1980). Drought adaptation of cowpea. I. Influence of drought on seed yield. Agron. J., 72: 413-420.

UNIP-ITCF (1991). Le pois protéagineux. Culture-utilisation. UNIP-ITCF, INRA, FNAMS, Paris, 42 pp.

Uzun, A.; Açikgöz, E., (1998). Effect of sowing season and seeding rate on the morphological traits and yield in pea cultivars of differing leaf types. J. Agron. Crop Sci., 181: 215-222.

Valdebouze, P.; Gaborit, T., (1985). Activité antitrypsique des graines de légumineuses. Revue de l'alimentation animale. pp. 45-47.

Van Eeuwijk, F.A., (1995). Linear and bilinear models for the analysis of multi-environment trials: I. An inventory of models. Euphytica, 84: 1-7.

Van Eeuwijk, F.A.; Denis, J.B.; Kang, M.S., (1996). Incorporating additional information on genotypes and environments in models for two-way genotype by environment tables. En: Genotype by Environment Interaction. M.S. Kang, H.G. Gauch (eds.), CRC Press, Boca Raton, New York, pp. 15-49.

Van Eeuwijk, F.A.; Elgersma, A., (1993). Incorporating environmental information in an analysis of genotype by environment interaction for seed yield in perennial ryegrass. Heredity, 70: 447-457.

Van Oosterom, E.J.; Kleijn, D.; Ceccarelli, S.; Nachit, M.M., (1993). Genotype-by-environment interactions of barley in the Mediterranean Region. Crop Sci., 33: 669-674.

Vargas, M.J.; Van Eeuwijk, F.A.; Ramírez, M.E.; Sayre, K., (1999). Using partial least squares regression, factorial regression and AMMI models for interpreting genotype x environment interaction. Crop Sci., 39: 955-967.

Verma, M.M.; Chahal, G.S.; Murty, B.R., (1978). Limitations of conventional regression analysis. A proposed modification. Theor. Appl. Genet., 53: 89-91.

Vincourt, P.; Derieux, M.; Gallais, A., (1984). Quelques méthodes de choix des génotypes á partir d'essais multilocaux. Agronomie, 4: 843-848.

Voltas, J.; Van Eeuwijk, F.A.; Sombrero, A.; Lafarga, A.; Igartua, E.; Romagosa, I., (1999). Integrating statistical and ecophysiological analyses of genotype by environment interaction for grain filling of barley I. Individual grain weight. Field Crops Res., 62: 63-74.

Wallace, D.H., (1985). Physiological genetics of plant maturity, adaptation and yield. Plant Breed. Rev., 3: 21-168.

Wallace, D.H.; Baudoin, J.P.; Beaver, J.; Coyne, D.P.; Halseth, D.E.; Masaya, P.N.; Munger, H.M.; Myers, J.R.; Silbernagel, M.; Yourstone, K.S.; Zobel, R.W., (1993). Improving efficiency of breeding for higher crop yield. Theor. Appl. Genet., 86: 27-40.

Wallace, D.H.; Gniffke, P.A.; Masaya, P.N.; Zobel, R.W., (1991). Photoperiod, temperature, and genotype interaction effect on days and nodes required for flowering of bean. J. Am. Soc. Hortic. Sci., 116: 534-543.

Wallace, D.H.; Masaya, P.N., (1988). Using yields trial data to analyze the physiological genetics of yield accumulation and the genotype x environment interaction effects on yield. Annual Report of Bean and Crop Bean Improvement Cooperative, 31: 7-24.

Wallace, D.H.; Yan, W.K., (1998). Plant Breeding and Whole System Crop Physiology. Improving Adaptation, Maturity and yield. CAB International, Cambridge, UK, 390 pp.

Ward, J. H., (1963). Hierarchical grouping to optimize an objective function. J. Am. Stat. Assoc., 58: 236.

Welch, R.W.; Griffiths, D.W., (1984). Variation in the oil content and fatty acid composition of field beans and peas. J. Sci. Food Agric., 35: 1282-1289.

Westcott, B., (1986). Some methods of analysing genotype-environment interactions. Heredity, 56: 243-253.

Whan, B.R.; Anderson, W.K.; Gilmour, R.F.; Snelling, K.L.; Regan, N.C.; Turner, N.C., (1991). A role for physiology in breeding for improved wheat yield under drought stress. En: Physiology-Breeding of Winter Cereals for Stressed Mediterranean Environments. E. Acevedo, A.P. Conesa, P. Monneveux, J.P. Srivastava, (eds.), INRA-ICARDA, Versailles, pp. 179-194.

White, J.W.; González, A., (1990). Characterization of the negative association between seed yield and seed size among genotypes of common bean. Field Crops Res., 23: 159-175.

White, J.W.; Sigh, S.P.; Pino, C.; Rios, M.J., Buddenhagen, I., (1992). Effects of seed size and photoperiod response on crop growth and yield of common bean. Field Crops Res., 28: 295-307.

Williams J.H.; Saxena, N.P., (1991). The use of non-destructive measurement and physiological models of yield determination to investigate factors determining differences in seed yield between genotypes of “desi” chickpeas (*Cicer arietinum*). Ann. Appl. Biol., 119: 105-112.

Williams, J.H., (1992). Concepts for the application of crop physiological models to crop breeding. En: Groundnut-A Global Perspective. S.N. Nigam (Ed.). International Crops Research Institute for the Semi-Arid Tropics, Patancheru, India, pp. 345-352.

Worland, A.J., (1996). The influence of flowering time genes on environmental adaptability in European wheats. Euphytica, 89: 49-57.

Wricke, G, (1962). Uber eine methode zur erfassung der ökologischen streubreite in feld-versuchen. Z. Pflanzenzünchtg, 47: 92-96.

Wricke, G, (1964). Zur berchnung der Ökovalenz bei Sommerweizen und Hafer. Z. Pflanzen., 52: 127-138.

Yan W.K.; Wallace D.H., (1996). A model of photoperiod x temperature interaction effects on plant development. Critical Rev. Plant Sci., 15: 63-93.

Yates, F.; Cochran, W.G., (1938). The analysis of groups of experiments. J. Agric. Sci., 28: 556-580.

Yau, S.K., (1995). Regression and AMMI analyses of genotype x environment interactions: an empirical comparison. Agron. J., 87: 121-126.

Yau, S.K.; Ortiz-Ferrara, G.; Srivastava, J.P., (1994). Classification of bread wheat-growing environments based on differential yield responses. Crop Sci., 31: 571-576.

Zobel, R.W., (1990). A powerful statistical model for understanding genotype-by-environment interaction. En: Genotype-by-environment Interaction and Plant Breeding. M.S. Kang (Ed.). Louisiana University. Baton Rouge, pp. 126-140.

Zobel, R.W.; Wallace, D.H., (1994). The AMMI statistical model and interaction analysis. En: Handbook of Plant and Crop Physiology. M. Pessarakli (ed.), Marcel Dekker, New York, pp. 849-862.

Zobel, R.W.; Wright, M.J.; Gauch, H.G., (1988). Statistical analysis of a yield trial. Agron. J., 80: 388-393.

BIBLIOTECA VIRTUAL
MIGUEL DE CERVANTES

ANEJOS

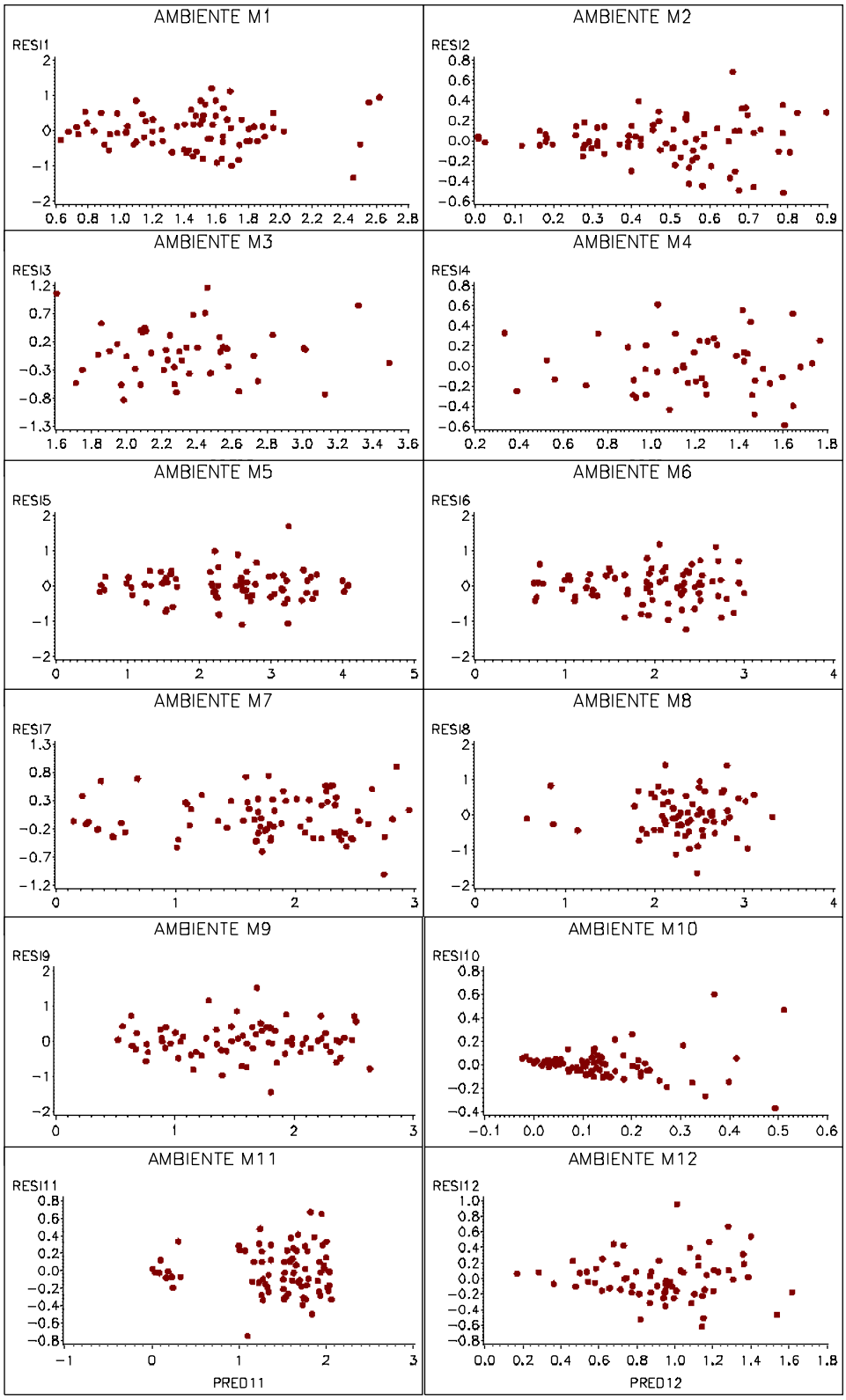


Figura I 1. Valores residuales (RES) de rendimiento en grano frente a los predichos (PRED) en el análisis de varianza de ambientes individuales (M1-M12).

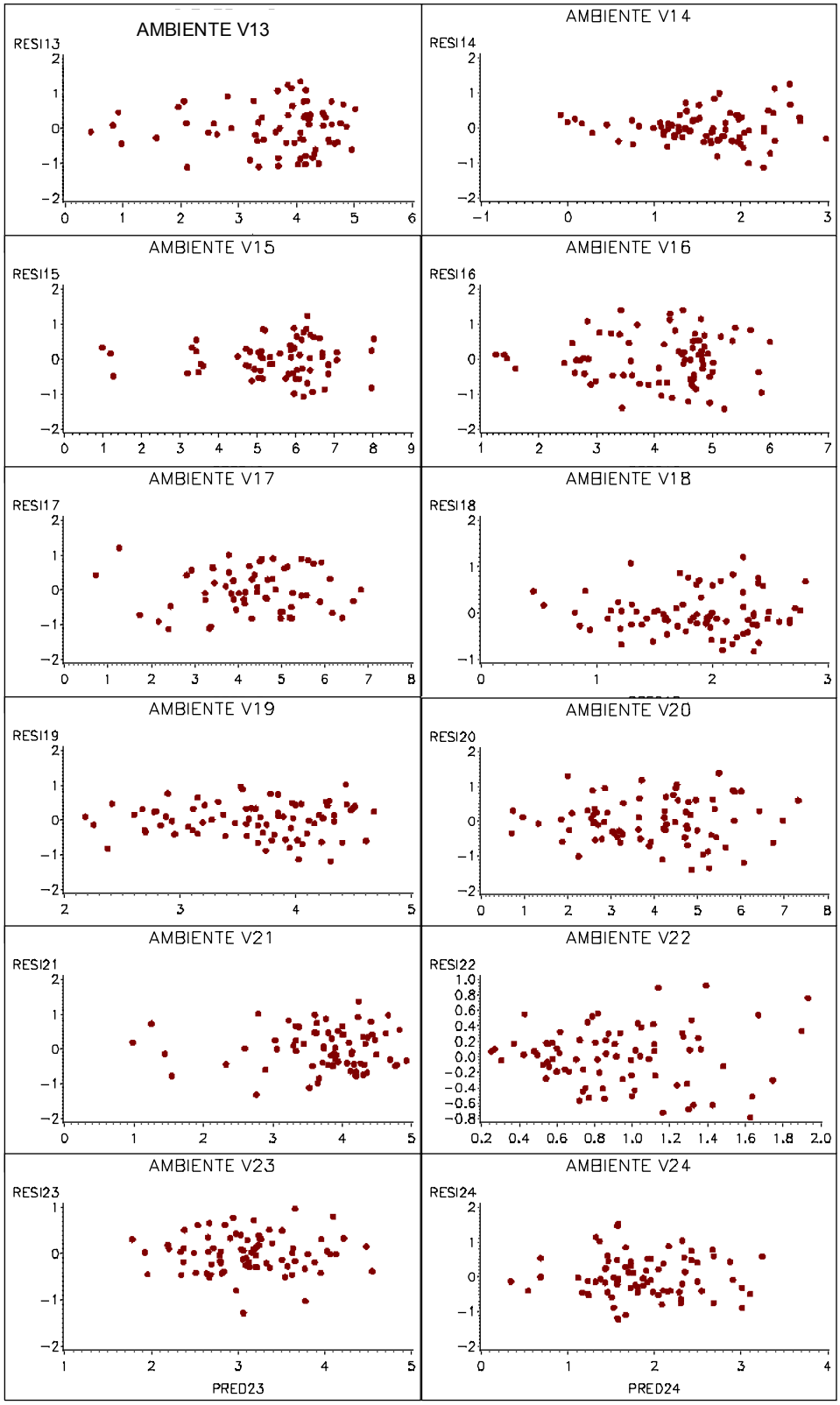


Figura I 2. Valores residuales (RES) de rendimiento en grano frente a los predichos (PRED) en el análisis de varianza de ambientes individuales (V13-V24).

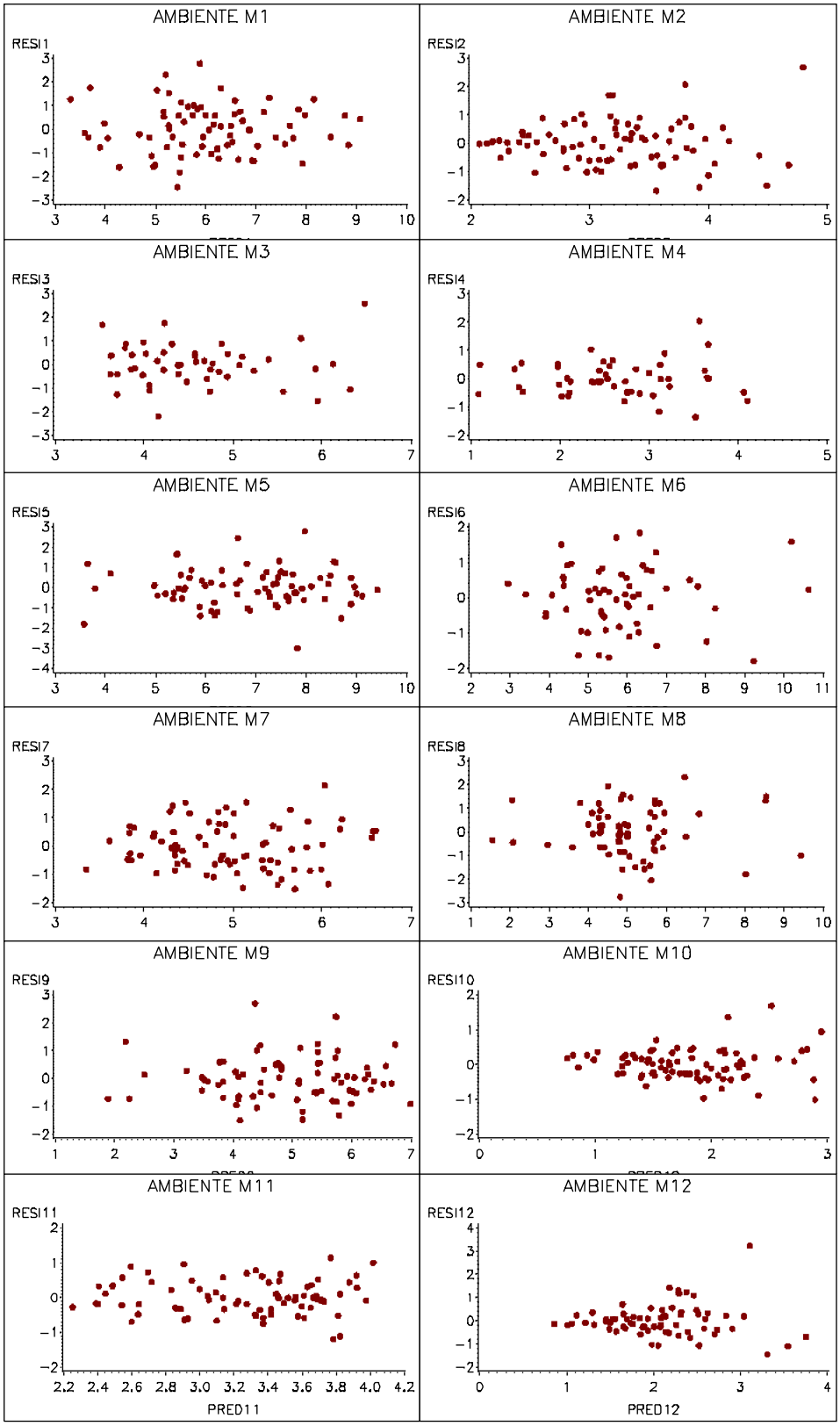


Figura I 3. Valores residuales (RES) de productividad total de biomasa frente a los predichos (PRED) en el análisis de varianza de ambientes individuales (M1-M12).

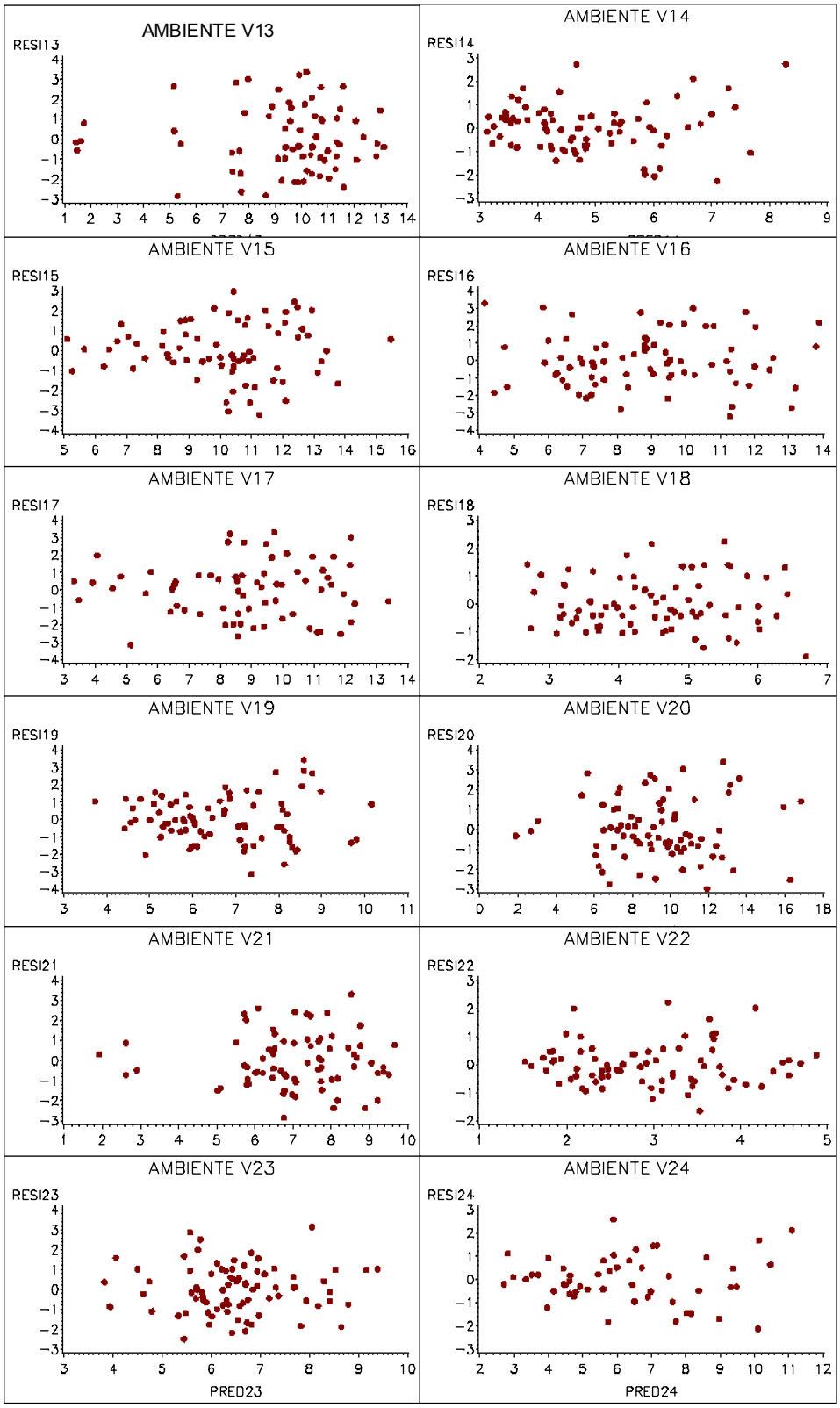


Figura I 4. Valores residuales (RES) de productividad total de biomasa frente a los predichos (PRED) en el análisis de varianza de ambientes individuales (V13-V24).

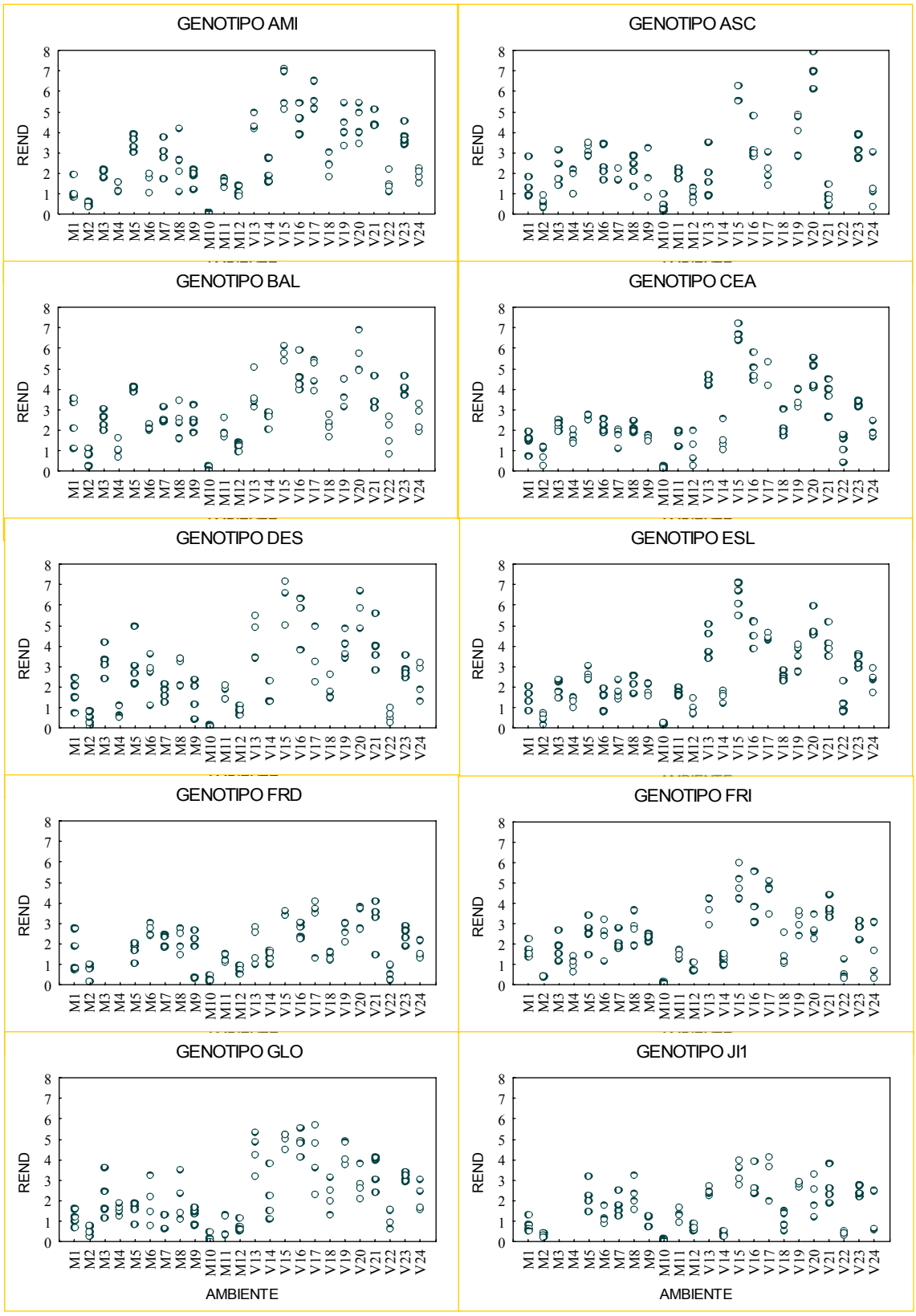


Figura II 1. Representación de la variable rendimiento en grano (REND, en 10^{-2} g m^{-2}) obtenidas por los genotipos AMI, ASC, BAL, CEA, DES, ESL, FRD, FRI, GLO y JI1, en los cuatro bloques de cada ambiente ensayado (M1 a V24).

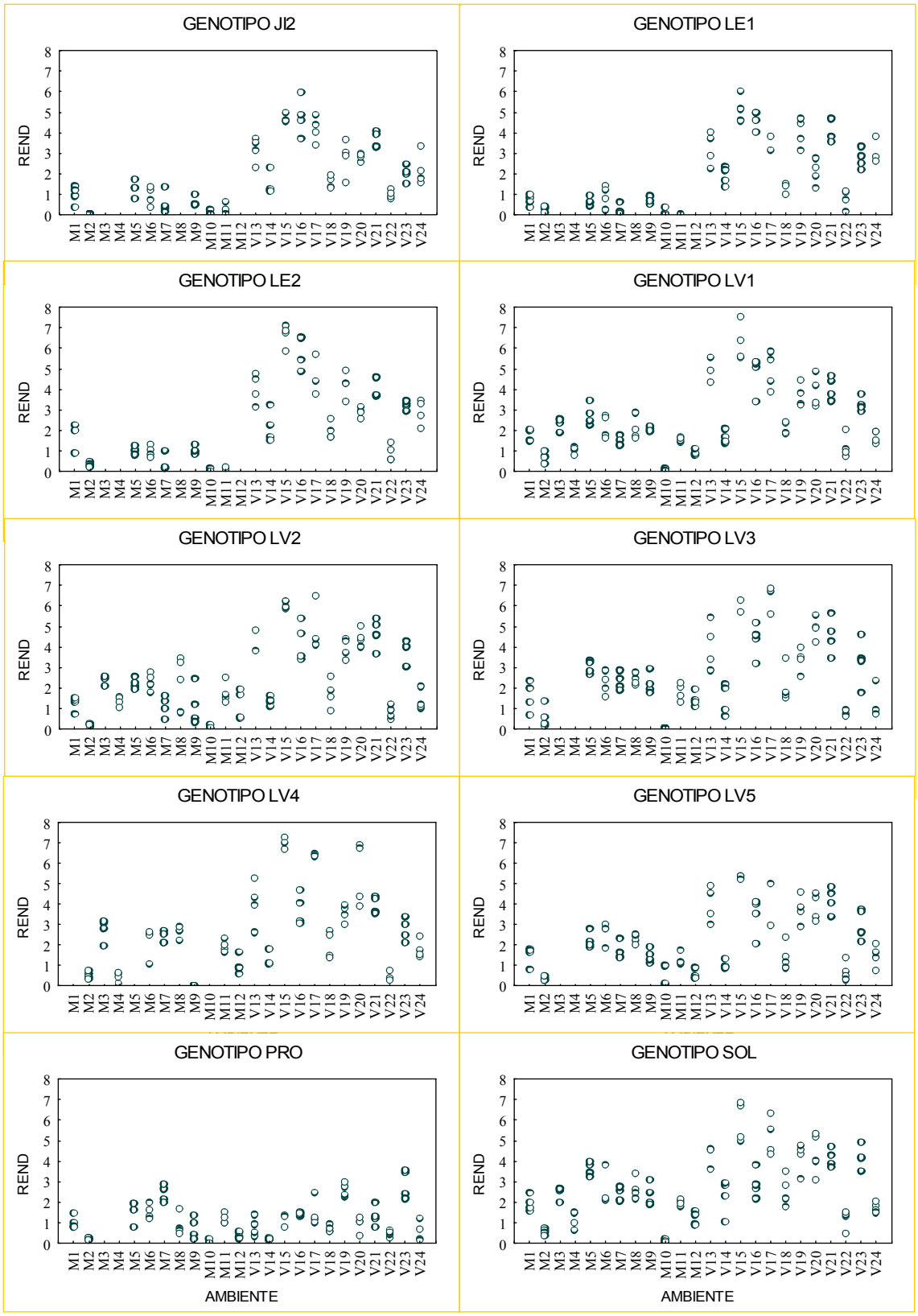


Figura II 2. Representación de la variable rendimiento en grano (REND, en 10^{-2} g m^{-2}) obtenidas por los genotipos JI2, LE1, LE2, LV1, LV2, LV3, LV4, LV5, PRO y SOL, en los cuatro bloques de cada ambiente ensayado (M1 a V24).

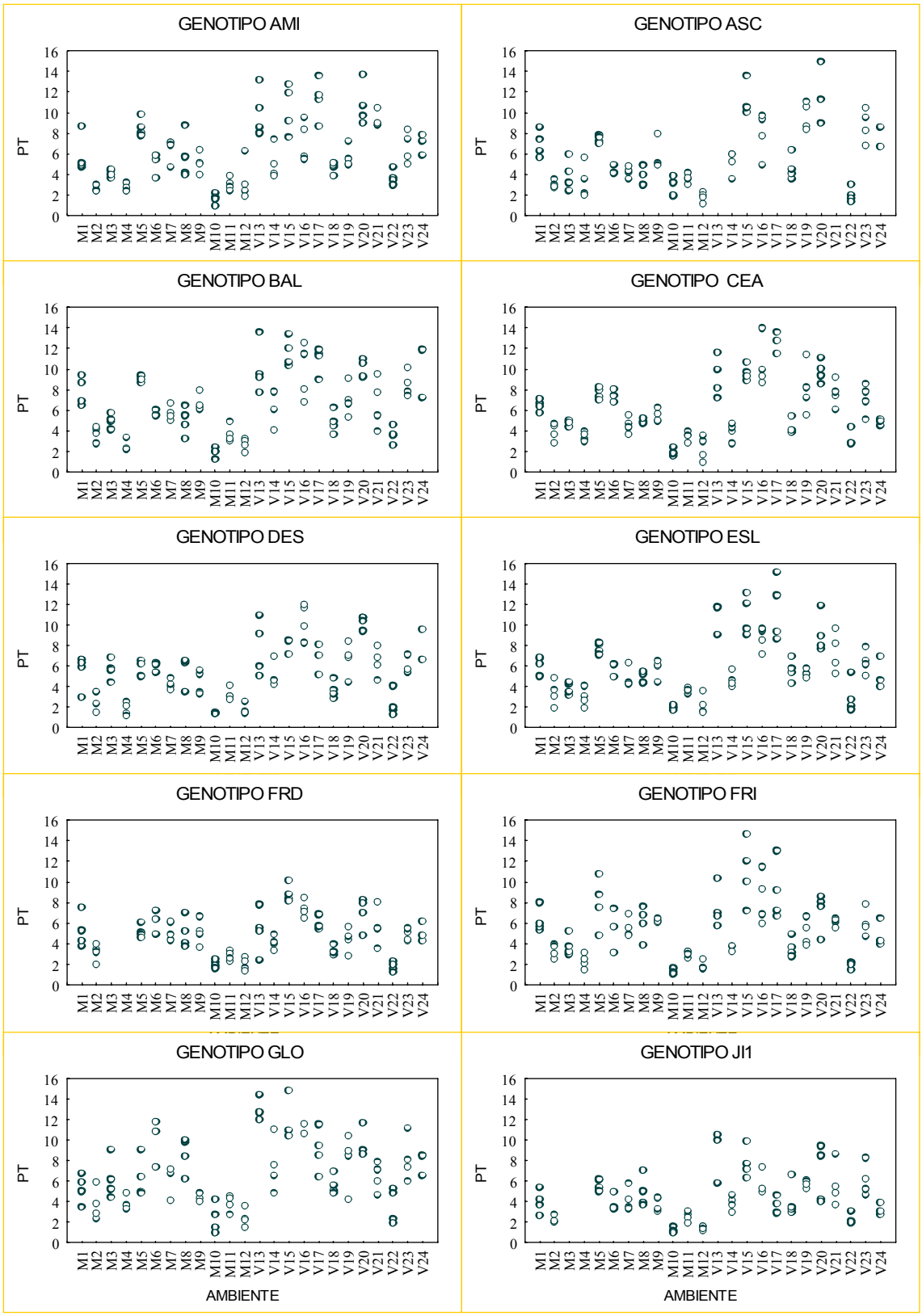


Figura II 3. Representación de la variable rendimiento en grano (PT, en 10^{-2} g m^{-2}) obtenidas por los genotipos AMI, ASC, BAL, CEA, DES, ESL, FRD, FRI, GLO y JI1, en los cuatro bloques de cada ambiente ensayado (M1 a V24).

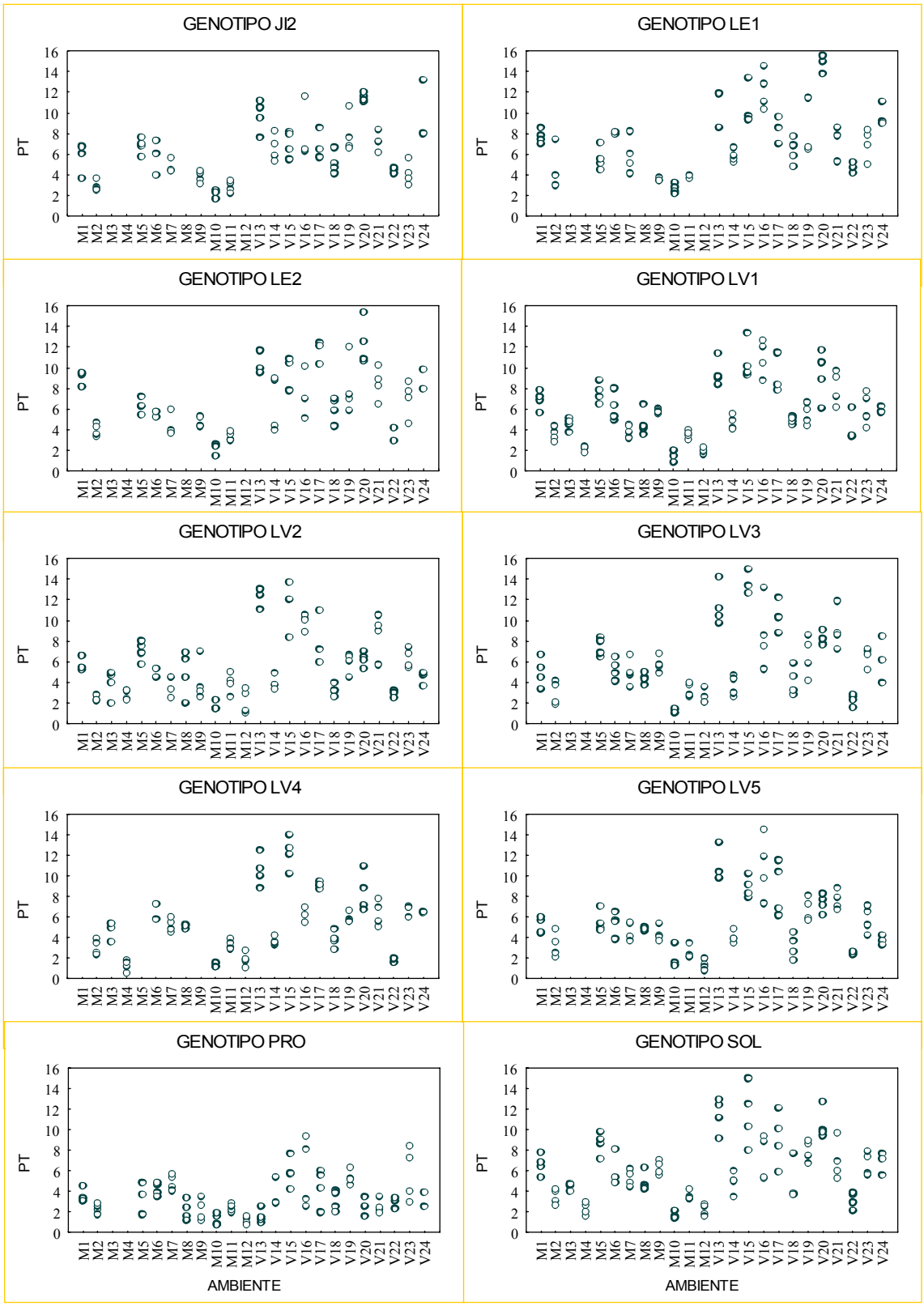


Figura II 4. Representación de la variable rendimiento en grano (PT, en 10^{-2} g m^{-2}) obtenidas por los genotipos JI2, LE1, LE2, LV1, LV2, LV3, LV4, LV5, PRO y SOL, en los cuatro bloques de cada ambiente ensayado (M1 a V24)

RESUMEN

El estudio de la estabilidad del rendimiento y de la interacción genotipo x ambiente (GxA) es un aspecto clave para optimizar los procesos de selección del material vegetal. Para diseñar estrategias eficaces en la mejora de la adaptación es imprescindible disponer de una metodología adecuada para cuantificar e interpretar la interacción GxA.

En el presente trabajo se ha estudiado un conjunto de 20 variedades y líneas de mejora de guisante proteaginoso (*Pisum sativum* L.). Los genotipos se han cultivado en ensayos genotipo x ambiente llevados a cabo en las fincas "La Canaleja", del INIA de Alcalá de Henares (Madrid) y "Zamadueñas", del SIDTA de la Junta de Castilla y León (Valladolid), durante las campañas 1993/94, 1994/95, 1995/96 y 1996/97. En cada localidad y año se estudiaron tres tratamientos distintos: uno de siembra en otoño en condiciones de secano, y otros dos de siembra en primavera, uno en secano y otro en regadío. Se ha utilizado un diseño experimental en bloques completos al azar con 4 repeticiones.

En cada uno de los ambientes, se ha realizado un seguimiento de los estados de desarrollo de cada genotipo (nascencia, principio y final de floración, principio y final del estado límite de aborto y final de llenado del grano), caracterizando su morfología y perfil reproductivo (tipo de hojas, altura de las plantas, nudos hasta la primera vaina del tallo principal, etc.), y evaluando su rendimiento en grano y sus componentes (número de vainas por unidad de superficie, número de semillas por vaina y peso del grano), producción total de biomasa e índice de cosecha.

El análisis de la interacción GxA en los valores del rendimiento y sus componentes se ha realizado empleando nueve modelos estadísticos distintos, tanto paramétricos como no paramétricos. En los modelos multivariantes se han introducido covariables genotípicas y ambientales, previamente seleccionadas de entre los parámetros de desarrollo del cultivo controlados y de entre las características termopluviométricas más representativas de los ambientes.

En los años y condiciones de cultivo consideradas se ha podido detectar una amplia variación ambiental registrándose condiciones extremas, frecuentes en clima mediterráneo, que limitan el desarrollo vegetativo y reproductivo del guisante: heladas tardías, temperaturas excesivas y/o sequía en el periodo de llenado del grano. Del mismo modo, el material vegetal ensayado ha mostrado una gran heterogeneidad genética, lo que constituye un requisito indispensable para abordar el estudio de la interacción GxA.

Los análisis factoriales de la varianza de los valores de las variables de productividad fueron significativos en todos los casos (P=0,05), para todas las fuentes de variación consideradas: genotipo, ambiente e interacción genotipo x ambiente. El efecto aditivo ambiental fue siempre superior al efecto genotípico y de interacción, salvo en el caso del tamaño del grano donde destacó la componente genotípica, con más del 63% de la variación total explicada. La suma de cuadrados de la interacción ha representado entre el 14,1% del total (para los valores de rendimiento en grano) y el 20% (número de vainas por metro cuadrado). Salvo para el caso del rendimiento en grano, la interacción genotipo x año representó un mayor porcentaje de la suma de cuadrados total que la interacción genotipo x localidad.

Los contrastes realizados dentro del efecto genotípico para los caracteres tipo de hoja (semiafila y convencional) y altura de la planta han mostrado que los grupos de talla baja y de hoja semiafila presentaban valores mayores de rendimiento en grano e índices de cosecha. En las condiciones de siembra en otoño el incremento de productividad asociado a los genotipos semiafilos (24,1%) estuvo relacionado con un aumento en el número de granos por vaina, mientras en los ambientes de siembra en primavera la componente del rendimiento que sufrió mayor incremento fue el número de vainas por unidad de superficie.

Los materiales más tardíos, aunque se vieron menos afectados que el resto por las heladas primaverales, presentaron menor productividad al ser más sensibles al estrés hídrico en el periodo desde floración a estado límite de aborto. En este sentido, las líneas JI2, LE1 y LE2 son demasiado tardías para las condiciones de Madrid, pero pueden ser interesantes para escapar de las heladas de primavera en las condiciones de Valladolid.

Las correlaciones entre el rendimiento y sus componentes alcanzaron mayor grado de significación considerando medias marginales ambientales que medias marginales genotípicas. La componente correlacionada en un mayor número de ambientes con el rendimiento en grano fue el número de vainas por metro cuadrado. El tamaño del grano únicamente estuvo correlacionado significativamente con el rendimiento en 7 de los 24 ambientes estudiados.

El contenido medio en proteína del grano estuvo correlacionado negativamente con el rendimiento en todos los ambientes. Se observó que los materiales con capacidad para emitir un mayor número de tallos por planta (Progress-9, Glotón, Fride) producían granos con menor humedad y mayor contenido en proteína y grasa.

El mayor valor de rendimiento medio correspondió a las variedades Ballet, Amino y Solara, los genotipos mejor clasificados según el índice de superioridad del comportamiento de Lin y Binns. Los materiales con valores más altos y estables en las variables de productividad según el método de ordenación estratificada fueron las

variedades Ballet y Solara. Progress-9 y JI1 fueron los genotipos peor clasificados. La ordenación para el rendimiento en grano según el modelo de efectos principales aditivos e interacción multiplicativa (AMMI), que considera simultáneamente los valores medios y su estabilidad, colocó en los primeros puestos a Amino, Esla, Ballet, Cea y la línea LV1.

En el estudio de la interacción GxA del rendimiento y sus componentes, los modelos AMMI2 (con dos ejes de componentes principales) y regresión factorial alcanzaron una eficiencia entre el 44 y el 73%, siempre superior a la obtenida en el análisis de regresión conjunta (entre 5 y 35%). Ambos métodos han permitido relacionar la estabilidad del rendimiento en grano del guisante proteaginoso con distintas características genéticas de los materiales ensayados y condiciones ambientales. Las covariables genotípicas que mejor han descrito el comportamiento interactivo de los componentes del rendimiento fueron la altura de la planta, el número de nudos hasta la primera vaina, los grados-día acumulados desde la nascencia hasta el principio de floración, y el número de tallos por planta. Los genotipos con rendimiento más estable han sido los de talla media con bajo número de tallos por planta. Las covariables ambientales más implicadas en la interacción GxA han sido el número de días de helada en primavera y las temperaturas medias en los meses de mayo y junio. El análisis de grupos ha confirmado los resultados obtenidos con el AMMI y la regresión factorial, contribuyendo a identificar "grupos de estabilidad", o conjuntos de genotipos con un comportamiento similar en ambientes específicos.

El diseño experimental empleado ha mostrado ser eficaz para determinar las proporciones relativas de la variación total del rendimiento del guisante proteaginoso, y sus componentes, debidas a causas genéticas y del medio ambiente, distinguiendo efectos aditivos y de interacción. Los resultados en ocasiones divergentes en los modelos de análisis aplicados reflejan la enorme complejidad del fenómeno de la interacción GxA, y señalan la conveniencia de emplear conjuntamente métodos diferentes para profundizar en su estudio.

La inclusión de caracteres morfológicos y fisiológicos de los materiales ensayados, así como condiciones ecológicas y de cultivo, en los modelos de análisis contribuye a una interpretación más correcta de la naturaleza de la interacción genotipo x ambiente. Los resultados aportados en este campo pueden ser muy útiles de cara a su aplicación en la recomendación de variedades o en la optimización de procesos de selección en la mejora de la adaptación del guisante proteaginoso.