



UNIVERSIDAD DE CÓRDOBA

E.T.S.I.A.M.

DEPARTAMENTO DE GENÉTICA

TESIS DOCTORAL

“Establecimiento de bases genéticas para la mejora del garbanzo
(*Cicer arietinum* L.) en Argentina”

Doctorando:

Julia Juana del Carmen Carreras

Directores:

Dr. Juan Gil Ligeró

Dra. Josefa Rubio Moreno

Córdoba, Septiembre de 2013

TITULO: *Establecimiento de bases genéticas para la mejora del garbanzo (Cicer arietinum L.) en Argentina*

AUTOR: *Julia Juana del Carmen Carreras*

© Edita: Servicio de Publicaciones de la Universidad de Córdoba. 2014
Campus de Rabanales
Ctra. Nacional IV, Km. 396 A
14071 Córdoba

www.uco.es/publicaciones
publicaciones@uco.es

D. Juan Gil Liger, Catedrático de Genética de la Universidad de Córdoba y
Dña. Josefa Rubio Moreno, Investigadora del Área de Mejora y Biotecnología
del IFAPA

INFORMAN:

Que el trabajo titulado: **“Establecimiento de bases genéticas para la mejora del garbanzo (*Cicer arietinum* L.) en Argentina”** realizado por Dña. Julia Juana del Carmen Carreras, bajo su dirección, se considera ya finalizado y puede ser presentado para su exposición y defensa como Tesis Doctoral en el Departamento de Genética de la Universidad de Córdoba.

Fdo. Juan Gil Liger

Fdo. Josefa Rubio Moreno

Córdoba, Septiembre de 2013

TÍTULO DE LA TESIS: Establecimiento de bases genéticas para la mejora del garbanzo (*Cicer arietinum* L.) en Argentina.

DOCTORANDO: Dña Julia Juana del Carmen Carreras

INFORME RAZONADO DE LOS DIRECTORES DE LA TESIS

En esta tesis se ha estudiado el comportamiento agronómico de diferentes genotipos de garbanzo de amplia base genética, en las condiciones ambientales de Argentina. Los resultados obtenidos nos han permitido seleccionar genotipos de interés para introducirlos en futuros programas de cruzamientos en Argentina y así aumentar la variabilidad del garbanzo en este país que actualmente está restringida a solo un pequeño número de variedades. El interés de esta tesis se inició por el gran aumento de la superficie cultivada de garbanzo en este país durante los últimos años

La metodología empleada para llevar a cabo los objetivos de esta tesis ha permitido al doctorando diseñar ensayos agronómicos, así como análisis estadísticos adecuados. La discusión de sus resultados respecto a los obtenidos por otros autores es adecuada y la revisión bibliográfica está actualizada.

Parte de los resultados de la tesis se han publicado como:

Carreras J, Rubio J, Flores F, Millan T, Gil J (2013). Genotype x environment interactions analysis in two chickpea RIL populations. Spanish Journal of Agricultural Research 11(3):808-813.

Por todo ello, se autoriza la presentación de la tesis doctoral.

Córdoba, septiembre de 2013

Fdo.: Juan Gil ligero

Fdo.: Josefa Rubio Moreno

A la memoria de mis padres, Lucía y Victor Hugo
por darme la vida, por creer que podía superar obstáculos a través
de mi formación humana y científica

A los que iluminaron mi vida cada día,
Martín, Facundo, Lisandro, Araceli y Rubén,
por comprender siempre mis ausencias y mis anhelos

AGRADECIMIENTOS

A Ana Bróccoli por ser un lucero al presentarme a María Teresa Moreno y José Ignacio Cubero, en Buenos Aires, donde juntos diseñaron un camino hacia la Córdoba de España, manteniendo en todo momento este desafío.

A Jose Rubio, Teresa Millán y Juan Gil, por el apoyo brindado en este tiempo, más de 10 años de dedicación, experiencias compartidas en materiales, ensayos, procesamientos, publicación y el formato final, desde la distancia, en post de llegar a una meta soñada. Sin ellos no hubiese sido posible. El más grande de mis agradecimientos y gracias.

A Fernando Flores por ayudarme en los análisis estadísticos.

A los que hicieron grata y placentera mi estancia en Córdoba, Maria Valderrama, Juan de Dios Medina, Eva Madrid, Patricia Castro, Dori Cabrera, Ana Torres, Amparo Martínez, Mercedes Moreno, Carmen Ávila, Josefina Sillero, Clara González, Marta Iruela, María José Cobos, Loleta Swada, Ana Moral, entre muchos más.

Al Departamento de Genética de la ETSIAM de la Universidad de Córdoba y al Área de Mejora y Biotecnología del IFAPA, ambas instituciones españolas que me han permitido realizar este trabajo de tesis.

A las autoridades e instalaciones de la Facultad de Ciencias Agropecuarias de la Universidad Nacional de Córdoba (Argentina), de la Facultad de Ingeniería y Ciencias Económicas y Sociales de la Universidad Nacional de San Luís, del Instituto Nacional de Tecnología Agropecuaria: Cerrillos-Salta, Agencia de Extensión Rural Cruz del Eje-Córdoba, IFIVE sede Córdoba. A todas ellas gracias por brindarme su aporte para la ejecución de los ensayos multi ambientales realizados en Argentina.

A Alicia Cafure, Eduardo Orecchia y Marco Braun por ofrecer sus campos para la ejecución de los ensayos, un aporte de gran valor para la calidad de los mismos.

A la colaboración técnica y científica de Alicia Luque, Guillermo March, Silvina Vargas Gil y Elvio Biderbost.

A mis compañeros de trabajo Daniel Peiretti, Carlos Biasutti y Maria Cristina Nazar.

A los que me ayudaron desinteresadamente en todo momento desde que inicié esta aventura tan hermosa y gratificante: María José Allende, Jimena Caballero, Rafael Castro, Axel von Muller, Diego Oses, Vilma Mazzuferi, Norma Ateca, Susana Avalos, Patricia Fichetti, Alberto Saluzzo, Fernando Orecchia, Susana García Medina, Claudio Panadero Pastrana, Ana Fekete, Susana Beatriz Bologna, Elizabeth Rojas, Mariano Toscano y Mario Scarafiocca.

A la familia que añora un final feliz: Gloria Susana, Juana Antonia, Víctor Hugo, Patricia, Ely, Jacqueline, Antonella, Agustina y Victor Hugo.

Creo y definiendo la investigación como parte del desarrollo de una nación.

Indice

1. INTRODUCCIÓN	3
1.1. Características generales del garbanzo	3
1.2. Origen y evolución del cultivo	4
1.3. Taxonomía	6
1.4. Breve descripción morfológica	7
1.5. Importancia económica del cultivo del garbanzo	7
1.6. Mejora del garbanzo.....	9
1.6.1. Resistencia o tolerancia a factores bióticos y abióticos	9
1.6.2. Adaptación del cultivo y caracteres implicados	12
1.6.2.1. Fecha de floración	12
1.6.2.2. Porte	14
1.6.2.3. Forma o tipo de la hoja	14
1.6.3. Producción y sus componentes.....	16
1.6.4. Interacción Genotipo-Ambiente	17
1.7. El cultivo y la Mejora del garbanzo en Argentina	20
2. OBJETIVOS	27
3. MATERIAL Y MÉTODOS	31
3.1. Material vegetal.....	31
3.2. Caracterización agroclimática de las localidades de los ensayos experimentales	35
3.3. Caracteres evaluados	38
3.4. Diseño experimental.....	38
3.5. Análisis estadístico	39
3.5.1. Análisis individual de cada ambiente	39
3.5.2. Análisis combinado de los diferentes ambientes	40
3.5.3. Descomposición ortogonal del efecto Genotipo y de la interacción Genotipo-Ambiente.....	40
3.5.4. Análisis AMMI de la interacción Genotipo-Ambiente.....	41
4. RESULTADOS	45
4.1. Análisis de los ensayos en cada ambiente	45
4.1.1. Altura de planta	45
4.1.2. Altura de inserción de la primera vaina	45
4.1.3. Número de vainas por planta.....	46
4.1.4. Número de semillas por planta.....	46
4.1.5. Producción por planta.....	47
4.1.6. Peso de 100 semillas	47
4.2. Análisis AMMI de la Interacción Genotipo-Ambiente	53
4.2.1. Altura de planta	54
4.2.2. Altura de inserción de la primera vaina.....	58
4.2.3. Número de semillas por planta	62
4.2.4. Producción por planta.....	65
4.2.5. Peso de 100 semillas	68
4.3. Análisis AMMI de la interacción por regiones.....	71
4.3.1. Número de semillas por planta	71
4.3.2. Producción por planta.....	72
4.3.3. Peso de 100 semillas	74
4.4. Efecto de caracteres de herencia simple sobre los caracteres morfológicos y componentes del rendimiento evaluados.....	82
4.4.1. Habito de crecimiento (achaparrado/erecto).....	82

4.4.2. Fecha de floración (precoz/tardío).....	85
4.4.3. Número de vainas por nudo (simple o doble vaina)	87
4.4.4. Tamaño de hoja (grande/pequeña).....	88
4.4.5. Tipo de hoja (normal/unifoliada).....	89
5. DISCUSIÓN	95
6. CONCLUSIONES.....	105
7. BIBLIOGRAFÍA.....	109
8. ANEXO I: TABLAS	123
9. ANEXO II: ARTÍCULO PUBLICADO.....	149

Índice de Figuras

Figura 1. Flores y semillas tipo Desi (a) y Kabuli (b).....	5
Figura 2. Evolución de la superficie, producción y rendimiento del garbanzo en Argentina	8
Figura 3. Cultivo de garbanzo: Siembra de invierno y de primavera.....	10
Figura 4. Lesiones de rabia en tallos, hojas y vainas. Ataque de rabia en un campo de garbanzo (derecha)	10
Figura 5. Material de garbanzo resistente a <i>Fusarium</i> (centro bandeja) y susceptible (a ambos lados de la bandeja).....	11
Figura 6. Diferentes formas de hoja en garbanzo. a) simple o unifoliada b) normal c) multipinnada. (Danhelouipier et al. 2008).	15
Figura 7. Zonas productoras de garbanzo en Argentina. (•) localidades con antecedentes del cultivo	20
Figura 8. Características de garbanzo. Tipo de hoja (izquierda) a) normal, b) unifoliada. Número de vainas por pedúnculo (centro) c) vaina doble d) vaina simple. Tipo de porte (derecha) e) rastrero f) erecto	32
Figura 9. Mapa de Argentina, donde se muestran las localidades de los ensayos experimentales.....	36
Figura 10. Datos de precipitaciones (PPM), temperaturas máximas (TMAX), medias (TM) y mínimas (TMIN) recogidas durante el periodo 2000-2010 en las localidades de Salta, Córdoba y Villa Mercedes (San Luís).	37
Figura 11. Representación gráfica del número de semillas/planta, producción/planta (g) y peso de 100 semillas (g) de una población RIL F _{6,7} de garbanzo procedente del cruzamiento JG62xILC72 en diferentes ambientes (Media, max. y min.). SA05, SA06, SA07 y SA08 corresponde a Salta años 2005, 2006, 2007 y 2008 respectivamente; CO05, CO06 y CO08 a Córdoba en 2005, 2006 y 2008 respectivamente; SL06 a San Luis en 2006.....	51
Figura 12. Representación gráfica del número de semillas/planta, producción/planta (g) y peso de 100 semillas (g) de una población RIL F _{6,7} de garbanzo procedente del cruzamiento CA2990xWR315 en diferentes ambientes (Media, max. y min.). SA05, SA06, SA07 y SA08 corresponde a Salta años 2005, 2006, 2007 y 2008 respectivamente; CO05, CO06 y CO08 a Córdoba en 2005, 2006 y 2008 respectivamente; SL06 a San Luis en 2006.....	52
Figura 13. Distribución de genotipos (RILs), procedentes del cruzamiento CA2990xWR315, y ambientes teniendo en cuenta: a) altura de planta y el componente principal de la interacción genotipo-ambiente PC1, b) los dos primeros componentes de la interacción PC1 y PC2.....	56
Figura 14. Distribución de genotipos (RILs), procedentes del cruzamiento JG62xILC72, y ambientes teniendo en cuenta: a) altura de planta y el componente principal de la interacción genotipo-ambiente PC1, b) los dos primeros componentes de la interacción PC1 y PC2.....	57
Figura 15. Distribución de genotipos (RILs), procedentes del cruzamiento CA2990xWR315, y ambientes teniendo en cuenta: a) altura 1ª vaina y el componente principal de la interacción genotipo-ambiente PC1, b) los dos primeros componentes de la interacción PC1 y PC2	60
Figura 16. Distribución de genotipos (RILs), procedentes del cruzamiento JG62xILC72, y ambientes teniendo en cuenta: a) altura 1ª vaina y el componente principal de la interacción genotipo-ambiente PC1, b) los dos primeros componentes de la interacción PC1 y PC2.	61
Figura 17. Distribución de genotipos (RILs), procedentes del cruzamiento CA2990xWR315, y ambientes teniendo en cuenta: a) semillas/planta y el componente principal de la interacción genotipo-ambiente PC1, b) los dos	

primeros componentes de la interacción PC1 y PC2.....	63
Figura 18. Distribución de genotipos (RILs), procedentes del cruzamiento JG62xILC72, y ambientes teniendo en cuenta: a) semillas/planta y el componente principal de la interacción genotipo-ambiente PC1, b) los dos primeros componentes de la interacción PC1 y PC2.....	64
Figura 19. Distribución de genotipos (RILs), procedentes del cruzamiento CA2990xWR315, y ambientes teniendo en cuenta: a) producción/planta y el componente principal de la interacción genotipo-ambiente PC1, b) los dos primeros componentes de la interacción PC1 y PC2.....	66
Figura 20. Distribución de genotipos (RILs), procedentes del cruzamiento JG62xILC72, y ambientes teniendo en cuenta: a) producción/planta y el componente principal de la interacción genotipo-ambiente PC1, b) los dos primeros componentes de la interacción PC1 y PC2.....	67
Figura 21. Distribución de genotipos (RILs), procedentes del cruzamiento CA2990xWR315, y ambientes teniendo en cuenta: a) peso de 100 semillas y el componente principal de la interacción genotipo-ambiente PC1, b) los dos primeros componentes de la interacción PC1 y PC2.....	69
Figura 22. Distribución de genotipos (RILs), procedentes del cruzamiento JG62xILC72, y ambientes teniendo en cuenta: a) peso de 100 semillas y el componente principal de la interacción genotipo-ambiente PC1, b) los dos primeros componentes de la interacción PC1 y PC2.....	70
Figura 23. Bi-plots procedentes de aplicar el análisis AMMI a 20 genotipos (RILs) de garbanzos, procedentes del cruzamiento CA2990xWR315, considerando dos grupos de ambientes ('Salta' y 'Córdoba/San Luis') para el carácter número de semillas/planta. PC1 es el primer componente de la interacción genotipo-ambiente.....	76
Figura 24. Bi-plots procedentes de aplicar el análisis AMMI a 20 genotipos (RILs) de garbanzos, procedentes del cruzamiento JG62xILC72, considerando dos grupos de ambientes ('Salta' y 'Córdoba/San Luis') para el carácter número de semillas/planta. PC1 es el primer componente de la interacción genotipo-ambiente.....	77
Figura 25. Bi-plots procedentes de aplicar el análisis AMMI a 20 genotipos (RILs) de garbanzos, procedentes del cruzamiento CA2990xWR315, considerando dos grupos de ambientes ('Salta' y 'Córdoba/San Luis') para el carácter producción/planta. PC1 es el primer componente de la interacción genotipo-ambiente.....	78
Figura 26. Bi-plots procedentes de aplicar el análisis AMMI a 20 genotipos (RILs) de garbanzos, procedentes del cruzamiento JG62xILC72, considerando dos grupos de ambientes ('Salta' y 'Córdoba/San Luis') para el carácter producción/planta. PC1 es el primer componente de la interacción genotipo-ambiente.....	79
Figura 27. Bi-plots procedentes de aplicar el análisis AMMI a 20 genotipos (RILs) de garbanzos, procedentes del cruzamiento CA2990xWR315, considerando dos grupos de ambientes ('Salta' y 'Córdoba/San Luis') para el carácter peso de 100 semillas. PC1 es el primer componente de la interacción genotipo-ambiente.....	80
Figura 28. Bi-plots procedentes de aplicar el análisis AMMI a 20 genotipos (RILs) de garbanzos, procedentes del cruzamiento JG62xILC72, considerando dos grupos de ambientes ('Salta' y 'Córdoba/San Luis') para el carácter peso de 100 semillas. PC1 es el primer componente de la interacción genotipo-ambiente.....	81

Índice de Tablas

Tabla 1. Características de las líneas parentales empleadas en el desarrollo de las poblaciones recombinantes (CA2990xWR315 y JG62xILC72).	31
Tabla 2. Características de las líneas seleccionadas procedentes del cruzamiento CA2990xWR315 (RIP16).	33
Tabla 3. Características de las líneas seleccionadas procedentes del cruzamiento JG62xILC72 (RIP10).	34
Tabla 4. Características de los testigos utilizados en los ensayos experimentales.....	35
Tabla 5. Coordenadas y tipo de suelo de las localidades en las que se realizaron los ensayos experimentales.....	35
Tabla 6. Ambientes diferentes, teniendo en cuenta la localidad y el año en que se ha realizado este estudio.....	39
Tabla 7. Coeficientes de correlación entre diferentes caracteres evaluados en una población de 20 líneas de garbanzo procedentes del cruzamiento JG62xILC72 en diferentes ambientes	49
Tabla 8. Coeficientes de correlación entre diferentes caracteres evaluados en una población de 20 líneas de garbanzo procedentes del cruzamiento CA2990xWR315 en diferentes ambientes.....	50
Tabla 9. Heredabilidad en sentido amplio (H) para los caracteres estudiados en la población CA2990xWR315.....	53
Tabla 10. Heredabilidad en sentido amplio (H) para los caracteres estudiados en la población JG62xILC72.....	54
Tabla 11. Análisis de la varianza, para el carácter altura de planta (cm) evaluado en dos poblaciones $F_{6,7}$ de genotipos de garbanzo creciendo en diferentes ambientes (localidades y años) en el Noroeste de Argentina	54
Tabla 12. Análisis de la varianza, para el carácter altura de inserción 1ª vaina evaluada en dos poblaciones $F_{6,7}$ de genotipos de garbanzo creciendo en diferentes ambientes (localidades y años) en el Noroeste de Argentina.	59
Tabla 13. Análisis de la varianza, para el carácter número de semillas por planta evaluado en dos poblaciones $F_{6,7}$ de genotipos de garbanzo creciendo en diferentes ambientes (localidades y años) en el Noroeste de Argentina.	62
Tabla 14. Análisis de la varianza, para el carácter producción por planta evaluado en dos poblaciones $F_{6,7}$ de genotipos de garbanzo creciendo en diferentes ambientes (localidades y años) en el Noroeste de Argentina	65
Tabla 15. Análisis de la varianza, para el carácter peso de 100 semillas evaluado en dos poblaciones $F_{6,7}$ de genotipos de garbanzo creciendo en diferentes ambientes (localidades y años) en el Noroeste de Argentina	68
Tabla 16. Análisis AMMI para el carácter número de semillas por planta evaluado en dos poblaciones $F_{6,7}$ de genotipos de garbanzo creciendo en diferentes ambientes de Argentina	72
Tabla 17. Análisis AMMI para el carácter producción por planta evaluado en dos poblaciones $F_{6,7}$ de genotipos de garbanzo creciendo en diferentes ambientes de Argentina	74
Tabla 18. Análisis AMMI para el carácter peso de 100 semillas evaluado en dos poblaciones $F_{6,7}$ de genotipos de garbanzo creciendo en diferentes ambientes de Argentina	75
Tabla 19. Descomposición ortogonal para habito de crecimiento (achaparrado/erecto) de los efectos de genotipo e interacción GxE del ANOVA de cinco caracteres evaluados en una población $F_{6,7}$ de garbanzo (JG62xILC72) a lo largo de siete ambientes en Argentina	83
Tabla 20. Descomposición ortogonal para habito de crecimiento (achaparrado/erecto) de los efectos de genotipo e interacción GxE del ANOVA de cinco caracteres evaluados en una población $F_{6,7}$ de garbanzo (CA2990xWR315) a	

lo largo de ocho ambientes en Argentina.....	84
Tabla 21. Descomposición ortogonal para fecha de floración (tardío/precoz) de los efectos de genotipo e interacción GxE del ANOVA de cinco caracteres evaluados en una población $F_{6,7}$ de garbanzo (JG62xILC72) a lo largo de siete ambientes en Argentina.....	85
Tabla 22. Descomposición ortogonal para fecha de floración (tardío/precoz) de los efectos de genotipo e interacción GxE del ANOVA de cinco caracteres evaluados en una población $F_{6,7}$ de garbanzo (CA2990xWR315) a lo largo de ocho ambientes en Argentina.....	86
Tabla 23. Descomposición ortogonal para simple/doble vaina de los efectos de genotipo e interacción GxE del ANOVA de cinco caracteres evaluados en una población $F_{6,7}$ de garbanzo (JG62xILC72) a lo largo de siete ambientes en Argentina.....	88
Tabla 24. Descomposición ortogonal para tamaño de hoja (pequeña/grande) de los efectos de genotipo e interacción GxE del ANOVA de cinco caracteres evaluados en una población $F_{6,7}$ de garbanzo (CA2990xWR315) a lo largo de ocho ambientes en Argentina.....	89
Tabla 25. Descomposición ortogonal para tipo de hoja (unifoliada/normal) de los efectos de genotipo e interacción GxE del ANOVA de cinco caracteres evaluados en una población $F_{6,7}$ de garbanzo (CA2990xWR315) a lo largo de ocho ambientes en Argentina.....	90
Tabla 26. Valores medios de diferentes caracteres cuantitativos de interés agronómico a lo largo de diferentes ambientes de una población $F_{6,7}$ de garbanzo procedentes del cruzamiento JG62xILC72 según hábito de crecimiento, ciclo y tipo de vaina.....	91
Tabla 27. Valores medios de diferentes caracteres cuantitativos de interés agronómico a lo largo de diferentes ambientes de una población $F_{6,7}$ de garbanzo procedentes del cruzamiento CA2990xWR315 según hábito de crecimiento, ciclo, tamaño y tipo de hoja.....	91

Indice de Tablas del Anexo I

Tabla 1. Comparación de medias para altura de planta (cm) mediante mínimas diferencias significativas (MSD) ($P<0.01$) entre diferentes genotipos de garbanzo procedentes del cruzamiento JG62xILC72 ensayados en diferentes localidades y años. ‘Norteño’ es el testigo incluido en los ensayos.....	123/4
Tabla 2. Comparación de medias para altura de planta (cm) mediante mínimas diferencias significativas (MSD) ($P<0.01$) entre diferentes genotipos de garbanzo procedentes del cruzamiento CA2990xWR315 ensayados en diferentes localidades y años. ‘Chañaritos’ es el testigo incluido en los ensayos.....	125/6
Tabla 3. Comparación de medias para altura de inserción 1ª vaina (cm) mediante mínimas diferencias significativas (MSD) ($P<0.01$) entre diferentes genotipos de garbanzo procedentes del cruzamiento JG62xILC72 ensayados en diferentes localidades y años. ‘Norteño’ es el testigo incluido en los ensayos.	127/8
Tabla 4. Comparación de medias para altura de inserción de la 1ª vaina (cm) mediante mínimas diferencias significativas (MSD) ($P<0.01$) entre diferentes genotipos de garbanzo procedentes del cruzamiento CA2990xWR315 ensayados en diferentes localidades y años. ‘Chañaritos’ es el testigo incluido en los ensayos.....	129/0
Tabla 5. Comparación de medias para número de vainas por planta mediante mínimas diferencias significativas (MSD) ($P<0.01$) entre diferentes genotipos de garbanzo procedentes del cruzamiento JG62xILC72 ensayados en diferentes localidades y años. ‘Norteño’ es el testigo incluido en los ensayos	131/2
Tabla 6. Comparación de medias para número de vainas por planta mediante mínimas diferencias significativas (MSD) ($P<0.01$) entre diferentes genotipos de garbanzo procedentes del cruzamiento CA2990xWR315 ensayados en diferentes localidades y años. ‘Chañaritos’ es el testigo incluido en los ensayos.	133/4
Tabla 7. Comparación de medias para número de semillas por planta mediante mínimas diferencias significativas (MSD) ($P<0.01$) entre diferentes genotipos de garbanzo procedentes del cruzamiento JG62xILC72 ensayados en diferentes localidades y años. ‘Norteño’ es el testigo incluido en los ensayos	135/6
Tabla 8. Comparación de medias para número de semillas por planta mediante mínimas diferencias significativas (MSD) ($P<0.01$) entre diferentes genotipos de garbanzo procedentes del cruzamiento CA2990xWR315 ensayados en diferentes localidades y años. ‘Chañaritos’ es el testigo incluido en los ensayos.	137/8
Tabla 9. Comparación de medias para producción por planta (g) mediante mínimas diferencias significativas (MSD) ($P<0.01$) entre diferentes genotipos de garbanzo procedentes del cruzamiento JG62xILC72 ensayados en diferentes localidades y años. ‘Norteño’ es el testigo incluido en los ensayos.	139/0
Tabla 10. Comparación de medias para producción por planta (g) mediante mínimas diferencias significativas (MSD) ($P<0.01$) entre diferentes genotipos de garbanzo procedentes del cruzamiento CA2990xWR315 ensayados en diferentes localidades y años. ‘Chañaritos’ es el testigo incluido en los ensayos.	141/2
Tabla 11. Comparación de medias para peso de 100 semillas (g) mediante mínimas diferencias significativas (MSD) ($P<0.01$) entre diferentes genotipos de garbanzo procedentes del cruzamiento JG62xILC72 ensayados en diferentes localidades y años. ‘Norteño’ es el testigo incluido en los ensayos.	143/4
Tabla 12. Comparación de medias para peso de 100 semillas (g) mediante mínimas diferencias significativas (MSD) ($P<0.01$) entre diferentes genotipos de garbanzo procedentes del cruzamiento CA2990xWR315 ensayados en diferentes localidades y años. ‘Chañaritos’ es el testigo incluido en los ensayos.	145/6

Resumen

El garbanzo es la segunda leguminosa de grano que más se cultiva en el mundo.

En Argentina, país donde se ha desarrollado esta tesis, la superficie de garbanzo ha ido aumentando llegando actualmente a sobrepasar las 40.000 has, sin embargo la variabilidad de este cultivo es muy escasa, centrándose fundamentalmente en dos variedades de reducida base genética. Basándonos en esto surgió el trabajo de tesis que nos ocupa, cuyo objetivo principal ha sido ampliar la variabilidad del garbanzo en Argentina y seleccionar material adecuado para incluirlos en los programas de mejora de este país.

Para ello 40 genotipos de garbanzo procedentes de dos poblaciones de líneas recombinantes $F_{6,7}$ (20 de cada una) de amplia base genética (JG62xILC72 y CA2990xWR315) fueron evaluadas para caracteres agronómicos en tres localidades de Argentina con condiciones climáticas muy diferentes: Salta, Córdoba y San Luís.

En general se ha observado variabilidad genotípica para todos los caracteres evaluados en las dos poblaciones y en los ambientes estudiados. Diferencias entre las dos poblaciones para altura de planta, semillas por planta y tamaño de la semilla fueron detectadas por lo que pueden considerarse como dos fondos genéticos diferentes para estos caracteres. Además se han seleccionado genotipos con un buen comportamiento agronómico que son de gran interés para incluirlos en el programa de mejora argentino y se ha identificado la región de Salta como la de mayor potencial productivo.

Respecto al estudio de interacción Genotipo x Ambiente, nos ha permitido separar dos grandes macroambientes: Salta y Córdoba/San Luís, resultado que habrá que tener en cuenta para futuros programas de mejora, si se quieren desarrollar variedades específicas para cada macroambiente o bien obtener genotipos con una amplia adaptación.

En este trabajo se ha analizado el efecto que caracteres de herencia simple (ciclo, porte, vainas nudo y tamaño y forma de la hoja) tienen sobre los caracteres evaluados y así tratar de establecer un 'ideotipo' de planta adecuado a las condiciones de este país. En general, se ha observado que los genotipos de ciclo tardío y porte semierecto suelen ser los más productivos. No obstante en la región de Salta habría que considerar también genotipos con tamaño de hoja pequeña, ya que estos tienen un efecto positivo sobre el rendimiento.

Esta tesis abre puertas para seguir avanzando en el Programa de Mejora en Argentina y poder ofrecer a los agricultores otros materiales de garbanzo con una base genética más amplia que les permita sobrepasar barreras provocadas por las posibles enfermedades que puedan aparecer en el país.

Summary

Chickpea is the second world wide cultivated grain legume. Chickpea cultivated area has been increasing in Argentina during the last years reaching presently 40.000 has. However, variability is insufficient only focused in two varieties with a narrow genetic background. Taking into account previous information the major aim of present study has been to widen chickpea variability in Argentina selecting appropriate genotypes to be included in breeding programs.

Forty chickpea genotypes derived from two Recombinant Inbred Line Populations F_{6,7} (20 each) with a wide genetic background (JG62xILC72 and CA2990xWR315) were evaluated for agronomic traits in three different Argentinean locations: Salta, Córdoba and San Luis.

In general, genotypic variability was observed among analyzed traits in different environments in the two populations. Differences for plant high, seeds per plant and seed size were detected so it could be considered as different genetic background for those traits. Besides, genotypes showing a good agronomic performance were selected to be included in the Argentinean breeding program. Salta was the region identified as the major productive potential.

Genotype (G) x Environment (E) interaction studies allowed us to differentiate two macro-environments: Salta and Córdoba/San Luis. This result should be taken into account in future breeding programs either to develop varieties adapted to particular macro-environments or with a wide adaptation.

It was also studied the effect of simple inherited traits (flowering time, growth habit, simple/double pod, leaf shape) in agronomic traits in order to determine an adequate “ideotype”. In general, genotypes with late flowering time and semierect were the ones with higher yields. However, in Salta region small leaf genotypes have also a positive effect in final production.

This study enlarges the possibilities to advance in chickpea breeding programs developed in Argentina. New genotypes with a wider genetic background will be developed for farmers to face up new biotic stresses that could appear in this country.

INTRODUCCIÓN

1. Introducción

1.1. Características generales del garbanzo

El garbanzo, *Cicer arietinum* L., es una leguminosa de grano y como tal pertenece a la familia Fabaceae, cuya utilidad primaria reside en las semillas.

Las leguminosas han formado parte de la dieta humana desde la antigüedad debido, principalmente, a su alto contenido en proteínas y a la adecuada proporción de grasas y de hidratos de carbono que poseen algunas de sus especies. La semilla de garbanzo presenta un contenido medio de proteína (desde un 20.3% a 28.2%) algo más bajo que el de otras leguminosas de grano, sin embargo, su proteína es de las más digestibles. Esto, unido a su aceptable contenido en hidratos de carbono (desde 35 a 43%), con un contenido en grasa más alto de lo habitual que en otras leguminosas (de un 3 a un 6%) y rica en ácidos grasos insaturados (ácido oleico y linoléico) (Gil et al. 1996) y a la baja presencia de factores antinutritivos, la convierten en una semilla muy interesante desde el punto de vista del consumo humano y la alimentación animal. Las proteínas del garbanzo, como las del resto de leguminosas, se caracterizan por ser pobres en aminoácidos azufrados y ricas en lisina, por lo que son ideales para complementar las proteínas de los cereales, ricas en aminoácidos azufrados y pobres en lisina.

Contribuye significativamente a la nutrición diaria en países como la India o Pakistán y en la región Mediterránea. Es destacable la versatilidad de su utilización, siendo un ingrediente importante en muchos platos (Pushpamma y Geervani, 1987). Puede consumirse de diferentes formas: las semillas verdes y los tallitos jóvenes, en forma de harina para la elaboración de sopas o cremas, o como grano seco entero tostado o hervido, que es como se come en la cuenca Mediterránea.

El garbanzo, al igual que otras leguminosas tiene la capacidad de fijar Nitrógeno atmosférico debido a la asociación simbiótica con la bacteria *Rhizobium leguminosarum*. En el marco de una agricultura sostenible, esta característica le permite desempeñar un papel muy importante en la rotación cereal-leguminosa contribuyendo así a la ruptura de los ciclos biológicos asociados a plagas y enfermedades y al aumento de la fertilidad (Jensen y Hauggaard-Nielsen, 2003). Se considera un cultivo rústico ya que muestra gran

resistencia al calor y a la sequía y es capaz de producir en suelos con baja fertilidad. Aunque es sensible al frío, algunos cultivares pueden tolerar temperaturas bajas (Croser et al. 2003a)

1.2. Origen y evolución del cultivo

El garbanzo cultivado tuvo su origen en el Próximo Oriente hace unos 10000 años (Lev-Yadun et al. 2000). Es uno de los cultivos con los que se inicio la agricultura junto con el trigo, la cebada, el lino y otras leguminosas (guisantes, lentejas y yeros) (Ladizinsky y Adler, 1976).

De Candolle (1883) situó el origen del garbanzo en el área del sur del Cáucaso y al norte de Persia donde se han hallado los restos más antiguos (datos en 5450 a.C.) y donde se han descubierto dos especies silvestres estrechamente relacionadas con el garbanzo cultivado, *Cicer echinospermum* P.H. Davis y *Cicer reticulatum* Ladiz. Más tarde Vavilov (1926) identificó dos centros de diversidad primaria al sur-oeste de Asia y el Mediterráneo y un centro de diversidad secundario en Etiopía.

Probablemente mutaciones, como vaina indehisciente, hábito más erecto y semillas sin dormancia hayan jugado un papel importante en el proceso de su domesticación. Se dispersó desde su centro de origen hacia el Este hasta la India, hacia el Sur llegó a Etiopía a través del valle del Nilo y hacia el Oeste por la cuenca Mediterránea (van der Maesen 1972). En su camino evolutivo el garbanzo ha ido acumulando numerosas mutaciones, como: la flor blanca, insensibilidad al fotoperiodo, tegumento o cubierta de la semilla más delgada, porte erecto, etc. generando una alta diversidad fenotípica para diferentes caracteres morfológicos y agronómicos (Murty 1975; Narayan y Macefield 1976; Moreno y Cubero 1978; Upadhyaya 2003). Sin embargo se ha descrito que tiene una base genética muy estrecha desde el punto de vista molecular, hecho que unido a la zona limitada donde se distribuye su ancestro silvestre sugieren un origen monofilético de esta especie cultivada (Ladizinsky y Adler 1976; Zohary 1999; Abbo et al. 2003). Así pues el paso de silvestre a cultivado ha supuesto una ganancia de caracteres deseables agronómicamente y pérdida de los indeseables. Se han encontrado grandes diferencias entre la especie silvestre y la cultivada, especialmente en el área foliar, hábito de crecimiento, altura de la planta, dehiscencia de vainas y peso

de 100 semillas, lo que sugiere que son estos los caracteres que han sufrido mayores cambios durante la domesticación (Robertson et al. 1997)

Durante el proceso de dispersión y selección, el germoplasma de *C. arietinum* parece haberse diferenciado en dos acervos genéticos diferentes que según Moreno y Cubero (1978), tras analizar tanto caracteres cuantitativos como cualitativos, propusieron como razas *microsperma* y *macrosperma*. Los mejoradores, dentro de la especie cultivada, distinguen dos tipos morfológicamente diferentes: “Desi” y “Kabuli” (Figura 1).

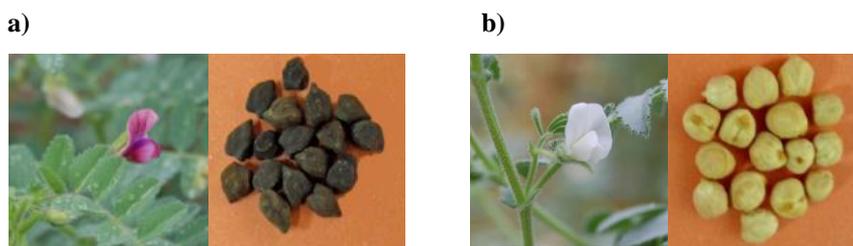


Figura 1. Flores y semillas tipo Desi (a) y Kabuli (b)

Flores rosas, semillas pequeñas, angulares y coloreadas y con una cubierta gruesa y algo rugosa suelen ser características de los tipo Desi (similar a *microsperma*) cultivados principalmente en India, Pakistán, Este de Africa y más recientemente en Australia. Los tipo Kabuli (similar a *macrosperma*) poseen flores blancas y semillas grandes y redondeadas y de color claro, la cubierta es fina y lisa, se encuentran fundamentalmente en la cuenca Mediterránea, el Cercano Oriente, México y más recientemente en Estados Unidos y Canadá. Estos tipos también difieren en una serie de características agronómicas. Tolerancia al frío, resistencia a rabia (enfermedad de gran importancia en el cultivo) y hábito de crecimiento erecto son más frecuentes en los garbanzos tipo Kabuli. Los tipo Desi suelen presentar tolerancia a altas temperaturas y a la sequía, resistencia a fusarium (otra de las enfermedades de gran relevancia en el garbanzo) y precocidad (Singh 1987). Parece ser que los tipo Kabuli, con menor variabilidad, evolucionaron a partir de los Desi y caracteres oligogénicos como color de flor, grosor de la cutícula y tamaño de la semilla han jugado un papel importante en su evolución (Moreno y Cubero 1978; Gil y Cubero 1993; Jana y Singh 1993).

1.3. Taxonomía

El garbanzo es una planta anual, autógama y diploide ($2n=2x=16$) y con un contenido de ADN de 738 Mb y unos 28.269 genes (Varshney et al. 2013). Pertenece a la familia de las leguminosas (Fabaceae), subfamilia Papilionáceas, tribu Cicerae y género *Cicer*, que consta de 9 especies anuales y 35 perennes (van der Maesen 1987) de las que *C. arietinum* es la única especie cultivada.

Este género ha sido tradicionalmente clasificado en cuatro secciones basándose en características morfológicas, ciclo de vida y en su distribución geográfica (*Monocicer*, *Chamaecicer*, *Polycicer* y *Acanthocicer*) (van der Maesen 1987, van der Maesen et al. 2007). Las especies anuales, incluyendo el garbanzo cultivado pertenecen a la sección *Monocicer*.

La especie cultivada está distribuida por todo el mundo, sin embargo de las 8 especies anuales y silvestres, 7 son endémicas de zonas que van desde Turquía a Asia Central y otra (*Cicer cuneatum* Hoechst ex. Rich) de zonas de Egipto, Etiopía y Sudán (Robertson et al. 1997). Las especies perennes del género *Cicer* se encuentran más distanciadas de la especie cultivada (Kazán y Muehlbauer 1991; Tayyar y Wainess 1996; Iruela et al. 2002).

Hay que considerar que las especies silvestres tienen un gran potencial ya que son portadoras de genes de interés relacionados con caracteres agronómicamente favorables para la mejora de este cultivo (Muehlbauer et al. 1994; Singh et al. 1998; Croser et al. 2003b).

Las especies anuales silvestres se han clasificado en diferentes complejos génicos según su capacidad de cruzamiento con el garbanzo cultivado, lo que refleja su distancia genética respecto a la especie cultivada. Van der Maesen (1972) y Ladizinsky y Adler (1976) adoptaron la clasificación de complejos génicos primario, secundario y terciario propuesta por Harlan y de Wet (1971). De acuerdo a esta definición el complejo génico primario incluye todas las especies que producen híbridos viables con la especie cultivada, incluyendo por tanto *C. arietinum*, el progenitor silvestre *C. reticulatum*, y la especie más cercana *Cicer echinospermum* P.H. Davis. *Cicer bijugum* K.H. Rech, *Cicer pinnatifidum* Jaup and Spp. y *Cicer judaicum* Boiss constituyen el complejo génico secundario observándose problemas de esterilidad de los híbridos obtenidos con la especie cultivada debido a barreras genéticas o alteraciones cromosómicas (Verma et al.

1990, 1995; Singh et al. 1999a, b). En el complejo génico terciario se incluyen *Cicer chorassanicum* (Bge.) M. Pop, *C. cuneatum* y *Cicer yamashitae* Kitamura (Singh et al. 1999a, b) y presentan incompatibilidad al cruzarse con *C. arietinum*.

1.4. Breve descripción morfológica

C. arietinum es una especie dicotiledónea, anual y herbácea que alcanza aproximadamente una altura de 40-60cm. Con tallos ramificados y pelosos y un sistema radicular profundo que se compone de una raíz principal pivotante (desde 50cm de profundidad hasta un máximo de 1m) y raíces laterales. El tallo puede ser erecto, semierecto (frecuente en las variedades cultivadas) o rastrero (en las silvestres). Éste tiene tres ramificaciones principales, y en términos de producción la segunda es la más importante (Cubero 1987).

Las hojas se disponen alternas a lo largo del tallo, son pseudo-imparipinnadas con número variable de foliolos por hoja (6-7 a 16-18) que son subelípticos y dentados. Las flores son axilares solitarias y una por nudo, aunque en ocasiones (por mutaciones espontáneas) pueden aparecer dos flores por nudo. Son de color blanco o púrpura y presentan las características típicas de una flor papilionácea. Son flores hermafroditas y autógamas.

El fruto es una vaina bivalva con una ó dos semillas en su interior, aunque existen genotipos que pueden presentar tres semillas por vaina. Son globosas, vellosas y de pequeño tamaño (2,5-3cm.), confiriéndole un aspecto característico. Las semillas, de forma globosa o bilobular, son en general puntiagudas y muestran un pico característico (recto o curvado) en la zona donde aparecerá la radícula. La superficie de la semilla puede ser lisa o rugosa y presenta una amplia gama de colores entre el blanco, crema, amarillento, anaranjado, marrón, rojizo o negro.

1.5. Importancia económica del cultivo del garbanzo

El garbanzo es la segunda leguminosa de grano que más se cultiva en el mundo después de las judías. La superficie mundial cultivada se estima en unos 13 millones de hectáreas con una producción total de 11.6 millones de Toneladas en 2011 (FAOSTAT 2011). Su cultivo se extiende por todos los continentes y recientemente se está expandiendo en Australia, USA y Canadá donde la producción se dedica principalmente a la exportación. Los países que más

contribuyen a su cultivo son la India, Turquía y Pakistán con un 65, 5.9 y 5.4% respectivamente.

Los principales países exportadores son Australia, Canadá, Irán, México y Turquía constituyendo un 78% de la producción total exportada. Australia y Canadá exportan todo lo que producen, México el 50% de su producción y Turquía el 20% (Reddy et al. 2007). Entre los principales importadores destacamos la India y Pakistán seguida de Europa, la cual importa fundamentalmente desde México, Turquía, Canadá y USA.

En Argentina la superficie cultivada de garbanzo ha aumentado en los últimos años llegando a unas 40.000 ha en la campaña del 2009-10 (Fiant 2011) (Figura 2). Se cultiva garbanzo tipo Kabuli y con tamaños de semilla grandes (7-10 mm) destinado casi en su totalidad a la exportación hacia países limítrofes. Durante las décadas de los 80 y 90 las exportaciones de garbanzo de Argentina, fueron desde 2 a 2.408 t en 1988, es decir su participación en el mercado mundial, era totalmente irrelevante. A partir del año 2000 se inicia una curva de exportaciones ascendente llegando a las 67.888 t en el 2011 (Fiant 2011), dirigidas a 51 países diferentes destacando Brasil con 3.100 t.

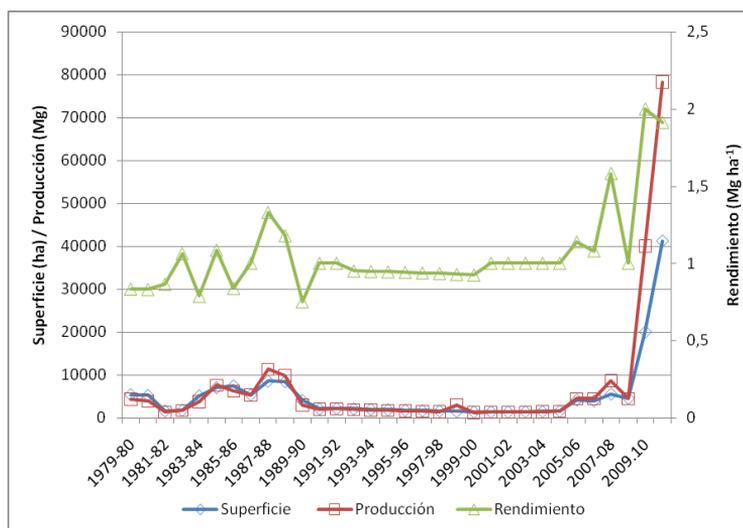


Figura 2. Evolución de la superficie, producción y rendimiento del garbanzo en Argentina.

El rendimiento medio mundial del garbanzo ha mejorado en estas últimas décadas aumentando desde 504 kg/ha en 1980 a 880 kg/ha en 2011, pero aún sigue siendo bajo a pesar de su importancia agronómica. Además de los estreses bióticos y abióticos a los que está sometido el cultivo hay que tener en cuenta que en muchas regiones el ciclo de cultivo es muy corto no llegando a desarrollar mucha biomasa. En el caso concreto de Argentina el factor de estrés más relevante son las bajas temperaturas en estado vegetativo y en inicio de floración.

1.6. Mejora del garbanzo

1.6.1. Resistencia o tolerancia a factores bióticos y abióticos

Aunque se han dedicado esfuerzos para mejorar las producciones de este cultivo, la falta de estabilidad sigue siendo su principal problema. Los principales inconvenientes para aumentar la producción radican en la mejora de características agronómicas relacionadas con la adaptación a determinados sistemas de cultivo. Por ejemplo, en la cuenca Mediterránea el garbanzo es un cultivo que tradicionalmente se siembra en primavera y la planta desarrolla poca biomasa en el corto periodo de tiempo de su crecimiento reflejándose en la producción final de semilla del cultivo (Figura 3). Sería pues interesante sembrar en invierno y alargar el ciclo permitiéndonos aumentar las producciones. Sin embargo las siembras invernales están muy limitadas por la susceptibilidad del garbanzo a la rabia (enfermedad causada por el hongo aéreo *Ascochyta rabiei*) ya que es en esta época cuando el hongo encuentra las condiciones ambientales adecuadas para el desarrollo de la enfermedad (T^a aprox. 5-15°C y humedad alta). El desarrollo de líneas resistentes a rabia ha permitido la introducción de las siembras de invierno llegando a duplicar o triplicar las producciones (Hawtin y Singh 1984; Singh y Reddy 1996).



Figura 3. Cultivo de garbanzo: Siembra de invierno (primer plano) y de primavera (al fondo)

Así pues la mejora para resistencia a rabia ha llegado a ser uno de los objetivos principales de los programas de mejora de garbanzo (Muehlbauer y Singh 1987; Singh et al. 2007). Es una de las enfermedades más devastadoras en el mundo pudiendo causar pérdidas de casi el 100% de la producción (Nene y Reddy 1987; Pande et al. 2005). El patógeno ataca a todas las partes aéreas de la planta causando necrosis y colapso tisular (Figura 4).



Figura 4. Lesiones de rabia en tallos, hojas y vainas. Ataque de rabia en un campo de garbanzo (derecha).

Se han identificado fuentes de resistencia a rabia en ICARDA (International Center for Agricultural Research in the Dry Areas) (Singh y Reddy 1993) y su uso es de gran importancia para diversificar la base genética de la resistencia, para aumentar los niveles de resistencia y piramidar genes en los futuros materiales avanzados de garbanzo (Pande et al. 2005, Ta'ran et al. 2007). Se sabe que la resistencia a rabia en los materiales desarrollados no es una resistencia total por lo que el uso de materiales resistentes o tolerantes debe ir acompañado de unas buenas prácticas culturales (Strange et al. 2004; Gan et al. 2006).

La inestabilidad del cultivo también está afectada por la marchitez, principalmente causada por el hongo del suelo *Fusarium oxysporum* Schlechtend:

Fr. f. sp. *ciceris*, que junto con la rabia son las dos enfermedades más importantes del garbanzo (Figura 5). Hasta la fecha se han descrito ocho razas distribuidas en India, España y Estados Unidos (Haware y Nene 1982; Jimenez-Diaz et al. 1993; Jiménez-Gasco et al. 2004) que presentan síntomas diferentes: amarillez (razas 0 y 1B/C) y marchitez (razas 1A, 2, 3, 4, 5 y 6). La permanencia del hongo en el suelo y la capacidad de sobrevivir durante años hace complicado su control (Haware et al. 1996). Por lo tanto el uso de cultivares resistentes es la mejor forma de controlar esta enfermedad. Se dispone de fuentes de resistencia a fusarium entre los garbanzos cultivados siendo la piramidación de genes (asociados a las diferentes razas) en los nuevos cultivares desarrollados la estrategia más adecuada para proporcionar resistencia durable a esta enfermedad.



Figura 5. Material de garbanzo resistente a Fusarium (centro bandeja) y susceptible (ambos lados de la bandeja).

Los estreses abióticos también ocasionan pérdidas en la producción del garbanzo. El desarrollo de variedades precoces ha sido la estrategia más adecuada para escapar a la sequía terminal que sufre el garbanzo al final de su ciclo (Toker y Canci 2005; Toker et al. 2007). Además del ciclo otros factores genéticos pueden estar presentes en la tolerancia a sequía, así en ICRISAT (Internacional Crops Research Institute for the Semi-Arid Tropics), Saxena et al. (1993) identificaron una línea tolerante (ICC4958). Más recientemente, Canci y Toker (2009) han identificado dos genotipos tipo desi, ACC316 y ACC317, con resistencia a sequía y a elevadas temperaturas (>40°C).

Otros estreses abióticos como las heladas (<-1.5°C) y el “chilling” (entre -1.5°C y 15°C) afectan al garbanzo en varios estadios de su desarrollo, desde la

germinación a la maduración (Croser et al. 2003a), efectos que hay que tener en cuenta en su mejora, fundamentalmente en las siembras de invierno en ambientes Mediterráneos. El “chilling” afecta principalmente al cuajado de la vaina ya que temperaturas inferiores a 25°C afectan al desarrollo del tubo polínico y por tanto a la fecundación. Cultivares tolerantes a “chilling” (‘Sonali’ y ‘Rupali’) se han desarrollado en los programas de mejora de Australia (Clarke y Siddique 2004) y en ICARDA e ICRISAT se han desarrollado cultivares tolerantes al frío adaptados a siembras de invierno (Gaur et al. 2007). La salinidad es otro factor abiótico que limita significativamente la producción en garbanzo (Manchanda y Garg 2008), identificándose fuentes de tolerancia a salinidad en India, Pakistán y Australia (Millán et al. 2006).

La disponibilidad de variabilidad es fundamental en los programas de mejora. Cruzamientos entre garbanzos tipo Desi x Kabuli se han empleado como fuente de variabilidad, debido a que ambos tipos poseen diferentes características morfológicas y agronómicas, así como diferentes fuentes de resistencias (Singh 1987; Singh y Reddy 1991, 1996; Sharma et al. 2005). La introgresión de genes desde las especies silvestres hacia la especie cultivada ha sido otra estrategia para conseguir nuevas combinaciones génicas proporcionando una ventaja en términos de producción (Croser et al. 2003b)

1.6.2. Adaptación del cultivo y caracteres implicados

La arquitectura de los cultivos puede ser modificada para su adaptación a diferentes ambientes y para aumentar la producción y estabilidad, optimizando así los programas de mejora, siendo esta la principal razón de mejoradores y genéticos. Puede verse afectada por condiciones ambientales, principalmente la temperatura, intensidad de radiación y longitud del día. Varios caracteres influyen en esta adaptación, entre ellos destacamos los *patrones* de ramificación, el tamaño de hoja y la fecha de floración, siendo éste último el de mayor importancia (Huyghe 1998).

1.6.2.1. Fecha de floración

La fecha de floración es un componente esencial en la adaptación del cultivo, particularmente en regiones semiáridas donde el crecimiento está limitado por la disponibilidad de agua y por las temperaturas al final del periodo de crecimiento

(Subbarao et al. 1995). Así pues, materiales precoces (asociados con maduración precoz) son los adecuados para escapar de sequías terminales y altas temperaturas al final del ciclo (Gaur et al. 2007), siendo la precocidad un factor clave en la formación y maduración de las vainas ante la presencia de estreses abióticos.

En zonas semiáridas la precocidad podría prolongar el periodo reproductivo y por lo tanto aumentar la producción a través de un uso más eficiente del agua. (Kumar y Abbo 2001). En otras zonas como en Canadá, se trata de evitar las lluvias y el frío del otoño.

En ambientes mediterráneos, floración precoz está positivamente asociada con producción (Siddique et al. 2003; Rubio et al. 2004). Utilizando poblaciones de líneas recombinantes (RILs) y poblaciones derivadas de retrocruzamientos, Sabaghpour et al (2003) observaron una alta asociación con el vigor de la planta. También se ha observado una moderada y positiva correlación con el peso de la semilla (Hovav et al. 2003), sugiriendo que es difícil mejorar para precocidad sin comprometer el peso de la semilla, siendo este último un carácter de gran interés para el mercado. No obstante, estos resultados contrastan con la información del ICRISAT donde se han empleado materiales de origen Mexicano con semilla grande y muy precoces (Gaur et al. 2006).

La floración es un carácter muy variable que depende de la estación, de la fecha de siembra y de la altitud y latitud (Summerfield y Roberts 1988). Los genotipos de garbanzo muestran una respuesta diferencial al fotoperiodo y a la temperatura (Roberts et al. 1985), encontrándose genotipos en los que la fecha de floración está influenciada por la respuesta al fotoperiodo y por la temperatura sin embargo en otros está determinada únicamente por el fotoperiodo (Ellis et al. 1994).

La insensibilidad al fotoperiodo ha jugado un gran papel en la adaptación a ambientes de latitudes bajas. En la Cuenca Mediterránea, la insensibilidad al fotoperiodo podría ser un carácter interesante para evitar los estreses de humedad los cuales ocurren fundamentalmente en la época de verano (Cobos et al. 2009).

La información disponible de la herencia de la fecha de floración difiere dependiendo de los genotipos usados como parentales y del ambiente. Gumber y Sarvjeet (1996) estudiaron su genética utilizando tres cruzamientos de garbanzo en el norte de la India (ambiente subtropical de ciclo largo) concluyendo que el control

era digénico, siendo precocidad recesivo. Resultados similares fueron obtenidos por Anbessa et al. (2006) en ambientes de ciclo corto. Sin embargo, Or et al. (1999) utilizando ICC5810 (genotipo precoz e insensible al fotoperiodo) y Kumar y van Rheenen (2000) ICCV2 (precoz), observaron que dicho carácter estaba controlado por un solo gen mayor, cuyos alelos (*ppd* en ICC5810 y *efl1* en ICCV2) se supuso que estaban localizados en el mismo locus (Kumar y Abbo 2001) aunque no existen pruebas concluyentes para asegurarlo.

Se han identificado QTLs (Quantitative Traits Loci) asociados a este carácter situados en los grupos de ligamiento (GL) 1 y GL2 (Lichtenzveig et al. 2006), GL3 (Cho et al. 2002; Cobos et al. 2004) y GL4 (Cobos et al. 2007) del mapa genético de garbanzo, indicándonos que puede haber varios genes que controlan la fecha de floración.

1.6.2.2. Porte

El porte es otro carácter de adaptación del cultivo y relacionado con la arquitectura de la planta. Está controlado por un gen (*Hg/hg*), siendo erecto dominante y rastrero recesivo (Patil 1959; Argikar y D'Cruz 1963) y localizado en el GL3 del mapa genético de garbanzo (Winter et al. 2000). Los tipos erectos son generalmente más altos, con tallos más compactos y mejor adaptados a la mecanización que los tipos achaparrados. Debido a que las líneas erectas tienen menos ramificaciones primarias y secundarias y por lo tanto menos vainas que las achaparradas, es necesario mayor número de plantas por unidad de área para conseguir una mayor producción (Muehlbauer y Singh 1987). Rubio et al. (2004) observaron que bajo condiciones mediterráneas, el porte semierecto o achaparrado influye positivamente en la estabilidad de la producción y en el rendimiento.

Singh et al. (1995) definieron una serie de categorías basándose en el ángulo que forman las ramificaciones secundarias con el tallo principal: (1): erecto, formando un ángulo entre 0-15°; (2): semi-erecto, entre 15-25°; (3): semi-rastrero, entre 25-60°; (4): rastrero, entre 60-80° y (5): ramas caídas en el suelo.

1.6.2.3. Forma o tipo de la hoja

Cambios en la arquitectura de la planta, alterando las formas de las hojas, pueden afectar al comportamiento agronómico. Comúnmente las hojas de garbanzo son

uní-imparipinnadas (tipo normal) y situadas alternativamente en las ramas. La hoja está diferenciada en un raquis de 3-7cm de largo, el cual soporta de 9 a 15 folíolos insertados con pequeños pecíolos de forma elíptica de 8-17mm de longitud y 5-14mm de ancho. Se han identificado mutantes que tienen hojas simples (unifoliada, sin diferenciación en el raquis y los folíolos) (Ekbote 1942) y el multipinnado (Pundir et al. 1990) (Figura 6).

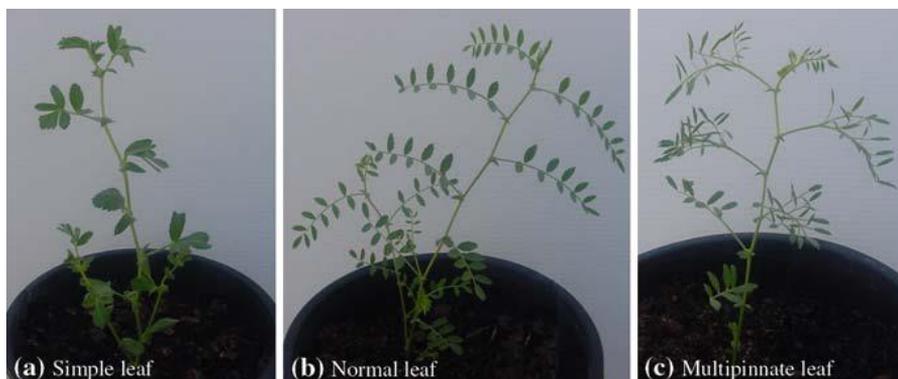


Figura 6. Diferentes formas de hoja en garbanzo. a) simple o unifoliada b) normal c) multipinnada (Fuente: Danehlouepour et al. 2008)

El tipo de hoja está controlado por dos genes (*ml* y *sl*) con acción génica complementaria, siendo tipo de hoja normal dominante sobre hoja simple y multipinnada (Pundir et al. 1990). Las hojas normales se presentan cuando ambos genes están en dominancia, las simples cuando el primer gen (*ml*) es recesivo independientemente del segundo gen (*sl*) y las multipinnadas cuando el primer gen es dominante y el segundo recesivo.

Estos mutantes de hoja simple han sido explotados en los programas de mejora de garbanzo y actualmente se han desarrollado nuevas variedades que llevan este carácter: ‘Surutato-77’ y ‘Macarena’ en México; ‘Dwelley’, ‘Sanford’, ‘Evans’ y ‘Sierra’ en USA y ‘CDC Diva’ y ‘CDC Xena’ en Canadá (FJ Muelhbauer, comunicación personal; Warkentin et al. 2003).

Srinivasan et al. (2006) utilizando materiales en generación F₂ procedentes de tres cruzamientos cuyos parentales diferían en el tipo de hoja y en el tamaño de semilla, observaron en los genotipos de hojas normales mayor número de vainas por planta, mayor número de semillas por planta y por lo tanto mayor producción pero no observaron diferencias significativas en relación al tamaño de semilla. Sin

embargo es interesante destacar que las variedades anteriormente mencionadas presentan un tamaño de semilla grande ($>40\text{g } 100 \text{ semillas}^{-1}$) por lo que se podría sugerir que el carácter hoja simple puede estar asociado con tamaño de semilla grande.

Estudios realizados en Canadá aconsejan el uso de cultivares de hoja normal como una oportunidad para aumentar la producción de garbanzo ya que estos presentan un mayor índice de cosecha que los cultivares de hoja simple o unifoliada (Li et al. 2006).

Chongo et al. (2002) y Gan et al. (2003) estudiando un pequeño número de variedades vieron una desventaja al uso de genotipos de hoja simple ya que la susceptibilidad a rabia era mayor en estos genotipos que en los de hoja normal. Estudios más recientes (Danehlouepour et al. 2008), utilizando poblaciones de líneas segregantes concretan que la resistencia a esta enfermedad depende más del fondo genético que de la forma de la hoja, además los autores no encontraron asociación entre susceptibilidad a la enfermedad y tipo de hoja, por lo tanto parece posible desarrollar materiales con diferentes tipos de hoja y con resistencia a rabia.

Las hojas normales absorben más radiación de luz que las hojas simples, siendo el máximo acumulado de un 95%. Por otro lado, los genotipos de hoja simple parecen tener un gran potencial ya que debido a que tienen menor área foliar tienen menor evapotranspiración, pudiendo ser de gran interés en ambientes semi-áridos.

1.6.3. Producción y sus componentes

La producción es un carácter complejo ya que es el resultado del desarrollo completo de la planta y presenta una heredabilidad baja. En garbanzo, existen correlaciones entre producción y sus componentes (semillas por vaina, vainas por planta, semillas por planta, producción por planta, tamaño de semilla, etc.) (Muehlbauer y Singh 1987; Singh et al. 1990; Kharrat et al. 1991; Kumar y Arora 1991; Maynez et al. 1993). Singh et al. (1990) en una colección de garbanzo tipo kabuli de 3267 entradas, encontraron una significativa y positiva correlación entre producción y tamaño de la semilla pero no entre producción y semillas por vaina o vainas por planta. Sin embargo, vainas por planta ha sido frecuentemente descrito como uno de los caracteres que más fuertemente contribuye a la producción en

garbanzo (Muehlbauer y Singh 1987; Kharrat et al. 1991; Kumar y Arora 1991; Kumar y Bahl 1992). Ocasionalmente se han publicado correlaciones negativas entre tamaño de semilla y producción (Muehlbauer y Singh 1987).

Los componentes de la producción como semillas por planta o vainas por planta son difíciles de manejar en los programas de mejora. Son caracteres complejos que pueden estar influenciados por otros caracteres cualitativos como doble vaina (dos vainas por nudo), el porte y la fecha de floración. De hecho, el carácter doble vaina parece tener un efecto positivo en la estabilidad de la producción (Rubio et al. 1998, 2004) y en otros ensayos agronómicos se ha observado que las líneas con doble vaina producen más que las de vaina simple (Kumar et al. 2000).

Así pues para desarrollar cultivares bajo condiciones mediterráneas, habría que considerar en los programas de mejora las siguientes cuestiones: a) para siembras de primavera: precocidad y hábito de crecimiento semierecto son los caracteres con mayor influencia en la producción y en la estabilidad de la producción respectivamente y b) para siembras de invierno: el hábito de crecimiento semierecto, doble vaina y precocidad son los caracteres que más influyen en la estabilidad de la producción (Rubio et al. 2004)

1.6.4. Interacción Genotipo-Ambiente

El desarrollo de cultivares o variedades bien adaptadas a varios ambientes es el objetivo final de muchos programas de mejora. Una variedad o genotipo se considera estable o bien adaptada cuando al crecer en varios ambientes presenta bajas fluctuaciones en su producción, ya que el ambiente influye en la expresión de los caracteres, fundamentalmente en los relacionados con el rendimiento. Considerando estos aspectos, la producción de un cultivar viene determinada por el efecto del genotipo (G), del ambiente (E) y por la interacción de ambos (GxE) (Yan y Kang 2002).

La interacción GxE se considera un aspecto muy importante en los programas de mejora y su análisis ayudaría a seleccionar materiales estables. Muchos caracteres de gran importancia agronómica y económica, como la producción, tienen herencia cuantitativa y pueden presentar interacción GxE siendo necesario realizar ensayos multilocalidades para su evaluación.

Con el análisis de la interacción GxE se intenta comprender el comportamiento de los genotipos en los diferentes ambientes de evaluación. La caracterización minuciosa de los genotipos, para caracteres morfológicos o para componentes del rendimiento y el estudio de los ambientes donde se realizan las evaluaciones, permite un aporte importante en la interpretación de los resultados (Eisemann et al. 1990; Cooper et al. 1993).

Como ya se ha comentado anteriormente los investigadores en sus programas de mejora coinciden en la importancia de desarrollar y obtener variedades estables. Becker y Leon (1988) diferencian dos conceptos de estabilidad: *estática* y *dinámica*. En el concepto *estático* los genotipos estables se definen como aquellos que muestran un comportamiento inalterable a través de diferentes ambientes, correspondiendo con bajas varianzas y en el *dinámico* los genotipos varían con los ambientes, en este caso la respuesta de un genotipo se expresa en función de la calidad del medio.

Se habla de interacción genotipo-ambiente de tipo cuantitativo cuando la ordenación de los genotipos según su producción no cambia al pasar de un ambiente a otro pero las diferencias entre ellos sí. Por el contrario, la de tipo cualitativo, se refiere cuando los genotipos cambian su ordenación relativa en cuanto a producción en los distintos ambientes, este tipo de interacción es la que complica el proceso de selección (Becker y Leon, 1988).

A veces puede ser que el genotipo más estable no sea el más productivo, así pues el uso de métodos que integren producción y estabilidad para seleccionar genotipos superiores es de gran interés (Kang 1988, 1993; Pham y Kang 1988; Kang y Pham 1991; Kang y Magari 1996). Varios métodos se han propuesto para analizar la interacción GxE (Lin et al. 1986; Becker y Leon 1988; Piepho 1994, Truberg y Huehn 2000).

Berger et al. (2007) citan más de 30 trabajos en garbanzo donde estudiaron la interacción genotipo-ambiente. En muchos de ellos, su estudio se realizó por medio de análisis de regresión (Finlay y Wilkinson 1963), siendo este el método más utilizado. Más recientemente para comprender mejor la interacción GxE se utilizan métodos estadísticos más complejos que el análisis de la varianza (ANOVA), como es el modelo AMMI (Additive Main Effects and Multiplicative Interaction Model), que combina ANOVA con componentes principales (CP). Este

método extrae el efecto del genotipo y del ambiente y usa componentes principales para explicar la interacción GxE (Romagosa y Fox 1993). De los más conocidos es el AMMI biplots, proporcionando una representación gráfica de la parte genética (G) y de la estabilidad (CP) de los genotipos simultáneamente. Basándonos en esto los cultivares ideales deberían tener un alto valor genético (alta producción) y un pequeño valor en CP (alta estabilidad). Criterios similares se siguen para seleccionar los mejores ambientes. Un genotipo ideal sería aquel que está ampliamente adaptado a un conjunto de ambientes y un ambiente ideal sería el más discriminatorio para los genotipos (Yan y Kang 2003; Blanche y Myers 2006; Fan et al. 2007).

Los primeros trabajos de interacción genotipo-ambiente en garbanzo utilizaron bajo número de genotipos y/o lugares ensayados, a pesar de ello la interacción para caracteres relacionados con el rendimiento resultó significativa (Chandra et al. 1971; Jain et al. 1984; Singh y Bejiga 1990; Katiyar et al. 1992; Singh et al. 1995; Aher et al. 1998; Yadava et al. 2000). En muchos trabajos el coeficiente de regresión (b_i) fue positivamente correlacionado con la media de rendimiento, lo que sugiere que los genotipos de alto rendimiento son más sensibles a ambientes favorables (Ramanujam y Gupta 1974, Jain et al. 1984; Singh y Bejiga 1990; Singh y Singh 1991; Arshad et al. 2003). Resultados similares han sido descritos en otras leguminosas (Berger et al. 2002) y en avena (Eagles et al. 1977). En otros trabajos los ambientes se refieren a diferentes fechas de siembra o tratamientos agronómicos (Ramanujam y Gupta 1974; Singh y Kumar 1994, Banik et al. 1997; Popalghat et al. 1999; Khorgade et al. 2000; Sood et al. 2001).

Recientemente, investigadores de India, Pakistán, Australia, Irán, Japón y España han trabajado con un elevado número de genotipos y de ambientes, caracterizando minuciosamente desde la geografía, el clima, el suelo, las fechas de siembra, la estructura genética (desi y kabuli) y caracteres fenológicos y productivos que pueden ayudar a modificar la expresión del rendimiento (Berger et al. 2004, 2006; Rubio et al. 2004; Kashiwagi et al. 2008; Dehghani et al. 2010; Segherloo et al. 2010; Bakhsh et al. 2011; Hamayoon 2011).

1.7. El cultivo y la Mejora del garbanzo en Argentina

El cultivo del garbanzo en Argentina comenzó durante la etapa colonial en los establecimientos que dirigía la Compañía de Jesús en el actual departamento de Cruz del Eje (provincia de Córdoba) y desde ahí se difundió hacia el Norte del país. Actualmente el centro de producción nacional se encuentra en la provincia de Salta, donde se concentra casi el 70% de la superficie cultivada y en las provincias de Catamarca, Córdoba y Tucumán (Figura 7)

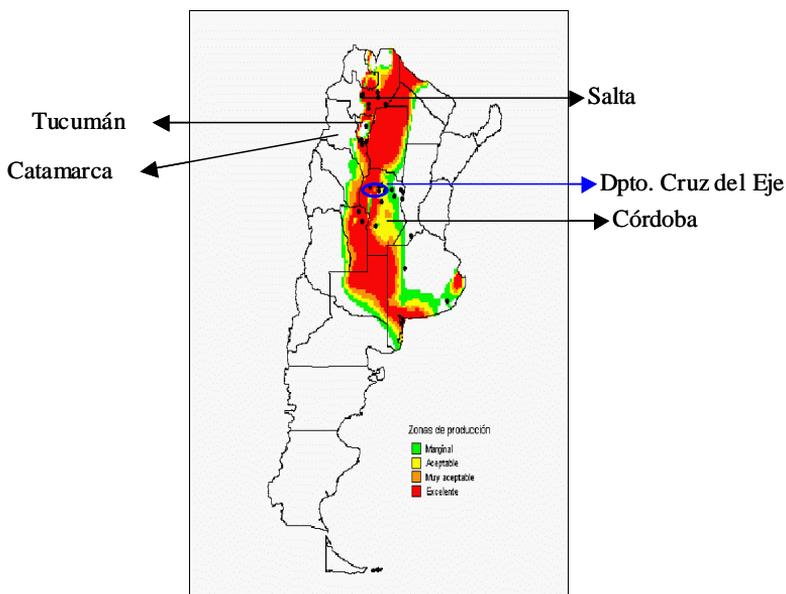


Figura 7. Zonas productoras de garbanzo en Argentina. (•) localidades con antecedentes del cultivo.

En 1960 se sembraron alrededor de 6000 has en Córdoba localizadas en el Dpto. Cruz del Eje. (Marginet Campos 2001). Inicialmente se sembraron dos poblaciones de garbanzos localmente denominadas ‘Sauco’ y ‘Criollo’. Las condiciones ambientales (precipitaciones de 500 mm anuales) y edáficas (suelos sueltos) permitieron el avance de su cultivo. En las décadas de los 80 y 90 el cultivo del garbanzo, como parte de la economía regional, dejó de ser rentable debido a la falta de desarrollo tecnológico, precio internacional bajo, etc. reduciéndose bruscamente la superficie cultivada llegando casi a desaparecer.

Considerando la importancia de este cultivo, en la década de los 70 en la Universidad Nacional de Córdoba se inicia el Programa de Mejora de Garbanzo

financiado por un Proyecto de Investigación “Contribución al Mejoramiento del Garbanzo” desarrollado en el Instituto de Ciencias Agropecuarias y se trató de explorar la variabilidad existente en las poblaciones locales que usaban los productores. A partir de la población ‘Sauco’ se realizó una selección de las mejores plantas que posteriormente fueron evaluadas para rendimiento en ensayos comparativos en diferentes localidades (Córdoba, Salta y Tucumán), dando lugar a 3 líneas con buenas aptitudes agronómicas (S-93, S-156 y S-159). Una de ellas fue el primer cultivar registrado en Argentina ‘Chañaritos S-156’ inscrito en el Registro de Cultivares del Instituto Nacional de Semillas (INASE) (N° 374) y posteriormente se registró en el Departamento de Agricultura de Estados Unidos (USDA-ARSS) (N° 236, PI 636327) (Biderbost y Carreras 1991, 2005). El convenio realizado en 1992 entre las Universidades Nacionales de Salta, Córdoba y el INTA (Instituto Nacional de Tecnología Agropecuaria) permitió la transferencia de semilla identificada a productores de garbanzo del Norte del país durante tres años consecutivos. Cruzamientos realizados entre la línea seleccionada S-159 y un genotipo Mexicano y tras un programa de selección genealógica se obtuvo el cultivar ‘Norteño’ (N° 1193 del Registro de Cultivares y de la Propiedad de Cultivares) de tipo kabuli, tamaño de grano grande (peso de 100 semillas de 59g) tolerante al frío y fusarium y adecuado para siembra directa (Carreras et al. 1997). Ambos cultivares presentan un buen tamaño de grano y con rendimientos que oscilan entre 1.500 a 1.800 kg/ha.

Con la ayuda de becas de extensión universitaria en la Universidad Nacional de Córdoba se inicia una experiencia de transferencia tecnológica en el cultivo del garbanzo, informando al medio rural sobre las virtudes de los cultivares obtenidos. Para ello se realizaron siembras en campos de productores y Escuelas Técnicas Agrícolas. A través de exposiciones rurales y por medio de talleres de formación dirigidos a agricultores y alumnos se aportó información sobre el manejo de la semilla, prácticas culturales adecuadas, canales de comercialización y cartillas de divulgación (Carreras 2000, 2003; Alemano et al. 2001; Karlin et al. 2003, Filicetti 2004).

En el año 2000 se establece una colaboración entre la empresa Cono SA e investigación, cuya actividad estuvo orientada al uso de semilla identificada de los cultivares anteriormente mencionados para determinar la fecha de siembra

adecuada, la densidad y el espaciamiento, además del uso de siembra y cosecha directa en seco en el Noreste de Córdoba. Este tipo de siembra directa es una práctica instalada en Argentina desde 1989 en los principales cultivos extensivos como la soja, maíz, trigo y cebada. El incorporar la siembra directa al garbanzo ha sido un salto tecnológico muy importante que queda reflejado en el aumento de superficie año tras año y en sus rendimientos pasando de 500 a 2.000 Kg/ha (Carreras et al. 2006). A partir del 2005 la producción del garbanzo en la provincia de Córdoba empieza a aumentar y un gran número de empresas (Agro-Uranga SA, La Soledad, Semagro, Molino, Sytari, etc) empiezan a ser distribuidoras contribuyendo al aumento de la superficie del cultivo de garbanzo que ha llegado en la actualidad hasta unas 40.000 has cultivadas (Bolsa de Cereales de Córdoba 2010-11).

En Argentina la siembra del garbanzo se realiza en otoño-invierno (meses de Abril o Mayo), y el inicio de la floración ocurre a partir de Agosto. El invierno (de Junio a Septiembre) es la época más seca y el factor de estrés relevante son las bajas temperaturas en estado vegetativo y en inicio de floración. A principio de primavera (Septiembre u Octubre) comienzan las lluvias por lo que en ese momento el cultivo debe de haber completado su ciclo. El sistema de manejo es convencional o en siembra directa, con agua acumulada en el perfil del suelo tras el verano o con riego suplementado en las etapas específicas para el logro de un cultivo óptimo (Carreras et al. 2007).

Si bien el intercambio comercial fue deficitario hasta el año 2001, el país comenzó a aumentar las exportaciones y a reducir la cantidad importada. Los valores máximos de importación (desde México y USA) se alcanzaron en 1996 con un total de 1.244 t, que representaron cerca del 50% del consumo interno. En contraposición, a partir de 1996 las exportaciones han ido aumentando, alcanzando hasta 67.888 t en 2011, destinadas fundamentalmente a Brasil, actualmente se están ampliando otros mercados como Italia.

El destino principal de la producción de garbanzo en Argentina es el consumo interno, como grano seco, que oscila en unas 3.000 t y representa casi el 8% del total de legumbres consumidas en el país indicando el bajo nivel de conocimiento del garbanzo como alimento o en sus formas de utilización, aún en las zonas más productoras del país. Alrededor de 550 t/año son consumidas en

forma de harina, siendo la fainá (masa en forma de disco con aceite y horneada) el principal producto elaborado con harina de garbanzo y plato tradicional del barrio porteño de La Boca. Otros usos se presentan en la cocina étnica de las colectividades árabes. Con el objetivo de fomentar el consumo de garbanzos, las empresas del sector están realizando importantes campañas de promoción con resultados muy optimistas.

De desarrollarse el cultivo, Argentina podría transformarse en uno de los principales abastecedores de América Latina, que anualmente importa cerca de 20.000 t de garbanzo en grano.

La superficie del garbanzo ha aumentado en Argentina en estos últimos años, como se ha comentado anteriormente, se tienen amplios conocimientos en cuanto a prácticas culturales y se ha puesto gran énfasis para incentivar a los agricultores en su cultivo pero la base genética es muy pequeña y con alta probabilidad de ser vulnerada por factores bióticos y abióticos de los cuales hay un gran desconocimiento en los materiales que se han desarrollado en este país. Como se ha descrito, la mejora realizada hasta el momento se ha limitado al empleo de una población posiblemente de origen español ('Sauco' puede ser sinónimo de 'Fuentesauco' cultivar local español) y un genotipo Mexicano. Por lo tanto sería interesante introducir nueva variabilidad y estudiar el interés de algunos caracteres adaptativos en la región del Noroeste de Argentina.

OBJETIVOS

2. Objetivos

El objetivo fundamental de este trabajo ha sido ampliar la variabilidad en el cultivo del garbanzo en Argentina y seleccionar material adecuado para cultivarlo en este país. Ello ha implicado los siguientes objetivos específicos:

- Evaluar el efecto genotipo a lo largo de diferentes ambientes (localidades y años) y su interacción en caracteres relacionados con el rendimiento, empleando para ello dos poblaciones de líneas recombinantes $F_{6,7}$ de amplia base genética.
- Analizar el efecto que caracteres de herencia simple tienen sobre los caracteres evaluados y tratar de establecer un posible ideotipo de planta.
- Con los resultados obtenidos seleccionar aquellos genotipos más idóneos para ser introducidos en futuros programas de cruzamientos en Argentina.

MATERIAL Y MÉTODOS

3. Material y Métodos

3.1. Material vegetal

El material utilizado han sido 40 líneas recombinantes $F_{6,7}$ (RIL, Recombinant Imbred Lines) procedentes de dos cruzamientos intraespecíficos de *C. arietinum* (CA2990xWR315 y JG62xILC72), denominadas RIP16 (Recombinant Imbred Populations) y RIP10 respectivamente. El desarrollo de las poblaciones RILs se realizó usando el método de descendencia de semilla única (SSD, Single Seed Descent) (Johnson y Bernard 1962) y fueron obtenidas por el Grupo de Mejora Genética Vegetal de Córdoba (España) constituido por miembros del IFAPA (Instituto de Investigación Agraria y Pesquera de la Junta de Andalucía) y de la UCO (Universidad de Córdoba). Las características de las líneas parentales se describen en la Tabla 1 y algunas de ellas se muestran en la Figura 8.

Tabla 1. Características de las líneas parentales empleadas en el desarrollo de las poblaciones recombinantes (CA2990xWR315 y JG62xILC72).

	CA2990	WR315	JG62	ILC72
Origen	México	India	India	Caúcaso
Tipo	Kabuli	Desi	Desi	Kabuli
Color de flor	Blanca	Rosa	Rosa	Blanca
Porte	Erecto	Semierecto	Semierecto	Erecto
Ciclo	n.d.	Precoz	Precoz	Tardío
Tipo de hoja	Unifoliada	Normal	Normal	Normal
Nº vainas/pedúnculo	Vaina simple	Vaina simple	Doble vaina	Vaina simple
Fusariosis	n.d.	Resistente (todas razas)	Resistente (raza 0)	Susceptible
Rabia	Susceptible	Susceptible	Susceptible	Resistente

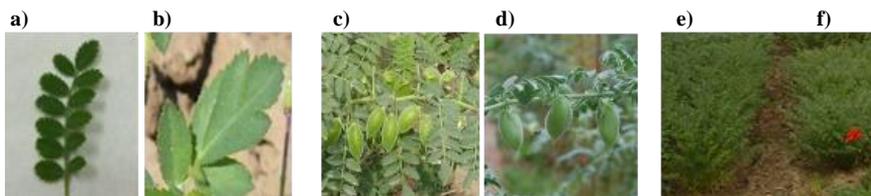


Figura 8. Características de garbanzo. Tipo de hoja (izquierda) a) normal, b) unifoliada. Número de vainas por pedúnculo (centro) c) vaina doble d) vaina simple. Tipo de porte (derecha) e) erecto f) semierecto o achaparrado.

De un total de 77 líneas procedentes de la población CA2990xWR315 (RIP16) se seleccionaron 20 líneas que segregaban independientemente para las siguientes características morfológicas según la base de datos del grupo de Mejora Genética Vegetal: forma de la hoja [normal (N)/unifoliada (U)] (Figura 8a y b) y tamaño de la misma [pequeña (P)/grande (G)] (Tabla 2), para ello se eligieron 3 plantas al azar y se tomaron 3 hojas de los primeros nudos con vainas verdes, se escanearon y se midió el área foliar de cada una de las hojas con el programa (SigmaScanPro 5.0). Estas líneas se nombrarán con la letra “M” seguida del número correspondiente a la línea RIL. En los primeros ensayos en Argentina se observó variabilidad para porte y ciclo (erecto/semierecto o achaparrado y tardío/precoz respectivamente) por lo que se caracterizaron también para estos dos caracteres (Tabla 2).

Tabla 2. Características de las líneas seleccionadas procedentes del cruzamiento CA2990xWR315 (RIP16).

Líneas (RILs)	Tipo hoja ¹	Tamaño hoja ²	Porte ³	Ciclo ⁴
M30	U	P (<500mm ²)	E	T
M46	U	“	A	T
M59	U	“	A	T
M63	U	“	A	T
M79	U	“	A	T
M1	U	G (>700mm ²)	E	T
M2	U	“	E	P
M66	U	“	E	P
M11	U	“	E	P
M25	U	“	E	P
M14	N	P (<1400mm ²)	A	T
M27	N	“	A	P
M75	N	“	A	T
M60	N	“	A	T
M19	N	G (>1400mm ²)	A	P
M4	N	“	A	P
M18	N	“	A	T
M64	N	“	A	P
M85	N	“	E	P
M51	N	“	E	P

¹ Unifoliada (U), Normal (N), ² Pequeña (P), Grande (G), ³ Erecto (E), Achaparrado (A), ⁴ Tardío (T), Precoz (P)

De la población JG62xILC72 (RIP10) compuesta por 102 líneas se seleccionaron otras 20 en base a: ciclo (precoz/tardío), número de vainas por pedúnculo (vaina simple/vaina doble) y porte (erecto/achaparrado) (Tabla 3). Estas líneas se nombrarán con la letra “J” seguida del número correspondiente a la línea RIL.

Tabla 3. Características de las líneas seleccionadas procedentes del cruzamiento JG62xILC72 (RIP10).

Líneas (RILs)	Ciclo ¹	Nº vainas/pedúnculo ²	Porte ³
J19	P	DV	A
J84	P	“	A
J98	P	“	E
J60	P	“	A
J64	P	“	A
J99	P	“	A
J55	P	VS	A
J61	P	“	A
J96	P	“	A
J56	P	“	A
J90	P	“	E
J12	T	DV	A
J86	T	“	A
J75	T	“	A
J95	T	“	E
J4	T	VS	A
J71	T	“	A
J32	T	“	A
J22	T	“	E
J77	T	“	E

¹Tardío (T), Precoz (P), ²Doble vaina (DV), vaina simple (VS), ³Erecto (E), Achaparrado (A)

Los cultivares ‘Chañaritos S-156’ (T-156) y ‘Norteño’ (T-522), fueron utilizados como testigos en los ensayos experimentales. Ambos son de crecimiento achaparrado o semierecto, de hoja normal, flor blanca, tolerantes a bajas temperaturas (-5°C) durante el desarrollo vegetativo y de amplia adaptación a las zonas de Argentina donde se realizaron los ensayos (Biderbost y Carreras 1991, 2005). Sus rendimientos oscilan alrededor de los 1.500 k/ha y el tamaño de la semilla es mediano siendo ‘Norteño’ el que presenta un tamaño más grande y el color del tegumento mas claro (Tabla 4) (Carreras 1999).

Tabla 4. Características de los testigos utilizados en los ensayos experimentales.

Testigos	Código	Porte	Ciclo	Color flor	Color semilla
‘Chañaritos S-156’	T-156	Semierecto	Tardío	Blanca	Crema
‘Norteño’	T-522	Semierecto	Tardío	Blanca	Crema claro

3.2. Caracterización agroclimática de las localidades de los ensayos experimentales

Los ensayos experimentales se sembraron en Mayo durante los años 2005, 2006, 2007 y 2008 en las localidades de Cerrillos (provincia de Salta), en San Marcos Sierras y Chalacea (provincia de Córdoba) y en Villa Mercedes (provincia de San Luis), en el orden descrito situadas de Norte a Sur y representan el área de cultivo del garbanzo en Argentina (Tabla 5 y Figura 9). En adelante las localidades se definirán como Salta, Córdoba y San Luís. La distancia máxima entre estas localidades es aproximadamente de 1000 Km en línea recta.

Tabla 5. Coordenadas y tipo de suelo de las localidades en las que se realizaron los ensayos experimentales.

	Salta (Cerrillos)	Córdoba (San Marcos Sierras)	Córdoba (Chalacea)	San Luís (Villa Mercedes)
Latitud	24° 54' 00" S	30° 46' 60" S	30° 46' 01" S	33° 40' 27" S
Longitud	65° 29' 00" W	64° 31' 00" W	63° 25' 01" W	65° 27' 44" W
Altitud	1217 m	625 m	137 m	512 m
Tipo de suelo	Franco arcilloso-arenoso	Franco arenoso	Franco limoso	Franco

Argentina comprende una superficie de 2.791.810 km², extendiéndose desde los 22° hasta los 55° de latitud Sur y con una extensión de 3700 km; sin considerar la parte insular y Antártica, ya que llega al Polo Sur. La localidad de Cerrillos se encuentra situada en el Valle de Lerma, provincia de Salta (Noroeste de Argentina), esta localidad presenta un suelo claro, bien drenado, desarrollado sobre materiales de textura media a fina, con clase estructural franco-arenoso-arcilloso, tiene una pluviometría anual media de 650 mm y una T^a media máxima de unos

24°C y media mínima de 10°C. San Marcos Sierras se encuentra situada en las estribaciones de las Sierras de Punilla, pertenece al Departamento Cruz del Eje, provincia de Córdoba (Centro de Argentina) y presenta un suelo franco arenoso. Las lluvias oscilan en unos 600 mm anuales y con T^a máxima de 24°C y mínima de 10°C. En la misma provincia se encuentra Chalacea con suelo franco-limoso y pertenece al Departamento Totoral. La pluviometría oscila alrededor de los 850 mm y una T^a máxima de 25°C y mínima de 11.2°C. La localidad de Villa Mercedes situada en la provincia de San Luís se encuentra algo más al sur de Córdoba en el Oeste o “Cuyo” del país y presenta un tipo de suelo franco. Con precipitaciones de aproximadamente 615mm y temperaturas máximas de 24.3°C y mínimas de 8.2°C .

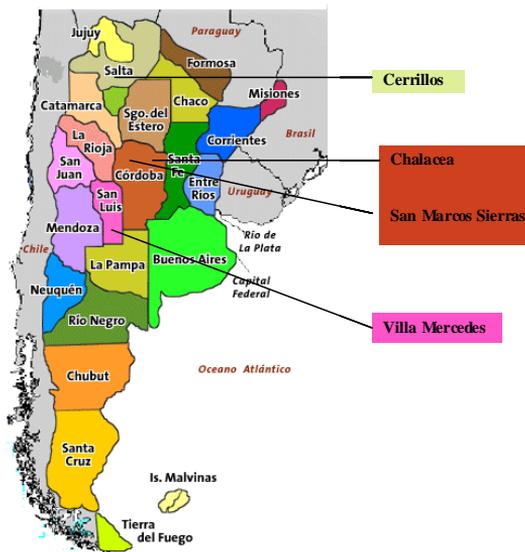


Figura 9. Mapa de Argentina, donde se muestran las localidades de los ensayos experimentales.

Los datos de precipitaciones y T^a máximas y mínimas de las anteriores localidades recogidos en el periodo comprendido entre 2000-2010 están representados en la Figura 10.

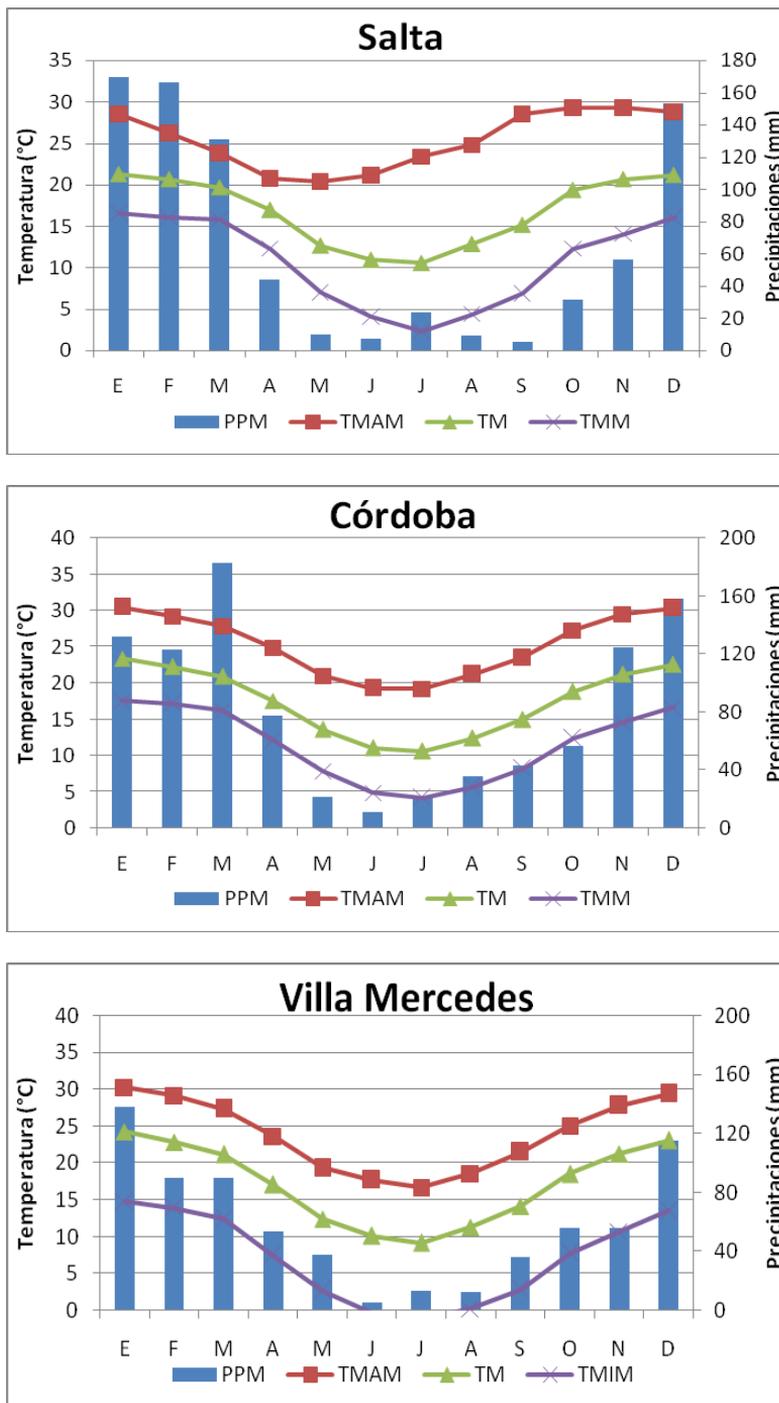


Figura 10. Datos de precipitaciones (PPM), temperaturas máximas (TMAM), medias (TM) y mínimas (TMIN) recogidas durante el periodo 2000-2010 en las localidades de Salta, Córdoba y Villa Mercedes (San Luís).

3.3. Caracteres evaluados

Los materiales fueron evaluados para caracteres relacionados con la estructura de la planta, componentes del rendimiento y caracteres morfológicos. Para ello se tomaron cinco plantas elegidas al azar para cada genotipo y repetición.

A) Caracteres cualitativos relacionados con la estructura de la planta

- Altura de Planta (AP): medida desde la superficie del suelo a la punta del ápice (cm).
- Altura de inserción de la primera vaina (A1^aV): medida desde la superficie del suelo a la inserción de la primera vaina (cm).
- Hábito de crecimiento: aunque las líneas ya estaban caracterizadas para este carácter se volvió de nuevo a evaluar para confirmar dicho carácter clasificándolos como erectos (E) cuando el ángulo que forma la primera ramificación con el tallo principal es muy agudo (<15°) y semierectos o achaparrados (A) cuando dicho ángulo es menos agudo (>15°) (Pundir et al. 1985) (Figura 8e y f).
- Tipo de vaina: confirmación del carácter (Figura 8c y d).

B) Caracteres cuantitativos relacionados con el rendimiento

- Número total de vainas por planta (V/P).
- Número total de semillas por planta (S/P).
- Peso Total de semillas por planta (P/P) (gr).
- Peso de 100 semillas (P100) (gr), este carácter nos indica el tamaño de grano.

3.4. Diseño experimental

Los ensayos experimentales de cada cruzamiento (20 líneas más testigo) se sembraron siguiendo un diseño de bloques al azar con dos repeticiones en 2005 y tres repeticiones en 2006, 2007 y 2008. La unidad experimental constó de 2 surcos de 4m de largo en el año 2005 y 3 surcos de 4m de largo en el resto de los años. La separación entre surcos fue de 0.70m y una densidad de siembra de 10-15 semillas por metro lineal. Las semillas se desinfectaron con Benomil y Thiram 100g/100kg de semillas y las parcelas experimentales fueron previamente inoculadas con cepas

de *Rhizobium* sp. El ensayo realizado en Córdoba en 2008 (localidad Chalacea) se hizo en siembra directa en secano. En este caso la separación entre surcos fue de 0.52m.

Debido a que no en todas las localidades hubo ensayos en los cuatro años e incluso en Córdoba 2008 el manejo fue diferente (siembra directa) se ha optado por considerar cada uno de ellos como un ambiente distinto. Por lo tanto la combinación año con lugar ha generado ocho ambientes diferentes que se describen en la Tabla 6.

Tabla 6. Ambientes diferentes, teniendo en cuenta la localidad y el año en que se ha realizado este estudio.

Nomenclatura	Ambiente	Año	Localidad
S1	SA05	2005	Salta
S2	SA06	2006	Salta
S3	SA07	2007	Salta
S4	SA08	2008	Salta
S5	CO05	2005	Córdoba
S6	CO06	2006	Córdoba
S7	CO08	2008	Córdoba
S8	SL06	2006	San Luís

3.5. Análisis estadístico

3.5.1. Análisis individual de cada ambiente

Con objeto de conocer el comportamiento de los ensayos en cada ambiente, en primer lugar se analizaron los datos en cada uno de ellos mediante análisis de la varianza (ANOVA) según el modelo:

$$x_{ij} = \mu + G_i + B_j + E_{ij}$$

donde x_{ij} es el valor del genotipo i -ésimo en el bloque j -ésimo, μ es la media general, G_i el efecto del genotipo i -ésimo, B_j efecto del bloque j -ésimo y E_{ij} es el error experimental.

Posteriormente se realizó una comparación de medias entre genotipos dentro de cada ambiente mediante mínimas diferencias significativas (LSD) al nivel de $P < 0.01$. Correlaciones fenotípicas fueron estimadas para cada uno de los ensayos y poblaciones.

3.5.2. Análisis combinado de los diferentes ambientes

Un segundo paso fue el ANOVA combinado de los datos procedentes de todos los ambientes según el modelo:

$$x_{ijk} = \mu + G_i + A_j + GA_{ij} + B_{k(j)} + E_{ijk}$$

donde x_{ijk} es el valor del genotipo i en el ambiente j y en el bloque k , μ es la media general, G_i el efecto del genotipo i -ésimo, A_j el efecto del ambiente j -ésimo, GA_{ij} el efecto de la interacción genotipo-ambiente, $B_{k(j)}$ el efecto del k -ésimo bloque dentro de ambiente j y E_{ijk} es el error experimental.

A partir del análisis de la varianza combinado se estimó la heredabilidad en sentido amplio de cada uno de los caracteres cuantitativos evaluados mediante la formula:

$$H = V_G / V_F \quad \text{siendo, } V_F = V_E + V_{G \times A} + V_G$$

donde, V_G es la varianza genotípica estimada a partir de la esperanza de cuadrados medios del ANOVA, $V_{G \times A}$ varianza de la interacción genotipo-ambiente y V_E es la varianza ambiental que corresponde al cuadrado medio del error del ANOVA.

3.5.3. Descomposición ortogonal del efecto Genotipo y de la interacción Genotipo-Ambiente

Teniendo en cuenta que los genotipos en estudio habían sido previamente caracterizados para tipo y tamaño de hoja, porte, ciclo y vaina doble/vaina simple, se estudió el efecto que estos caracteres pudiesen tener sobre los caracteres cuantitativos evaluados mediante descomposición ortogonal de la suma de cuadrados del genotipo y de la interacción genotipo-ambiente en el ANOVA combinado.

La variación debida al efecto genotipo se descompuso en variación dentro de cada uno de los agrupamientos realizados y entre grupos. Para conocer la

importancia que cada uno de estos factores tuviesen sobre el carácter evaluado se tuvo en cuenta su significación y su coeficiente de determinación (R^2) que fue estimado como el cociente entre la suma de cuadrados de cada uno de los factores y la suma de cuadrados del genotipo ($SC_{dentro\ grupo}/SC_{genotipo}$ y $SC_{entre\ grupos}/SC_{genotipo}$).

En el caso de la interacción genotipo-ambiente se siguió un procedimiento similar, se descompuso en interacción dentro de cada grupo y la interacción grupo-ambiente.

3.5.4. Análisis AMMI de la interacción Genotipo-Ambiente

En los casos en los que en el ANOVA combinado la interacción genotipo-ambiente fue significativa se procedió a analizar esta mediante análisis AMMI (additive main effect and multiplicative interaction). En este análisis se descompone la suma de cuadrados de la interacción en una serie de componentes multiplicativos empleando análisis de componentes principales (Mandel 1971), siguiendo el modelo :

$$Y_{ij} = \mu + G_i + E_j + \sum \lambda_k \gamma_{ik} \delta_{jk} + e_{ij}$$

donde Y_{ij} es el carácter medido del i th genotipo en el j th ambiente; μ es la media general; G_i y E_j es el efecto del genotipo y del ambiente respectivamente, λ_k es el autovalor del eje k del análisis de componentes principales (ACP), γ_{ik} y δ_{jk} son los vectores propios unitarios del genotipo y del ambiente, respectivamente, asociados a λ_k y e_{ij} es el error. Las coordenadas genotípicas y ambientales se expresan como el producto de la raíz cuadrada de λ_k por su vector propio asociado. Multiplicando las coordenadas genotípicas por las ambientales obtenemos la estimación de la interacción ($\lambda_k \gamma_{ik} \delta_{jk}$) de un determinado genotipo en cualquier ambiente (Zobel et al. 1988).

El análisis AMMI se divide en dos partes: (1) la parte aditiva donde los efectos principales del modelo son analizados por ANOVA y (2) la interacción genotipo-ambiente (GxE) que es analizada por ACP para concentrar la interacción en unos pocos componentes.

Los grados de libertad de cada ACP se calcularon por el método de Gollob (1968). La estabilidad de cada línea se estudió por su medida en los componentes principales ($\lambda_k^{0.5} \gamma_{ik}$) y se eligieron los componentes significativos que explicaron un

alto porcentaje de la interacción GxE. Los análisis estadísticos se realizaron con el programa SAS Institute (1996).

RESULTADOS

4. Resultados

4.1. Análisis de los ensayos en cada ambiente

El ambiente es un aspecto importante en la expresión de los genotipos en una especie. Pensando en la respuesta de dos poblaciones de genotipos diferentes de garbanzo en lugares representativos de Argentina durante varios años, los caracteres analizados en cada ambiente fueron: altura de planta, altura de inserción de la primera vaina, número de vainas y semillas por planta, producción por planta y peso de 100 semillas.

A continuación se realiza un análisis de cada carácter en el conjunto de ambientes.

4.1.1. Altura de planta

Se observaron diferencias significativas entre genotipos dentro de cada población en todos los ambientes ensayados indicando que existe variabilidad genética para este carácter en ambas poblaciones (Anexo I: Tablas 1 y 2, pags. 123-126). Los coeficientes de variación (CV) de los ensayos variaron ente 5.4% y 12.8% en la población JG62xILC72, y entre 3.4% y 13.5% en la población CA2990xWR315, en general se puede considerar que el error experimental de los ensayos no ha sido muy importante para este carácter. Hubo dos años en Salta (SA06 y SA08) donde altura de planta tuvo su máxima expresión en ambas poblaciones. Las medias de los ensayos fueron ligeramente superiores en la población JG62xILC72 lo que parece sugerir que en esta población se pueden encontrar genes para mayor altura de planta. En los ensayos de la población CA2990xWR315 el testigo empleado ('Chañaritos') fue de los genotipos más altos junto con algunas líneas de esta población. Sin embargo en la población JG62xILC72 hubo líneas en todos los ensayos con valores superiores al testigo empleado ('Norteño').

4.1.2. Altura de inserción de la primera vaina

En todos los ambientes existieron diferencias significativas entre genotipos dentro de cada población y los coeficientes de variación fueron ligeramente más altos que para altura de planta (Anexo I: Tablas 3 y 4, pags. 127-130). El comportamiento de los testigos dentro de cada población fue similar al descrito para el carácter anterior. Este carácter estuvo de moderado a altamente correlacionado con altura de planta

siendo esa correlación más patente en la población JG62xILC72 (Tablas 7 y 8, pags. 49 y 50). La alta y significativa correlación entre altura total y altura de inserción de primera vaina indican que la variación de uno depende del otro en las poblaciones estudiadas y que se pueden considerar caracteres pleiotrópicos. En general, ambos caracteres no estuvieron correlacionados con ninguno de los componentes del rendimiento estudiados.

4.1.3. Número de vainas por planta

Variación genotípica significativa se observó en ambas poblaciones en todos los ambientes (Anexo I: Tablas 5 y 6, pags. 131-134). Los coeficientes de variación fueron más altos que en los dos caracteres anteriores, de 14.9% a 30.1% en la población JG62xILC72 y de 5.4% a 28.8% en CA2990xWR315. Este es un carácter más influenciado por el ambiente, no obstante se detectaron diferencias significativas entre genotipos en las dos poblaciones. El comportamiento del testigo 'Norteño' en JG62xILC72 presentó valores bajos con respecto a las líneas y 'Chañaritos' fue intermedio en CA2990xWR315. Se evidencia el aporte genético de JG62 y WR315 en el aumento del número de vainas por planta, ambos son parentales tipo Desi con mayor número de ramificaciones por planta y por lo tanto con más sitio donde colocar vainas. Los valores medios de los ensayos en Salta fueron superiores a los de Córdoba y San Luis en ambas poblaciones, sugiriendo un mayor potencial para este componente del rendimiento en la región de Salta. En todos los ensayos y en las dos poblaciones, el carácter estuvo altamente correlacionado con producción por planta y número de semillas por planta, siendo en éste último caso prácticamente 1 (Tablas 7 y 8, pags. 49 y 50).

4.1.4. Número de semillas por planta

En ambas poblaciones se encontraron diferencias significativas entre las líneas en todos los ambientes, indicando variabilidad genética para este carácter (Anexo I: Tablas 7 y 8, pags. 135-138). Los CV de los ensayos oscilaron entre 13.8% y 34.5% en JG62xILC72 y 7.6% y 30.3% en CA2990xWR315, lo que denota una alta influencia ambiental en algunos de los ensayos. Se destacan líneas, con valores muy altos (274 semillas) en los genotipos de la población JG62xILC72 y menor número de semillas/planta en los genotipos de la población CA2990xWR315. En ambas

poblaciones el carácter se correlacionó positiva y significativamente con producción por planta (Tablas 7 y 8). Los testigos ‘Norteño’ y ‘Chañaritos’ fueron superados por varios genotipos en las dos poblaciones. En general en los ensayos de Salta se observan mayores valores medios que en los otros dos ambientes y en la población JG62xILC72 las medias fueron superiores a las de la otra población (Figuras 11 y 12, pags. 51 y 52).

4.1.5. Producción por planta

Se observan diferencias significativas entre los genotipos de ambas poblaciones para este carácter, lo que permitirá seleccionar genotipos superiores a los testigos (Anexo I: Tablas 9 y 10, pags. 139-142). El CV osciló entre 9.6% y 32.5% en la población JG62xILC72 y 10% y 33.8% en CA2990xWR315. Se puede observar un conjunto de genotipos superiores a los testigos (‘Norteño’ y ‘Chañaritos’) en ambas poblaciones, con potencial productivo importante. Como ya se mencionó anteriormente producción por planta estuvo positiva y altamente correlacionado con número de vainas y semillas por planta en las dos poblaciones (Tablas 7 y 8). En JG62xILC72 los valores promedios fueron entre 22 y 8g/planta, con máximo de 47g donde ‘Norteño’ obtuvo 20g en promedio. En CA2990xWR315, los valores promedios fueron entre 20 y 7g/planta, con máximos de 39g, donde ‘Chañaritos’ posee 20g en promedio. Queda una vez más reflejado el mayor potencial de Salta sobre las otras dos regiones (Figuras 11 y 12, pags. 51 y 52).

4.1.6. Peso de 100 semillas

Se encontraron diferencias significativas entre los genotipos de ambas poblaciones (Anexo I: Tablas 11 y 12, pags. 143-146). Los valores del CV oscilaron entre 6.8% y 19.4% en JG62xILC72 y entre 6% y 12.6% para la población CA2990xWR315, sugiriendo que es un carácter menos influenciado por el ambiente que en los componentes del rendimiento vistos anteriormente. ‘Norteño’ en la población JG62xILC72 superó significativamente en peso de 100 semillas a todos los genotipos. En la población CA2990xWR315 en general el testigo ‘Chañaritos’ fue similar en tamaño a algunos genotipos de esta población. Los valores medios de los ensayos en CA2990xWR315 fueron superiores a los de la otra población, estos resultados parecen indicar la presencia de genes para mayor tamaño de semilla en

esta población. El peso de 100 semillas se correlacionó significativa y negativamente con número de semillas y de vainas en ambas poblaciones (Tablas 7 y 8).

En resumen podemos decir que existe variación genotípica para todos los caracteres evaluados en las dos poblaciones estudiadas. Aunque en algunos casos los coeficientes de variación de los ensayos fueron un poco altos, se detectaron diferencias significativas entre genotipos en todos los ensayos. Destacar la alta correlación significativa entre los componentes del rendimiento: producción, número de vainas y semillas por planta, sobre todo entre estos dos últimos caracteres. Por los resultados obtenidos las dos poblaciones parecen representar diferentes fondos genéticos y parece desprenderse un mayor potencial en la región de Salta respecto a las otras dos regiones.

Tabla 7. Coeficientes de correlación entre diferentes caracteres evaluados en una población de 20 líneas de garbanzo procedentes del cruzamiento JG62xILC72 en diferentes ambientes.

	Prod/planta	Semillas/planta	Vainas/planta	Peso 100 semillas	Altura planta
Semillas/planta					
SA06	0.86				
SA07	0.76				
SA08	0.62				
CO05	0.88				
CO06	0.73				
CO08	0.95				
SL06	0.57				
Vainas/planta					
SA06	0.86	0.96			
SA07	0.75	0.95			
SA08	0.61	0.86			
CO05	0.84	0.94			
CO06	0.61	0.92			
CO08	0.90	0.94			
SL06	0.53	0.95			
Peso 100 semillas					
SA06	-0.11	-0.54	-0.52		
SA07	-0.02	-0.62	-0.56		
SA08	-0.03	-0.76	-0.60		
CO05	-0.02	-0.43	-0.41		
CO06	0.02	-0.62	-0.62		
CO08	-0.47	-0.69	-0.70		
SL06	0.18	-0.46	-0.52		
Altura planta					
SA06	-0.07	-0.32	-0.29	0.60	
SA07	-0.05	-0.32	-0.26	0.55	
SA08	0.20	-0.25	-0.18	0.37	
CO05	0.50	0.40	0.48	0.12	
CO06	0.25	-0.05	0.00	0.43	
CO08	-0.64	-0.70	-0.62	0.54	
SL06	0.24	0.21	0.26	-0.27	
Altura 1ª vaina					
SA06	-0.38	-0.55	-0.53	0.57	0.88
SA07	-0.24	-0.31	-0.27	0.36	0.86
SA08	-0.00	-0.42	-0.31	0.46	0.92
CO05	0.11	0.05	0.09	0.24	0.83
CO06	0.21	-0.11	-0.08	0.48	0.95
CO08	-0.72	-0.74	-0.81	0.63	0.81
SL06	0.20	0.09	0.07	-0.09	0.86

En negrita coeficientes de correlación significativos para $P < 0.05$

Tabla 8. Coeficientes de correlación entre diferentes caracteres evaluados en una población de 20 líneas de garbanzo procedentes del cruzamiento CA2990xWR315 en diferentes ambientes.

	Prod/planta	Semillas/planta	Vainas/planta	Peso 100 semillas	Altura planta
Semillas/planta					
SA05	0.78				
SA06	0.69				
SA07	0.54				
SA08	0.70				
CO05	0.68				
CO06	0.89				
CO08	0.74				
SL06	0.53				
Vainas/planta					
SA05	0.80	0.99			
SA06	0.83	0.94			
SA07	0.51	0.94			
SA08	0.73	0.94			
CO05	0.66	0.97			
CO06	0.86	0.98			
CO08	0.76	0.94			
SL06	0.63	0.82			
Peso 100 semillas					
SA05	0.06	-0.52	-0.46		
SA06	0.15	-0.56	-0.35		
SA07	0.10	-0.72	-0.66		
SA08	-0.17	-0.76	-0.67		
CO05	0.40	-0.32	-0.27		
CO06	-0.21	-0.54	-0.57		
CO08	-0.13	-0.74	-0.65		
SL06	0.22	-0.66	-0.44		
Altura planta					
SA05	0.17	0.15	0.12	0.07	
SA06	0.28	0.05	0.17	0.17	
SA07	0.00	-0.10	0.13	0.18	
SA08	0.03	0.12	0.22	-0.12	
CO05	0.21	0.02	0.03	0.40	
CO06	0.53	0.32	0.26	0.27	
CO08	0.36	0.08	0.13	0.22	
SL06	0.52	0.18	0.44	0.20	
Altura 1ª vaina					
SA05	0.11	-0.10	-0.12	0.29	0.77
SA06	0.09	-0.07	0.01	0.12	0.80
SA07	-0.04	-0.16	0.06	0.25	0.81
SA08	0.41	0.18	0.29	0.06	0.37
CO05	0.22	0.07	0.10	0.30	0.70
CO06	0.32	0.10	0.03	0.49	0.91
CO08	-0.19	-0.17	-0.18	0.06	-0.05
SL06	0.32	0.05	0.31	0.20	0.88

En negrita coeficientes de correlación significativos para $P < 0.05$

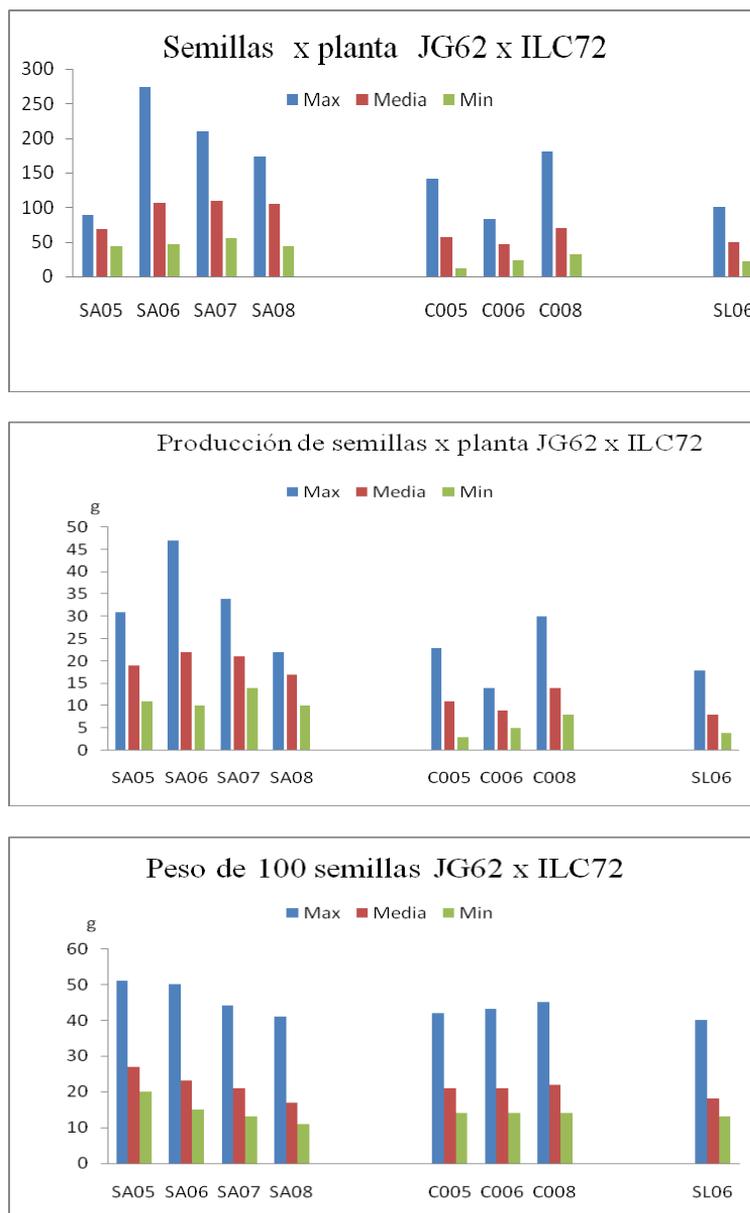


Figura 11. Representación gráfica del número de semillas/planta, producción/planta (g) y peso de 100 semillas (g) de una población RIL $F_{6:7}$ de garbanzo procedente del cruzamiento JG62xILC72 en diferentes ambientes (Media, max. y min.). SA05, SA06, SA07 y SA08 corresponde a Salta en 2005, 2006, 2007 y 2008 respectivamente; C005, C006 y C008 a Córdoba en 2005, 2006 y 2008 respectivamente, SL06 a San Luis en 2006.

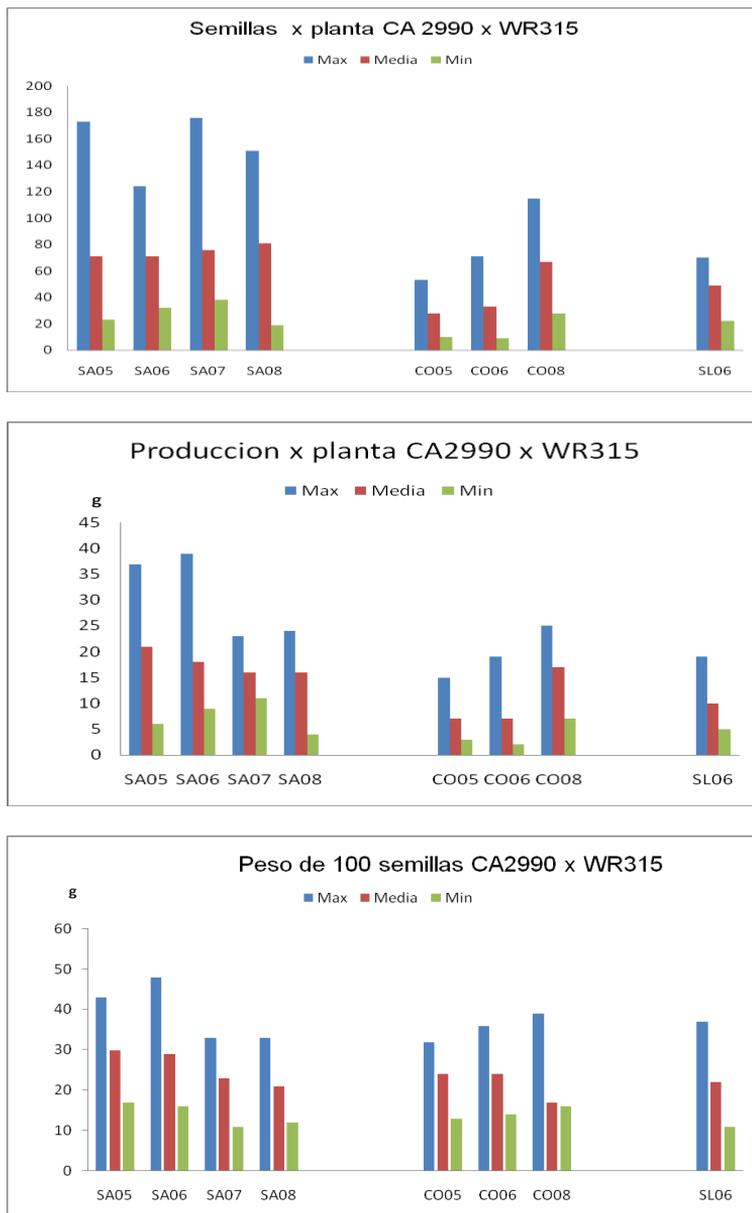


Figura 12. Representación gráfica del número de semillas/planta, producción/planta (g) y peso de 100 semillas (g) de una población RIL $F_{6;7}$ de garbanzo procedente del cruzamiento CA2990xWR315 en diferentes ambientes (Media, max. y min.). SA05, SA06, SA07 y SA08 corresponde a Salta en 2005, 2006, 2007 y 2008 respectivamente; CO05, CO06 y CO08 a Córdoba en 2005, 2006 y 2008 respectivamente, SL06 a San Luis en 2006.

4.2. Análisis AMMI de la interacción Genotipo-Ambiente

Tras aplicar el análisis de la varianza a los datos obtenidos en las dos poblaciones a través de todos los ambientes se obtuvieron altas diferencias significativas entre ambientes para todos los caracteres evaluados (Tablas 11 a 15). Estos resultados confirman las diferencias observadas en el apartado anterior (Figuras 11 y 12). Así mismo la interacción genotipo-ambiente fue altamente significativa ($P < 0.001$) para todos los caracteres estudiados en ambas poblaciones, reflejándose en los valores de la heredabilidad (Tablas 9 y 10). Peso de 100 semillas fue el carácter más heredable en la población CA2990xWR315. Este mismo carácter fue también de los más heredables junto con altura de planta en la población JG62xILC72. Estos resultados indican una mayor variabilidad para altura de planta en JG62xILC72 y para tamaño de semilla en CA2990xWR315. En general, al analizar los efectos de la interacción genotipo-ambiente mediante análisis de componentes principales, los tres primeros componentes fueron suficientes en todos los casos para explicar gran parte de esta interacción (>74%) (Tablas 11 a 15).

Tabla 9. Heredabilidad en sentido amplio (H) para los caracteres estudiados en la población CA2990xWR315.

Carácter	Varianzas estimadas ^a			H
	V _G	V _{GM}	V _M	
Altura planta	7.64	18.25	16.09	0.18
Altura 1ª vaina	6.25	7.80	6.13	0.30
Vainas/planta	142.34	207.80	144.19	0.28
Semillas/planta.	356.47	312.49	207.76	0.33
Producción/planta	4.70	11.97	16.35	0.14
Peso 100 semillas	27.60	11.97	6.05	0.64

^a V_G: Varianza genotípica, V_{GM}: Varianza interacción genotipo-ambiente y V_M: Varianza ambiental

Tabla 10. Heredabilidad en sentido amplio (H) para los caracteres estudiados en la población JG62xILC72.

Carácter	Varianzas estimadas ^a			H
	V _G	V _{GM}	V _M	
Altura planta	35.00	24.23	26.97	0.40
Altura 1ª vaina	24.58	11.26	14.62	0.48
Vainas/planta	138.82	328.11	348.49	0.17
Semillas/planta.	290.21	595.56	474.42	0.21
Producción/planta	1.53	17.68	16.35	0.04
Peso 100 semillas	11.78	4.54	9.61	0.45

^a V_G: Varianza genotípica, V_{GM}: Varianza interacción genotipo-ambiente y V_M: Varianza ambiental

4.2.1. Altura de planta

En este carácter los dos primeros componentes (PC1 y PC2) explicaron el 66% de la variación de la interacción en la población CA2990xWR315 y el 80% en la población JG62xILC72 (Tabla 11).

Tabla 11. Análisis de la varianza, para el carácter altura de planta (cm) evaluado en dos poblaciones F_{6:7} de genotipos de garbanzo creciendo en diferentes ambientes (localidades y años).

Fuente de variación	CA2990xWR315		JG62xILC72	
	gl	Cuadrados Medios	gl	Cuadrados Medios
Ambiente	7	5759.07***	6	15105.06***
Bloque (Amb)	14	91.17	13	90.85
Genotipo	19	254.41***	19	834.69***
Genotipo/Ambiente	133	70.85***	114	99.67***
PC1	25	162.09*** (43%)	24	213.05*** (45%)
PC2	23	94.24*** (23%)	22	180.77*** (35%)
PC3	21	53.85** (12%)	20	45.45** (8%)
Error	264	16.09	240	26.97

PC1, PC2, PC3: Componentes Principales obtenidos al analizar los efectos de la interacción Genotipo/Ambiente. Entre paréntesis porcentaje que explica cada componente de la variación de la interacción. *0.05 > P > 0.01; **0.01 > P > 0.001; ***P < 0.001.

Cuando se representan los genotipos y los ambientes sobre los dos ejes o componentes, en la población CA2990xWR315 no se observa un patrón definido, por ejemplo dos líneas con valores altos para el carácter en estudio, M18 y M4, presentaron altos valores de la interacción mientras que otras dos, M1 y M60, tuvieron valores más próximos a cero en ambos componentes y por lo tanto fueron más estables (Figura 13a). En la población JG62xILC72 aquellos que mostraron un

valor medio más alto (J77, J90 y J95) junto con algunos de los más bajos (J64, J84 y J99), fueron de los que más contribuyeron a la interacción (Figura 14a). Se observa que los ambientes S4 (SA08), S5 (CO05) y S8 (SL06) fueron los que más contribuyeron al efecto de la interacción en JG62xILC72 (Figura 14b), mientras que en la población CA2990xWR315 lo fueron S3 (SA07) y S4 (SA08) (Figura 13b).

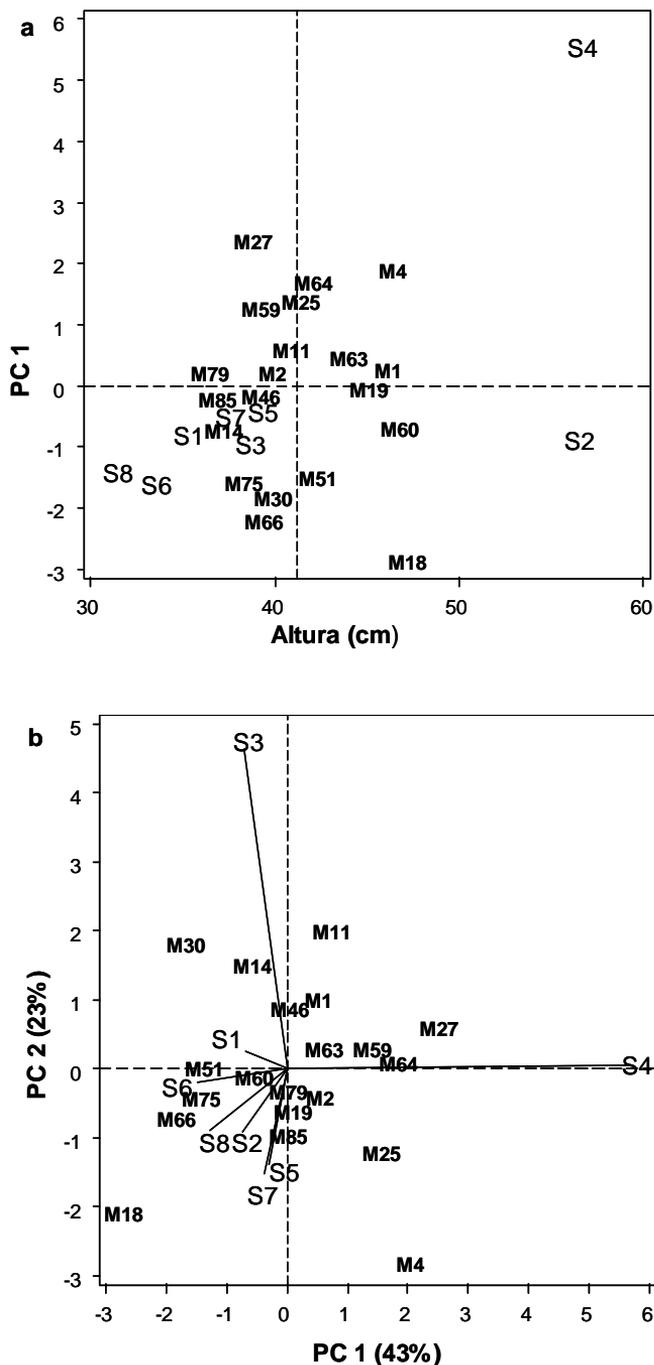


Figura 13. Distribución de genotipos (RILs), procedentes del cruzamiento CA2990xWR315, y ambientes teniendo en cuenta: a) altura de planta y el componente principal de la interacción genotipo-ambiente PC1, b) los dos primeros componentes de la interacción PC1 y PC2

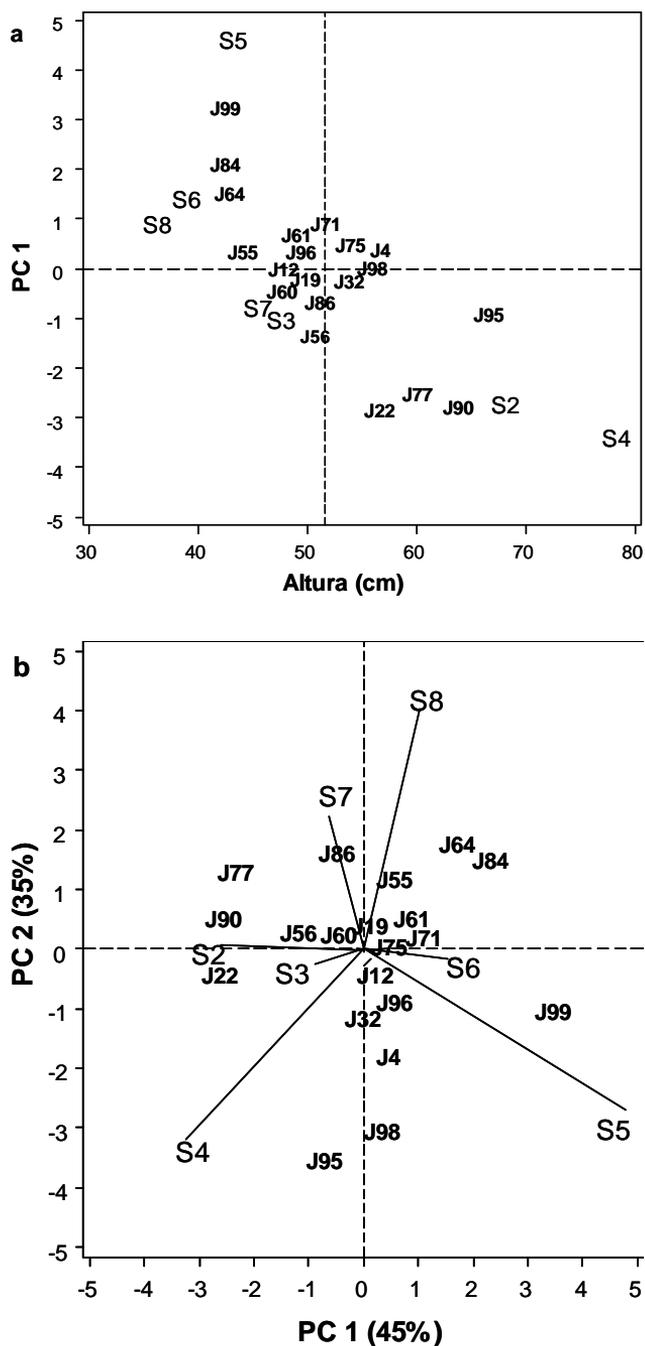


Figura 14. Distribución de genotipos (RILs), procedentes del cruzamiento JG62xILC72, y ambientes teniendo en cuenta: a) altura de planta y el componente principal de la interacción genotipo-ambiente PC1, b) los dos primeros componentes de la interacción PC1 y PC2

4.2.2. Altura de inserción de la primera vaina

Aunque este carácter se encuentra de moderada a altamente correlacionado con altura total se observan algunas diferencias en sus resultados en cuanto al comportamiento global de los genotipos y de los ambientes en ambas poblaciones (Figuras 15 y 16, pags. 60 y 61). En las dos poblaciones los componentes principales PC1 y PC2 explicaron el 72% de la variabilidad total de la interacción genotipo-ambiente (Tabla 12). En la población CA2990xWR315 los genotipos M64, M60, M79, M25, M63 y M46, fueron más estables para el carácter siendo el resto de los genotipos los que más aportaron a la interacción, destacando M1, M4, M30 y M66 (Figura 15b). La media general para este carácter fue de 18cm siendo superiores a este valor los genotipos M30, M60, M51, M19, M1, M18 y M4 (Figura 15a). Los ambientes S2 (SA06) y S4 (SA08) donde se maximiza el carácter fueron también los que más contribuyeron a la interacción (Figura 15).

En los resultados obtenidos en la población JG62xILC72 se observa también que los ambientes de Salta, S2 (SA06) y S4 (SA08), fueron en los que mayor altura media se obtuvo y los que más contribuyeron a la interacción, en este caso la media general fue más alta que en la población anterior (>25cm) (Figura 16). Respecto a los genotipos, J90 y J95 fueron los que mostraron mayor valor a través de los ambientes estudiados y de los que más aportaron a la interacción siendo su interacción positiva con los ambientes S2 (SA06) y S4 (SA08). Estos resultados indican que estos dos genotipos tuvieron un buen comportamiento en todos los ambientes pero que destacaron sobre los demás en los ambientes citados (interacción cuantitativa).

Tabla 12. Análisis de la varianza, para el carácter altura de inserción 1ª vaina (cm) evaluada en 2 poblaciones F_{6:7} de genotipos de garbanzo creciendo en diferentes ambientes (localidades y años) en el Noroeste de Argentina.

Fuente de variación	CA2990xWR315		JG62xILC72	
	gl	Cuadrados Medios	gl	Cuadrados Medios
Ambiente	7	909.16***	6	3485.84***
Bloque (Amb)	14	24.15	13	63.11
Genotipo	19	178.96***	19	564.60***
Genotipo/Ambiente	133	28.93***	114	48.40***
PC1	25	76.97*** (50%)	24	114.95*** (50%)
PC2	23	36.81*** (22%)	22	55.18*** (22%)
PC3	21	23.82*** (13%)	20	33.10** (12%)
Error	264	6.13	240	14.62

PC1, PC2, PC3: Componentes Principales obtenidos al analizar los efectos de la interacción Genotipo/Ambiente . Entre paréntesis porcentaje que explica cada componente de la variación de la interacción. **0.01 > P > 0.001; ***P < 0.001

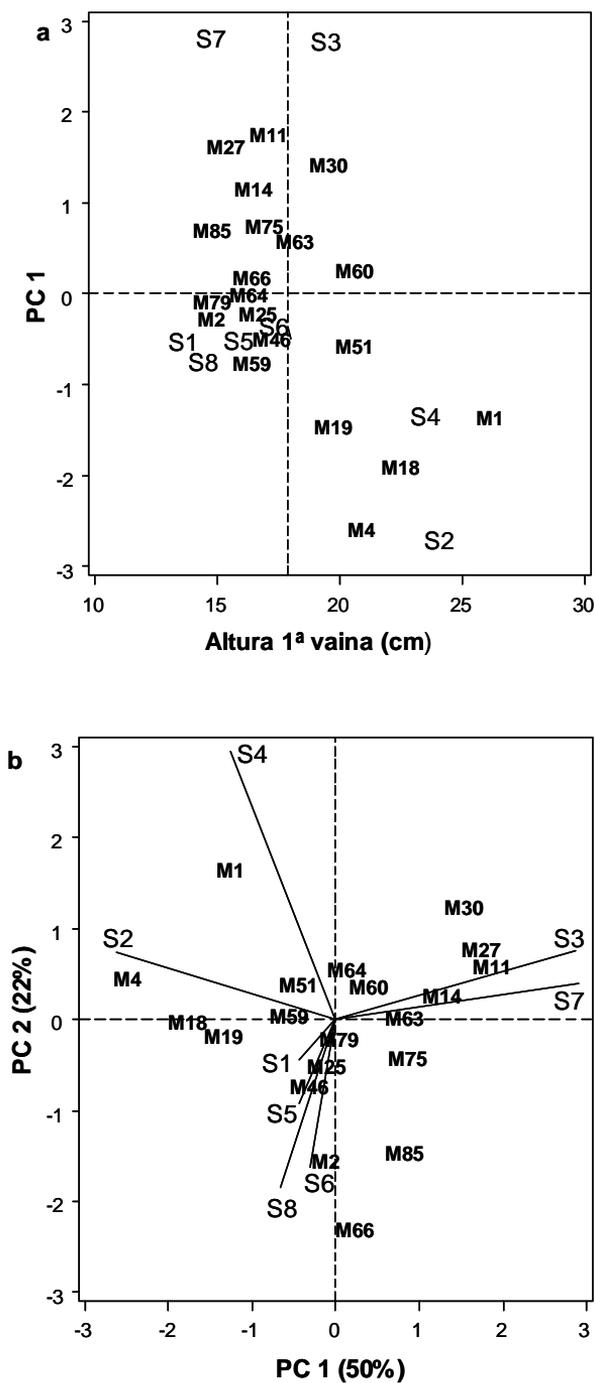


Figura 15. Distribución de genotipos (RILs), procedentes del cruzamiento CA2990xWR315, y ambientes teniendo en cuenta: a) altura 1ª vaina y el componente principal de la interacción genotipo-ambiente PC1, b) los dos primeros componentes de la interacción PC1 y PC2

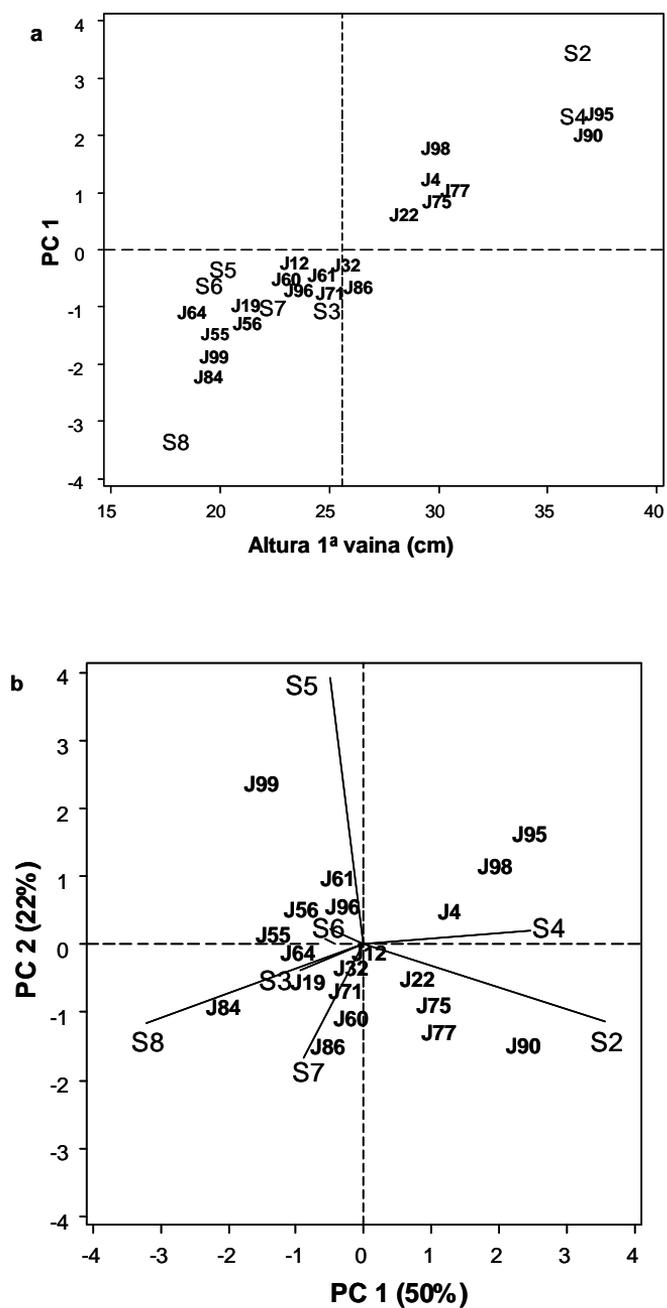


Figura 16. Distribución de genotipos (RILs), procedentes del cruzamiento JG62xILC72, y ambientes teniendo en cuenta: a) altura 1ª vaina y el componente principal de la interacción genotipo-ambiente PC1, b) los dos primeros componentes de la interacción PC1 y PC2

4.2.3. Número de semillas por planta

Debido a la alta correlación entre vainas/planta y semillas /planta los resultados fueron muy similares entre estos dos caracteres en ambas poblaciones por esta razón en este apartado solo trataremos número de semillas/planta (Tablas 7 y 8, pags. 49 y 50). En la población CA2990xWR315 los dos primeros componentes principales, PC1 y PC2, explicaron el 61% de la variabilidad debida a la interacción (Tabla 13, Figura 17b) y el 66% en JG62xILC72 (Tabla 13, Figura 18b). En general, en ambas poblaciones los ambientes de Salta fueron los que mayor valor medio de semillas/planta presentaron y de los que más contribuyeron al efecto de la interacción genotipo-ambiente (Figuras 17 y 18). En CA2990xWR315 el genotipo M63 fue el de mayor valor y el que más contribuye a la interacción siendo esta positiva con el ambiente S3 (SA07) (Figura 17), resultado similar se obtuvo para el genotipo J56 en la otra población (Figura 18).

Tabla 13. Análisis de la varianza, para el carácter número de semillas/planta evaluado en 2 poblaciones $F_{6,7}$ de genotipos de garbanzo creciendo en diferentes ambientes (localidades y años) en el Noroeste de Argentina.

Fuente de variación	CA2990xWR315		JG62xILC72	
	gl	Cuadrados Medios	gl	Cuadrados Medios
Ambiente	7	20400.39***	6	46438.91***
Bloque (Amb)	14	568.60	13	936.36
Genotipo	19	7300.75***	19	8355.54***
Genotipo/Ambiente	133	1145.25***	114	2261.12***
PC1	25	2071.54*** (34%)	24	5047.96*** (47%)
PC2	23	1788.09*** (27%)	22	2226.18*** (19%)
PC3	21	1305.59*** (18%)	20	1804.37*** (14%)
Error	246	207.76	228	474.42

PC1, PC2, PC3: Componentes Principales obtenidos al analizar los efectos de la interacción Genotipo/Ambiente. Entre paréntesis porcentaje que explica cada componente de la variación de la interacción. ***P < 0.001

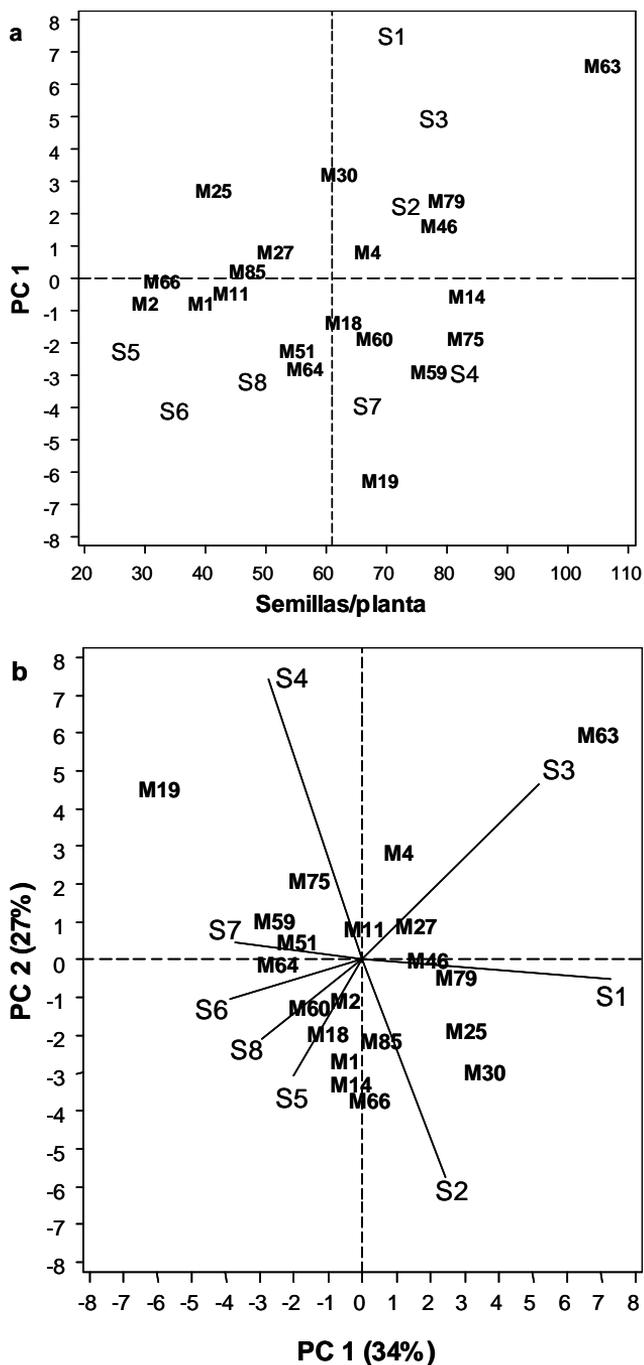


Figura 17. Distribución de genotipos (RILs), procedentes del cruzamiento CA2990xWR315, y ambientes teniendo en cuenta: a) semillas/planta y el componente principal de la interacción genotipo-ambiente PC1, b) los dos primeros componentes de la interacción PC1 y PC2

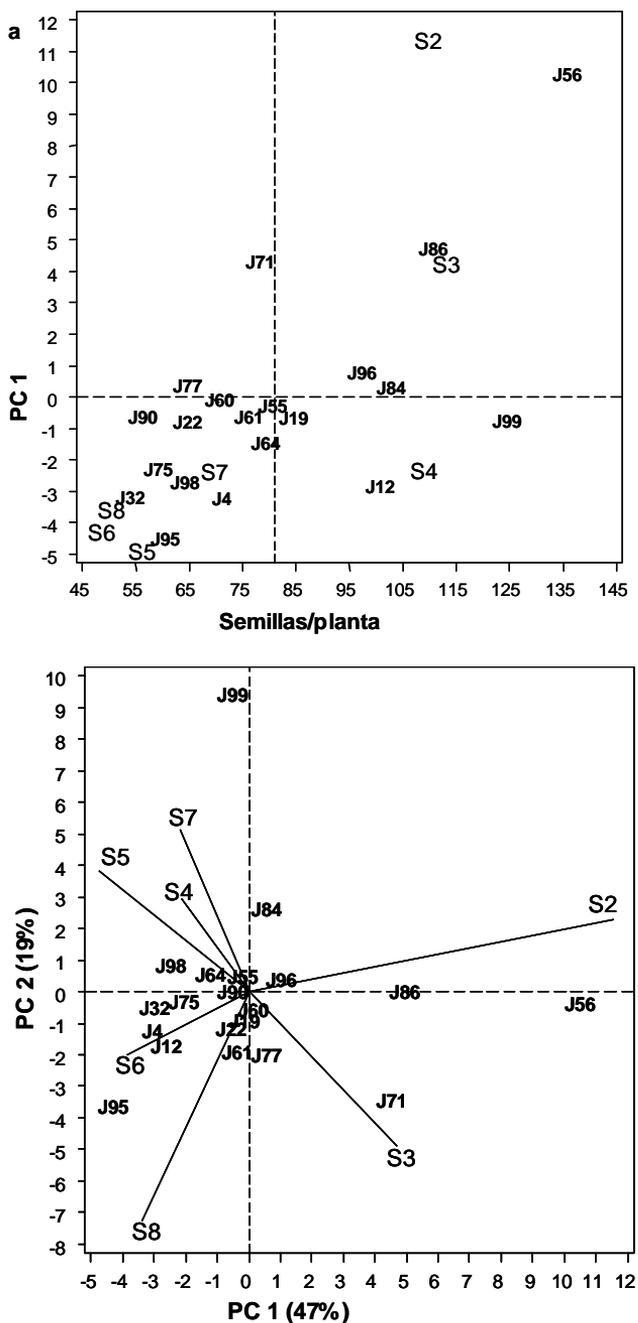


Figura 18. Distribución de genotipos (RILs), procedentes del cruzamiento JG62xILC72, y ambientes teniendo en cuenta: a) semillas/planta y el componente principal de la interacción genotipo-ambiente PC1, b) los dos primeros componentes de la interacción PC1 y PC2.

4.2.4. Producción por planta

Este carácter es uno de los más importantes, desde el punto de vista de la mejora para seleccionar los genotipos con mayor potencial productivo. En ambas poblaciones mostró resultados similares al carácter anterior para los ambientes evaluados. En general, los ambientes de Salta (S1, S2 y S3) fueron los más productivos y los que más contribuyeron a las interacciones (Figuras 19 y 20). Los dos componentes principales, PC1 y PC2, explicaron el 66% de la interacción en CA2990xWR315 y el 72% en JG62xILC72 (Tabla 14). El comportamiento de los genotipos fue algo diferente al del carácter anterior. Por ejemplo, como se puede ver en la Figura 19 para CA2990xWR315 el genotipo más productivo fue M30 que tuvo un valor intermedio para semillas/planta, mientras que M63, que fue el de mayor valor para semillas/planta, tuvo un valor intermedio para producción/planta (Figura 19a). Otros, como M79, siguieron manteniendo un valor moderadamente alto para los dos caracteres. M30 fue el genotipo más productivo y el que más contribuyó a la interacción e interaccionó positivamente con los ambientes de Salta S1 (SA05) y S2 (SA06) (Figura 19). En la población JG62xILC72 los genotipos más productivos, J56, J99 y J71 (Figura 20a), fueron también los que más contribuyeron a la interacción (Figura 20b)

Tabla 14. Análisis de la varianza, para el carácter producción/planta (g) evaluado en 2 poblaciones $F_{6,7}$ de genotipos de garbanzo creciendo en diferentes ambientes (localidades y años) en el Noroeste de Argentina.

Fuente de variación	CA2990xWR315		JG62xILC72	
	gl	Cuadrados Medios	gl	Cuadrados Medios
Ambiente	7	1329.29***	6	1700.62***
Bloque (Amb)	14	30.55	13	33.86
Genotipo	19	165.27***	19	101.48
Genotipo/Ambiente	133	52.27***	114	69.33***
PC1	25	133.49*** (48%)	24	174.54*** (53%)
PC2	23	54.41*** (18%)	22	68.26*** (19%)
PC3	21	49.66*** (15%)	20	47.42** (12%)
Error	246	16.35	229	16.35

PC1, PC2, PC3: Componentes Principales obtenidos al analizar los efectos de la interacción Genotipo/Ambiente. Entre paréntesis porcentaje que explica cada componente de la variación de la interacción. **0.01 > P > 0.001; ***P < 0.001.

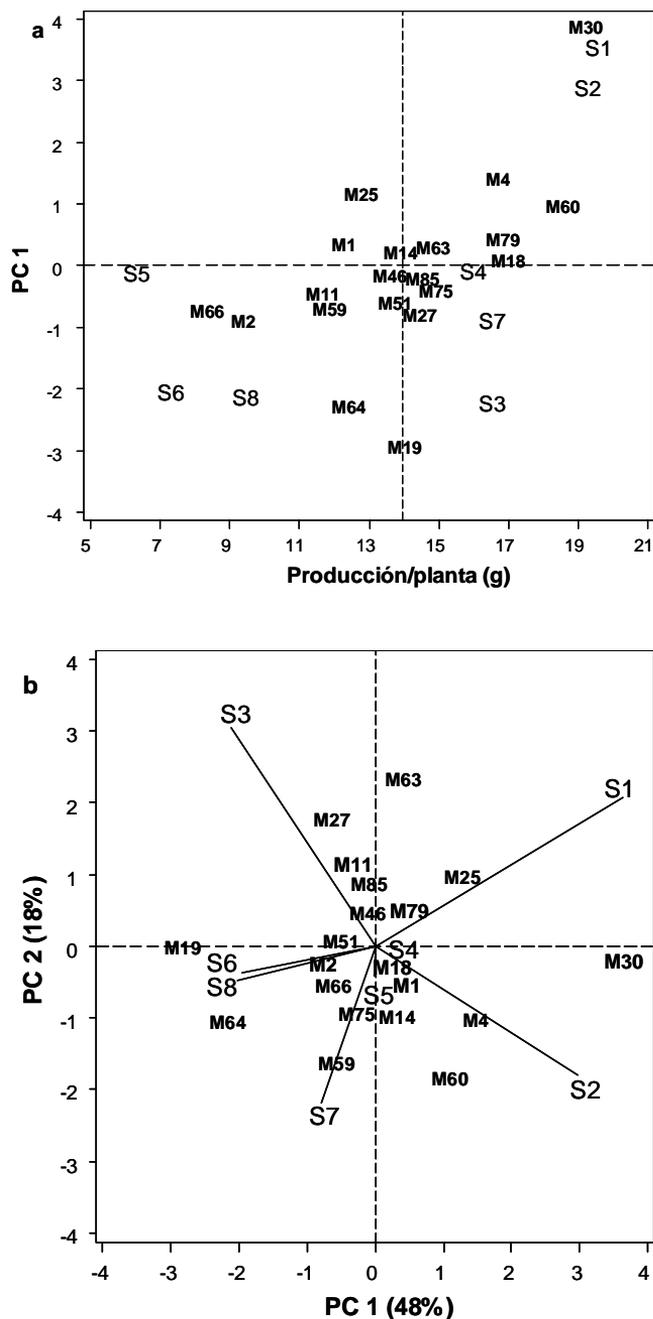


Figura 19. Distribución de genotipos (RILs), procedentes del cruzamiento CA2990xWR315, y ambientes teniendo en cuenta: a) producción/planta y el componente principal de la interacción genotipo-ambiente PC1, b) los dos primeros componentes de la interacción PC1 y PC2

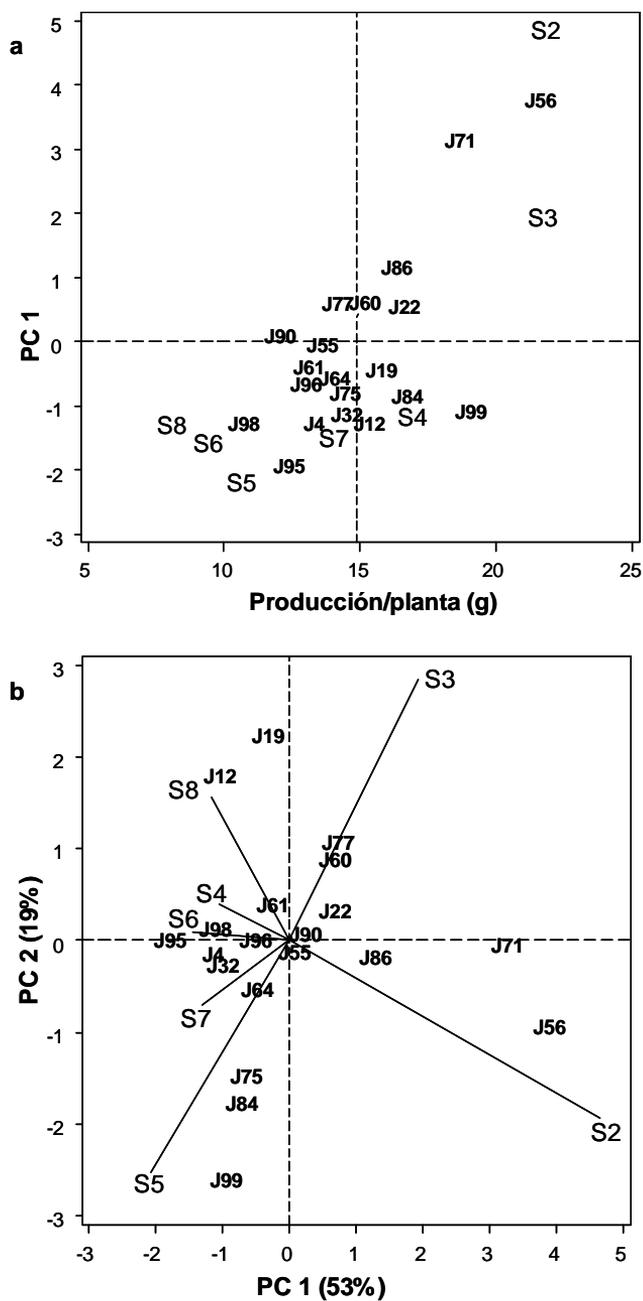


Figura 20. Distribución de genotipos (RILs), procedentes del cruzamiento JG62xILC72, y ambientes teniendo en cuenta: a) producción/planta y el componente principal de la interacción genotipo-ambiente PC1, b) los dos primeros componentes de la interacción PC1 y PC2

4.2.5. Peso de 100 semillas

Para este carácter la población CA2990xWR315 tuvo un valor promedio de tamaño de semilla superior al de JG62xILC72 (Figuras 21a y 22a). Los dos primeros componentes principales explicaron el 64% de la interacción en CA2990xWR315 y el 85% en JG62xILC72 (Tabla 15). Se observó una mayor variabilidad entre genotipos que entre ambientes en ambas poblaciones, y no destacó ningún grupo de ambientes en función de su región de origen (Figuras 21a y 22a). En CA2990xWR315 fue el ambiente S3 (SA07) el que más contribuyó a la interacción (Figura 21b), mientras que en JG62xILC72 fue el ambiente S8 (SL06) y en menor medida el S4 (SA08) (Figura 22b), éste último tuvo un alto valor sobre el PC2 pero éste explicó un porcentaje muy bajo (12%) de la interacción respecto al PC1 (73%).

Tabla 15. Análisis de la varianza, para el carácter peso de 100 semillas (g) evaluado en 2 poblaciones $F_{6,7}$ de genotipos de garbanzo creciendo en diferentes ambientes (localidades y años) en el Noroeste de Argentina.

Fuente de variación	CA2990xWR315		JG62xILC72	
	gl	Cuadrados Medios	gl	Cuadrados Medios
Ambiente	7	519.88***	6	250.89***
Bloque (Amb)	14	9.90	13	18.91
Genotipo	19	695.48***	19	270.70***
Genotipo/Ambiente	133	33.01***	114	23.24***
PC1	25	75.04*** (47%)	24	80.59*** (73%)
PC2	23	29.50*** (17%)	22	14.45* (12%)
PC3	21	24.71*** (13%)	20	9.27 (7%)
Error	254	6.05	242	9.61

PC1, PC2, PC3: Componentes Principales obtenidos al analizar los efectos de la interacción Genotipo/Ambiente. Entre paréntesis porcentaje que explica cada componente de la variación de la interacción. *0.05 > P > 0.01; **0.01 > P > 0.001; ***P < 0.001.

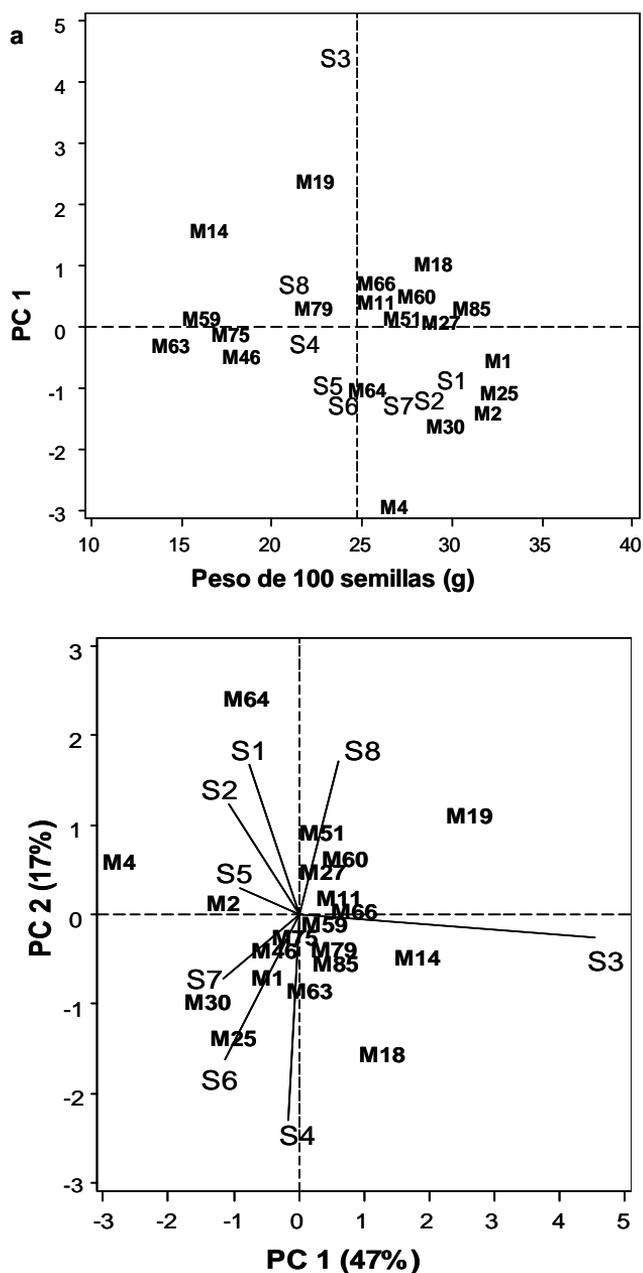


Figura 21. Distribución de genotipos (RILs), procedentes del cruzamiento CA2990xWR315, y ambientes teniendo en cuenta: a) peso de 100 semillas y el componente principal de la interacción genotipo-ambiente PC1, b) los dos primeros componentes de la interacción PC1 y PC2

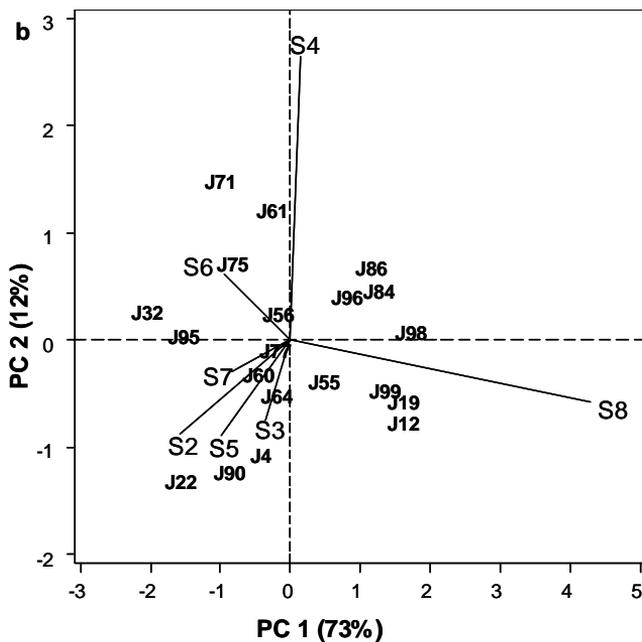
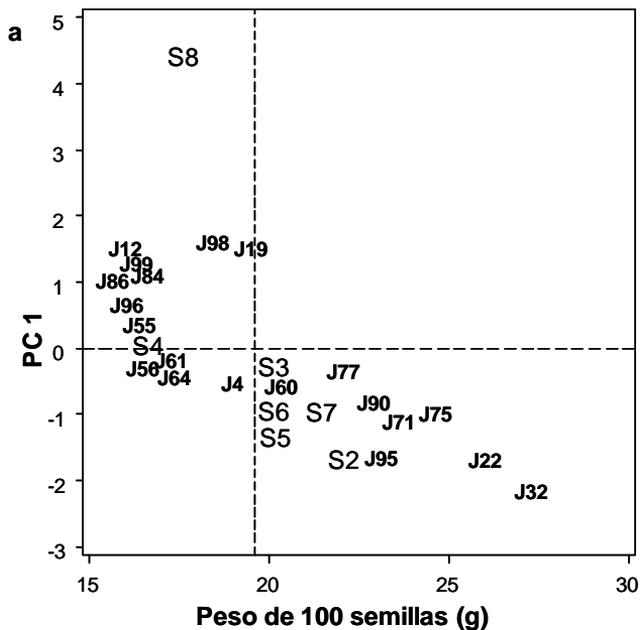


Figura 22. Distribución de genotipos (RILs), procedentes del cruzamiento JG62xILC72, y ambientes teniendo en cuenta: a) peso de 100 semillas y el componente principal de la interacción genotipo-ambiente PC1, b) los dos primeros componentes de la interacción PC1 y PC2

4.3. Análisis AMMI de la interacción por macroambientes

Para los componentes más importantes del rendimiento (semillas/planta y producción/planta) los ensayos realizados en la región de Salta han sido superiores a los de las otras dos regiones (Córdoba y San Luis) y en general han sido también de los que más han contribuido a la interacción genotipo-ambiente (Figuras 23 a 28, pags. 76-81). Estos resultados sugieren que el comportamiento de los genotipos puede ser diferente en cada una de estas dos regiones o ambientes, Salta y Córdoba/San Luis (conjuntamente). Por este motivo se ha analizado mediante AMMI el comportamiento de los genotipos de ambas poblaciones considerando estas dos regiones como macroambientes para los componentes del rendimiento, número de semillas/planta, producción/planta y peso de 100 semillas. Para estos tres caracteres hubo diferencias significativas entre genotipos en las dos poblaciones a través de los ambientes de cada región (Tablas 16, 17 y 18). El efecto de la interacción genotipo-ambiente fue también significativo para los tres caracteres, explicando los dos primeros componentes más del 80% de la interacción en todos los casos.

4.3.1. Número de semillas por planta

En este carácter la variación debida a los ambientes fue poco importante, solo para la población CA2990xWR315 en la región Córdoba/San Luis fue altamente significativa, la variación debida al genotipo y a la interacción genotipo-ambiente fue mucho más importante en las dos poblaciones (Tabla 16). Estos resultados se pueden observar gráficamente en las Figuras 23 y 24 (pags. 76 y 77), donde la dispersión que presentan los genotipos es más amplia que la de los ambientes. En ambas poblaciones se puede observar como la media general (línea discontinua vertical) en la región de Salta fue superior y como esta media fue también superior en la población JG62xILC72.

Respecto a los genotipos, en la población CA2990xWR315 se observa un genotipo (M63), que destaca en Salta mientras que en Córdoba/San Luis estuvo solo entre los de mayor valor. Por otro lado, genotipos que estuvieron por debajo de la media en Salta (M64 y M18) fueron superiores en Córdoba/San Luis y viceversa para otros como M30 y M4 (Figura 23). En la población JG62xILC72, destaca J56 por su alto valor y por su interacción en Salta mientras que en Córdoba/San Luis

estuvo alrededor de la media y con un comportamiento estable (Figura 24). Otros genotipos como J61 estuvieron por debajo de la media en Salta y por encima en Córdoba/San Luis y viceversa para otro como J71, este último presentó también una alta interacción genotipo-ambiente en Salta. Cuando un genotipo presenta un valor medio para el carácter y una alta interacción, como ocurre con J71, puede ser debido a que haya ido bien en algún ambiente y mal en otro, de ahí que su valor esté alrededor de la media, es lo que se conoce como interacción cualitativa. Sin embargo, cuando presenta un valor alto para el carácter y una alta interacción, como ocurre con J56 en Salta, es porque este genotipo ha ido bien en todos los ambientes pero destaca en alguno/s de ellos sobre los demás genotipos, lo que se conoce como interacción cuantitativa.

Tabla 16. Análisis AMMI para el carácter Número de semillas por planta evaluado en dos poblaciones F_{6,7} de genotipos de garbanzo creciendo en diferentes ambientes de Argentina.

	Cuadrados medios			
	CA2990xWR315		JG62xILC72	
	Salta	Cordoba/S.L.	Salta	Cordoba/S.L.
Ambiente	1330.5	15032.5***	315.0	5109.9*
Rep(Amb)	909.6	227.6	780.0	1070.4
Genotipo	7051.3***	2520.3***	10460.7***	3124.9**
Gen/Amb	1629.3***	431.4***	3056.8***	1260.7***
PC1	2257.8*** (47%)	742.0*** (51%)	3930.4*** (68%)	2332.2*** (59%)
PC2	1807.2** (34%)	545.3*** (34%)	2087.8** (32%)	1348.4*** (31%)
Error	275.5	134.3	809.4	151.0

PC1, PC2: Componentes Principales obtenidos al analizar los efectos de la interacción Genotipo/Ambiente. Entre paréntesis porcentaje que explica cada componente de la variación de la interacción. *0.05 > P > 0.01; **0.01 > P > 0.001; ***P < 0.001.

4.3.2. Producción por planta

Para este carácter se observaron diferencias significativas entre genotipos en la población CA2990xWR315 y escasamente significativas en JG62xILC72 (Tabla 17). Esto puede ser debido a que el efecto de la interacción, cuyo cuadrado medio es el error para contrastar el efecto genotipo, ha sido más importante en esta última población en ambos macroambientes.

Al igual que en el carácter anterior se observó también un comportamiento diferente de algunos genotipos en los dos macroambientes (Figuras 25 y 26, pags. 78 y 79). En CA2990xWR315 el genotipo M30 fue el más productivo y el que más

contribuyó a la interacción en Salta sin embargo en Córdoba/San Luis presentó un valor moderado para el carácter (Figura 25), lo mismo se puede decir, pero al contrario, para M18 que fue el más productivo en Córdoba/San Luis. Otros, como M64 fueron de los de más baja producción en Salta y de los de más alta en Córdoba/San Luis. En JG62xILC72 los que más destacan en Salta son J56 y J71 por su alta producción y contribución a la interacción, presentando en Córdoba/San Luis una producción por debajo de la media y una alta estabilidad (Figura 26). En esta última región, J99 fue el de mayor rendimiento y con una aceptable estabilidad, lo que indica que debe haber destacado en casi todos los ambientes de esta región.

A pesar de que la correlación entre éste carácter y número de semillas/planta fue de moderada a alta en ambas poblaciones, sin embargo no siempre los genotipos que han destacado por tener un mayor número de semillas han sido los de mayor producción. En CA2990xWR315 el genotipo M63 fue el que mayor número de semillas/planta tuvo en Salta (Figura 23, pag. 76) mientras que para producción ha mostrado un valor moderado siendo M30 el que mayor producción ha tenido (Figura 25). En el caso de Córdoba/San Luis, M18 y M60 fueron los de mayor producción y tuvieron un valor moderado-alto para semillas/planta. En la población JG62xILC72, J56 coincidió en ser a la vez el más productivo y el de mayor número de semillas/planta en Salta, sin embargo J71 destacó también junto al anterior para producción pero no para semillas/planta (Figuras 26 y 24 respectivamente). En Córdoba/San Luis los resultados fueron aún más coincidentes entre producción y semillas/planta, destacando J99 como el de mayor valor. La menor coincidencia que se observó para estos dos caracteres en CA2990xWR315 puede ser debido a la influencia del tamaño de la semilla sobre la producción, M30 en Salta y M18 y M60 en Córdoba/San Luis aunque tuvieron un moderado valor para semillas/planta en sus respectivas regiones, sin embargo como veremos más adelante, tuvieron también un moderado-alto tamaño de la semilla, cosa que no ocurrió con genotipos con alto valor para semillas/planta.

Tabla 17. Análisis AMMI para el carácter Producción/planta evaluado en dos poblaciones F_{6.7} de genotipos de garbanzo creciendo en diferentes ambientes de Argentina

	Cuadrados medios			
	CA2990xWR315		JG62xILC72	
	Salta	Cordoba/S.L.	Salta	Cordoba/S.L.
Ambiente	205.2*	1086.6***	471.4***	357.5*
Rep (Amb)	46.6	14.6	17.2	48.2
Genotipo	171.9**	68.7***	182.3*	60.6*
Gen/Amb	73.7***	23.8***	100.2***	32.0***
PC1	135.9*** (59%)	35.0*** (45%)	127.4*** (67%)	51.8*** (49%)
PC2	62.4*** (24%)	32.3*** (38%)	70.0*** (33%)	46.4*** (40%)
Error	17.3	7.8	26.3	6.7

PC1, PC2: Componentes Principales obtenidos al analizar los efectos de la interacción Genotipo/Ambiente. Entre paréntesis porcentaje que explica cada componente de la variación de la interacción. *0.05 > P > 0.01; **0.01 > P > 0.001; ***P < 0.001.

4.3.3. Peso de 100 semillas

Para este carácter el comportamiento de los genotipos fue similar en ambas regiones para las dos poblaciones estudiadas (Tabla 18, Figuras 27 y 28, pags. 80 y 81). Los genotipos que estuvieron por encima y por debajo de la media fueron prácticamente los mismos en ambas regiones. Hay que tener en cuenta que para este carácter no se observaron diferencias entre las dos regiones en el análisis global realizado con todos los ambientes (Figuras 21 y 22, pags. 69 y 70), por lo que los resultados obtenidos vienen a confirmar lo anterior. En la población CA2990xWR315 algunos genotipos que tuvieron un alto valor para producción/planta, como M30 en Salta y M18 y M60 en Córdoba/San Luis, tuvieron un tamaño de grano de moderado a alto (Figura 27). Sin embargo, en JG62xILC72, donde la media general para peso de 100 semillas fue menor que en la otra población, los genotipos más productivos, J56 en Salta y J99 y J84 en Córdoba/San Luis, fueron de los de menor tamaño de semilla, excepto J71 en Salta que mostró un tamaño de semilla moderado (Figura 28). Este carácter no estuvo correlacionado con producción/planta, por lo que los resultados obtenidos en este apartado confirman que es posible seleccionar genotipos altamente productivos con moderado tamaño de semilla.

Tabla 18. Análisis AMMI para el carácter Peso de 100 semillas evaluado en dos poblaciones F_{6.7} de genotipos de garbanzo creciendo en diferentes ambientes de Argentina

	Cuadrados medios			
	CA2990xWR315		JG62xILC72	
	Salta	Cordoba/S.L.	Salta	Cordoba/S.L.
Ambiente	782.2***	371.0***	518.4**	155.7**
Rep(Amb)	15.1	4.7	22.2	16.1
Genotipo	365.9***	355.2***	166.7***	122.9***
Gen/Amb	41.1***	19.5***	13.1*	33.1***
PC1	81.9*** (68%)	35.0*** (59%)	19.5** (77%)	83.9*** (89%)
PC2	33.6*** (25%)	15.8** (24%)	6.6 (23%)	9.2 (9%)
Error	5.0	7.2	7.7	11.3

PC1, PC2: Componentes Principales obtenidos al analizar los efectos de la interacción Genotipo/Ambiente. Entre paréntesis porcentaje que explica cada componente de la variación de la interacción. *0.05 > P > 0.01; **0.01 > P > 0.001; ***P < 0.001.

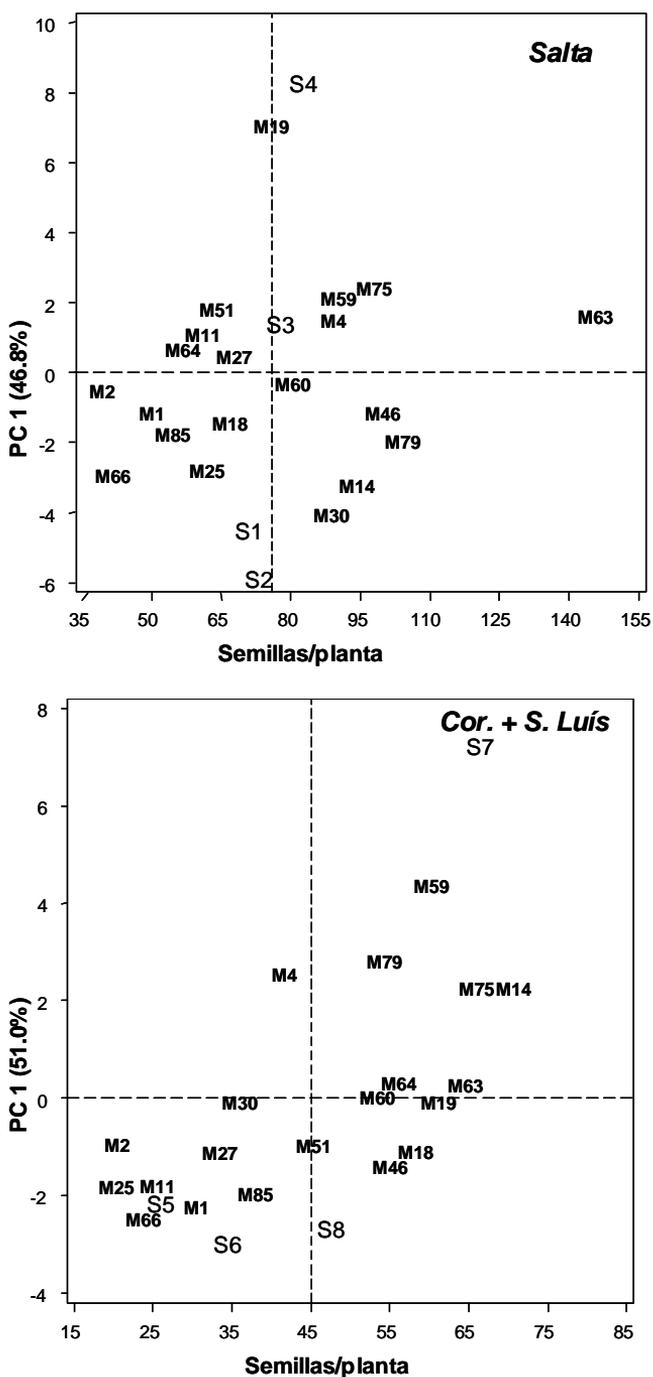


Figura 23. Bi-plots procedentes de aplicar el análisis AMMI a 20 genotipos (RILs) de garbanzos, procedentes del cruzamiento CA2990xWR315, considerando dos grupos de ambientes (‘Salta’ y ‘Córdoba/San Luís’) para el carácter número de semillas/planta. PC1 es el primer componente de la interacción genotipo-ambiente.

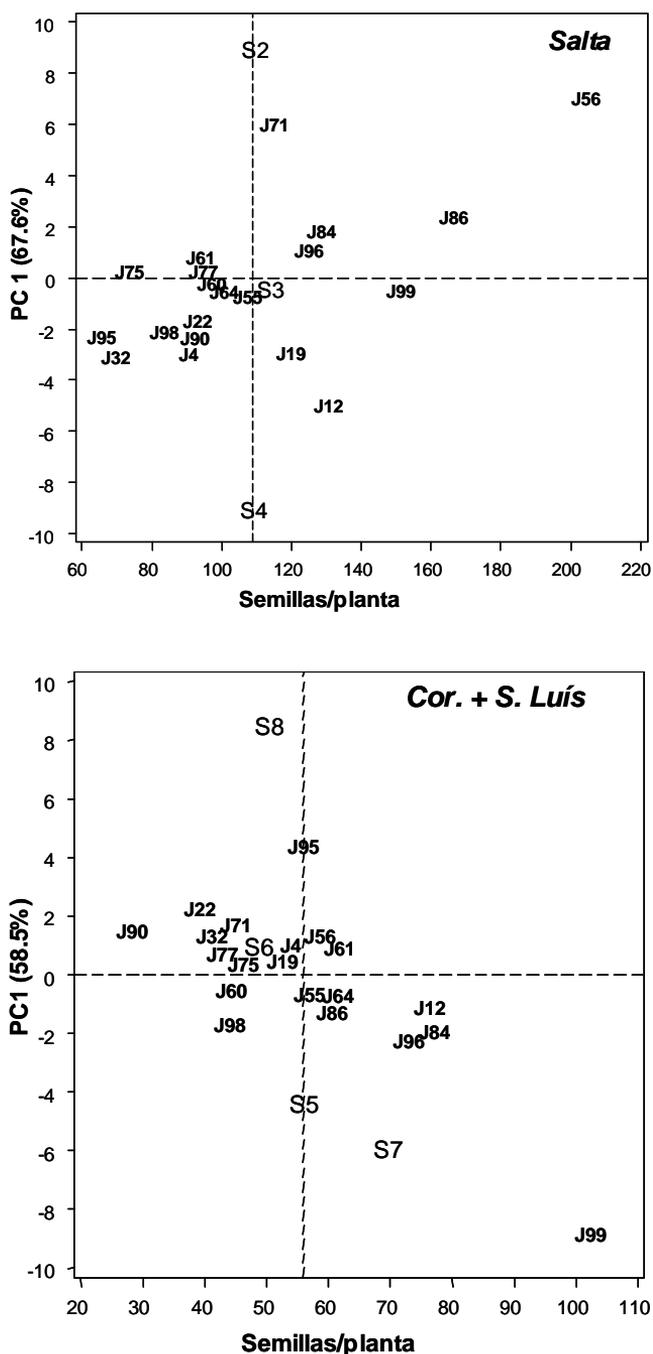


Figura 24. Bi-plots procedentes de aplicar el análisis AMMI a 20 genotipos (RILs) de garbanzos, procedentes del cruzamiento JG62xILC72, considerando dos grupos de ambientes ('Salta' y 'Córdoba/San Luís') para el carácter número de semillas/planta. PC1 es el primer componente de la interacción genotipo-ambiente.

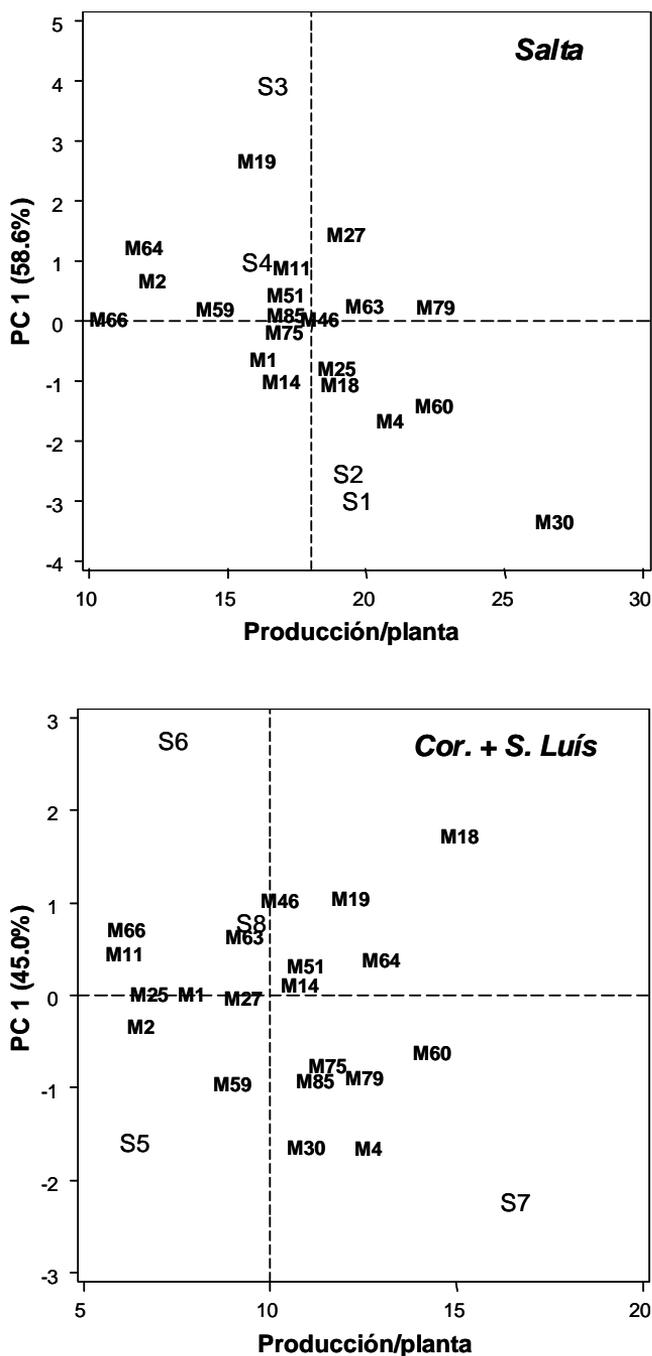


Figura 25. Bi-plots procedentes de aplicar el análisis AMMI a 20 genotipos (RILs) de garbanzos, procedentes del cruzamiento CA2990xWR315, considerando dos grupos de ambientes ('Salta' y 'Córdoba/San Luis') para el carácter producción/planta. PC1 es el primer componente de la interacción genotipo-ambiente.

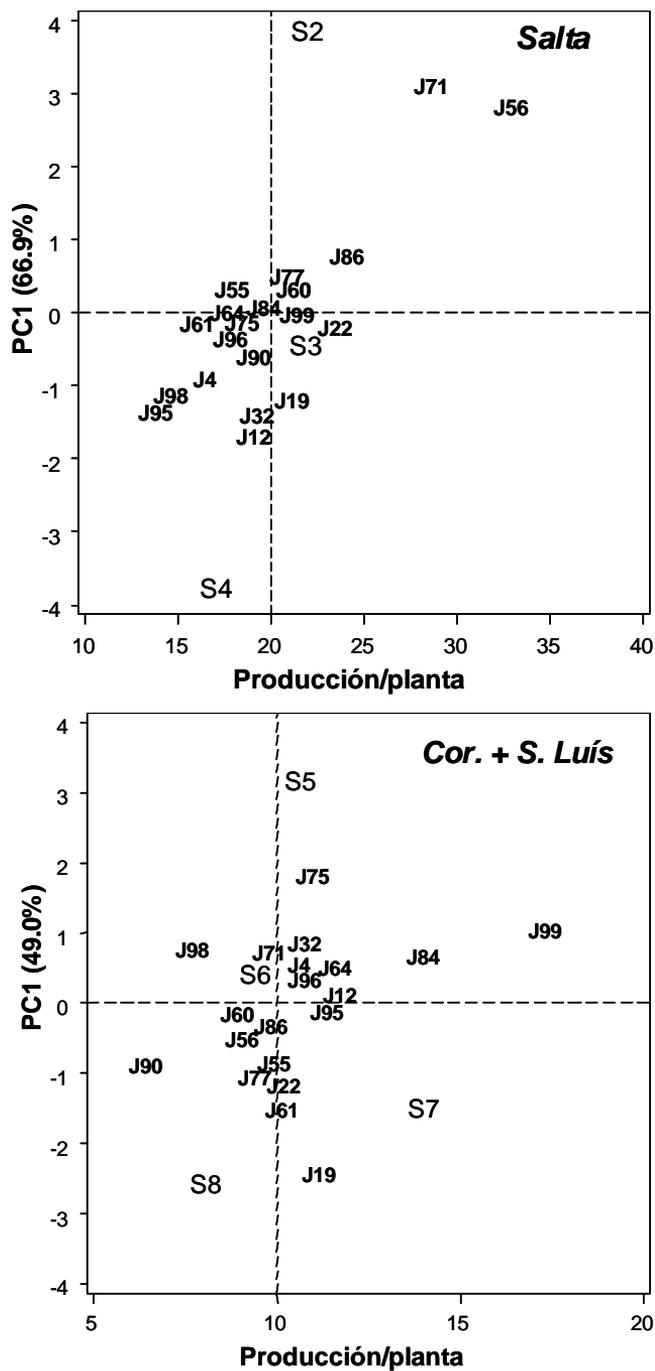


Figura 26. Bi-plots procedentes de aplicar el análisis AMMI a 20 genotipos (RILs) de garbanzos, procedentes del cruzamiento JG62xILC72, considerando dos grupos de ambientes ('Salta' y 'Córdoba/San Luís') para el carácter producción/planta. PC1 es el primer componente de la interacción genotipo-ambiente.

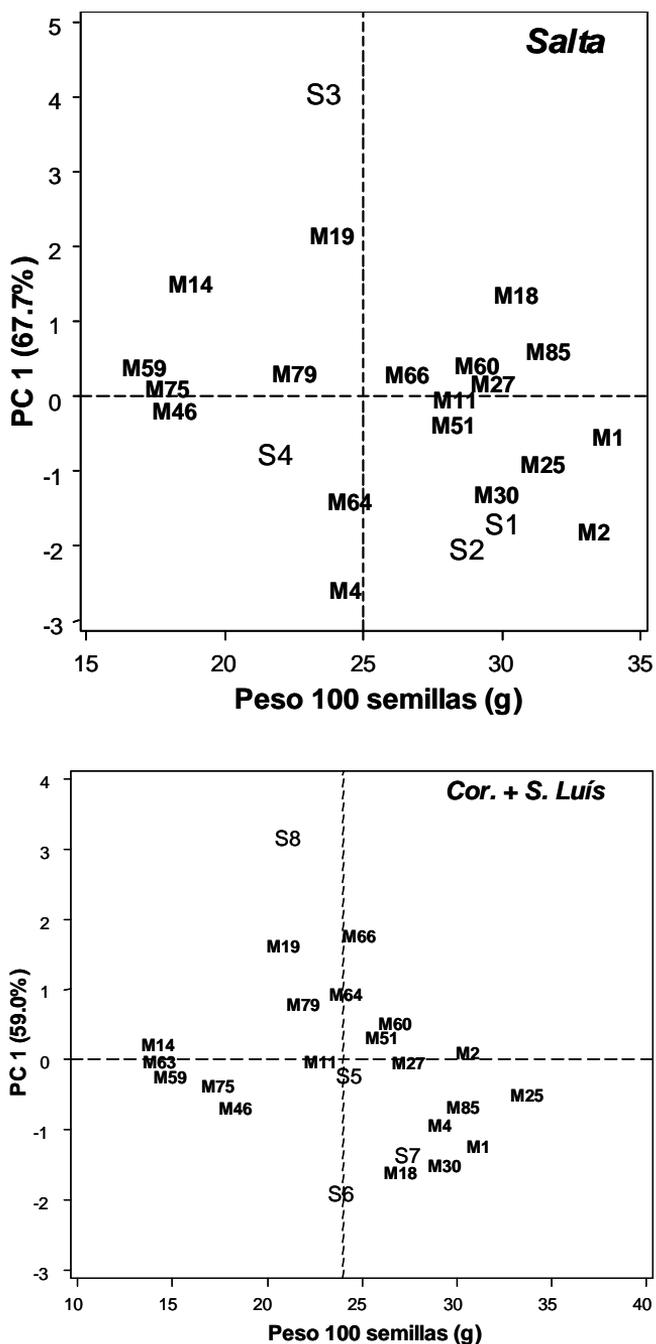


Figura 27. Bi-plots procedentes de aplicar el análisis AMMI a 20 genotipos (RILs) de garbanzos, procedentes del cruzamiento CA2990xWR315, considerando dos grupos de ambientes ('Salta' y 'Córdoba/San Luís') para el carácter peso de 100 semillas. PC1 es el primer componente de la interacción genotipo-ambiente.

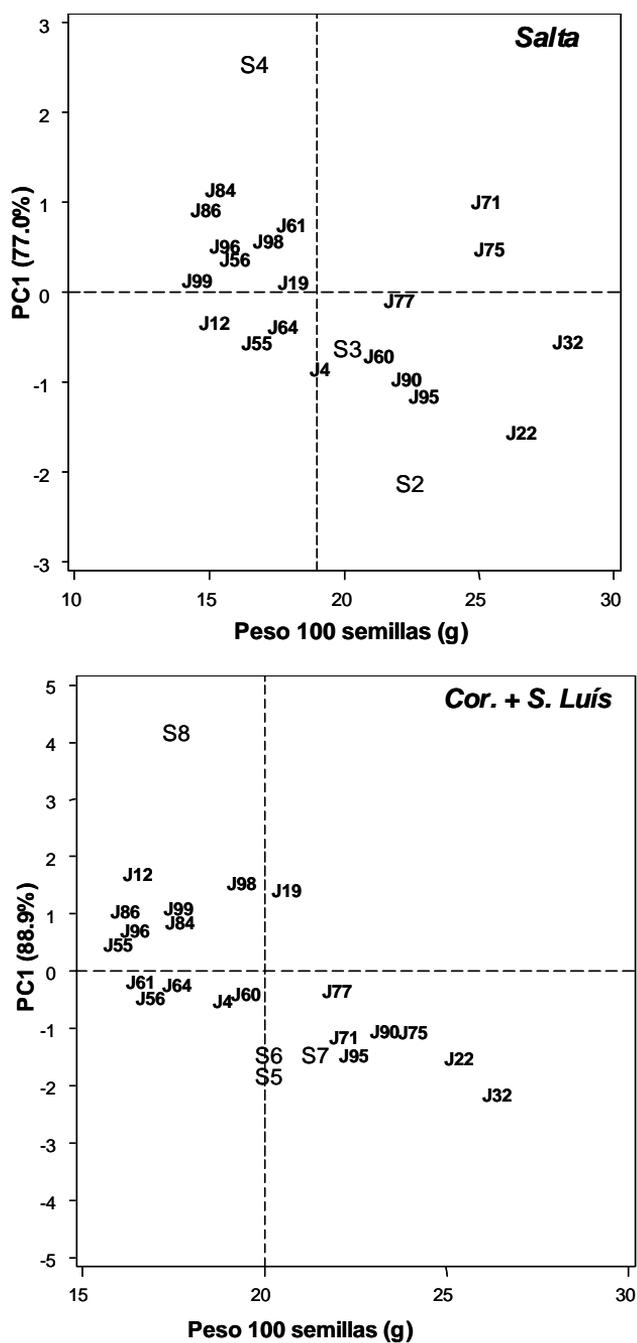


Figura 28. Bi-plots procedentes de aplicar el análisis AMMI a 20 genotipos (RILs) de garbanzos, procedentes del cruzamiento JG62xILC72, considerando dos grupos de ambientes ('Salta' y 'Córdoba/San Luis') para el carácter peso de 100 semillas. PC1 es el primer componente de la interacción genotipo-ambiente

4.4. Efecto de caracteres de herencia simple sobre los caracteres morfológicos y componentes del rendimiento evaluados.

Como se ha mencionado anteriormente en el apartado de Material y Métodos las dos poblaciones estudiadas segregan para caracteres que pueden tener valor adaptativo y que están controlados por uno o pocos genes. Esto nos ha permitido agrupar los genotipos estudiados en clases basándonos en cada uno de estos caracteres cualitativos y se han realizado descomposiciones ortogonales del efecto genotipo y de la interacción GxE para cada uno de ellos en el análisis de la varianza. De esta manera se ha analizado el efecto que puedan tener estos caracteres sobre los caracteres cuantitativos evaluados (Tablas 19 a 25).

De estos caracteres adaptativos, hábito de crecimiento y fecha de floración segregan en ambas poblaciones, número de vainas por nudo (simple o doble vaina) en JG62xILC72 y tipo de hoja (normal/unifoliada) y tamaño (grande/pequeña) en CA2990xWR315.

4.4.1. Hábito de crecimiento (achaparrado/erecto)

Este carácter tuvo una gran influencia sobre altura de planta y altura de inserción de la primera vaina en JG62xILC72, explicando la diferencia entre porte achaparrado y erecto un alto porcentaje de la variación de estos caracteres en dicha población (58 y 56% respectivamente) (Tabla 19). En éste caso, hábito erecto estuvo asociado a una mayor altura de planta (56.25 vs 48.55cm) (Tabla 26, pag. 91). Se observaron diferencias significativas en las interacciones GxE dentro de cada grupo y entre grupos. Las interacciones dentro del grupo achaparrado explicaron un mayor porcentaje de la variación de la interacción GxE total para altura de planta y altura 1ª vaina ($R^2 = 44$ y 52% respectivamente). Este alto porcentaje puede ser debido a su mayor número de grados de libertad ($gl=84$ y 24 para altura de planta y altura 1ª vaina respectivamente), lo que implica un mayor número de términos contribuyendo a su suma de cuadrados ($R^2 = [(SC_{\text{achaparrado}}/SC_{\text{total}}) \times 100]$). Respecto a las interacciones que presentan las diferencias entre grupos, estas explicaron un moderado porcentaje de la interacción GxE total en ambas alturas (27 y 32% respectivamente), lo que indica que las diferencias en altura entre achaparrado y erecto no fueron iguales en todos los ambientes ensayados. En la población CA2990xWR315 no se observaron diferencias entre los dos hábitos de

crecimiento y su contribución a la interacción GxE total tampoco fue importante (Tabla 20). En esta población en conjunto se observa una arquitectura más baja en todos los ensayos (Tabla 27, pag. 91).

Tabla 19. Descomposición ortogonal para habito de crecimiento (achaparrado/erecto) de los efectos de genotipo e interacción GxE del ANOVA de cinco caracteres evaluados en una población F_{6,7} de garbanzo (JG62x LC72) a lo largo de siete ambientes en Argentina.

Caráct. ^a	Cuadrados Medios					
	Genotipo (gl = 19)			Interacción GxE (gl = 114)		
	Achaparrado (gl = 14)	Erecto (gl = 4)	Ach vs Erec (gl = 1)	Achaparrado (gl = 84)	Erecto (gl = 24)	Ach vs Erec (gl = 6)
AP	340.31*** (30%)	482.24* (12%)	9165.99** (58%)	59.43*** (44%)	137.51*** (29%)	511.72*** (27%)
A1 ^a V	231.02*** (30%)	368.77*** (14%)	6018.09** (56%)	34.09*** (52%)	38.08*** (17%)	290.15*** (32%)
S/P	8341.52*** (74%)	368.83 (1%)	40498.75** (26%)	2563.89*** (84%)	1119.65*** (10%)	2588.29*** (6%)
P/P	85.11 (62%)	68.19 (14%)	463.91* (24%)	78.49*** (83%)	40.57*** (12%)	56.22*** (4%)
P100	253.26*** (69%)	153.96** (12%)	981.94** (19%)	21.08*** (67%)	28.68*** (26%)	31.70 (7%)

^a AP: altura de planta, A1^aV: altura de inserción 1^a vaina, S/P: semillas/planta, P/P: producción/planta y P100: peso de 100 semillas. *, ** y *** nivel de significación para $P < 0.05$, $P < 0.01$ y $P < 0.001$

Tabla 20. Descomposición ortogonal para hábito de crecimiento (achaparrado/erecto) de los efectos de genotipo e interacción GxE del ANOVA de cinco caracteres evaluados en una población F_{6,7} de garbanzo (CA2990xWR315) a lo largo de ocho ambientes en Argentina.

Cárcel. ^a	Cuadrados Medios					
	Genotipo (gl = 19)			Interacción GxE (gl = 133)		
	Achap. (gl = 11)	Erecto (gl = 7)	Ach vs Erec (gl = 1)	Achap. (gl = 77)	Erecto (gl = 49)	Ach vs Erec (gl = 7)
AP	337.80*** (77%)	153.11* (22%)	46.41 (1%)	72.88*** (60%)	67.26*** (35%)	73.77* (5%)
A1 ^a V	119.78*** (39%)	297.00*** (60%)	3.69 (1%)	26.87*** (54%)	32.99*** (42%)	23.27 (4%)
S/P	4076.32** (32%)	2550.42*** (13%)	76021.73*** (55%)	1452.31*** (73%)	530.33 (17%)	2072.09*** (10%)
P/P	96.23 (34%)	227.03*** (50%)	492.52* (16%)	53.18*** (59%)	48.63*** (34%)	67.77*** (7%)
P100	597.39*** (50%)	171.06*** (9%)	5445.37*** (41%)	31.77*** (62%)	25.57*** (31%)	41.67*** (7%)

^a AP: altura de planta, A1^aV: altura de inserción 1^a vaina, S/P: semillas/planta, P/P: producción/planta y P100: peso de 100 semillas. *, ** y *** nivel de significación para $P < 0.05$, $P < 0.01$ y $P < 0.001$

Para los componentes del rendimiento, semillas/planta, producción/planta y peso 100 semillas, se obtuvieron diferencias significativas entre hábito achaparrado y erecto en ambas poblaciones (Tablas 19 y 20). Hábito achaparrado parece contribuir a un mayor número de granos y producción por planta y a un menor tamaño de semilla en las dos poblaciones (Tablas 26 y 27, pag. 91). Estas diferencias fueron más importantes en CA2990xWR315 para semillas/planta y tamaño de semilla (P100) explicando un 55 y 41% respectivamente de la variación total del genotipo (Tabla 20). En general la interacción GxE fue significativa dentro del grupo de genotipos de hábito achaparrado y erecto y entre grupos. La interacción GxE que mostró el grupo con hábito achaparrado fue la más importante respecto a la interacción total en ambas poblaciones para los tres componentes del rendimiento, no obstante como ya se ha mencionado anteriormente esto puede ser debido al mayor número de grados de libertad y por lo tanto de los genotipos que muestran este carácter. Respecto a las interacciones GxE detectadas entre grupos, aunque fueron la mayoría significativas, su peso en la interacción total fue muy poco importante (<10%).

4.4.2. Fecha de floración (precoz/tardía)

Se observaron diferencias significativas entre fecha de floración precoz y tardía para altura de planta y altura de inserción de la 1ª vaina en la población JG62xILC72, explicando estas diferencias un moderado porcentaje de la variación de estos caracteres en dicha población (22% en ambos caracteres) (Tabla 21). Precocidad estuvo asociada a menor altura de planta y viceversa para ciclo tardío (Tabla 26, pag. 91). La mayor parte de la interacción GxE de estos dos caracteres fue explicada por la interacción presente en cada grupo siendo ligeramente superior en el grupo de genotipos precoces lo que puede estar relacionado con el ligero aumento de sus grados de libertad. Aunque la interacción GxE detectada por las diferencias entre grupos fue significativa esta fue poco importante ($\leq 10\%$). En CA2990xWR315 no se observaron diferencias entre los dos grupos (precoz y tardío) y su contribución a la interacción GxE total tampoco fue importante (Tabla 22).

Tabla 21. Descomposición ortogonal para fecha de floración (tardío/precoz) de los efectos de genotipo e interacción GxE del ANOVA de cinco caracteres evaluados en una población F_{6,7} de garbanzo (JG62xILC72) a lo largo de siete ambientes en Argentina.

Caráct. ^a	Cuadros Medios					
	Genotipo (gl =19)			Interacción GxE (gl = 114)		
	Tardío (gl = 8)	Precoz (gl = 10)	Tard vs Prec (gl = 1)	Tardío (gl = 48)	Precoz (gl = 60)	Tard vs Prec (gl = 6)
AP	592.89*** (30%)	761.15*** (48%)	3504.50** (22%)	95.36*** (40%)	100.40*** (53%)	126.88** (7%)
A1 ^a V	350.47*** (26%)	563.17*** (52%)	2291.92** (22%)	41.38*** (36%)	49.75*** (54%)	91.05*** (10%)
S/P	6404.48** (32%)	9452.82*** (60%)	12991.30 (8%)	2154.03*** (40%)	2295.09*** (54%)	2778.13*** (6%)
P/P	49.35 (20%)	147.85* (77%)	54.90 (3%)	74.80*** (45%)	66.08*** (51%)	50.05** (4%)
P100	336.34*** (52%)	94.26*** (18%)	1510.04** (30%)	27.34*** (50%)	15.32*** (35%)	69.58*** (15%)

^a AP: altura de planta, A1^aV: altura de inserción 1ª vaina, S/P: semillas/planta, P/P: producción/planta y P100: peso de 100 semillas. *, ** y *** nivel de significación para $P < 0.05$, $P < 0.01$ y $P < 0.001$

Resultados

Tabla 22. Descomposición ortogonal para fecha de floración (tardío/precoz) de los efectos de genotipo e interacción GxE del ANOVA de cinco caracteres evaluados en una población F_{6,7} de garbanzo (CA2990xWR315) a lo largo de ocho ambientes en Argentina.

Caráct. ^a	Cuadrados Medios					
	Genotipo (gl=19)			Interacción GxE (gl = 133)		
	Tardío (gl = 9)	Precoz (gl = 9)	Tard vs Prec (gl = 1)	Tardío (gl = 63)	Precoz (gl = 63)	Tard vs Prec (gl = 7)
AP	369.16*** (68%)	167.25* (31%)	6.27 (1%)	54.32** (36%)	80.90*** (54%)	129.32*** (10%)
A1 ^a V	239.22*** (63%)	110.57** (30%)	252.17* (7%)	25.06** (41%)	33.64*** (55%)	21.40 (4%)
S/P	5546.50*** (36%)	2877.21** (19%)	62900.79*** (45%)	1298.70*** (54%)	894.21*** (37%)	2023.69*** (9%)
P/P	133.83* (38%)	142.50* (41%)	653.19* (21%)	49.75*** (45%)	49.11*** (45%)	103.43*** (10%)
P100	889.95*** (60%)	231.92*** (16%)	3117.26*** (24%)	17.07*** (27%)	42.68*** (67%)	32.46*** (6%)

^a AP: altura de planta, A1^aV: altura de inserción 1^a vaina, S/P: semillas/planta, P/P: producción/planta y P100: peso de 100 semillas. *, ** y *** nivel de significación para $P < 0.05$, $P < 0.01$ y $P < 0.001$

El comportamiento de las dos poblaciones fue también diferente para los componentes del rendimiento. En CA2990xWR315 se observaron diferencias altamente significativas e importantes ($R^2 = 45\%$) entre precoz y tardío para el carácter semillas/planta (Tabla 22), mientras que en JG62xILC72 no se observaron diferencias significativas (Tabla 21). Para tamaño de semilla (peso de 100 semillas) aunque hubo diferencias significativas e importantes entre ciclo precoz y tardío en las dos poblaciones sin embargo en CA2990xWR315 precocidad estuvo asociado a mayor tamaño de grano y viceversa en JG62xILC72 (Tablas 26 y 27, pag. 91). Respecto a la interacción GxE debida a las diferencias entre ciclo precoz y tardío fue significativa para todos los componentes del rendimiento en las dos poblaciones aunque su contribución a la interacción total no fue muy importante, del 4 al 15% en JG62xILC72 y del 6 al 10% en CA2990xWR315 (Tablas 21 y 22). La interacción fue también altamente significativa dentro de cada grupo para los tres componentes del rendimiento en ambas poblaciones. En JG62xILC72 para tamaño de semilla el grupo de plantas precoces explicaron un porcentaje más bajo de la

interacción ($R^2 = 35\%$) que el de las tardías ($R^2 = 50\%$) a pesar de que los grados de libertad del primero fueron mayores (Tabla 21). Estos resultados sugieren que el carácter precocidad confiere una mayor estabilidad al tamaño de la semilla. Sin embargo en CA2990xWR315 es el ciclo tardío el que parece conferir mayor estabilidad al tamaño de semilla (Tabla 22). En esta misma población las plantas que poseen ciclo precoz parecen ser también más estables que las de ciclo tardío para semillas/planta.

4.4.3. Número de vainas por nudo (simple o doble vaina)

Este carácter solamente se evaluó en la población JG62xILC72, donde el parental JG62 es el portador del carácter doble vaina por nudo. No se observaron diferencias entre doble y simple vaina para todos los caracteres evaluados y la contribución de estas diferencias a la interacción GxE total, aunque significativas en la mayoría de los casos, no fueron muy importantes (Tabla 23). Por los valores de R^2 correspondientes a la interacción GxE parece ser que los genotipos de vaina doble conceden una mayor estabilidad a la producción por planta ya que el porcentaje que explican de la interacción GxE total es más bajo. De igual manera los genotipos con vainas simples serían más estables para tamaño de semillas.

Tabla 23 Descomposición ortogonal para simple/doble vaina de los efectos de genotipo e interacción GxE del ANOVA de cinco caracteres evaluados en una población F_{6;7} de garbanzo (JG62xILC72) a lo largo de siete ambientes en Argentina.

Caráct	Cuadrados Medios					
	Genotipo (gl=19)			Interacción GxE (gl=114)		
	Doble (gl=9)	Simple (gl=9)	Dobl vs Sim (gl=1)	Doble (gl=54)	Simple (gl=54)	Dobl vs Sim (gl=6)
AP	1088.78*** (62%)	575.04*** (32%)	884.73 (6%)	116.64*** (52%)	76.27*** (39%)	157.56*** (8%)
A1 ^a V	701.21** (59%)	467.42** (39%)	209.71* (2%)	53.43*** (52%)	45.29*** (45%)	31.11 (3%)
S/P	9104.76** (52%)	7255.57** (41%)	11512.35 (7%)	2231.34*** (47%)	2246.42*** (47%)	2661.54*** (6%)
P/P	106.08 (50%)	103.25 (48%)	44.17 (2%)	57.02*** (39%)	76.87*** (52%)	112.22*** (9%)
P100	176.66*** (31%)	353.20*** (62%)	374.60 (7%)	23.83*** (49%)	16.78*** (34%)	76.03*** (17%)

^a AP: altura de planta, A1^aV: altura de inserción 1^a vaina, S/P: semillas/planta, P/P: producción/planta y P100: peso de 100 semillas. *, ** y *** nivel de significación para $P<0.05$, $P<0.01$ y $P<0.001$

4.4.4. Tamaño de hoja (grande/pequeña)

El tamaño de hoja se evaluó únicamente en la población CA2990xWR315, siendo el parental CA2990 el que aporta el tamaño de hoja grande. No se observaron diferencias entre tamaño de hoja pequeña vs grande para los caracteres altura de planta e inserción de la primera vaina (Tabla 24). Para los componentes del rendimiento se observaron diferencias altamente significativas en semillas por planta ($R^2 = 53\%$), donde los genotipos de hoja pequeña con respecto a los de hoja grande, presentaron mayor cantidad de semillas/planta (72.27 vs 49.58) (Tabla 27, pag. 91). Peso de 100 semillas presentó también diferencias altamente significativas entre los genotipos siendo los de hoja grande los que mayor tamaño de semilla muestran. Respecto a la interacción GxE, se observa para semillas/plantas que el carácter hoja grande confiere mayor estabilidad, aunque el valor de R^2 fue ligeramente menor que el del grupo de genotipos de hoja pequeña, sin embargo hay que tener en cuenta que los grados de libertad del grupo de genotipos de hoja grande es mayor, por lo que su valor debería haber sido mayor (Tabla 24).

Tabla 24. Descomposición ortogonal para tamaño de hoja (pequeña/grande) de los efectos de genotipo e interacción GxE del ANOVA de cinco caracteres evaluados en una población F_{6,7} de garbanzo (CA2990xWR315) a lo largo de ocho ambientes en Argentina.

Caráct. ^a	Cuadrados Medios					
	Genotipo (gl=19)			Interacción GxE (gl = 133)		
	Pequeña (gl = 8)	Grande (gl = 10)	Peq vs Gra (gl = 1)	Pequeña (gl = 56)	Grande (gl = 70)	Peq vs Gra (gl = 7)
AP	231.81*** (38%)	226.46** (47%)	714.89* (15%)	51.60* (31%)	86.86*** (65%)	64.93 (5%)
A1 ^a V	64.85** (15%)	264.17*** (78%)	239.85 (7%)	16.26 (24%)	35.09*** (64%)	68.82*** (12%)
S/P	4073.73** (23%)	3223.39** (23%)	73890.54*** (53%)	1255.79*** (46%)	959.22*** (44%)	2121.45*** (10%)
P/P	120.54* (31%)	164.86** (52%)	527.33* (17%)	53.25*** (43%)	51.49*** (52%)	52.37*** (5%)
P100	768.73*** (47%)	240.29*** (18%)	4661.49*** (35%)	14.49** (20%)	43.40*** (76%)	20.40* (4%)

^a AP: altura de planta, A1^aV: altura de inserción 1^a vaina, S/P: semillas/planta, P/P: producción/planta y P100: peso de 100 semillas. *, ** y *** nivel de significación para $P < 0.05$, $P < 0.01$ y $P < 0.001$

4.4.5. Tipo de hoja (normal/unifoliada)

La población CA2990xWR315 segrega para el carácter hoja unifoliada y normal, donde CA2990 es el parental portador del carácter hoja unifoliada. No se observaron diferencias significativas entre los dos tipos de hoja para todos los caracteres evaluados y la contribución de estas diferencias a la interacción GxE total fue solo significativa para los componentes del rendimiento aunque no fue importante (del 8 al 12%) (Tabla 25). De la interacción que explica cada grupo por separado se puede inferir que el carácter hoja unifoliada confiere más estabilidad para tamaño de semilla y altura de planta .

Resultados

Tabla 25. Descomposición ortogonal para tipo de hoja (Unifoliada/normal) de los efectos de genotipo e interacción GxE del ANOVA de cinco caracteres evaluados en una población F_{6:7} de garbanzo (CA2990xWR315) a lo largo de ocho ambientes en Argentina.

Caráct	Cuadros Medios					
	Genotipo (gl = 19)			Interacción GxE (gl = 133)		
	Unifoliada (gl = 9)	Normal (gl = 9)	Uni vs Nor (gl = 1)	Unifoliada (gl = 63)	Normal (gl = 63)	Uni vs Nor (gl = 7)
AP	155.46** (29%)	359.01*** (67%)	203.76 (4%)	56.33** (38%)	87.14*** (58%)	55.06 (4%)
A1 ^a V	216.99*** (57%)	158.50*** (42%)	20.90 (1%)	26.86** (44%)	32.24*** (53%)	17.79 (3%)
S/P	11911.57*** (77%)	2973.89* (20%)	4745.13 (3%)	1014.66*** (42%)	1104.12*** (46%)	2690.84*** (12%)
P/P	217.36*** (62%)	87.85 (25%)	393.31 (13%)	47.74*** (41%)	56.28*** (51%)	84.00*** (8%)
P100	960.61*** (64%)	507.19*** (35%)	3.82 (1%)	19.29*** (30%)	37.20*** (59%)	61.79*** (11%)

^a AP: altura de planta, A1^aV: altura de inserción 1^a vaina, S/P: semillas/planta, P/P: producción/planta y P100: peso de 100 semillas. *, ** y *** nivel de significación para $P < 0.05$, $P < 0.01$ y $P < 0.001$

Tabla 26. Valores medios de diferentes caracteres cuantitativos de interés agronómico a lo largo de diferentes ambientes de una población F_{6,7} de garbanzo procedentes del cruzamiento JG62xILC72 según hábito de crecimiento, ciclo y tipo de vaina.

Caracteres	Hábito crecimiento		Ciclo		Tipo de vaina	
	Achaparrado	Erecto	Tardío	Precoz	Doble	Simple
Altura Planta	48.55	56.25	55.06	48.81	49.97	53.28
Altura 1ª vaina	23.63	28.65	28.42	23.33	24.84	26.40
Semillas/planta	85.49	74.50	73.56	87.32	85.47	76.61
Producción/planta	15.30	14.29	14.94	14.85	14.81	14.97
Peso 100 semillas	19.00	20.52	21.77	17.88	18.63	20.58

Tabla 27. Valores medios de diferentes caracteres cuantitativos de interés agronómico a lo largo de diferentes ambientes de una población F_{6,7} de garbanzo procedentes del cruzamiento CA2990xWR315 según hábito de crecimiento, ciclo, tamaño y tipo de hoja.

Caracteres	Hábito crecimiento		Ciclo		Tamaño de hoja		Tipo de hoja	
	Achaparrado	Erecto	Tardío	Precoz	Pequeña	Grande	Unifoliada	Normal
Altura Planta	41.58	40.70	41.30	41.15	39.97	42.48	40.49	41.96
Altura 1ª vaina	17.80	18.10	18.74	17.08	17.05	18.79	17.60	18.23
Semillas/planta	73.01	43.20	73.16	48.60	72.27	49.58	58.01	63.70
Producción/planta	14.87	12.61	15.18	12.76	14.95	12.99	13.00	14.94
Peso 100 semillas	21.80	29.36	22.08	27.46	22.13	27.46	24.53	24.96

DISCUSIÓN

5. Discusión

A lo largo de estos años el cultivo del garbanzo en Argentina está adquiriendo más importancia, su área cultivada ha aumentado considerablemente desde 6.000 has en 1960 hasta más de 40.000has en 2010 (Bolsa de Cereales de Córdoba 2010-11). El programa de mejora del garbanzo que se lleva a cabo en Argentina ha dado lugar al registro de dos cultivares ‘Chañaritos S-156’ y ‘Norteño’. ‘Chañaritos’ procede de la selección realizada en la población local ‘Sauco’ y ‘Norteño’ del cruzamiento realizado entre una línea de la población ‘Sauco’ y un genotipo de una variedad Mexicana. Actualmente estos dos cultivares ocupan la mayor parte del área cultivada. Por lo tanto, a pesar de que la superficie del garbanzo ha aumentado en Argentina en estos últimos años, la base genética de que se dispone es muy pequeña y con alta probabilidad de ser vulnerada por factores bióticos y abióticos de los cuales hay un gran desconocimiento en la respuesta de los materiales que se han desarrollado en este país.

Disponer de variabilidad en los programas de mejora es de gran importancia. Por ello el objetivo de este trabajo de tesis ha sido estudiar la posibilidad de introducir nueva variabilidad en el programa de mejora argentino de garbanzo que se desarrolla en la Universidad Nacional de Córdoba (Argentina), lo que conllevaría a ampliar la base genética de este cultivo. Debido a que el cultivo del garbanzo está ampliándose año tras año, sería de gran relevancia ofrecer al agricultor nuevos materiales, estables y bien adaptados a los diferentes ambientes de Argentina.

En este estudio dos poblaciones de líneas procedentes de cruzamientos entre dos tipos de garbanzo, kabuli y desi, fueron evaluadas en ambientes diferentes de Argentina. Ambos tipos, que en cierta forma coinciden con la clasificación de raza *macrosperma* y *microsperma* propuesta por Moreno y Cubero (1978), son considerados como dos acervos génicos diferentes, y cruzamientos entre ellos han sido propuestos y usados para incrementar la variación de caracteres agronómicos dentro de cada uno de ellos (Hawtin y Singh 1980; Kharrat et al. 1991; Gil y Cubero 1993; Maynez et al. 1993). Los resultados obtenidos por Kharrat et al. (1991) y Maynez et al. (1993) concuerdan con la idea general de que los tipos desi pueden ser usados para incrementar la base genética de los tipos kabuli. En este trabajo de tesis se ha confirmado la amplia variabilidad genética que se generan en

este tipo de cruzamientos, con la presencia de líneas que superan a los testigos empleados en los ensayos ('Norteño' y Chañaritos') para muchos de los caracteres estudiados. Nuestros resultados indican que ambas poblaciones pueden representar dos fondos genéticos diferentes. Así en la población JG62xILC72 se ha observado mayor altura de planta y alto número de vainas y semillas por planta, mientras que en la población CA2990xWR315 se observa mayor tamaño de semilla.

El número de semillas por planta, vainas por planta, rendimiento por planta y tamaño de la semilla son citados en la bibliografía como importantes componentes del rendimiento en garbanzo (Kharrat et al. 1991; Kumar y Bahl 1992; Maynez et al. 1993; Rubio et al. 1998). Kumar y Bahl (1992) en un estudio comparativo en el que realizaron selección indirecta para rendimiento usando como índices de selección vainas por planta, tamaño de semilla, producción por planta y semillas por vaina encontraron como mejores índices para rendimiento el número de vainas por planta y el tamaño de semilla. Nuestros resultados sugieren la presencia de genes favorables para número de semillas por planta (altamente correlacionado con vainas/planta) en la población JG62xILC72 y para mayor tamaño de semilla en CA2990xWR315. En general los genotipos con el mayor número de semillas por planta de JG62xILC72 (J56 y J99) fueron también los que mostraron la mayor producción por planta (Figuras 18 y 20, pags. 64 y 67). Sin embargo, en CA2990xWR315, aunque no hubo correlación significativa entre tamaño de semilla y producción por planta, parece ser que el tamaño de la semilla ha jugado también un papel importante sobre la producción por planta ya que genotipos como M30 y M18 con moderados valores para semillas por planta tuvieron una alta producción por planta (Figuras 17 y 19, pags. 63 y 66). Teniendo en cuenta estos resultados se recomendaría el uso de estos genotipos, junto con otros que mostraron también un buen comportamiento en ambas poblaciones, en el programa de mejora argentino para incrementar la variabilidad de su germoplasma.

En cuanto a las localidades se observa un mayor potencial en la región de Salta, más al norte del país, que en las de Córdoba y San Luis, posiblemente la temperatura durante la floración puede jugar un papel importante. Como se puede ver en la Figura 10 (pag. 37) en la región de Salta se empiezan a alcanzar temperaturas máximas por encima de 25°C a partir de Agosto que es cuando comienza la floración, mientras que en las otras dos regiones aun permanecen por

debajo de 25°C. En garbanzo altas temperaturas y baja humedad favorece el cuajado de las flores (Khanna-Chopra y Sinha 1987).

El análisis AMMI ha resultado ser una herramienta muy útil para estudiar el comportamiento de los genotipos de ambas poblaciones a lo largo de los diferentes ambientes donde se han ensayado. En los gráficos o bi-plot obtenidos se puede observar la alta y significativa variabilidad mostrada tanto por las dos poblaciones como por el conjunto de ambientes así como las interacciones genotipo-ambiente. Teniendo en cuenta los componentes del rendimiento, cuando se aplicó éste mismo análisis a los ensayos realizados en la región de Salta por un lado y a los de Córdoba/San Luis (conjuntamente) por otro, se encontró también una alta variabilidad entre genotipos y una menor variación entre ambientes dentro de cada región, siendo también la interacción GxE importante. Así mismo el comportamiento de los genotipos fue diferente en cada región para semillas/planta y producción/planta. Estos resultados indican que ambas regiones pueden considerarse como dos macroambientes diferentes. Berger et al. (2006) evaluaron 48 genotipos de origen diverso en varias localidades de la India (Norte, Centro y Sur) durante tres años y detectaron también una fuerte interacción GxE con una buena agrupación de los genotipos por su adaptación a las distintas regiones sobre todo Norte y Sur. Esta adaptación de los genotipos estuvo relacionada con la fecha de floración, cuajado de las vainas y fecha de maduración. Así por ejemplo en el Sur, donde casi al final del ciclo coincide con un periodo de sequía, genotipos más precoces en floración y maduración fueron los más adaptados en la zona, mientras que en el Norte donde las condiciones climáticas son diferentes fueron los genotipos más tardíos los más productivos. Los autores llegan a la conclusión de que la combinación de floración intermedia y maduración precoz sería la mejor solución para obtener genotipos con una amplia adaptación y ponen como ejemplo el genotipo ICCV10 que reúne estas características y que fue de los más productivos en todos los ambientes. En nuestro estudio, en la población CA2990xWR315 los genotipos con mayor valor para semillas/planta y producción/planta en ambas regiones (M63 y M30 en Salta y M14, M18, M60, M63 y M75 en Córdoba/San Luis) fueron de floración tardía, esto sería lógico con las condiciones climáticas en Argentina donde al final del ciclo del cultivo no existe un periodo de fuerte sequía (Figura 10, pag. 37). Sin embargo en la población,

JG62xILC72, los mejores genotipos para esos componentes del rendimiento (J56 en Salta y J99 en Córdoba/San Luis) fueron de floración precoz aunque en este caso no se detectaron diferencias significativas entre los dos grupos (precozes vs tardías) lo que si ocurrió en la otra población de forma muy significativa. Esta diferencia en los resultados en ambas poblaciones, podría ser debido a la presencia de diferentes genes controlando la floración y su relación con otros genes o QTLs que controlan otros caracteres. En garbanzo la floración parece estar determinada por la respuesta al fotoperiodo o a la temperatura o a ambos efectos (Roberts et al. 1985). Actualmente en las especies modelo se conocen varios genes implicados en el proceso de la floración (Blázquez et al. 2011). El genotipo JG62, parental de una población utilizada en nuestro trabajo, posee un QTL asociado con precocidad, localizado en el grupo de ligamiento 4 (GL4) del mapa genético del garbanzo y estrechamente ligado a otro QTL asociado con el rendimiento (Cobos et al. 2007). Por otro lado se conoce otro QTL para floración en el GL3 de garbanzo donde no se ha detectado ningún gen o QTL relacionado con algún componente del rendimiento (Cho et al. 2002; Cobos et al. 2009), éste QTL es el que está presente en el parental WR315 y asociado con precocidad (Castro et al. 2011). Por lo tanto, todo esto podría explicar la ausencia de significación entre genotipos precozes y tardíos para los componentes del rendimiento en la población JG62xILC72 cuando según los resultados de la otra población en los ambientes de Argentina estudiados parece ser que ciclos más tardíos favorecen un mayor rendimiento. En ambientes mediterráneos floración precoz está positivamente asociada con producción, en este caso el final del ciclo de cultivo coincide con un largo periodo de sequía (Siddique et al. 2003; Rubio et al. 2004). No obstante, un mayor conocimiento del control genético de la floración en esta especie y una buena caracterización de los genotipos en función de los genes que posean serían necesarios para manejar éste carácter en los programas de mejora. Hovav et al. (2003) obtuvieron una correlación genética positiva entre fecha de floración y peso de semilla y sugieren que en determinados fondos genéticos puede ser dificultoso para los mejoradores encontrar líneas de floración temprana sin comprometer el peso de la semilla. No obstante se conocen materiales de origen Mexicano con semilla grande y muy precozes (Gaur et al. 2006).

Como se ha mencionado anteriormente las temperaturas alcanzadas en el momento de la floración pueden marcar las diferencias entre ambas regiones. Aunque en las dos regiones el ciclo tardío parece favorecer un mayor rendimiento en la población CA2990xWR315 y el comportamiento de los genotipos ha sido diferente. Posiblemente otros factores que no se han evaluado en este estudio estén dando lugar a estas diferencias. En garbanzo temperaturas medias por debajo de 16°C durante la floración ('chilling') pueden retrasar el cuajado de las vainas hasta 70 días en condiciones extremas dando lugar a ciclos repetidos de floración y aborto floral (Berger et al. 2005). La tolerancia o insensibilidad a estas condiciones podrían acortar el ciclo de maduración y a la vez reducir el coste energético que supone para la planta estos ciclos de floración y aborto lo que se traduciría en un mayor rendimiento. En los ensayos de San Luís y San Marcos Sierras (Córdoba), existe la probabilidad de bajas temperaturas (Figura 10, pag. 37) durante la floración (en Agosto), puede que la tolerancia o insensibilidad al chilling explique en parte el diferente comportamiento de los genotipos respecto a los de Salta. Genotipos tolerantes a chilling han sido citados en la literatura (Clarke y Siddique 2004) y recientemente se ha encontrado una entrada de *C. echinospermum*, especie silvestre estrechamente relacionada con el cultivo, insensible a chilling (Berger et al. 2012). Sería muy interesante explorar el empleo de estos materiales en el programa de mejora en Argentina con el objeto de desarrollar cultivares con amplia adaptación. En esta línea ya algunos autores plantean un mayor conocimiento de la biología y de las condiciones ambientales implicadas en la interacción genotipo-ambiente (Eisemann et al. 1990).

Respecto a los caracteres doble vaina, porte, hoja simple y tamaño de hoja, caracteres relacionados con el rendimiento y la estructura de planta, y que pueden tener cierto valor adaptativo, es la primera vez que se analizan también bajo condiciones ambientales argentinas. El carácter doble vaina, presente en genotipos de la población JG62xILC72, no mostró diferencias en producción respecto a vaina simple, coincidiendo con los resultados de Rubio et al. (2004) bajo condiciones mediterráneas. Otro carácter que no ha mostrado valor adaptativo en las condiciones ambientales en las que se ha realizado este trabajo ha sido la forma de la hoja (simple o normal) ya que no se han detectado diferencias significativas para los componentes del rendimiento. Basándonos en la clasificación de

Danehlouepour et al. (2008) para tipo de hoja (simple, normal y multipinnada), la población CA2990xWR315 segrega para hoja simple y hoja normal, siendo el parental CA2990 el que aporta el gen para hoja simple. Sin embargo, aunque este es un carácter muy frecuente en cultivares de origen mexicano y de Estados Unidos (Warkentin et al. 2003; Srinivasan et al. 2006) en nuestro caso no parece ser importante como carácter adaptativo.

El tamaño o superficie de hoja, estudiado solo en CA2990xWR315 donde había diferencias bastante marcadas para este carácter, ha tenido una gran influencia sobre los componentes del rendimiento siendo hoja pequeña la que contribuye a un mayor número de semillas/planta y producción /planta y a un menor tamaño de semilla. Sin embargo, estas diferencias entre hoja grande y pequeña no parecen ser las mismas en la región de Salta que en la de Córdoba/San Luis. Por ejemplo, en Salta todos los genotipos con valores de semillas/planta por encima de la media son de hoja pequeña salvo el genotipo M4, mientras que en Córdoba/San Luis hay varios genotipos de hoja grande por encima de la media (M18, M19 y M25) (Figura 23, pag. 76). Algo similar ocurre para producción/planta donde solo 3 genotipos de hoja grande (M18, M4 y M25) están por encima de la media en Salta aunque no son de los más productivos, mientras que en Córdoba/San Luis hay casi el mismo número de genotipos de hoja grande (M4, M18, M19, M51, M64 y M85) que de pequeña por encima de la media, e incluso el más productivo es de hoja grande (Figura 25, pag. 78). Posiblemente diferencias en radiación o temperatura pueden marcar el comportamiento diferente de este carácter en ambas regiones.

Otro carácter analizado y quizás más relacionado con la mecanización o manejo del cultivo es el porte, en este trabajo se detectaron diferencias significativas entre porte erecto y achaparrado en ambas poblaciones para los componentes del rendimiento semillas/planta y producción/planta. En ambas el porte achaparrado estuvo asociado con mayor valor para estos componentes, posiblemente el mayor número de ramificaciones del porte achaparrado pueda explicar su efecto positivo sobre ellos. Estos resultados coinciden con los obtenidos por Rubio et al. (2004) bajo condiciones mediterráneas. Tal como sugieren algunos autores podría ser adecuado incrementar la densidad con los genotipos de porte erecto para conseguir un mayor rendimiento (Muelhbauer y Singh, 1987). En el

caso de la población JG62xILC72 se obtuvo también un efecto significativo y positivo del porte erecto sobre la altura de planta y altura de la primera vaina, efecto que no se observó en la otra población. Este resultado puede estar relacionado, al igual que en floración, con la presencia de diferentes genes controlando el porte de la planta. Se sabe que en el GL3 del mapa genético de garbanzo existe un gen relacionado con el porte (Winter et al. 2000, Cobos et al. 2009, Aryamanesh et al. 2010) y recientemente en el Grupo de Mejora Genética Vegetal de Córdoba (España) donde se ha llevado a cabo este trabajo se ha identificado otro gen en el GL1 (Ali et al. 2012). La arquitectura de los cultivos está determinada por varios caracteres con más o menos importancia en la producción final, entre ellos la altura de planta y de la inserción de la primera vaina son también caracteres importantes. A ellos se los relaciona con las labores culturales de herramientas a desplazar en el cultivo cuando este crece o bien cuando se cosecha. Según nuestros resultados las dos poblaciones utilizadas en este trabajo constituyen dos fondos genéticos diferentes, donde CA2990xWR315 presentó valores menores para ambos caracteres y mayores en JG62xILC72, probablemente debido al progenitor ILC72 que es de porte erecto y de gran altura.

CONCLUSIONES

6. Conclusiones

1. Se ha observado variación genotípica para todos los caracteres evaluados en las dos poblaciones y en los ambientes estudiados. Así mismo se detectaron diferencias entre las dos poblaciones para altura de planta, semillas por planta y tamaño de la semilla por lo que pueden considerarse como dos fondos genéticos diferentes para estos caracteres. En ambas poblaciones se han detectado genotipos, como J56, J99, M18 o M30, con buen comportamiento agronómico, que podrían emplearse para introducir variabilidad en el programa de mejora de garbanzo en Argentina.
2. La alta interacción genotipo-ambiente detectada parece ser debida a la presencia de dos macroambientes en el área estudiada, uno más al norte y otro al sur. Este resultado habrá que tenerlo en cuenta en futuros programas de mejora, bien para desarrollar variedades específicas para cada macroambiente o buscar genotipos con una amplia adaptación.
3. Este trabajo de tesis nos ha permitido caracterizar la región de Salta, situada más al norte, como la de mayor potencial productivo para este cultivo.
4. Parece ser que bajo las condiciones de cultivo del garbanzo en Argentina los genotipos de ciclo tardío y porte semierecto suelen ser los más productivos. En el caso de porte erecto sería interesante estudiar su comportamiento con mayores densidades de siembra. Respecto al tamaño de la hoja, solo en la región de Salta se observó un efecto positivo de menor tamaño de hoja sobre el rendimiento.
5. Tanto el carácter doble vaina y la forma de la hoja no han mostrado ninguna relación con el rendimiento por lo que no se han considerado como caracteres implicados en la adaptación bajo las condiciones ambientales estudiadas.

6. En resumen el material empleado en este estudio presenta suficiente variabilidad para introducir nuevo germoplasma en los programas de mejora de garbanzo y ampliar la base genética de este cultivo en Argentina.

BIBLIOGRAFÍA

- Abbo S, Berger J, Turner C (2003). Evolution of cultivated chickpea: four bottlenecks limit diversity and constrain adaptation. *Functional Plant Biology* 30:1081-1087.
- Aher RP, Mhase LB, Manjare MR, Kolte TB (1998). Phenotype stability for grain yield in chickpea under irrigated condition. *Indian Journal of Pulses Research* 11:115-116.
- Aleman G, Coirini RO, Carreras J (2001). Garbanzo, alternativa productiva para el Noroeste cordobés Cartilla 26.
- Ali L, Rubio J, Madrid E, Cobos MJ, Rameau C, Gil J, Millan T (2012). A new QTL controlling growth habit in chickpea (*Cicer arietinum* L.). VIth International Conference on Legume Genetics and Genomics (ICLGG), Hyderabad (India).
- Anbessa Y, Warkentin T, Vandenberg A, Ball E (2006). Inheritance of time to flowering in chickpea in a short-season temperate environment. *Journal of Heredity* 97(1):55-61.
- Argikar GP, D'Cruz R (1963). Genetic studies in gram. *J. Indian Bot. Soc.* 42:401-405.
- Arshad M, Bakhsh A, Haqqani AM, Bashir M (2003). Genotype-environment interaction for grain yield in chickpea (*Cicer arietinum* L.). *Pak. J. Bot.*, 35:181-186.
- Aryamanesh N, Nelson MN, Yan G, Clarke HJ, Siddique KHM (2010) Mapping a major gene for growth habit and QTLs for ascochyta blight resistance and flowering time in a population between chickpea and *Cicer reticulatum*. *Euphytica* 173:307-319.
- Bakhsh A, Akhtar L, Malik S, Masood A, Iqbal SM, Qureshi R (2011). Grain in yield stability in chickpea (*Cicer arietinum* L.) across environments. *Pak. J. Bot.*, 43(5):2947-2951.
- Banik BR, Sarker R, Pandit DB (1997). Genotype environment interaction of seed yield and seed weight in chickpea (*Cicer arietinum* L.). *Legume Research* 20:230-232.
- Becker HC, Leon J (1988). Stability analysis in plant breeding. *Plant Breeding* 101:1-23.
- Berger JD, Ali M, Basu P, Chaudhary B, Chaturvedi S, Deshmukh P, Dharmaraj P, Dwivedi S, Gangadhar G, Gaur P, Kumar J, Pannu R, Siddique K, Singh D, Singh D, Singh S, Turner N, Yadava H, Yadav S (2006). Genotype by environment studies demonstrate the critical role of phenology in adaptation of chickpea (*Cicer arietinum* L.) to high and low yielding environments of India. *Field Crops Research* 98:230-244.
- Berger JD, Buck RP, Henzell JM, Turner NC (2005). Evolution in the genus *Cicer* vernalization response and low temperature pod set in chickpea (*C. arietinum* L.) and its annual wild relatives. *Aust. J. Agric. Res.* 56:1191-1200.

- Berger JD, Kumar S, Nayyar H, Street KA, Sandhu JS, Henzell JM, Kaur J, Clarke HC (2012). Temperature-stratified screening of chickpea (*Cicer arietinum* L.) genetic resource collections reveals very limited reproductive chilling tolerance compared to its annual wild relatives. *Field Crops Research* 126:119-129.
- Berger JD, Robertson LD, Cocks PS (2002). Genotype x environment interaction for yield and other plant attributes among undomesticated Mediterranean Vicia species. *Euphytica* 126:421-435.
- Berger JD, Speijers J, Sapra RL, Sood UC (2007) Genotype by environment interaction and chickpea improvement. En: SS Yadav, R Reeden, W Chen, B Sharma (eds) Chickpea Breeding and Management. CABI, UK, pp 617-629.
- Berger JD, Turner NC, Siddique KHM, Knights EJ, Brinsmead RB, Mock I, Edmondson C, Khan TN (2004). Genotype by environment studies across Australia reveal the importance of phenology for chickpea (*Cicer arietinum* L.) improvement. *Australian Journal of Agricultural Research*.55:1071-1084.
- Biderbost E, Carreras J (1991). Chañaritos S-156 Nuevo Cultivar de Garbanzo (*Cicer arietinum* L). En: *Agrisciencia* Vol. VIII 91:15-18.
- Biderbost E, Carreras J (2005). Registration of Chañaritos S-156. Chickpea. *Crops Science*. 45(4):1653.
- Blanche SB, Myers GO (2006). Identifying Discriminating Locations for Cultivar Selection in Louisiana. *Crop Sci*. 46:946-949.
- Blázquez MA, Pineiro M, Valverde F (2011). Bases moleculares de la floración. *Investigación y Ciencia*. Mayo:29-36.
- Bolsa de Cereales de Córdoba (Argentina) (2010-11).
- Canci H, Toker C (2009). Evaluation of yield criteria for drought and heat resistance in chickpea (*Cicer arietinum* L.). *J Agron Crop Sci* 195:47-54.
- Carreras J (1999). Caracterización de líneas selectas de garbanzo (*Cicer arietinum* L.). Tesis Maestría Tecnología. Biblioteca Facultad de Ciencias Agropecuarias. Universidad Nacional de Córdoba. Biblioteca 11Ca:10446. 144pp.
- Carreras J (2000). Chañaritos S-156. Cultivar de garbanzo. Tríptico
- Carreras J (2003). Norteño. Cultivar de garbanzo. Tríptico
- Carreras J, Allende MJ, Orecchia E, Rosso M, Saluzzo J (2006). Siembra directa de garbanzo (*Cicer arietinum* L) en el Norte de Córdoba: efectos de la densidad de siembra en el rendimiento. XXIX. Congreso de Horticultura. Catamarca. pp 26.
- Carreras J, Garcia S, Gray L, Collavino N, Fraile V, Pastrana C, Biderbost E (1997). Norteño cultivar de garbanzo para exportación (*Cicer arietinum* L). Congreso Argentino de Horticultura.

- Carreras J, Orecchia E, García Medina S, Panadero Pastrana C, Bologna S, Gil J (2007). El cultivo de garbanzo: su producción e investigación en Argentina. XXX Congreso de Horticultura. La Plata, pp 80.
- Castro P, Rubio J, Cabrera A, Millán T, Gil J (2011). A segregation distortion locus located on linkage group 4 of the chickpea genetic map. *Euphytica*. 179(3):515-523.
- Chandra S, Sohoo MS, Singh KB (1971). Genotype x environment interaction for yield in gram. *Journal of Research Punjab Agricultural University* 8:165-168.
- Cho S, Kumar J, Shultz JL, Anupama K, Tefera F, Muehlbauer FJ (2002). Mapping genes for double podding and other morphological traits in chickpea. *Euphytica* 128:285-292.
- Chongo G, Banniza S, Warkentin T (2002). Occurrence of *Ascochyta* blight and other diseases in Saskatchewan in the 2001 drought year. *Can. Plant Dis Surv.* 83:85-89.
- Clarke HJ, Siddique KHM (2004). Response of chickpea genotypes to low temperature stress during reproductive development. *Field Crops Res* 90:323-334.
- Cobos MJ, Iruela M, Rubio J, Millán T, Cubero JI, Gil J (2004). Genetic analysis of flowering time in a chickpea Inter.-specific cross (*Cicer arietinum* L. x *C. reticulatum* Lad.) En: 5th European Conference on Grain Legumes, AEP, Dijon France, pp 263.
- Cobos MJ, Rubio J, Fernández-Romero MD, Garza R, Moreno MT, Millán T, Gil J (2007). Genetic analysis of seed size, yield and days to flowering in a chickpea recombinant inbred line population derived from a Kabuli x Desi cross. *Ann Appl Biol* 151:33-42.
- Cobos MJ, Winter P, Kharrat M, Cubero JI, Gil J, Millan T, Rubio J (2009). Genetic analysis of agronomic traits in a wide cross of chickpea. *Field Crops Res* 111:130-136.
- Cooper M, Delacy IH, Eisemann RL (1993). Recent advances in the study of genotype x environment interactions and their application to plant breeding. En: BC Imrie, JB Hacker (eds) *Focused Plant Improvement: Towards Responsible and Sustainable Agriculture*. Australian Plant Breeding Conference Gold Coast, Queensland, pp 116-131.
- Croser JS, Clarke HJ, Siddique KHM, Khan TN (2003a). Low temperature stress: Implications for chickpea (*Cicer arietinum* L.) improvement. *Crit Rev Plant Sci* 22:185-219.
- Croser JS, Admad F, Clarke HJ, Siddike KHM (2003b). Utilisation of wild in chickpea improvement-progress, constraints, and prospect. *Aust J Agri Res* 54:429-444.
- Cubero JI (1987). Morphology of chickpea. En: MC Saxena, KB Singh (eds) *The Chickpea*. CABI, UK pp 35-66.

- Danehlouepour N, Clarke HJ, Yan G, Khan TN, Siddique KHM (2008). Leaf type is not associated with ascochyta blight disease in chickpea (*Cicer arietinum* L.). *Euphytica* 162:281-289.
- De Candolle A (1883). *Origine des Plantes Cultivees*. Paris: 258-260.
- Dehghani H, Sabaghpour SH, Ebadi A (2010). Study of Genotype×Environment Interaction for Chickpea Yield in Iran. *Agron. J.* 102:1-8
- Eagles HA, Hinz PN, Frey KJ (1977). Selection of superior cultivars of oats by using regression coefficients. *Crop Science* 17:101-105.
- Eisemann RL, Cooper M, Woodruff DR (1990). Beyond the analytical methodology-Better interpretation of genotype-by environment interaction. En: MS Kang, (ed.) *Genotype-by-environment Interaction and Plant Breeding*. Louisiana State University, Baton Rouge, Louisiana, pp.108-117.
- Ekbote RB (1942). Genetics of two mutations in *Cicer*. *Indian J Genet Plant Breed* 2:50-65.
- Ellis RH, Lawn RJ, Summerfield RJ, Qi A, Roberts EH, Chay PM, Brouwer JB, Rose JL, Yeates SJ, Sandover S (1994). Towards a reliable prediction of time to flowering in six annual crops. V. Chickpea (*Cicer arietinum*) *Exp. Agric.* 30:271-282.
- Fan XM, Kang MS, Chen H, Zhang Y, Tan J, Xu C (2007). Yield stability of maize hybrids evaluated in multi-environment trials in Yunnan, China. *Agron. J.* 99:220-228.
- FAOSTAT (2011). <http://faostat.fao.org/> 2013.
- Fiant S (2011). Informe especial produccion de garbanzo. Bolsa de cereales de Córdoba, Argentina. pp 7
- Filicetti J (2004). Incorporación del garbanzo a la dieta de poblaciones rurales y urbanas marginales de Córdoba, mediante su cultivo y su utilización. Beca de Extensión Universitaria. Facultad de Ciencias Agropecuarias. Universidad Nacional de Córdoba. Informe Técnico, pp 50
- Finlay KW, Wilkinson GN (1963). The analysis of adaptation in a plant breeding programme. *Australian J. Agric. Res.* 14:742-754.
- Gan YT, Liu PH, McDonald CL (2003). Severity of ascochyta blight in relation to leaf type in chickpea. *Crop Science* 43:2291-2294.
- Gan YT, Siddique KHM, MacLeod WJ, Jayakumar P (2006). Management options for minimizing the damage by ascochyta blight (*Ascochyta rabiei*) in chickpea (*Cicer arietinum* L.). *Field Crops Res* 97:121-134.
- Gaur PM, Gowda CLL, Knights EJ, Warketin T, Acikgöz N, Yadav SS, Kumar J (2007). Breeding achievements. En: SS Yadav, R Reeden, W Chen, B Sharma (eds) *Chickpea breeding and management*. CABI, UK, pp 391-416.

- Gaur PM, Pande S, Upadhyaya HD, Rao BV (2006). Extra-large kabuli chickpea with high resistance to fusarium wilt. Chickpea Pigeonpea Newsl 13: 5-7.
- Gil J, Cubero JI (1993). Inheritance of seed coat thickness in Chickpea (*Cicer arietinum* L.) and its evolutionary implications. Plant Breeding 111:257-260.
- Gil J, Nadal S, Luna D, Moreno MT, de Haro A (1996). Variability of some physico-chemical characters in Desi and Kabuli chickpea types. Journal Science Agriculture 71:179-184.
- Gollob HF (1968). A statistical model which combines features of factor analysis and analysis of variance techniques. Psychometrika 33:73-115.
- Gumber RK, Sarvjeet S (1996). Genetics of flowering time in chickpea: a preliminary report. Crop Improv. 23:295-296.
- Hamayoon R, Khan H, Shahenshah, Naz L, Munir I, Arif M, Khalil I, Khan AZ (2011). Performance of chickpea genotypes under two different environmental conditions. African Journal of Biotechnology. 10(9):1534-1544.
- Harlan JR, de Wet MJJ (1971). Towards a rational classification of cultivated plants. Taxon 20:509-517.
- Haware MP, Nene YL (1982). Races of *Fusarium oxysporum* f. sp. *ciceris*. Plant Dis 66:809-810.
- Haware MP, Nene YL, Natarajan M (1996). Survival of *Fusarium oxysporum* f. sp. *ciceris* in the soil in the absence of chickpea. Phytopathol Mediterr 35:9-12.
- Hawtin GC, Singh KB (1980). Kabuli-desi introgression: problems and prospects. Proceedings of the International Workshop on Chickpea Improvement, Hyderabad, India. pp 51-60.
- Hawtin GC, Sing KB (1984). Prospects and potential of winter sowing of chickpea in the Mediterranean region. En: MC Saxena, KB Singh (eds) Ascochyta Blight and Winter Sowing of Chickpea. Martinus Nijhoff/Dr.W. Junk Publishers, The Hague, The Netherlands, pp 7-16.
- Hovav R, Upadhyaya KC, Beharav A, Abbo S (2003). Major flowering time gene and polygene effects on chickpea seed weight. Plant Breeding 122:539-54.
- Huyghe C (1998). Genetics and genetic modifications of plant architecture in grain legumes: a review. Agronomie 18:383-411.
- Iruela M, Rubio J, Cubero JI, Gil J, Millán T (2002). Phylogenetic analysis in the genus *Cicer* and cultivated chickpea using RAPD and ISSR markers. Theor Appl Genet. 104:643-651.
- Jain KC, Pandya BP, Pande K (1984). Stability of yield components of chickpea genotypes. Indian Journal of Genetics 44:159-163.
- Jana S, Singh KB (1993). Evidence of geographical divergence in Kabuli, chickpea from germplasm evaluation data. Crop Sci. 33:626-632.

- Jensen ES, Hauggaard-Nielsen H (2003). How can increased use of biological N₂ fixation in agriculture benefit the environment? *Plant and Soil* 252:177-186.
- Jimenez-Diaz RM, Alcalá-Jimenez AR, Hervás A, Trapero-Casas JL (1993). Pathogenic variability and hosts resistance in the *Fusarium oxysporum* f. sp. *ciceris/Cicer arietinum* pathosystem. Proceeding Eur. Sem. *Fusarium* mycotoxins, taxonomy, pathogenicity and host resistance, 3rd Hodowla Roslin Aklimatyazacja i Nasiennictwo. Plant Breeding and Acclimatization Institute, Radzikov, pp 87-94.
- Jimenez-Gasco MM, Navas-Cortes JA, Jimenez-Diaz RM (2004). The *Fusarium oxysporum* f. sp. *ciceris/Cicer arietinum* pathosystem: a case study of the evolution of plant-pathogenic fungi into races and pathotypes. *Int. Microbiol.* 7:95-104.
- Johnson HW, Bernard RL (1962). Soybean genetic and breeding. *Advances in Agronomy* 14:149-221.
- Kang MS (1988). A rank-sum method for selecting high-yielding stable corn genotypes. *Cereal Res. Commun.* 16:113-115.
- Kang MS (1993). Simultaneous selection for yield and stability in crop performance trials: Consequences for growers. *Agron. J.* 85:754-757.
- Kang MS, Magari R (1996). New developments in selecting for phenotypic stability in crop breeding. En: MS Kang, HG Gauch Jr (ed.) *Genotype-by-environment interaction*. CRC Press, Boca Raton, FL, pp. 1-14.
- Kang MS, Pham HN (1991). Simultaneous selection for high yielding and stable crop genotypes. *Agron. J.* 83:161-165.
- Karlin M, Felicetti J, Coirini R, Carreras J (2003). La acción de los suelos de Tuclame en el cultivo de garbanzo. *Cartilla* 27.
- Katiyar PK, Ram L, Katiyar RP (1992). Phenotypic stability of advance generation populations of chickpea for yield and its components. *Indian Journal of Genetics and Plant Breeding* 52:341-346.
- Kazan K, Muehlbauer FJ (1991). Allozyme variation and phylogeny in annual species of *Cicer* (Leguminosae). *Plant Systematics and Evolution* 175:11-21.
- Khanna-Chopra R, Sinha SK (1987). Physiological aspect of growth and yield. En: MC Saxena, KB Singh (eds). *The chickpea*. CABI, UK, pp 163-190.
- Kharrat M, Gil J, Cubero JI (1991). Genetics of grain yield components in chickpea (*Cicer arietinum* L.). *Journal of Genetic and Breeding* 45:87-92.
- Khorgade PW, Rathi VB, Narkhede MN, Sakhare BA (2000). Genotype x environment interaction and stability parameters in chickpea. *Annals of Plant Physiology* 14:32-35.
- Kashiwagi J, Krishnamurthy L, Gaur P, Umezaki T, Zheng S, Hiraoka Y, Terauchi T, Iwama K (2008). Genotype-environment interaction in chickpea (*C.*

- arietinum* L.) for adaptation to humid temperate and semi-arid tropical environment. *Trop. Agr. Develop.* 52(4):89-96.
- Kumar J, Abbo S (2001). Genetics of flowering time in chickpea and its bearing on productivity in semiarid environments. *Adv. Agron.* 72:107-138.
- Kumar L, Arora PP (1991) Basis of selection in chickpea. *International Chickpea Newsletter* 24:14-15.
- Kumar J, Bahl PN (1992). Direct and indirect selection for yield in chickpea. *Euphytica* 60:197-199.
- Kumar J, Srivastava RK, Ganesh M (2000). Penetrance and expressivity of the gene for double-podding in chickpea. *Journal of Heredity* 9:234-236.
- Kumar J, van Rheenen HA (2000). A major gene for time of flowering in chickpea. *J Hered* 91:67-68.
- Ladizinsky G, Adler A (1976). The origin of chickpea *Cicer arietinum* L. *Euphytica* 25:211-217.
- Lev-Yadun S, Gopher A, Abbo S (2000). The cradle of agriculture. *Science* 288:1602-1603.
- Li L, Bueckert RA, Gan Y, Warkentin T (2006). Biomass and yield performance of kabuli chickpea cultivars with the fern or unifoliate leaf trait in the Northern Great Plains. *Can. J. Plant Sci.* 86:1089-1097.
- Lichtenzweig J, Bonfil DJ, Zhang HB, Shtienberg D, Abbo S (2006). Mapping quantitative trait loci in chickpea associated with time to flowering and resistance to *Didymella rabiei* the causal agent of Ascochyta blight. *Theor Appl Genet* 113: 1357-1369
- Lin CS, Binns MR, Lefkovitch LP (1986). Stability analysis: Where do we stand?. *Crop Sci.* 26:894-900.
- Manchanda G, Garg N (2008). Salinity and its effects on the functional biology of legumes. *Acta Physiol Plant* 30:595-618.
- Mandel J (1971). A new analysis of variance model for non-additive data. *Technometrics* 13:118.
- Marginet Campos JL (2001). El garbanzo y sus perspectivas. Informe de la Dirección de Industria Alimentaria SAGP y A. pp 4.
- Maynez M, Moreno MT, Gil J (1993). Desi/Kabuli introgression for yield improvement in chickpea (*Cicer arietinum* L.). *J Genet Breed* 47:61-64.
- Millán T, Clarke HJ, Siddique KHM, Buhariwalla HK, Gaur PM, Kumar J, Gil J, Kahl G, Winter P (2006). Chickpea molecular breeding: new tools and concepts. *Euphytica* 147:81-103.
- Moreno MT, Cubero JI (1978). Variation in *Cicer arietinum* L. *Euphytica* 27:465-485.
- Muehlbauer FJ, Kaiser WJ, Simon CJ (1994). Potential for wild species in cool season food legume breeding. *Euphytica* 73:109-114.

- Muehlbauer FJ, Singh KB (1987). Genetics of Chickpea. En: MC Saxena y KB Singh (eds) The chickpea. CABI, UK, pp 99–125.
- Murty BR (1975). Biology of adaptation in chickpea. International workshop of Grain Legumes: 239-251. Hyderabad.
- Narayan RKJ, Macefield AJ (1976). Adaptive responses and genetic divergence in a world germplasm collection of chickpea (*Cicer arietinum* L.). Theor. Appl. Genetics 47:179-187.
- Nene YL, Reddy MV (1987). Chickpea diseases and their control. En MC Saxena y KB Singh (eds.). The Chickpea. CABI, UK, pp 233-270
- Or E, Hovav R, Abbo S (1999). A major gene for flowering time in chickpea. Crop Sci 39:315-322
- Pande S, Siddique KHM, Kishore GK, Bayaa B, Gaur PM, Gowda CLL, Bretag T, Crouch JH (2005). Ascochyta blight of chickpea biology, pathogenicity and disease management. Aust J Agric Res 56:317-332.
- Patil JA (1959). Inheritance study in gram. Curr. Sci. 28:508.
- Pham HN, Kang MS (1988). Interrelationships among and repeatability of several stability statistics estimated from international maize trials. Crop Sci. 28:925-928.
- Piepho HP (1994). Empirical best linear unbiased prediction in cultivar trials using factor-analytic variance-covariance structures. Theor. Appl. Genet. 97:195-201.
- Popalghat GR, Patil JV, Deshmukh RB, Mhase LB (1999). Stability for yield and yield components in chickpea (*Cicer arietinum* L.). Legume Research 22:254-258.
- Pundir RPS, Rao KN, van der Maesen LJG (1985). Distribution of qualitative traits with world germplasm of chickpea (*Cicer arietinum* L). Euphytica 34:697-703.
- Pundir RPS, Mengesha MH, Reddy KN (1990). Leaf types and their genetics in chickpea (*Cicer arietinum* L.). Euphytica 45:197-200.
- Pushpamma P, Geervani P (1987). Utilization of chickpea. En: MC Saxena y. KB Singh (eds) The chickpea CABI, UK, pp 357-369.
- Ramanujan S, Gupta VP (1974). Stability of yield and its components in Bengal gram and its bearing on plant type. Indian Journal of Genetics 34:757-763.
- Reddy AA, Mathur VC, Yadav M, Yadav SS (2007). Commercial Cultivation and Profitability. En: SS Yadav, R Redden, W Chen, B Sharma (eds) Chickpea Breeding and Management. CABI, UK, pp 291-320.
- Roberts EH, Hadley P, Summerfield RJ (1985). Effects of temperature and photoperiod on flowering in chickpeas (*Cicer arietinum* L.). Ann. Bot.55:881-892.

- Robertson LD, Ocampo B, Singh KB (1997). Morphological variation in wild annual *Cicer* species in comparison to the cultigen. *Euphytica* 95:309-319.
- Romagosa M, Fox PN (1993). Integration of statistical and physiological adaptation in barley cultivars. *Theor. Appl. Genet.* 86:822-826.
- Rubio J, Moreno MT, Cubero JI, Gil J (1998). Effect of the gene for double pod in chickpea on yield, yield components and stability of yield. *Plant Breeding* 117:585-587.
- Rubio J, Flores F, Moreno MT, Cubero JI, Gil J (2004). Effects of the erect/bushy, single/double pod and late/early flowering genes on yield and seed size and their stability in chickpea. *Field Crops Research* 90:255-262.
- Sabaghpour SH, Kumar J, Rao TN (2003). Inheritance of growth vigour and its association with other characters in chickpea. *Plant Breeding* 122:542-544.
- SAS Institute (1996). *SAS/STAT Software: Changes and Enhancements Through Release 6.11*. SAS Institute, Cary, NC.
- Saxena NP, Krishnamurthy L, Johansen C (1993). Registration of drought-resistant chickpea germplasm. *Crop Sci.* 33:1424.
- Segherloo A, Sabaghpour S, Dehghani H, Morteza K (2010). Screening of superior chickpea genotypes for various environments of Iran using genotype plus genotype x environment (GGE) biplot analysis. *Journal of Plant Breeding and Crop Science* 2(9):286-292.
- Sharma KD, Chen W, Muehlbauer FJ (2005). Genetics of chickpea resistance to five races of fusarium wilt and a concise set of race differentials for *Fusarium oxysporum* f. sp. *ciceris*. *Plant Dis.* 89:385-390.
- Siddique KHM, Loss SP, Thomson BD (2003). Cool season grain legumes in dryland Mediterranean environments of Western Australia: Significance of early flowering. En: NP Saxena (ed) *Management of Agricultural Drought*. Science Publishers, Enfield, NH, USA, pp 151-161.
- Singh A, Singh NP, Asthana AN (1999a). Genetic potential of wide crosses in chickpea. *Legume Res.* 22:19-25.
- Singh A, Singh N, Asthana AN (1999b). Studies on inter-specific crossability barriers in chickpea. *Indian J. Pulses Res.* 12:13-19.
- Singh G, Chen W, Rubiales D, Moore K, Sharma YR, Gan Y (2007). Diseases and Their Management. En: SS Yadav, R Redden, W Chen, B Sharma (eds) *Chickpea Breeding and Management*. CABI, UK, pp 497-519.
- Singh KB (1987). Chickpea breeding. En: MC Saxena, KB Singh (eds). *The Chickpea*. CABI, UK. pp. 127-162.
- Singh KB, Bejiga G (1990). Analysis of stability for some characters in Kabuli chickpea. *Euphytica* 49:223-227.

- Singh KB, Ocampo B, Robertson LD (1998). Diversity for abiotic and biotic stress resistance in the wild annual *Cicer* species. *Genetic Resources and Crop Evolution* 45:9-17.
- Singh KB, Bejiga G, Malhotra RS (1990). Associations of some characters with seed yield in chickpea collections. *Euphytica* 49:83-88.
- Singh KB, Reddy MV (1991). Advances in disease-resistance breeding in chickpea. *Advances in agronomy* 45:191-222.
- Singh KB, Reddy MV (1993). Resistance to six races of *Ascochyta rabiei* in the world germplasm collection of chickpea. *Crop Sci* 33:186-189.
- Singh KB, Reddy MV (1996). Improving chickpea yield by incorporating resistance to ascochyta blight. *Theor Appl Genet* 92:509-515.
- Singh L, Singh VP, Sareen PK (1995). Stability of yield and its components in chickpea (*Cicer arietinum* L.). *International Journal of Tropical Agriculture* 13:191-197.
- Singh O, Kumar S (1994). Phenotypic stability of yield and related characters in desi gram (*Cicer arietinum* L.). *Indian Journal of Agricultural Science* 64:815-820.
- Singh V, Singh F (1991). Stability of yield and yield component characters in chickpea. *Indian Journal of Genetics and Plant Breeding* 51:183-189.
- Sood BC, Bhambota SK, Gartan SL (2001). Studies on genotype x environment interaction and stability in chickpea. *Indian Journal of Pulses Research* 14:31-33.
- Srinivasan S, Gaur PM, Rao BV (2006). Relationships of pinnate (fern) and simple (unifoliate) leaf traits with seed yield and seed size in kabuli chickpea. *Journal of SAT Agricultural Research* 2:1-2.
- Strange RN, Gewis E, Gil J, Millán T, Rubio J, Daly K, Kharrat M, Cherrif M, Rhaïem A, Maden S, Dolar S, Dusunceli F (2004). Integrated control of blight of chickpea, *Cicer arietinum*, caused by the fungus *Ascochyta rabiei*: an overview. *Proceeding of 5th European Conference on Grain Legumes and 2nd International Conference on Legume Genomics and Genetics*. AEP (eds) Paris France, pp 71-76.
- Subbarao GV, Johansen C, Slinkard AE, Nageswara Rao RC, Saxena NP, Chauhan YS (1995). Strategies for improving drought resistance in grain legumes. *Critic Rev Plant Sci* 14:469-523.
- Summerfield RJ, Roberts EH (1988). Photo-thermal regulation of flowering in pea, lentil, faba bean and chickpea. En RJ Summerfield (ed) *World Crops: Cool Season Food Legumes*, The Netherlands: Kluwer Academic Publishers, Dordrecht. pp 911-922
- Tar'an B, Warkentin TD, Tullu A, Vandenberg A (2007). Genetic mapping of ascochyta blight resistance in chickpea (*Cicer arietinum* L.) using a simple sequence repeat linkage map. *Genome* 50:26-34.

- Tayyar R, Wainess JG (1996). Genetic relationships among annual species of *Cicer* (Fabaceae) using isozyme variation. *Theor Appl Genet* 92:245-254.
- Toker C, Canci H (2005). Selection for drought and heat resistance in chickpea under terminal drought conditions. En: MC Kharkwal (ed). *Food Legumes for Nutritional Security and Sustainable Agriculture*, Indian Society of Genetics and Plant Breeding, New Delhi.
- Toker C, Lluch C, Tejera NA, Serraj R, Siddique KHM (2007). Abiotic stresses. En: SS Yadav, R Redden, W Chen, B Sharma (eds) *Chickpea Breeding and Management*. CABI, Wallingford, pp 474-496.
- Truberg B, Huehn M (2000). Contribution to the analysis of genotype by environment interactions: Comparison of different parametric and nonparametric tests for interactions with emphasis on crossover interactions. *J. Agron. Crop Sci.* 185:267-274.
- Upadhyaya HD (2003). Geographical patterns of variation for morphological and agronomic characteristics in the chickpea germplasm collection. *Euphytica* 132:343-352.
- van der Maesen LJG (1972). *Cicer* L., a monograph of the genus, with special reference to the chickpea (*Cicer arietinum* L.) its ecology and distribution. Mendeligen Landbouwhoghe school Wageningen, pp 1-341.
- van der Maesen LJG (1987). Origin, History and Taxonomy of Chickpea. En: MC Saxena y KB. Singh (eds) *The chickpea*. CABI, UK, pp. 11-35.
- van der Maesen LJG, Maxted N, Javadi F, Coles S, Davies AMR (2007). Taxonomy of the Genus *Cicer* Revisited. En: SS Yadav, R Reeden, W Chen, B Sharma (eds) *Chickpea Breeding and Management*. CABI, UK, pp 14-46.
- Varshney RK, Song C, Saxena RK, Azam S y 43 autores (2013). Draft genome sequence of kabuli chickpea (*Cicer arietinum*) provides a resource for trait improvement. *Nature Biotechnology* 31:240-246.
- Vavilov NI (1926). Studies on the origin of cultivated plants. Leningrad . pp 129-238.
- Verma MM, Ravi, Sandhu JS (1995). Characterization of the interspecific cross *Cicer arietinum* L. x *Cicer judaicum* (Boiss). *Plant Breeding* 114:549-51.
- Verma MM, Sandhu JS, Rrar IIS, Brar JS (1990). Crossability studies in different species of *Cicer* (L). *Crop Improv* 17:179-181.
- Warkentin T, Vandenberg A, Banniza S, Tar'an A, Abebe T, Monica L, Anbessa Y, Slinkard A, Malhotra R, Kumar J (2003). Breeding chickpea for improved Ascochyta blight resistance and early maturity in western Canada. *Proceedings of International Chickpea Conference*, Indira Gandhi Agricultural University, 20-22 January, Raipur (India). pp 1-4.
- Winter P, Benko-Iseppon AM, Hüttel B, Ratnaparkhe M, Tullu A, Sonnante G, Pfaff T, Tekeoglu M, Santra D, Sant VJ, Rajesh PN, Kahl G, Muehlbauer FJ (2000). A linkage map of the chickpea (*Cicer arietinum* L.) genome

- based on recombinant inbred lines from a *C. arietinum* x *C. reticulatum* cross: localization of resistance gene for fusarium wilt races 4 and 5. *Theor Appl Genet* 101:1155-1163.
- Yadava HS, Prasad KVV, Agrawal SC (2000). Stability in resistance against wilt in chickpea (*Cicer arietinum* L.). *Indian Journal of Agricultural Sciences* 70 (5):345-348.
- Yan W, Kang MS (2002). GGE biplot analysis. A graphical tool for breeders, geneticists and agronomists. CRC Press. pp 271
- Yan W, Kang MS (2003). GGE biplot analysis: A graphical tool for breeders, geneticists, and agronomists. CRC Press.
- Zobel RW, Wright MJ, Gauch HG (1988). Statistical analysis of a yield trial. *Agron. J.* 80:388-393.
- Zohary D (1999). Monophyletic vs. Polyphyletic origin of the crops on which agriculture was founded in the Near East. *Genetic Resources and Crop Evolution* 46:133-142.

ANEXO I
TABLAS

Tabla 1. Comparación de medias para altura de planta (cm) mediante mínimas diferencias significativas (MSD) ($P < 0.01$) entre diferentes genotipos de garbanzo procedentes del cruzamiento JG62xILC72 ensayados en diferentes localidades y años. 'Norteño' es el testigo incluido en los ensayos.

SA05		SA06		SA07		SA08	
Genotipo	Media	Genotipo	Media	Genotipo	Media	Genotipo	Media
J95	51.90 a	J90	91.67 a	J95	61.20 a	J95	112.00 a
J4	49.20 ab	J77	86.67 ab	J90	59.93 ab	J90	94.33 b
J98	44.00 bc	J95	82.67 abc	J77	55.33 bc	J22	93.07 bc
J32	42.10 bc	J22	77.00 bcd	J4	54.27 bcd	J98	88.47 bcd
J75	41.50 c	J98	75.00 bcde	J22	53.20 cde	J77	87.00 bcde
J61	40.80 cd	J4	72.33 cdef	J98	52.47 cde	J32	86.93 bcde
J60	40.30 cd	'Norteño'	72.33 cdef	J56	50.47 cdef	J4	84.96 bcdef
J71	39.80 cd	J75	69.67 defg	J32	49.93 cdef	J75	79.73 cdefg
'Norteño'	37.30 cde	J56	68.67 defgh	J71	49.73 cdef	J56	79.40 defg
J96	36.50 cde	J32	68.33 defgh	'Norteño'	48.80 defg	J96	78.87 defg
J19	36.50 cde	J86	64.33 efghi	J75	48.27 efg	J12	78.40 defg
J55	33.60 de	J71	64.33 efghi	J96	45.40 fg	J86	78.40 defg
J84	30.60 e	J60	64.00 efghi	J60	45.20 fg	'Norteño'	78.00 defg
J64	30.00 e	J61	62.67 fghi	J19	44.80 fg	J60	77.00 efgh
J12	-	J19	62.00 fghi	J12	43.67 g	J61	73.53 fgh
J22	-	J96	59.00 ghi	J86	43.40 gh	J19	73.20 fgh
J56	-	J64	58.00 ghi	J61	43.00 gh	J71	73.13 ghi
J77	-	J55	57.67 hi	J55	37.47 hi	J55	67.53 hi
J86	-	J12	56.00 i	J84	36.13 i	J99	62.20 hi
J90	-	J99	53.33 i	J64	35.40 i	J84	57.93 i
J99	-	J84	53.33 i	J99	35.07 i	J64	57.20 i
Media General	39.58		67.57		47.29		79.11
CV (%)	15.80		10.6		7.7		9.9

Tabla 1. Continuación.

CO05		CO06		CO08		SL06	
Genotipo	Media	Genotipo	Media	Genotipo	Media	Genotipo	Media
J95	64.00 a	J95	51.67 a	J90	59.47 a	J77	46.12 a
J99	56.00 ab	J98	50.53 a	J77	54.13 b	J86	45.30 ab
J98	54.90 bc	J90	49.67 a	J95	51.67 bc	J90	42.07 abc
J4	54.50 bcd	J75	43.07 b	J56	50.40 bcd	J22	41.00 abcd
J32	47.50 bcde	J71	42.73 bc	J22	49.00 cde	J95	40.97 abcd
J75	46.30 cdef	J4	42.07 bc	J71	47.60 def	J75	39.67 abcde
J71	45.90 def	'Norteño'	41.93 bc	J75	46.87 defg	'Norteño'	39.47 abcde
J61	44.00 efg	J86	41.73 bc	J4	46.53 defg	J61	37.07 bcdef
'Norteño'	43.00 efgh	J77	40.73 bcd	J61	45.27 efg	J84	37.00 bcdef
J96	42.90 efgh	J32	40.07 bcde	'Norteño'	45.07 efg	J32	35.93 cdef
J90	40.60 efgh	J99	38.83 cde	J32	44.47 fgh	J71	35.27 cdef
J84	39.00 efghi	J12	37.47 cdef	J19	44.13 fghi	J64	35.02 cdef
J64	38.20 fgghi	J60	37.47 cdef	J12	43.80 fgghi	J55	34.53 def
J19	37.90 fgghi	J96	35.73 defg	J86	43.47 ghi	J96	33.62 defg
J12	37.60 fgghi	J84	35.40 defgh	J60	43.00 ghi	J60	33.38 defg
J56	35.80 ghi	J61	34.80 efg	J98	42.93 ghi	J19	33.02 defg
J77	35.80 ghi	J64	34.20 hi	J55	42.88 ghi	J56	32.47 efg
J22	35.30 hi	J19	32.80 hi	J96	40.67 hi	J12	32.27 efg
J55	35.00 hi	J56	31.80 hi	J64	40.13 i	J4	32.20 efg
J60	34.70 i	J22	30.86 hi	J84	35.40 j	J99	29.67 fg
J86	31.30 i	J55	29.20 i	J99	30.83 k	J98	25.27 g
Media General	42.87		39.18		45.13		36.40
CV (%)	10.0		8.7		5.4		12.8

SA05, SA06, SA07 y SA08 corresponden a Salta años 2005, 2006, 2007 y 2008 respectivamente; CO05, CO06 y CO08 a Córdoba años 2005, 2006 y 2008 respectivamente; SL06 es San Luis en 2006.

Tabla 2. Comparación de medias para altura de planta (cm) mediante mínimas diferencias significativas (MSD) ($P < 0.01$) entre diferentes genotipos de garbanzo procedentes del cruzamiento CA2990xWR315 ensayados en diferentes localidades y años. ‘Chañaritos’ es el testigo incluido en los ensayos.

SA05		SA06		SA07		SA08	
Genotipo	Media	Genotipo	Media	Genotipo	Media	Genotipo	Media
‘Chañaritos’	47.0 a	‘Chañaritos’	72.3 a	‘Chañaritos’	-	M4	72.7 a
M1	42.8 ab	M4	68.0 ab	M30	47.3 ab	‘Chañaritos’	71.5 ab
M18	41.5 bc	M18	66.7 ab	M11	46.3 ab	M27	67.7 bc
M4	39.8 bcd	M60	65.3 abc	M1	46.0 ab	M64	67.0 c
M60	39.4 bcd	M1	60.7 bcd	M60	44.0 abc	M25	64.3 cd
M63	37.0 cde	M19	60.7 bcd	M63	41.7 bcd	M1	63.7 cd
M51	36.9 cde	M63	57.3 cde	M14	41.3 bcde	M63	62.0 de
M75	36.6 def	M64	56.7 de	M51	40.3 bcdef	M59	62.0 de
M11	36.0 defg	M25	56.3 de	M19	38.7 cdefg	M19	61.3 de
M46	35.8 defg	M30	56.0 de	M64	38.3 cdefg	M11	58.7 ef
M2	35.7 defg	M51	55.7 de	M46	37.7 cdefgh	M60	58.3 ef
M25	34.4 efgh	M75	55.7 de	M18	36.7 defgh	M2	56.0 f
M19	34.2 efgh	M46	55.3 de	M27	36.7 defgh	M46	55.3 f
M66	33.5 efghi	M14	53.7 def	M59	36.0 defgh	M85	51.0 g
M14	32.9 efghi	M11	53.0 def	M2	34.3 efghi	M79	50.7 g
M59	31.9 fgghi	M66	53.0 def	M66	34.0 fgghi	M51	49.7 gh
M30	31.7 ghi	M2	51.7 efg	M75	33.3 fgghi	M14	48.7 ghi
M79	31.7 ghi	M79	51.7 efg	M25	32.0 ghi	M18	46.3 hij
M64	30.5 hi	M59	49.3 efg	M79	32.0 ghi	M30	44.7 ij
M85	29.3 i	M27	46.7 fg	M85	30.7 hi	M66	44.7 ij
M27	28.8 i	M85	44.3 g	M4	28.3 i	M75	44.3 ij
Media General	35.59		56.67		38.40		57.17
CV (%)	5.6		9.1		11.7		3.4

Tabla 2. Continuación.

CO05		CO06		CO08		SL06	
Genotipo	Media	Genotipo	Media	Genotipo	Media	Genotipo	Media
‘Chañaritos’	48.10 a	M18	48.13 a	M18	53.87 a	‘Chañaritos’	46.33 a
M60	46.40 ab	M19	39.60 ab	‘Chañaritos’	46.33 b	M66	41.53 ab
M4	45.60 abc	M60	39.07 abc	M4	42.93 bc	M19	41.33 ab
M18	43.80 abcd	M1	38.80 abc	M25	42.13 bc	M18	39.67 bc
M2	43.70 abcd	‘Chañaritos’	38.80 abc	M63	41.93 bc	M60	36.53 bcd
M51	41.80 abcde	M51	38.23 abcd	M60	40.40 bcd	M4	36.47 bcd
M85	41.40 abcde	M46	36.60 bcd	M64	40.13 bcde	M1	36.40 cde
M1	41.30 abcde	M2	36.40 bcd	M19	39.35 bcdef	M51	33.93 cde
M25	39.20 bcdef	M63	34.65 bcde	M51	38.27 cdefg	M64	33.60 cdef
M11	39.12 cdef	M4	33.13 bcde	M30	38.13 cdefg	M63	32.80 defg
M66	38.90 cdef	M66	33.00 bcde	M85	37.67 cdefg	M30	30.53 defgh
M63	38.00 def	M30	31.20 cdef	M1	37.53 cdefg	M59	29.17 efgh
M19	37.40 defg	M75	30.88 cdef	M75	37.47 cdefg	M14	29.00 efgh
M79	36.20 efgh	M85	30.60 def	M27	36.77 cdefg	M25	27.47 fghi
M59	36.10 efgh	M25	30.20 def	M59	36.00 cdefgh	M46	27.47 fghi
M75	35.20 efgh	M11	30.15 def	M79	35.67 cdefgh	M75	26.73 ghi
M64	32.70 fgh	M59	28.47 ef	M11	33.67 defgh	M85	26.67 ghi
M27	32.50 fgh	M64	28.27 ef	M2	33.07 efgh	M2	26.60 hi
M30	32.20 fgh	M27	28.07 ef	M66	32.73 fgh	M27	25.60 hi
M46	30.30 gh	M79	27.33 ef	M14	31.40 gh	M11	22.40 i
M14	29.80 h	M14	25.50 f	M46	29.27 h	M79	22.40 i
Media General	38.56		33.67		38.32		32.03
CV (%)	9.0		13.5		11.8		12.1

SA05, SA06, SA07 y SA08 corresponden a Salta años 2005, 2006, 2007 y 2008 respectivamente; CO05, CO06 y CO08 a Córdoba años 2005, 2006 y 2008 respectivamente; SL06 es San Luis en 2006.

Tabla 3. Comparación de medias para altura de inserción 1ª vaina (cm) mediante mínimas diferencias significativas (MSD) ($P < 0.01$) entre diferentes genotipos de garbanzo procedentes del cruzamiento JG62xILC72 ensayados en diferentes localidades y años. ‘Norteño’ es el testigo incluido en los ensayos.

SA05		SA06		SA07		SA08	
Genotipo	Media	Genotipo	Media	Genotipo	Media	Genotipo	Media
J95	25.40 a	J90	57.67 a	J95	33.53 a	J95	56.93 a
J98	23.80 ab	J95	53.00 ab	J77	32.53 ab	J90	51.20 ab
J60	21.50 abc	J4	48.00 bc	J90	31.87 ab	J98	45.87 bc
J4	21.00 abc	J77	45.67 bcd	J4	29.13 abc	J22	42.93 cd
J75	20.50 abcd	J75	45.33 bcd	J22	28.73 abcd	J77	42.67 cd
J61	19.30 bcde	J98	44.67 bcd	J32	27.73 abcde	J75	41.20 cde
J71	18.50 cdef	J22	40.33 cde	J86	27.13 abcde	‘Norteño’	41.20 cde
J96	18.40 cdef	‘Norteño’	37.33 def	J96	26.53 abcde	J71	39.13 def
J19	16.60 cdefg	J86	36.33 def	J98	26.33 abcde	J96	37.93 def
J32	16.50 cdefg	J32	34.67 efg	‘Norteño’	25.93 bcdef	J4	36.86 defg
J55	15.40 defg	J60	34.33 efg	J75	25.53 bcdefg	J32	35.80 efg
‘Norteño’	15.20 efg	J12	32.00 efgh	J12	24.20 cdefg	J12	35.20 efgh
J64	14.00 fg	J61	31.67 efgh	J56	22.93 cdefgh	J61	34.87 fgh
J84	13.20 g	J19	29.00 fgh	J71	22.73 cdefgh	J86	34.35 fgh
J12	-	J71	28.00 fgh	J19	21.40 defgh	J56	31.47 ghi
J22	-	J96	28.00 fgh	J55	21.20 efgh	J60	31.07 ghi
J56	-	J64	26.67 gh	J84	20.87 efgh	J19	29.13 hij
J77	-	J55	26.33 gh	J61	20.33 efgh	J55	25.93 ij
J86	-	J56	25.33 h	J99	18.80 fgh	J64	25.20 ij
J90	-	J99	24.67 h	J60	18.33 gh	J99	24.47 j
J99	-	J84	23.67 h	J64	15.87 h	J84	23.00 j
Media General	18.52		35.84		24.84		36.50
CV (%)	19.64		16.3		18.7		10.5

Tabla 3. Continuación.

CO05		CO06		CO08		SL06	
Genotipo	Media	Genotipo	Media	Genotipo	Media	Genotipo	Media
J95	36.50 a	J95	31.67 a	J90	35.87 a	J86	23.33 a
J98	27.80 b	J90	27.87 ab	J71	28.80 b	J90	23.07 a
J4	27.10 bc	J98	26.07 bc	J75	27.67 bc	J95	21.20 ab
J99	26.50 bcd	J4	25.20 bcd	J95	27.27 bc	J75	20.67 ab
J90	25.80 bcde	'Norteño'	24.17 bcd	J77	25.40 bcd	'Norteño'	20.40 abc
J61	23.00 bcdef	J75	23.67 cd	J22	24.47 cde	J77	20.00 abcd
J75	21.30 cdefg	J77	22.73 cde	J4	24.27 cde	J22	19.93 abcd
'Norteño'	20.20 defgh	J32	22.20 cde	J98	23.20 def	J84	19.67 abcd
J77	19.50 efghi	J86	21.47 def	J60	21.60 efg	J61	18.79 abcde
J22	19.30 fghi	J60	19.23 efg	J86	21.53 efg	J32	18.07 bcdef
J96	19.20 fghi	J71	18.93 efg	'Norteño'	21.13 efg	J60	17.87 bcdef
J56	18.90 fghi	J12	18.20 fgh	J56	20.20 fgh	J71	17.00 bcdef
J32	17.90 fghi	J96	17.53 ghi	J32	20.00 fgh	J55	16.80 bcdef
J71	17.20 fghij	J84	17.07 ghi	J64	19.60 ghi	J19	16.79 bcdef
J55	16.30 ghij	J61	16.87 ghi	J19	19.00 ghi	J12	16.07 cdef
J12	15.90 ghij	J22	14.90 ghi	J96	18.80 ghi	J4	15.93 def
J60	15.20 ghij	J99	14.60 hi	J12	18.67 ghi	J99	15.67 def
J19	14.50 hij	J55	14.13 i	J61	18.13 ghi	J96	15.00 ef
J86	14.20 hij	J19	14.07 i	J84	17.07 hij	J56	14.40 ef
J64	13.30 ij	J56	13.80 i	J55	16.40 hij	J64	14.20 f
J84	11.00 j	J64	13.80 i	J99	14.60 j	J98	13.73 f
Media General	20.03		19.91		22.08		18.06
CV (%)	15.4		12.2		9.7		15.4

SA05, SA06, SA07 y SA08 corresponden a Salta años 2005, 2006, 2007 y 2008 respectivamente; CO05, CO06 y CO08 a Córdoba años 2005, 2006 y 2008 respectivamente; SL06 es San Luis en 2006

Tabla 4. Comparación de medias para altura de inserción de la 1ª vaina (cm) mediante mínimas diferencias significativas (MSD) ($P < 0.01$) entre diferentes genotipos de garbanzo procedentes del cruzamiento CA2990xWR315 ensayados en diferentes localidades y años. ‘Chañaritos’ es el testigo incluido en los ensayos.

SA05		SA06		SA07		SA08	
Genotipo	Media	Genotipo	Media	Genotipo	Media	Genotipo	Media
M1	22.00 a	‘Chañaritos’	37.33 a	M30	27.67 a	M1	40.00 a
‘Chañaritos’	20.80 ab	M18	37.00 a	M1	24.67 ab	M4	31.33 b
M4	18.10 bc	M1	33.00 ab	M60	23.33 b	‘Chañaritos’	30.73 bc
M18	17.20 cd	M4	32.67 ab	‘Chañaritos’	22.67 bc	M60	28.33 cd
M51	15.80 cde	M19	31.67 ab	M14	21.67 bcd	M51	28.00 cd
M46	13.70 def	M51	27.33 bc	M18	21.33 bcde	M18	27.33 de
M79	13.60 ef	M60	23.83 cd	M11	21.33 bcde	M30	26.67 def
M60	13.30 efg	M59	22.67 cde	M63	21.33 bcde	M19	24.67 efg
M19	13.20 efg	M14	22.33 cde	M75	21.33 bcde	M64	24.00 fgh
M25	13.00 efgh	M75	21.67 cde	M27	20.67 bcdef	M59	23.33 gh
M64	12.80 efgh	M79	21.67 cde	M51	19.00 cdefg	M63	23.00 gh
M30	12.80 efgh	M46	21.67 cde	M66	18.33 defgh	M11	22.33 ghi
M66	12.30 efg	M30	21.33 cde	M46	17.33 efghi	M46	22.00 ghij
M59	12.30 efg	M25	21.33 cde	M64	16.67 fghi	M25	21.33 hij
M2	12.20 fgh	M63	21.00 de	M19	16.33 ghij	M27	19.67 ijk
M75	12.20 fgh	M64	20.33 de	M85	15.33 ghij	M79	19.33 jk
M11	11.70 fgh	M66	20.06 de	M79	14.67 hij	M75	18.33 kl
M14	11.30 fgh	M2	18.00 de	M25	14.33 hij	M14	18.33 kl
M63	11.10 fgh	M27	17.67 de	M59	14.00 ij	M2	17.00 klm
M85	9.90 gh	M11	17.33 de	M4	12.33 j	M66	15.67 lm
M27	9.60 h	M85	16.67 e	M2	12.33 j	M85	15.33 m
Media General	13.76		23.57		18.89		23,65
CV (%)	12.2		14.4		18.5		7.0

Tabla 4. Continuación.

CO05		CO06		CO08		SL06	
Genotipo	Media	Genotipo	Media	Genotipo	Media	Genotipo	Media
M1	24.80 a	M18	23.27 a	‘Chañaritos’	22.60 a	‘Chañaritos’	22.60 a
‘Chañaritos’	20.50 ab	‘Chañaritos’	23.00 ab	M11	21.10 ab	M66	20.67 ab
M4	20.43 ab	M1	23.00 ab	M1	18.07 bc	M1	20.07 abc
M18	19.40 bc	M46	20.13 abc	M27	18.07 bc	M4	18.07 bcd
M60	17.80 bcd	M19	19.47 abcd	M30	17.93 bc	M60	17.73 bcde
M51	17.30 bcd	M2	19.37 bcd	M60	17.00 cd	M18	17.73 bcde
M85	17.20 bcd	M51	18.87 cde	M51	16.87 cd	M19	17.60 cde
M75	15.70 bcde	M60	18.87 cde	M14	16.73 cde	M51	16.67 def
M59	15.50 cde	M4	18.60 cde	M63	16.40 cdef	M63	15.00 efg
M25	15.30 cde	M25	17.60 cde	M75	14.33 defg	M59	14.07 fgh
M63	15.10 cde	M66	16.93 cdef	M25	14.33 defg	M46	13.93 fghi
M19	14.90 cdef	M30	16.80 cdef	M85	13.87 efgh	M64	12.93 ghij
M66	14.70 cdef	M63	16.07 defg	M64	13.73 fghi	M25	12.40 ghijk
M79	14.70 cdef	M85	15.33 efgh	M79	13.00 ghij	M75	12.13 ghijk
M2	14.70 cdef	M11	15.25 efgh	M4	12.67 ghij	M30	12.07 ghijk
M30	14.60 def	M75	15.00 efgh	M59	12.47 ghij	M2	12.00 hijk
M64	13.80 def	M59	13.20 fgh	M18	12.00 ghij	M85	11.63 hijk
M11	13.49 def	M14	13.13 fgh	M19	11.20 hij	M79	11.07 ijkl
M46	13.10 def	M27	12.93 gh	M46	11.00 hij	M14	10.87 jkl
M14	11.00 ef	M79	12.20 h	M66	10.87 ij	M11	9.67 jkl
M27	10.10 f	M64	12.13 h	M2	10.80 j	M27	8.47 kl
Media General	15.91		17.20		15.00		14.64
CV (%)	14.8		13.7		12.2		12.9

SA05, SA06, SA07 y SA08 corresponden a Salta años 2005, 2006, 2007 y 2008 respectivamente; CO05, CO06 y CO08 a Córdoba años 2005, 2006 y 2008 respectivamente; SL06 es San Luis en 2006.

Tabla 5. Comparación de medias para número de vainas por planta mediante mínimas diferencias significativas (MSD) ($P<0.01$) entre diferentes genotipos de garbanzo procedentes del cruzamiento JG62xILC72 ensayados en diferentes localidades y años. ‘Norteño’ es el testigo incluido en los ensayos.

SA05		SA06		SA07		SA08	
Genotipo	Media	Genotipo	Media	Genotipo	Media	Genotipo	Media
J19	97.10 a	J56	170.43 a	J56	185.84 a	J99	187.67 a
J96	84.50 ab	J99	130.00 b	J86	167.93 ab	J86	169.33 a
J32	77.80 abc	J84	129.00 b	J96	154.47 abc	J84	138.33 b
J71	73.00 abc	J86	123.00 bc	J12	138.80 abcd	J90	138.00 b
J75	71.20 abc	J71	119.00 bc	J71	131.27 abcd	J22	133.67 bc
J4	67.40 abc	J64	92.93 cd	J19	126.80 bcde	J19	127.67 bcd
J95	65.70 bc	J77	83.23 de	J77	111.60 cdef	J55	125.00 bcd
J55	58.80 bc	J61	83.00 de	J99	110.07 cdef	J56	122.33 bcd
J98	57.00 bc	J90	81.00 de	J61	104.00 def	J4	119.33 bcd
J64	51.70 c	J22	80.00 de	J55	98.80 def	J96	114.67 bcde
‘Norteño’	51.00 c	J96	79.34 de	J22	99.67 def	J64	112.00 bcde
J84	47.19 c	J55	79.33 de	J64	98.07 def	J95	109.33 cdef
J61	46.99 c	J75	76.67 de	J60	93.81 def	J98	109.33 cdef
J60	46.10 c	J60	74.67 de	J98	92.93 def	J12	107.00 cdef
J12	-	J19	70.67 def	J84	89.60 def	J32	105.67 cdef
J22	-	J98	65.67 def	J95	79.27 ef	J60	100.67 def
J56	-	J12	4.33 ef	J4	77.27 ef	J61	89.67 efg
J77	-	‘Norteño’	51.93 ef	‘Norteño’	75.80 f	J75	86.67 efg
J86	-	J4	51.67 ef	J75	70.07 f	J77	82.33 fgh
J90	-	J95	44.00 f	J90	68.47 f	‘Norteño’	64.33 gh
J99	-	J32	42.00 f	J32	65.40 f	J71	58.33 h
Media General	64.96		84.85		106.66		114.35
CV (%)	24.31		21.2		30.1		14.9

Tabla 5. Continuación.

CO05		CO06		CO08		SL06	
Genotipo	Media	Genotipo	Media	Genotipo	Media	Genotipo	Media
J99	107.50 a	J86	80.27 a	J99	139.13 a	J95	80.12 a
J96	94.50 ab	J84	77.00 a	J55	105.27 b	J56	76.51 ab
J84	94.32 abc	J99	67.07 ab	J61	95.93 bc	J61	70.33 abc
J98	77.88 abcd	J12	62.80 abc	J56	90.47 bcd	J4	66.82 abcd
J4	72.40 bcd	J96	62.58 abcd	J96	86.67 bcde	J84	56.73 bcde
J64	67.90 cde	J98	59.40 bcde	J12	81.93 cde	J19	54.47 cdef
J75	67.00 cde	J61	50.13 bcdef	J19	81.87 cde	J64	53.53 cdef
J71	59.20 def	J71	49.52 bcdefg	J84	77.00 def	J77	53.07 cdef
J95	54.40 defg	J64	46.53 cdefg	J86	74.87 defg	J71	52.13 def
J86	53.10 defg	J60	44.98 cdefg	J64	71.67 defgh	J12	50.27 defg
J12	53.00 defg	J55	42.20 defgh	J60	67.80 efgh	J22	49.73 defg
J32	51.50 defg	J90	41.33 efgh	J77	61.07 fghi	J96	47.71 defgh
J55	50.60 defg	J75	41.30 efgh	‘Norteño’	56.87 fghij	‘Norteño’	47.13 defgh
J61	43.40 efgh	J4	41.13 fgh	J95	54.67 hij	J86	44.13 efgh
J56	39.10 efghi	J95	37.60 fgh	J22	54.27 hij	J75	43.87 efgh
J60	36.20 fghi	J56	36.28 fgh	J4	47.80 ijk	J32	43.53 efgh
J19	35.70 ghi	J22	35.92 fgh	J98	47.47 ijk	J55	37.07 efghi
J22	30.70 ghi	J32	35.53 fgh	J32	46.40 ijk	J90	36.73 ghi
‘Norteño’	30.60 ghi	J77	34.53 fgh	J75	41.87 jk	J99	33.60 ghi
J77	25.20 hi	J19	30.60 fgh	J90	38.93 jk	J60	29.67 hi
J90	14.60 i	‘Norteño’	25.53 h	J71	34.07 k	J98	20.73 i
Media General	54.32		48.06		70.41		49.90
CV (%)	21.4		21.6		15.8		21.6

SA05, SA06, SA07 y SA08 corresponden a Salta años 2005, 2006, 2007 y 2008 respectivamente; CO05, CO06 y CO08 a Córdoba años 2005, 2006 y 2008 respectivamente; SL06 es San Luis en 2006.

Tabla 6. Comparación de medias para número de vainas por planta mediante mínimas diferencias significativas (MSD) ($P<0.01$) entre diferentes genotipos de garbanzo procedentes del cruzamiento CA2990xWR315 ensayados en diferentes localidades y años. ‘Chañaritos’ es el testigo incluido en los ensayos.

SA05		SA06		SA07		SA08	
Genotipo	Media	Genotipo	Media	Genotipo	Media	Genotipo	Media
M63	141.30 a	M30	101.67 a	M63	149.67 a	M19	143.67 a
M30	91.07 b	M14	88.76 ab	M64	92.67 b	M63	118.00 b
M18	79.10 bc	M60	84.26 abc	M79	89.33 b	M4	113.33 bc
M14	77.90 bc	M79	80.33 abc	M30	83.67 bc	M75	100.33 cd
M79	75.13 bcd	M59	75.00 bcd	M27	75.33 bcd	‘Chañaritos’	97.20 cd
‘Chañaritos’	72.30 bcd	M63	71.00 bcde	M46	73.33 bcd	M60	97.00 cd
M4	72.20 bcd	M46	68.67 bcde	M4	71.33 bcd	M59	95.33 d
M75	68.60 bcd	M4	64.67 bcdef	‘Chañaritos’	66.00 cdef	M46	77.33 e
M46	66.40 bcd	M25	64.00 cdef	M59	64.00 cdef	M51	76.67 e
M25	64.40 bcde	‘Chañaritos’	57.33 cdefg	M14	59.67 defg	M79	76.00 e
M60	63.50 bcde	M1	56.67 defgh	M19	59.67 defg	M18	72.67 ef
M85	59.20 bcdef	M75	55.33 defgh	M75	58.67 defg	M30	68.00 efg
M27	55.10 cdefg	M66	50.00 efgh	M11	56.67 defgh	M14	66.07 efg
M59	49.80 defgh	M18	49.67 efgh	M25	54.67 defgh	M85	62.67 efg
M51	45.30 defghi	M27	44.67 fgh	M51	48.00 efgh	M11	58.67 fg
M1	37.20 efghi	M51	41.00 fgh	M1	45.67 efgh	M27	58.67 fg
M11	35.40 fghi	M64	40.53 fgh	M85	44.67 efgh	M1	54.33 gh
M2	33.20 fghi	M85	37.33 gh	M60	43.33 fgh	M64	52.33 gh
M66	31.00 ghi	M2	35.00 h	M66	39.67 gh	M25	41.33 hi
M19	24.20 hi	M11	34.67 h	M18	38.33 gh	M2	33.33 ij
M64	22.20 i	M19	32.71 h	M2	36.67 h	M66	19.33 j
Media General	60.21		58.73		64.33		75.35
CV (%)	22.6		22.3		28.8		5.4

Tabla 6. Continuación.

CO05		CO06		CO08		SL06	
Genotipo	Media	Genotipo	Media	Genotipo	Media	Genotipo	Media
M60	49.15 a	M19	52.56 a	M59	94.01 a	M64	66.67 a
'Chañaritos'	47.30 a	M18	51.93 a	M79	86.20 a	M63	63.93 a
M79	40.50 ab	M46	47.36 ab	M14	85.53 a	M14	63.21 ab
M59	39.80 abc	M64	46.08 ab	M75	84.54 a	M4	59.06 abc
M75	36.60 abcd	M14	45.53 ab	M19	83.98 a	'Chañaritos'	58.80 abc
M63	32.15 abcde	M75	45.20 ab	M4	83.20 a	M19	57.80 abc
M14	31.50 abcde	M51	42.60 abc	M64	82.67 a	M85	54.73 abcd
M85	29.40 abcde	M63	41.62 abc	M63	79.27 ab	M59	53.97 abcd
M19	28.90 bcde	M60	37.13 abc	M60	73.95 abc	M1	48.13 bcde
M4	28.68 bcde	M79	32.07 bcd	M51	69.73 abcd	M18	46.47 bcdef
M27	26.50 bcdef	M59	27.16 cde	'Chañaritos'	58.80 bcde	M75	46.20 bcdef
M51	26.00 bcdefg	M27	21.85 def	M46	57.53 bcde	M60	45.27 cdef
M18	25.70 bcdefg	M4	21.13 def	M18	53.60 cde	M46	43.33 cdef
M30	25.30 cdefg	M85	19.93 def	M30	51.47 cdef	M51	40.07 def
M46	24.40 defg	M30	18.40 def	M85	48.40 defg	M66	38.20 def
M1	22.20 defg	M66	13.40 ef	M27	44.75 efg	M79	35.27 efg
M25	19.70 efg	M11	13.36 ef	M1	39.93 efg	M27	34.36 efg
M66	14.20 efg	M1	12.30 ef	M25	38.47 efg	M30	31.80 fg
M11	13.94 efg	'Chañaritos'	12.60 ef	M2	37.33 efg	M2	22.73 g
M64	12.40 fg	M2	12.00 ef	M11	29.80 fg	M25	22.47 g
M2	11.30 g	M25	11.13 f	M66	27.20 g	M11	20.00 g
Media General	27.88		29.78		62.40		45.36
CV (%)	23.8		28.7		21.8		20.4

SA05, SA06, SA07 y SA08 corresponden a Salta años 2005, 2006, 2007 y 2008 respectivamente; CO05, CO06 y CO08 a Córdoba años 2005, 2006 y 2008 respectivamente; SL06 es San Luis en 2006

Tabla 7. Comparación de medias para número de semillas por planta mediante mínimas diferencias significativas (MSD) ($P < 0.01$) entre diferentes genotipos de garbanzo procedentes del cruzamiento JG62xILC72 ensayados en diferentes localidades y años. 'Norteño' es el testigo incluido en los ensayos.

SA05		SA06		SA07		SA08	
Genotipo	Media	Genotipo	Media	Genotipo	Media	Genotipo	Media
J4	89.60 a	J56	274.00 a	J56	210.29 a	J99	174.00 a
J19	87.45 ab	J86	185.00 b	J12	179.87 ab	J12	146.67 b
J71	80.50 ab	J99	166.67 bc	J86	174.60 abc	J56	144.67 b
J75	80.00 ab	J84	161.00 bc	J96	147.07 abcd	J86	138.33 bc
J96	80.00 ab	J71	157.00 bc	J71	143.80 abcd	J19	137.33 bc
J32	79.58 ab	J96	126.57 cd	J19	131.73 bcde	J84	126.33 bcd
J95	69.90 ab	J55	103.00 de	J77	113.60 cdef	J90	122.33 bcde
J61	67.90 ab	J64	95.33 de	J99	112.40 cdef	J4	116.33 cde
J55	65.20 ab	J61	94.00 def	J61	110.40 def	J22	112.67 def
J98	64.40 ab	J19	89.00 defg	J55	106.80 def	J55	112.00 defg
J84	59.25 ab	J60	88.67 defg	J64	104.47 def	J64	101.33 efgh
J64	54.80 ab	J77	88.29 defg	J84	96.93 def	J98	101.00 efgh
'Norteño'	54.10 ab	J22	85.33 defg	J60	92.08 def	J96	99.67 efghi
J60	43.60 b	J90	85.00 defg	J98	91.47 def	J32	91.00 fghij
J12	-	J75	80.33 defg	J4	88.87 def	J60	88.00 ghij
J22	-	J98	67.00 efg	J22	80.53 ef	J95	84.33 hij
J56	-	J4	66.00 efg	J75	67.27 f	J77	77.67 hij
J77	-	J12	64.33 efg	J95	64.93 f	J61	76.33 ij
J86	-	J32	52.67 fg	J32	64.53 f	J75	72.33 jk
J90	-	'Norteño'	49.67 g	J90	63.80 f	'Norteño'	51.00 kl
J99	-	J95	47.00 g	'Norteño'	55.53 f	J71	43.33 l
Media General	69.73		105.99		109.57		105.55
CV (%)	19.67		24.1		34.5		13.8

Tabla 7. Continuación.

CO05		CO06		CO08		SL06	
Genotipo	Media	Genotipo	Media	Genotipo	Media	Genotipo	Media
J99	141.00 a	J12	83.53 a	J99	181.80 a	J95	101.40 a
J84	104.44 b	J84	83.07 a	J96	92.80 b	J56	76.14 ab
J96	83.90 bc	J86	75.53 ab	J12	91.07 b	J61	70.53 bc
J75	79.04 bcd	J99	64.27 abc	J61	88.47 b	J4	62.60 bcd
J12	78.40 bcd	J96	59.43 bcd	J19	85.60 b	J19	56.80 bcde
J64	76.00 bcd	J98	52.20 cde	J84	84.68 b	J84	56.67 bcde
J98	74.16 bcde	J75	50.40 cdef	J56	82.99 b	J22	56.27 bcde
J4	70.91 cde	J71	49.16 cdefg	J55	81.60 b	J12	52.27 bcdef
J86	52.70 def	J60	46.63 cdefg	J86	80.39 bc	J64	52.13 bcdef
J71	52.30 def	J64	44.27 cdefg	J64	77.80 bc	J71	51.53 cdef
J95	47.70 defg	J4	43.07 cdefgh	J77	61.27 cd	J96	48.74 cdefg
J56	47.60 defg	J55	42.61 cdefgh	J60	58.27 de	J77	47.73 defg
J32	45.40 efg	J61	42.53 defgh	'Norteño'	50.87 def	'Norteño'	45.73 defg
J55	45.20 efg	J95	40.00 defgh	J4	48.33 defg	J55	45.33 defg
J60	37.20 fgh	J32	35.07 efg	J95	47.53 defg	J75	43.53 defgh
J61	35.50 fgh	J19	32.07 efg	J98	44.73 defg	J32	43.47 defgh
'Norteño'	29.40 fgh	J56	31.33 efg	J22	42.20 efg	J86	38.13 efg
J19	25.80 gh	J77	31.07 fgh	J32	41.20 efg	J99	34.73 fgh
J22	25.10 gh	J22	25.36 gh	J90	35.80 fg	J90	34.33 fgh
J77	24.40 gh	J90	24.13 h	J75	35.07 fg	J60	25.66 gh
J90	12.50 h	'Norteño'	23.67 h	J71	32.53 g	J98	22.20 h
Media General	57.05		46.64		70.01		50.76
CV (%)	21.5		26.1		15.9		25.8

SA05, SA06, SA07 y SA08 corresponden a Salta años 2005, 2006, 2007 y 2008 respectivamente; CO05, CO06 y CO08 a Córdoba años 2005, 2006 y 2008 respectivamente; SL06 es San Luis en 2006.

Tabla 8. Comparación de medias para número de semillas por planta mediante mínimas diferencias significativas (MSD) ($P < 0.01$) entre diferentes genotipos de garbanzo procedentes del cruzamiento CA2990xWR315 ensayados en diferentes localidades y años. ‘Chañaritos’ es el testigo incluido en los ensayos.

SA05		SA06		SA07		SA08	
Genotipo	Media	Genotipo	Media	Genotipo	Media	Genotipo	Media
M63	173.40 a	M14	124.33 a	M63	176.67 a	M63	151.67 a
M30	101.83 b	M30	116.67 ab	M79	117.33 b	M19	143.00 ab
M14	99.90 b	M79	110.33 abc	M46	114.00 b	M75	134.00 b
M79	99.37 b	M46	102.00 abcd	M64	93.67 bc	M59	121.00 c
M18	98.50 b	M59	93.67 bcd	M4	92.67 bc	M4	112.00 cd
M75	92.40 b	M60	92.40 bcde	M27	91.33 bcd	M60	104.00 d
M46	88.60 bc	M63	87.67 cde	M75	83.33 cde	M46	89.00 e
M4	83.40 bcd	M75	78.67 def	M59	78.33 cde	M14	88.67 e
M60	75.70 bcde	M4	65.33 efg	‘Chañaritos’	72.00 cdef	M51	86.00 ef
‘Chañaritos’	75.40 bcde	M25	64.33 efg	M11	70.00 cdefg	M79	85.33 ef
M25	74.20 bcde	M18	61.67 fg	M25	68.67 cdefg	‘Chañaritos’	78.27 efg
M85	72.00 bcde	M66	59.00 fgh	M19	67.33 cdefg	M18	77.00 fg
M27	60.50 cdef	M1	55.67 fghi	M30	67.33 cdefg	M30	73.67 fg
M51	56.40 defg	M51	49.67 ghi	M14	63.67 defgh	M11	73.33 fg
M59	54.20 defgh	M11	48.33 ghi	M85	60.00 efgh	M27	66.00 g
M1	46.10 efgh	M27	47.67 ghi	M51	59.00 efgh	M1	51.00 h
M11	44.50 efgh	M85	46.00 ghi	M2	55.00 efgh	M64	46.67 h
M66	35.80 fgh	‘Chañaritos’	44.33 ghi	M66	48.00 fgh	M85	43.67 hi
M2	27.30 gh	M64	43.74 ghi	M60	47.00 fgh	M25	41.00 hi
M19	25.20 gh	M19	32.86 hi	M1	42.33 gh	M2	34.00 hi
M64	23.70 h	M2	32.00 i	M18	38.00 h	M66	19.00 i
Media General	71.83		71.22		76.46		81.88
CV (%)	21.6		23.0		29.9		7.6

Tabla 8. Continuación.

CO05		CO06		CO08		SL06	
Genotipo	Media	Genotipo	Media	Genotipo	Media	Genotipo	Media
M60	53.68 a	M18	71.40 a	M59	115.25 a	M14	70.08 a
'Chañaritos'	44.40 ab	M19	61.93 ab	M75	109.89 ab	M63	68.80 a
M75	42.30 abc	M46	59.76 abc	M14	108.80 ab	M64	67.53 a
M79	40.60 abcd	M75	58.33 abc	M79	96.93 abc	M85	62.39 ab
M59	37.20 abcde	M14	55.27 abc	M63	85.47 bcd	M59	60.40 ab
M14	36.90 abcde	M63	50.38 bc	M19	83.03 bcd	M75	60.20 ab
M63	33.68 abcdef	M51	49.00 bc	M4	81.33 cde	M19	60.13 abc
M85	31.20 bcdef	M64	48.11 bcd	M64	78.40 cdef	M46	59.67 abcd
M19	28.30 cdef	M60	42.00 cde	M60	76.56 cdef	'Chañaritos'	54.67 abcde
M30	27.60 cdefg	M79	31.87 def	M18	71.73 defg	M18	52.23 abcde
M4	27.05 defgh	M59	26.83 efg	M46	68.20 defg	M60	49.00 bcdef
M18	26.00 defgh	M27	22.32 fg	M51	62.25 defgh	M1	43.60 bcdef
M51	26.00 defgh	M30	21.13 fg	M30	57.87 efghi	M79	42.53 cdefg
M27	22.50 efghi	M11	19.66 fg	'Chañaritos'	54.67 fghij	M51	42.13 defg
M46	21.30 fghi	M4	18.73 fg	M27	48.22 ghijk	M66	32.67 efgh
M1	20.00 fghi	M85	16.53 fg	M85	47.87 ghijk	M27	35.33 efgh
M11	17.72 fghi	M66	12.53 g	M2	36.13 hijk	M30	33.87 fgh
M25	17.20 fghi	M1	11.73 g	M1	34.60 ijk	M4	31.78 fgh
M66	13.20 ghi	'Chañaritos'	11.73 g	M11	33.27 jk	M11	54.60 gh
M64	12.40 hi	M25	9.73 g	M25	29.67 k	M25	22.53 h
M2	9.90 i	M2	9.27 g	M66	28.20 k	M2	22.40 h
Media General	28.05		33.77		67.06		48.88
CV (%)	23.4		30.3		22.2		22.4

SA05, SA06, SA07 y SA08 corresponden a Salta años 2005, 2006, 2007 y 2008 respectivamente; CO05, CO06 y CO08 a Córdoba años 2005, 2006 y 2008 respectivamente; SL06 es San Luis en 2006.

Tabla 9. Comparación de medias para producción por planta (g) mediante mínimas diferencias significativas (MSD) ($P < 0.01$) entre diferentes genotipos de garbanzo procedentes del cruzamiento JG62xILC72 ensayados en diferentes localidades y años. ‘Norteño’ es el testigo incluido en los ensayos.

SA05		SA06		SA07		SA08	
Genotipo	Media	Genotipo	Media	Genotipo	Media	Genotipo	Media
J32	30.90 a	J56	47.00 a	J71	34.64 a	J22	22.33 a
‘Norteño’	27.54 ab	J71	40.33 a	J56	33.43 ab	J32	22.00 a
J75	25.29 abc	J86	29.67 b	J12	28.74 abc	‘Norteño’	21.33 ab
J71	23.14 abcd	J22	26.00 bc	J19	26.95 abc	J56	20.33 abc
J4	22.26 abcd	J99	25.33 bcd	J77	25.65 abcd	J90	20.33 abc
J19	20.25 abcde	‘Norteño’	25.00 bcde	‘Norteño’	23.82 bcde	J99	19.67 abcd
J95	19.14 bcde	J84	24.33 bcde	J86	23.46 bcde	J19	19.33 abcde
J96	18.43 bcde	J77	22.48 bcdef	J96	22.08 cde	J84	19.00 abcdef
J84	16.44 cde	J75	21.33 bcdef	J22	21.42 cde	J86	18.33 bcdefg
J61	14.47 de	J60	21.00 bcdef	J64	20.18 cde	J12	17.00 cdefgh
J55	14.24 de	J55	20.67 cdef	J55	18.70 cde	J75	16.67 defghi
J98	13.44 de	J90	20.67 cdef	J61	18.57 cde	J4	16.00 efghi
J64	13.29 de	J64	18.67 cdefg	J99	18.44 cde	J95	15.67 fghi
J60	11.54 e	J61	18.00 cdefg	J32	18.30 cde	J98	15.33 ghi
J12	-	J96	17.00 defg	J4	18.24 cde	J77	14.33 hi
J22	-	J32	16.67 defg	J60	18.03 cde	J60	14.00 hi
J56	-	J19	16.33 efg	J75	16.71 de	J96	13.67 hij
J77	-	J4	14.67 fg	J98	16.44 de	J55	13.67 hij
J86	-	J98	11.33 g	J90	15.43 de	J64	13.33 ij
J90	-	J95	11.00 g	J84	14.75 e	J61	13.33 ij
J99	-	J12	10.67 g	J95	13.98 e	J71	10.33 j
Media General	19.31		22.17		21.33		16.95
CV (%)	30.51		25.16		31.72		9.6

Tabla 9. Continuación.

CO05		CO06		CO08		SL06	
Genotipo	Media	Genotipo	Media	Genotipo	Media	Genotipo	Media
J99	23.22 a	J84	14.64 a	J99	29.95 a	'Norteño'	18.73 a
J75	20.45 ab	J71	12.45 ab	'Norteño'	22.64 b	J19	15.31 ab
J84	18.34 abc	J75	12.42 ab	J19	17.25 c	J22	11.96 bc
J4	15.32 bcd	J12	11.74 ab	J84	16.72 cd	J95	10.82 cd
J64	14.44 bcd	J32	11.46 abc	J56	16.64 cd	J4	10.34 cde
'Norteño'	13.00 cde	J95	11.30 abc	J55	15.85 cde	J84	9.90 cde
J32	12.91 cde	J86	10.94 abc	J61	15.56 cde	J61	9.27 cde
J96	12.83 cdef	'Norteño'	10.78 abc	J64	15.33 cdef	J77	8.53 cdef
J71	12.65 cdefg	J99	10.50 abc	J96	15.01 cdef	J71	8.16 cdef
J12	11.59 defgh	J60	10.00 abc	J77	14.24 cdefg	J12	8.16 cdef
J95	11.33 defgh	J98	9.21 abc	J12	13.93 cdefg	J75	7.40 defg
J98	10.03 defghi	J96	8.85 abc	J86	13.22 cdefgh	J99	7.17 defg
J56	8.51 efghij	J61	8.05 bc	J32	12.68 defgh	J64	7.13 defg
J86	7.76 efghij	J64	7.83 bc	J22	12.64 defgh	J55	7.07 defg
J22	7.40 fghij	J77	7.59 bc	J60	12.42 efghi	J86	6.86 defg
J60	7.19 ghij	J4	7.24 bc	J95	11.69 fghi	J96	6.47 efg
J55	6.44 hij	J55	6.61 bc	J4	10.75 ghi	J32	6.38 efg
J61	5.70 ij	J22	6.48 bc	J75	10.03 hi	J90	5.99 efg
J77	5.70 ij	J19	6.33 c	J90	9.17 hi	J56	5.94 fg
J19	4.59 ij	J90	5.87 c	J98	8.25 i	J60	4.34 fg
J90	3.34 j	J56	5.74 c	J71	8.02 i	J98	3.66 g
Media General	11.08		9.33		14.38		8.55
CV (%)	24.1		32.5		15.9		30.6

SA05, SA06, SA07 y SA08 corresponden a Salta años 2005, 2006, 2007 y 2008 respectivamente; CO05, CO06 y CO08 a Córdoba años 2005, 2006 y 2008 respectivamente; SL06 es San Luis en 2006.

Tabla 10. Comparación de medias para producción por planta (g) mediante mínimas diferencias significativas (MSD) ($P < 0.01$) entre diferentes genotipos de garbanzo procedentes del cruzamiento CA2990xWR315 ensayados en diferentes localidades y años. ‘Chañaritos’ es el testigo incluido en los ensayos.

SA05		SA06		SA07		SA08	
Genotipo	Media	Genotipo	Media	Genotipo	Media	Genotipo	Media
M30	37.33 a	M30	39.00 a	M79	23.67 a	M60	24.00 a
‘Chañaritos’	37.84 ab	M60	31.93 a	M27	21.62 ab	‘Chañaritos’	23.81 a
M63	29.46 abc	M79	23.67 b	M19	21.00 ab	M4	21.67 ab
M4	29.32 abc	M14	23.00 b	M63	21.00 ab	M30	21.33 ab
M18	28.40 abc	M4	22.67 bc	‘Chañaritos’	20.67 ab	M19	20.33 bc
M79	25.80 abcd	‘Chañaritos’	22.00 bcd	M85	19.00 abc	M75	20.00 bc
M25	25.19 bcd	M25	21.67 bcde	M11	18.00 abcd	M18	19.67 bc
M85	24.63 bcd	M1	21.33 bcdef	M46	17.67 abcd	M79	18.33 bcd
M60	23.23 cd	M46	18.33 bcdefgh	M64	17.33 abcde	M51	18.33 bcd
M46	21.28 cd	M59	17.33 bcdefgh	M25	16.00 bcde	M63	18.33 bcd
M27	19.88 d	M18	17.33 bcdefgh	M51	15.00 bcde	M11	17.33 cde
M75	19.59 de	M66	15.67 cdefgh	M30	15.00 bcde	M59	15.67 def
M51	19.24 de	M75	15.33 defgh	M2	13.00 cde	M27	15.67 def
M14	18.91 def	M51	15.00 defgh	M60	13.00 cde	M46	14.00 efg
M1	17.40 defg	M27	15.00 defgh	M14	13.00 cde	M1	13.33 fg
M11	16.20 defgh	M85	14.67 fgh	M75	13.00 cde	M25	13.33 fg
M59	11.42 efghi	M11	14.33 fgh	M18	12.67 cde	M85	12.00 g
M2	10.80 fghi	M64	13.60 fgh	M1	12.67 cde	M14	12.00 g
M66	9.78 ghi	M63	13.00 gh	M59	11.67 de	M2	11.33 g
M64	8.05 hi	M2	12.33 gh	M4	11.00 e	M64	7.55 h
M19	6.40 i	M19	9.47 h	M66	11.00 e	M66	4.33 h
Media General	20.96		18.89		16.05		16.30
CV (%)	20.1		23.0		29.9		10.5

Tabla 10. Continuación.

CO05		CO06		CO08		SL06	
Genotipo	Media	Genotipo	Media	Genotipo	Media	Genotipo	Media
M60	15.16 a	M18	19.54 a	M4	25.96 a	'Chañaritos'	19.51 a
'Chañaritos'	14.05 a	M60	11.32 b	M75	23.92 ab	M64	14.53 b
M30	11.96 ab	M19	11.10 bc	M60	21.39 abc	M85	14.40 bc
M85	9.67 bc	M46	11.03 bc	M79	20.37 abc	M19	13.38 bcd
M79	9.53 bc	M51	9.82 bcd	M18	20.16 abc	M60	12.24 bcde
M75	7.61 bcd	M75	9.57 bcd	M59	20.13 abcd	M18	10.74 bcdef
M4	7.26 bcde	M64	9.31 bcde	M64	20.10 abcd	M14	10.31 cdefg
M27	7.15 bcdef	M63	8.05 bcde	'Chañaritos'	19.51 bcd	M51	10.16 cdefg
M51	6.94 bcdef	M14	7.91 bcdef	M30	18.31 bcde	M66	10.06 cdefg
M18	6.83 cdef	M79	7.11 cdefg	M85	17.90 bcdef	M1	9.66 cdefgh
M1	5.81 cdef	M27	5.94 defgh	M14	17.65 bcdefg	M4	9.43 defgh
M59	5.79 cdef	M4	5.88 defgh	M51	17.22 bcdefg	M79	9.06 efgh
M25	5.46 cdef	M59	5.27 efgh	M19	16.06 cdefg	M46	8.21 efgh
M19	5.17 cdef	M11	4.50 efgh	M46	15.52 cdefg	M27	8.04 efgh
M63	5.10 cdef	M85	3.93 fgh	M27	14.09 defgh	M75	7.83 fgh
M14	5.05 def	M1	3.90 gh	M63	13.58 defgh	M63	7.71 fgh
M11	4.25 def	'Chañaritos'	3.90 gh	M2	13.26 efghi	M30	7.67 fgh
M46	3.98 def	M25	3.48 gh	M1	12.23 fghi	M59	7.06 fgh
M64	3.36 ef	M30	3.23 gh	M25	10.78 ghi	M25	6.58 gh
M2	3.10 ef	M66	2.46 h	M11	8.65 hi	M2	6.23 gh
M66	3.07 f	M2	2.27 h	M66	7.56 i	M11	5.35 h
Media General	6.99		7.12		16.87		9.91
CV (%)	22.6		33.8		21.8		26.7

SA05, SA06, SA07 y SA08 corresponden a Salta años 2005, 2006, 2007 y 2008 respectivamente; CO05, CO06 y CO08 a Córdoba años 2005, 2006 y 2008 respectivamente; SL06 es San Luis en 2006.

Tabla 11. Comparación de medias para peso de 100 semillas (g) mediante mínimas diferencias significativas (MSD) ($P < 0.01$) entre diferentes genotipos de garbanzo procedentes del cruzamiento JG62xILC72 ensayados en diferentes localidades y años. 'Norteño' es el testigo incluido en los ensayos.

SA05		SA06		SA07		SA08	
Genotipo	Media	Genotipo	Media	Genotipo	Media	Genotipo	Media
'Norteño'	51.79 a	'Norteño'	50.00 a	'Norteño'	44.00 a	'Norteño'	41.33 a
J32	36.99 b	J22	32.33 b	J32	28.33 b	J71	25.00 b
J75	31.30 c	J32	32.00 b	J22	27.00 bc	J32	24.00 bc
J71	29.05 cd	J95	30.40 bc	J75	25.00 cd	J75	23.67 bc
J95	27.74 cde	J75	26.67 cd	J71	24.33 cde	J22	19.67 bcd
J60	26.57 cdef	J90	26.00 cd	J90	24.00 cde	J95	19.00 cde
J96	25.71 defg	J71	25.67 d	J77	22.67 def	J77	18.67 cdef
J4	25.12 defgh	J60	24.33 de	J95	21.67 efg	J61	17.33 defg
J64	24.83 defgh	J77	24.00 def	J4	20.33 fgh	J90	16.33 defgh
J19	22.78 efgh	J4	22.67 defg	J19	20.33 fgh	J60	16.00 defgh
J55	21.86 fgh	J55	20.33 efgh	J64	19.33 ghi	J84	15.33 defgh
J61	21.34 fgh	J64	20.00 fgh	J60	18.99 ghij	J98	15.33 defgh
J98	20.81 gh	J61	19.33 ghi	J98	18.00 hijk	J86	14.67 defgh
J84	20.00 h	J12	18.91 ghij	J55	17.00 ijk	J19	14.67 defgh
J12	-	J19	18.33 hij	J61	16.67 ijk	J56	14.00 efgh
J22	-	J98	17.67 hij	J99	16.33 ijk	J96	14.00 efgh
J56	-	J96	17.00 hij	J12	16.00 ijkl	J4	13.67 efgh
J77	-	J56	15.67 hij	J56	16.00 jkl	J64	13.33 fgh
J86	-	J86	15.00 ij	J96	15.00 kl	J55	12.33 gh
J90	-	J99	15.00 j	J84	15.00 kl	J12	11.67 h
J99	-	J84	15.00 j	J86	13.33 l	J99	11.33 h
Media	27.56		23.16		20.92		17.68
General							
CV (%)	30.30		10.9		12.3		13.1

Tabla 11. Continuación.

CO05		CO06		CO08		SL06	
Genotipo	Media	Genotipo	Media	Genotipo	Media	Genotipo	Media
‘Norteño’	42.22 a	‘Norteño’	43.42 a	‘Norteño’	45.05 a	‘Norteño’	40.79 a
J22	30.04 b	J32	31.19 b	J32	30.74 b	J19	24.51 b
J32	28.79 bc	J95	27.66 bc	J22	29.81 b	J98	23.72 bc
J90	26.80 cd	J22	26.15 cd	J75	28.80 bc	J912	21.64 bcd
J75	26.24 cde	J71	24.73 cde	J90	25.72 cd	J99	20.22 bcd
J71	24.37 de	J90	24.52 cde	J71	24.65 de	J84	19.50 bcd
J95	23.75 ef	J75	24.46 cde	J95	24.36 de	J77	18.68 bcd
J77	23.62 ef	J77	23.04 de	J77	23.03 def	J86	18.15 bcd
J4	21.17 fg	J60	21.41 ef	J4	22.80 defg	J75	17.74 bcd
J60	19.22 gh	J61	18.71 fg	J60	21.30 efgh	J22	17.40 bcd
J64	18.63 ghi	J19	18.57 fg	J19	20.44 fghi	J90	17.25 bcd
J56	17.90 hij	J98	17.93 fgh	J56	19.86 fghij	J96	17.14 bcd
J19	17.81 hij	J4	16.95 gh	J64	19.35 ghijk	J4	16.79 bcd
J84	17.22 hijk	J56	16.87 gh	J98	18.31 hijk	J55	16.39 bcd
J99	16.54 hijkl	J99	16.82 gh	J84	18.01 hijkl	J60	15.85 bcd
J98	16.35 ijkl	J96	16.49 gh	J61	17.93 hijkl	J71	15.55 cd
J61	15.60 jkl	J64	16.27 gh	J55	17.24 ijkl	J32	15.47 cd
J96	15.31 jkl	J55	15.38 gh	J86	16.91 jkl	J95	14.40 d
J12	14.86 kl	J84	15.03 gh	J99	16.48 jkl	J64	14.14 d
J86	14.39 l	J86	14.55 h	J96	16.08 kl	J61	13.68 d
J55	14.25 l	J12	14.21 h	J12	14.73 l	J56	13.04 d
Media General	21.19		21.16		22.46		18.67
CV (%)	6.8		10.4		9.9		19.4

SA05, SA06, SA07 y SA08 corresponden a Salta años 2005, 2006, 2007 y 2008 respectivamente; CO05, CO06 y CO08 a Córdoba años 2005, 2006 y 2008 respectivamente; SL06 es San Luis en 2006.

Tabla 12. Comparación de medias para peso de 100 semillas (g) mediante mínimas diferencias significativas (MSD) ($P < 0.01$) entre diferentes genotipos de garbanzo procedentes del cruzamiento CA2990xWR315 ensayados en diferentes localidades y años. ‘‘Chañaritos’’ es el testigo incluido en los ensayos.

SA05		SA06		SA07		SA08	
Genotipo	Media	Genotipo	Media	Genotipo	Media	Genotipo	Media
‘Chañaritos’	43.39 a	‘Chañaritos’	48.67 a	M18	33.67 a	M2	33.35 a
M2	38.54 b	M2	37.67 b	M85	32.00 ab	M25	32.66 ab
M1	37.60 bc	M1	36.67 bc	M19	31.33 ab	‘Chañaritos’	30.45 abc
M85	36.00 bcd	M25	34.33 bcd	M1	29.33 bc	M30	28.98 bcd
M30	35.98 bcd	M4	33.67 bcd	‘Chañaritos’	29.33 bc	M85	27.45 cde
M51	35.37 bcd	M30	33.00 bcd	M60	29.00 bc	M18	25.64 def
M11	34.28 bcd	M27	33.00 bcd	M27	28.67 bcd	M27	23.61 defg
M25	33.86 cd	M64	32.33 cd	M51	26.67 cde	M11	23.57 defg
M4	33.59 cd	M18	32.33 cd	M11	26.33 cde	M1	23.27 fgh
M64	33.58 cd	M60	31.33 de	M25	24.67 def	M60	23.05 fgh
M27	33.19 cd	M85	31.33 de	M66	24.67 def	M66	22.85 gh
M60	32.69 de	M51	30.67 de	M2	24.33 ef	M79	21.51 gh
M18	28.64 ef	M11	29.67 def	M14	22.67 ef	M51	21.31 hi
M66	26.80 f	M66	27.00 ef	M30	22.00 fg	M4	19.36 hi
M19	26.38 f	M19	25.67 fg	M79	21.00 fg	M46	15.75 ij
M79	26.10 f	M79	21.33 gh	M64	18.33 gh	M64	15.34 ij
M46	24.25 fg	M75	19.00 hi	M75	16.00 hi	M75	14.93 j
M59	21.37 gh	M14	18.67 hi	M46	15.67 hi	M19	14.21 j
M75	21.20 gh	M59	18.33 hi	M59	15.67 hi	M14	13.49 j
M14	18.80 h	M46	17.67 hi	M4	12.67 ij	M59	12.96 j
M63	17.03 h	M63	16.33 i	M63	11.33 j	M63	12.11 j
Media General	30.41		28.98		23.59		21.71
CV (%)	7.29		9.3		10.5		6.4

Tabla 12. Continuación.

CO05		CO06		CO08		SL06	
Genotipo	Media	Genotipo	Media	Genotipo	Media	Genotipo	Media
‘Chañaritos’	32.51 a	M25	35.86 a	M85	39.19 a	‘Chañaritos’	37.00 a
M30	32.20 ab	‘Chañaritos’	33.15 ab	‘Chañaritos’	37.00 ab	M60	35.24 a
M27	31.58 ab	M1	33.15 ab	M11	36.20 ab	M25	29.49 b
M25	31.15 ab	M4	31.64 abc	M25	35.97 ab	M66	27.92 bc
M2	30.86 abc	M30	31.47 abc	M2	35.59 ab	M2	27.54 bcd
M85	30.11 abc	M18	29.84 bcd	M1	35.32 ab	M85	24.92 bcdef
M60	29.21 abcd	M2	27.27 cde	M30	33.92 bc	M51	24.09 cdef
M1	28.98 abcd	M85	26.75 cde	M4	32.63 bc	M1	24.09 cdefg
M4	28.24 abcd	M27	26.22 de	M18	29.90 cd	M19	23.75 cdefg
M64	26.61 bcde	M60	25.79 def	M51	29.83 cd	M27	23.75 defg
M18	26.50 cde	M51	23.87 efg	M27	29.53 cd	M4	23.62 defg
M51	25.04 de	M11	23.53 efg	M60	27.51 d	M64	23.37 efg
M66	23.43 ef	M79	22.05 efg	M66	27.12 de	M79	21.78 efg
M79	23.04 efg	M64	20.49 fghi	M64	25.80 def	M30	21.50 fg
M11	20.17 fg	M66	20.29 ghi	M46	22.74 efg	M11	20.63 g
M19	18.88 fghi	M19	18.67 ghij	M75	22.56 efg	M18	18.97 h
M46	18.80 ghi	M46	18.18 hij	M19	21.26 fgh	M46	13.64 h
M75	17.66 hij	M75	16.22 ij	M79	21.12 gh	M75	13.24 h
M59	15.65 hij	M63	15.22 ij	M59	17.93 hi	M14	12.22 h
M63	14.37 ij	M14	14.56 j	M14	16.28 i	M59	11.58 h
M14	13.59 j	M59	14.39 j	M63	15.94 i	M63	11.53 h
Media General	24.09		24.22		28.25		22.37
CV (%)	9.1		12.6		9.9		11.9

SA05, SA06, SA07 y SA08 corresponden a Salta años 2005, 2006, 2007 y 2008 respectivamente; CO05, CO06 y CO08 a Córdoba años 2005, 2006 y 2008 respectivamente; SL06 es San Luis en 2006.

ANEXO II
ARTICULO PUBLICADO

Short communication. Genotype × environment interaction analysis in two chickpea RIL populations

J. Carreras¹, J. Rubio², F. Flores³, T. Millan⁴ and J. Gil^{4*}

¹ Departamento de Producción Vegetal. FCA-UNC. 50-5000 Córdoba, Argentina

² Área de Mejora y Biotecnología. IFAPA. Centro "Alameda del Obispo". Apdo. 3092. 14080 Córdoba, Spain

³ Departamento de Ciencias Agroforestales. EPS La Rábida. Universidad de Huelva. 21819 Palos de la Frontera (Huelva), Spain

⁴ Departamento de Genética. Universidad de Córdoba. Campus de Rabanales. Edificio C5. 14071 Córdoba, Spain

Abstract

In order to introduce new chickpea germplasm in Argentina, two recombinant inbred line (RIL) populations $F_{4,7}$ of twenty lines, each one derived from crosses between kabuli and desi types, were evaluated for yield components in different sites and years. Additive main effects and multiplicative interaction (AMMI) analysis was applied to study the performance of different genotypes in different environments. Genotype (G), environment (E) and GE interaction effects were highly significant in both populations for seeds/plant, yield/plant and seed size (100-seed weight). Large differences were observed between the two populations for seeds/plant and seed size. We recommend that some genotypes from these two populations with good performance in a range of environments could be used to introduce new germplasm to the Argentine chickpea breeding programme. The significant GE interactions seem to be related to differences between two geographical areas (Salta and Córdoba/San Luis), at different latitudes and altitudes. These results suggest that these regions should be considered as different macro-environments from the point of view of the chickpea breeding programme.

Additional key words: yield component; desi × kabuli cross; macro-environments.

Chickpea (*Cicer arietinum* L.) is a self-pollinating diploid annual grain legume. Together with cowpea (*Vigna unguiculata* L.), it is the second most cultivated grain legume in the world after common bean (*Phaseolus vulgaris* L.) (<http://faostat.fao.org>). The crop is widely grown in arid and semi-arid areas across the world though it is mostly cultivated in the Mediterranean basin, the Middle East, central and south Asia, east Africa, America and Australia. Breeders often divide chickpea into two types, desi and kabuli, based mainly on seed morphology and colour, desi having small pigmented seeds and kabuli larger white ones. These types are considered to have different genetic backgrounds (Maynez *et al.*, 1993; Gil *et al.*, 1996).

In Argentina, chickpea was introduced in the 17th century, during the Spanish colonial period in the province of Córdoba by Jesuits missionaries and from this area spread north to Salta province. Local cultivars were developed from Spanish landraces and these were the basis for the first cultivar released in Argentina, 'Chañaritos S-156' (PI636327) (Biderbost & Carreras, 2005). Later, using a Mexican accession in a crossing programme, another cultivar, 'Norteño', was released. The cultivated area is increasing, from 3,000 ha in 2000 year to about 40,000 ha in 2010 (Bolsa de Cereales de Córdoba, 2011). Currently chickpea is being grown at a wide range of sites from latitudes of 20° to 33° South. In order to develop new cultivars better adapted to these different environments it will be necessary to broad-

* Corresponding author: gelgilij@uco.es

Received: 15-11-12. Accepted: 25-06-13.

This work has four Supplementary Tables that do not appear in the printed article but that accompany the paper online.

Abbreviations used: AMMI (additive main effects and multiplicative interaction); GE (genotype-environment interaction); PCA (principal component analysis); RIL (recombinant inbred line).

den the genetic base of chickpea Argentine germplasm. The low temperature at the beginning of flowering may be an important limiting factor for yield in this country and, further, it is an autumn-winter crop and winter (21st June-21st September) is the dry season in the chickpea area.

The behaviour and adaptation ability of genotypes (G) to different environments (E) leads to sizeable GE interactions. The additive main effects and multiplicative interaction (AMMI) model is a powerful tool for analysing the performance of genotypes in multi-environment trials (Zobel *et al.*, 1988), and analysis of GE interactions is an important aspect of plant breeding programmes. In particular, may help us classify genotypes according to their stability, which can be defined from an agronomic point of view by the cultivar's capacity to perform according to the productive potential of each environment (Becker & Leon, 1988), *i.e.* without departing from the expected behaviour estimated from its average genotypic value. Given this, our aim was to study the performance of new chickpea germplasm across a range of environmental conditions corresponding to the chickpea-growing areas in Argentina.

Two recombinant inbred line (RIL) populations derived from the crosses CA2990 \times WR315 and JG62 \times ILC72, with twenty F_{6,7} randomly selected lines each, were employed in this study. The code used to identify the 40 selected lines was the letter M or J for the first or second population respectively followed by the RIL number. The parental line CA2990 is a kabuli type from Mexico with white flowers, unifoliolate leaves and large seeds, while WR315 is a desi landrace from Central India with pink flowers and resistance to all races of Fusarium. JG62, on the other hand, is a desi cultivar from India with pink flowers, double pods and resistance to race 0 of Fusarium. Finally, the parent ILC72 is a kabuli line from the former Soviet Union [maintained by the International Center for Agricultural Research in the Dry Areas (ICARDA), Aleppo, Syria], with white flowers, that is late flowering and resistant to Ascochyta blight. The populations were sown between 2005 and 2008 in four sites (three regions) in Northwest Argentina, which represents 80% of the growing area in the country [Suppl. Table 1 (pdf on line)]. The field trials at each site and year were performed following a randomized block design with three replications, except in 2005 in which we were only able to sow two replicates. Plot units were 3 rows 4 m long, 0.70 m apart and with 15 seeds m⁻². Seeds

were inoculated with *Rizhobium* sp. The characters evaluated were: 100-seed weight (g), seeds per plant (mean of 10 plants/plot) and yield per plant (mean of 10 plants/plot in g). All measures were taken from the central row in each plot unit. The Argentinean cultivar 'Chañaritos S-156' was included as control in the trials.

For statistical analysis we used an AMMI model (Zobel *et al.*, 1988). As sites and years were unbalanced, we considered each year-site combination as an environment. The AMMI analysis was split into two parts: (1) the additive part where the main effects of the model are analysed by analysis of variance; and (2) the interaction GE, or multiplicative part, which is analysed by principal component analysis (PCA), in order to capture most of the interaction in a few components. The stability of each line was assessed using its PC score expressed as unit vector times the square root of λ_k (genotype PCA score = $\lambda_k^{0.5} \gamma_{ik}$, where λ_k is the eigenvalue of the PCA for axis k, and γ_{ik} is the genotype eigenvector value for axis k). We selected the significant components explaining a high percentage of the GE interaction and a weighted score for each genotype was obtained as a measure of its stability in terms of these components: $\sum_{k=1}^n |(\lambda_k^{0.5} \gamma_{ik}) \lambda_{k/t}|$ where $t = \min(i-1; j-1)$ (Rubio *et al.*, 2004). A line or environment is expected to be more stable when its weighted score is closer to zero. All statistical analyses were performed using the SAS statistical software (SAS Ins, 1996). Phenotypic correlations were calculated for each assay.

The combined analysis of variance for the three traits studied showed that all main effects (genotypes, environments and GE interactions) were highly significant in both populations (Table 1). When PCA was applied to the interaction terms in all characters, the first three PCs were significant and explained a high percentage (>77%) of this interaction in both populations (Table 1). A high variability for all three characters was found in both populations across the different environments, the general mean of the JG62 \times ILC72 population being higher for seeds/plant and lower for 100-seed weight compared to the figures for CA2990 \times WR315 (Table 2). These results indicate that the JG62 \times ILC72 and CA2990 \times WR315 populations may carry genes for a higher number of seeds per plant and larger seeds respectively. Kabuli \times desi crosses have been previously reported to generate high variation showing transgressive segregation for agronomic characters (Hawting & Singh, 1980; Maynez *et al.*, 1993). Positive and moderate to strong correlation coefficients were found between seeds/plant and yield/plant in both

Table 1. AMMI analysis of variance for seeds/plant, yield/plant and 100-seed weight in two populations of chickpea (CA2990 × WR315 and JG62 × ILC72) growing under different conditions (sites and years) in Argentina. Values in parenthesis indicate percentage of variation against G × E sum of squares for principal components (PCs)

Variation sources	Populations F ₆₇			
	CA2990 × WR315		JG62 × ILC72	
	d.f.	Mean square ^a	d.f.	Mean square
<i>Seeds per plant</i>				
Environment (E)	7	20,400.39***	6	46,438.91***
Block (Env.)	14	568.60	13	936.36
Genotype (G)	19	7,300.75***	19	8,355.54***
GE	133	1,145.25***	114	2,261.12***
PC1	25	2,071.54***	24	5,047.96***
PC2	23	1,788.09***	22	2,226.18***
PC3	21	1,305.59***	20	1,804.37***
G × Macro-E ^b	19	1,793.01***	19	3,695.88***
Within Macro-E ^b	114	1,037.30***	95	1,974.17***
Error	246	207.76	228	474.42
<i>Yield per plant</i>				
Environment (E)	7	1,329.29***	6	1,700.62***
Block (Env.)	14	30.55	13	33.86
Genotype (G)	19	165.27***	19	101.48 ^{ns}
G × E	133	52.27***	114	69.33***
PC1	25	133.49***	24	174.54***
PC2	23	54.41***	22	68.26***
PC3	21	49.66***	20	47.42**
G × Macro-E	19	68.57***	19	119.89***
Within Macro-E	114	49.56***	95	59.23***
Error	246	16.35	229	16.35
<i>100-seed weight</i>				
Environment (E)	7	519.88***	6	250.89***
Block (Env.)	14	9.90	13	18.91
Genotype (G)	19	695.48***	19	270.70***
G × E	133	33.01***	114	23.24***
PC1	25	75.04***	24	80.59***
PC2	23	29.50***	22	14.45*
PC3	21	24.71***	20	9.27 ^{ns}
G × Macro-E	19	27.79***	19	14.13 ^{ns}
Within Macro-E	114	30.38***	95	25.06***
Error	254	6.05	242	9.61

^a G × Macro-E and Within Macro-E are the split of interaction G × E taken into account the division of environments in two regions or macro-environments. * Significant at $p < 0.05$. ** Significant at $p < 0.01$. *** Significant at $p < 0.001$. ^{ns} Non significant.

populations in all eight environments (0.53 to 0.89 in CA2990 × WR315 and 0.57 to 0.95 in JG62 × ILC72). Further, though 100-seed weight was not significantly correlated with yield/plant, it showed a moderately significant negative correlation with seeds/plant in both populations (-0.32 to -0.76 in CA2990 × WR315 and -0.43 to -0.76 in JG62 × ILC72).

With regard to seeds/plant GE interactions, the weighted PC score of the genotypes over the three components ranged from 0.46 to 3.95 in CA2990 × WR315 and from 0.30 to 4.98 in JG62 × ILC72 (Table 2). In both populations the genotype with the highest mean value (M63 and J56 respectively) also had the highest weighted score. This result indicates that these two genotypes

Table 2. Mean for seeds/plant, yield/plant and 100-seed weight of 40 chickpea lines selected from CA2990 \times WR315 and JG62 \times ILC72 across different environments and their weighted score values on the first three components axes (PC) from AMMI analysis

Genotype	Seeds per plant						Yield per plant (g)						100-seed weight (g)					
	CA2290 \times WR315			JG62 \times ILC72			CA2290 \times WR315			JG62 \times ILC72			CA2290 \times WR315			JG62 \times ILC72		
	Mean	Weighted score	Genotype	Mean	Weighted score	Genotype	Mean	Weighted score	Genotype	Mean	Weighted score	Genotype	Mean	Weighted score	Genotype	Mean	Weighted score	Genotype
M63	107	3.95	J56	135	4.98	M30	19	1.54	J56	22	2.13	M01	32	0.51	J32	27	1.08	
M14	83	1.57	J99	124	2.17	M60	19	0.89	J99	19	1.04	M25	32	0.95	J22	26	1.05	
M75	82	1.64	J86	110	2.63	M18	17	0.54	J71	19	1.86	M02	32	0.52	J75	25	0.68	
M46	78	0.86	J84	102	1.27	M79	17	0.38	J84	17	0.72	M85	31	0.36	J71	24	0.82	
M79	78	1.02	J12	101	2.35	M04	17	1.04	J22	17	0.59	M30	29	0.84	J90	23	0.69	
M59	76	1.69	J96	97	0.57	M63	15	0.98	J86	16	0.65	M18	29	1.05	J95	23	0.96	
M19	68	3.35	J19	82	0.90	M27	14	0.83	J19	16	0.78	M27	28	0.28	J77	22	0.13	
M60	67	1.63	J55	81	0.38	M85	14	0.36	J12	15	1.07	M60	28	0.37	J60	20	0.39	
M04	66	1.47	J64	79	0.86	M75	14	0.65	J60	15	0.59	M51	27	0.44	J19	19	0.85	
M18	62	1.18	J71	78	3.28	M46	14	0.24	J32	14	0.56	M04	27	1.17	J04	19	0.51	
M30	61	2.49	J61	76	0.59	M51	14	0.34	J75	14	0.77	M11	26	0.35	J98	18	0.87	
M64	56	1.91	J04	71	1.64	M19	14	1.01	J77	14	0.54	M66	26	0.62	J64	17	0.25	
M51	55	0.88	J60	70	0.30	M14	14	0.45	J96	14	0.36	M64	24	1.03	J61	17	0.38	
M27	51	1.06	J77	64	0.70	M25	13	0.82	J64	14	0.42	M19	22	1.21	J84	17	0.83	
M85	46	1.06	J98	64	1.48	M64	12	1.17	J55	14	0.10	M79	22	0.50	J56	16	0.27	
M11	44	0.46	J22	64	0.56	M01	12	0.44	J04	13	0.64	M46	18	0.24	J55	16	0.39	
M25	41	1.58	J95	60	3.08	M59	12	0.66	J61	13	0.32	M75	18	0.15	J99	16	0.71	
M01	39	0.85	J75	59	1.60	M11	12	0.49	J95	12	0.89	M14	16	0.73	J96	16	0.50	
M66	32	1.41	J90	56	0.44	M02	9	0.40	J90	12	0.33	M59	16	0.12	J12	16	0.98	
M02	30	0.87	J32	54	1.64	M66	8	0.67	J98	11	0.67	M63	14	0.31	J86	16	0.70	
Mean	61			81			14			15			25			20		
Control	53			46			18			17			34			38		

stand out with respect to the remaining genotypes in particular environments. On the other hand, genotypes such as M30 in CA2990 \times WR315 and J71 in JG62 \times ILC72 with mean values similar to the general mean and with high weighted scores indicate that they showed highest values for seeds/plant in some of the environments studied but the lowest values in others. The most stable genotypes in each of the populations (M11 and J60 respectively) showed mean values below the general mean. On the other hand, there was high variability in mean values of seeds/plant in the eight environments, Salta region environments (S1, S2, S3 and S4) having the highest values in both populations [Suppl. Table 2 (pdf on line)].

In the case of yield/plant, the weighted PC scores ranged from 0.24 to 1.54 in CA2990 \times WR315 and from 0.10 to 2.13 in JG62 \times ILC72 genotypes (Table 2). In the CA2990 \times WR315 population, the M30 genotype had the highest values for both yield/plant and inter-

action. In JG62 \times ILC72 the three most productive genotypes (J56, J99 and J71) also had high weighted scores. It is notable that genotypes with intermediate values for seeds/plant, such as M30 and J71, were found to have high yield/plant; this may be due to their relatively large seeds. In general, as occurred for seeds/plants, Salta region environments showed the highest yields/plant [Suppl. Table 2 (pdf on line)].

Weighted PC scores for 100-seed weight were lower than for both of the previously mentioned traits, seeds/plant and yield/plant (Table 2).

Due to the differences between regions observed for seeds/plant and yield/plant, we split the total GE interactions from ANOVA into genotype \times region and genotype \times (within region) considering two geographical areas: on the one hand, the Salta region and, on the other, Cordoba and San Luis. Both interactions were highly significant for yield/plant and seeds/plant in the

two populations (Table 1). Spearman rank correlation between the average genotypic performance in both regions showed a null correlation for yield ($r = -0.04$) in JG62 × ILC72 population and moderate ($r = 0.54$) in the other one. This result suggests a qualitative genotype-region interaction. For seeds/plant correlations were from moderate ($r = 0.54$; JG62 × ILC72) to high ($r = 0.73$; CA2009 × WR315). AMMI analyses for these traits considering separately the two geographical areas were applied. The results showed that PC1 and PC2 explained a high percentage (> 81%) of the interaction in both populations. We observed that the genotypes performed differently in these two geographical areas in both the populations [Suppl. Tables 3 and 4 (pdfs on line)]. For example, in the CA2990 × WR315 population, M63 stands out from the rest of the genotypes for a high number of seeds/plant in the Salta region, while in Cordoba/San Luis combined region it was ranked third for seeds/plant but showed more stability (weighted score = 0.56). For yield/plant, M30 was the most productive in Salta but only moderately so in Cordoba/San Luis. In the JG62 × ILC72 population, a high contrast was observed in the J56 genotype, with it giving the highest yield/plant in Salta, but the lowest value for this trait in Cordoba/San Luis. These results indicate that these two geographical areas could be considered to be different macro-environments from the point of view of chickpea breeding programmes.

Our results suggest the presence of favourable genes for a higher number of seeds per plant in the JG62 × ILC72 population and for larger seeds in CA2990 × WR315. In general, genotypes in JG62 × ILC72 with the highest number of seeds/plant were also those with the best yield/plant (J56 and J99). On the other hand, in CA2990 × WR315 seed size plays an important role in determining overall yield/plant because genotypes such as M60, M30 and M18, with moderate seeds/plant values but large seeds, gave a high yield/plant. These genotypes showed also higher mean values than the control (Chañaritos-S156') mainly for seeds/plant (Table 2). On the basis of our findings we recommend that these genotypes (J56, J99, M60, M30 and M18) could be used to introduce new germplasm to the Argentine chickpea breeding programme.

In Argentina, the growing season is characterised by low temperatures and short-day length, and both factors could affect flowering time and pod setting (Kumar & Abbo, 2001). Indeed, the significant GE interactions detected in this study could be related to the adaptability of the genotypes to the different

environments. The two populations studied are segregating for important adaptive traits like resistance to diseases, in particular to Ascochyta blight and Fusarium wilt, and flowering time. In our trials, neither of the aforementioned pathogens were observed; flowering time may, therefore, be playing an important role in the adaptability of the genotypes. Chickpea is considered to have high day-length sensitivity in its centre of origin, while in tropical zones it has evolved towards short photoperiods (Kumar & Abbo, 2001). Given this, it could be interesting to assess the importance of flowering time in adaptability of chickpea under environmental conditions in Argentina. Taking into account the low temperature during the dry growing season in this country, chilling tolerance at flowering could be another interesting trait to consider. Abortion of flowers at temperatures of 15°C and below has been reported in several different countries and chilling tolerant germplasm has been obtained (Millán *et al.*, 2006).

In conclusion, the two populations studied in this work have shown a high genetic variability susceptible to be used in the Argentine chickpea breeding programmes. Significant differences in genotypic performance were observed between the two macro-environments identified in this study and this suggests cultivars should be selected for each geographical area. More research is needed to elucidate the importance of different traits related to adaptability under contrasting environmental conditions in Argentina.

Acknowledgements

This work was supported by the Spanish Ministerio de Ciencia e Innovación (Project RTA2010-00059, co-financed by Fondo Europeo de Desarrollo Regional, FEDER). Project 05/G381 "Contribución al mejoramiento del garbanzo (*Cicer arretinum* L.): adaptación de líneas selectas", SECYT de la Univ. Nacional de Córdoba, Argentina. J. Carreras acknowledges to Ing. Agr.: S. García, C. Panadero, A. Fekete (INTA, Salta), S. Bologna, E. Rojas (Fac. de Ingeniería y Ciencias Económicas Sociales, Villa Mercedes-San Luis) and A. Cafure, E. Orecchia, M. Braun (San Marcos Sierras and Chalacea) for their technical support.

References

- Becker HC, Leon J, 1988. Stability analysis in plant breeding. *Plant Breeding* 101: 1-23.

- Biderbost E, Carreras J, 2005. Registration of Chañaritos S-156. Chickpea. Crops Sci 45(4): 1653.
- Bolsa de Cereales de Córdoba, 2011. Informe especial producción de garbanzos. Sistema de Información Agroecológica-Abril 2011, Córdoba, Argentina.
- Gil J, Nadal S, Luna D, Moreno MT, De Haro A, 1996. Variability for some physico-chemical characters in desi and kabuli chickpea types. J Sci Food Agric 71: 179-184.
- Hawting GC, Singh KB, 1980. Kabuli-Desi introgression: problems and prospects. Proc Int Workshop on Chickpea Improvement, ICRISAT, Hyderabad, India, pp: 51-56.
- Kumar J, Abbo S, 2001. Genetics of flowering time in chickpea and its bearing on productivity in semiarid environments. Adv Agron 72: 107-138.
- Maynez M, Moreno MT, Gil J, 1993. Desi/kabuli introgression for yield improvement in chickpea (*Cicer arietinum* L.). J Genet Breed 47: 61-64.
- Millán MT, Clarke HJ, Siddique KHM, Buhariwalla HK, Gaur PM, Kumar J, Gil J, Kahl G, Winter P, 2006. Chickpea molecular breeding: new tools and concepts. Euphytica 147: 81-103.
- Rubio J, Flores F, Moreno MT, Cubero JI, Gil J, 2004. Effects of the *erect/bushy* habit, *single/double* pod and *late/early* flowering genes on yield and seed size and their stability in chickpea. Field Crop Res 90: 255-262.
- SAS Inst, 1996. SAS/STAT software: changes and enhancements through Release 6.11. SAS Institute, Cary, NC, USA.
- Zobel RW, Wright MJ, Gauch HG, 1988. Statistical analysis of a yield trial. Agron J 80: 388-393.

