

Selección de progenitores para planes de cruzamiento en arveja (*Pisum sativum* L.) y estimación de parámetros genéticos mediante el uso de blup.

*Parental selection for breeding programs in pea (*Pisum sativum* L.) and estimation of genetic parameters using blup*

*Seleção de progenitores para planos de cruzamento em ervilha (*Pisum sativum* L.) e estimativa de parâmetros genéticos a través do uso de blup.*

Federico Cazzola¹, Fernando Maglia¹, Fernanda Guindón², Carolina Julieta Bermejo²

¹Cátedra de Mejoramiento Vegetal y Producción de semillas, Facultad de Cs. Agrarias, UNR

²IICAR-CONICET

E-mail: cazzola.f@gmail.com

Resumen

El objetivo más importante de los programas de mejoramiento de arveja consiste en el desarrollo de nuevos genotipos que sean genéticamente más productivos. La selección generalmente se basa en métodos fenotípicos, pero debe basarse en los valores genéticos o de mejora porque los caracteres cuantitativos a menudo están influenciados por los efectos ambientales y la interacción genotipo-ambiente. Los objetivos consistieron en seleccionar variedades que puedan ser utilizadas como progenitoras identificando aquellas con el mayor mérito genético para ser incluidas en programas de hibridación y estimar parámetros genéticos utilizando BLUP (*Best Linear Unbiased Predictor*). Se evaluaron caracteres cuantitativos durante dos años consecutivos en sesenta y una variedades de arveja. El análisis de varianza mostró diferencias significativas entre genotipos, ambientes y la interacción genotipo-ambiente para todos los rasgos. Se obtuvieron las heredabilidades por y a través de los ambientes y los coeficientes de correlación genética usando BLUP. En función del ranking promedio de los valores de mejora asignado para cada variedad teniendo en cuenta las variables Días a floración y a cosecha, Altura de planta, Calibre del grano y Número de vainas por 20 plantas, se seleccionaron nueve variedades. Los valores de mejora darían una mejor clasificación del valor genético de los padres que su valor fenotípico y, por lo tanto, se mejoraría la eficiencia de la selección y la ganancia genética sería más predecible. Los genotipos seleccionados podrían usarse como parentales en futuros programas de hibridación.

Palabras claves: arveja-selección de parentales-valor de mejora

Summary

The most important objective of pea breeding programs is to develop new, genetically more productive genotypes. Selection is generally performed using phenotype-based methods; however, it should be based on genetic or breeding values because quantitative traits are often influenced by environmental effects and genotype-environment interaction. The objectives of this study were to: (i) select parental varieties by identifying those with the highest genetic merit through breeding values; (ii) estimate genetic parameters using Best Linear Unbiased Predictor (BLUP). Quantitative characters of sixty-one pea varieties were assessed for two consecutive years. The analysis of variance showed significant differences between genotypes, environments and genotype-environment interaction for all the traits. Heritability across and by environment and genetic correlation coefficients were obtained using BLUP. Nine varieties were selected based on their average ranking for breeding values. The breeding values would give a better ranking of the genetic value of the parents than would their phenotypic value thus increasing selection efficiency and genetic gain predictability. The selected genotypes could be used as parental in future hybridization programs.

Keywords: pea – parental selection - breeding value

Resumo

O objetivo mais importante dos programas de melhoramento de ervilhas é o desenvolvimento de novos genótipos geneticamente mais produtivos. A seleção, baseada geralmente em métodos fenotípicos, deveria basear-se em valores genéticos ou de melhoria, porque as características quantitativas são freqüentemente influenciadas por efeitos ambientais e pela interação genótipo-ambiente. Os objetivos consistiram em selecionar variedades que pudessem ser utilizadas como progenitoras, identificando aquelas com maior mérito genético para ser incluídas em programas de hibridação e estimar parâmetros genéticos utilizando o BLUP (Melhor predição linear não viciada). Durante dois anos consecutivos, foram avaliadas características quantitativas em sessenta e uma variedades de ervilhas. A análise de variância mostrou diferenças significativas entre genótipos, ambientes e interação genótipo-ambiente para todas as características. As herdabilidades foram obtidas através dos ambientes e os coeficientes de correlação genética usando o BLUP. Com base na classificação média dos valores de melhoria atribuídos a cada variedade e levando em consideração as variáveis: dias para floração e colheita, altura da planta, tamanho do grão e número de vagens por 20 plantas, foram selecionadas nove variedades. Os valores de melhoria dariam uma melhor classificação do valor genético dos genitores do que seu valor fenotípico e, portanto, a eficiência da seleção seria melhorada e o ganho genético seria mais previsível. Os genótipos selecionados poderiam ser usados como parentais em futuros programas de hibridação.

Palavras chaves: ervilha- seleção parental- valor de melhoria

Introducción

La arveja (*Pisum sativum* L.) al igual que el poroto, el garbanzo y la lenteja conforman las denominadas leguminosas de grano pertenecientes a la familia *Fabaceae* y a la sub familia *Papilionaceae*. Es una legumbre anual e invernal originaria del medio oriente (Zohary y Hopf, 1973). El género *Pisum* comprende solo un pequeño número de taxones diploides ($2n = 14$) (Ben-Ze'ev y Zohary, 1973) que se cultivan principalmente por sus semillas, tanto para la alimentación humana como animal, debido a su alto contenido en proteína (Choudhury *et al.*, 2007; Rodiño *et al.*, 2009). Simultáneamente, su cultivo incrementa la fertilidad de los suelos debido a la fijación biológica del nitrógeno atmosférico mediante la simbiosis con *Rhizobium leguminosarum* Baldwin y Fred, por lo que su participación en la diversificación de los sistemas de cultivo y en el mantenimiento de la fertilidad del suelo en el marco de una agricultura sostenible, tiene cada vez un peso mayor en la política agrícola en los países desarrollados (Nemeček *et al.*, 2008). Ocupa el segundo puesto como la legumbre de grano más cultivada en el mundo, con una producción de 11.332 millones de toneladas en 2014 (FAO, 2014). Su demanda es alta y sostenida dado el gran consumo en países asiáticos como India, China y Bangladesh. El mayor exportador a nivel global es Canadá seguido por Rusia, EE.UU y en un rango inferior Francia y Australia. En Sudamérica, Argentina se constituye como el principal productor y exportador de este producto (Janzen *et al.*, 2014). Presenta un panorama alentador por sus bajos costos de producción y por el hecho de ampliar la oferta de cultivos invernales en rotación con soja o maíz. Sin embargo su cultivo ha quedado relegado a un segundo plano debido a la escasa oferta varietal ya que en nuestro sistema productivo actual solo se utilizan pocas variedades antiguas y algunos materiales importados por empresas extranjeras.

El objetivo más importante de los programas de mejoramiento consiste en desarrollar nuevos genotipos que sean genéticamente superiores. Como en todos los cultivos autógamos, la etapa crucial radica en la selección de los progenitores utilizados en planes de hibridación para generar poblaciones segregantes. Para ello es necesario tener en cuenta diferentes caracteres tales como el tiempo a floración y cosecha, altura de la planta; tamaño de estípulas y vaina; el calibre de la semilla y otros rasgos económicos como el rendimiento y sus componentes (número de vainas por planta y peso de 100 semillas). Para poder ingresar en la secuencia de rotación en sustitución del cultivo de trigo, es necesario que las variedades obtenidas tengan ciclos de floración cortos para permitir la posterior siembra de cultivos de verano. Por esta razón, el momento de la floración es uno de los rasgos más importantes además del rendimiento. Estos caracteres son de tipo cuantitativo y complejos a menudo influenciados por los efectos ambientales y por la interacción genotipo-ambiente. Las estimaciones de parámetros genéticos para estos caracteres son

útiles ya que proporcionan información sobre la herencia y ayudan a identificar los métodos de mejora apropiados. Parámetros como la heredabilidad, la ganancia genética esperada en respuesta a la selección y el grado de asociación entre los caracteres son importantes para diseñar programas efectivos de selección. En arveja, una especie autógama, se espera que la varianza genética sea principalmente aditiva; sin embargo, la varianza genética no aditiva también podría ser importante.

El análisis de las correlaciones genéticas revela una mejor comprensión de la asociación entre los caracteres relevantes (Kumar *et al.*, 2015; Meenna *et al.*, 2017) y ayuda en programas efectivos de selección e hibridación (Singh y Chaudhury, 1985; Singh *et al.*, 2018) ya que la asociación desfavorable entre atributos deseables limita el avance genético (Mallesh *et al.*, 2017).

El método más simple de seleccionar progenitores para un programa de mejora es elegirlos teniendo en cuenta su propio rendimiento. Para caracteres altamente heredables, esto es más eficiente que cualquier otro procedimiento. Sin embargo, la eficiencia de la selección fenotípica en discriminar entre individuos superiores disminuye a medida que la heredabilidad del carácter disminuye, y se vuelve muy ineficiente para los rasgos con bajos valores de heredabilidad (Falconer y Mackay, 1996; Khush, 2005). Otros procedimientos de selección, como los basados en pruebas de progenie (Cotterill y James, 1984; Henriques *et al.*, 2017), combinando estimaciones de aptitud combinatoria (Carvalho *et al.*, 2003; Lorencetti *et al.*, 2005) son más confiables y son especialmente adecuados para clasificar a los individuos superiores para rasgos con baja heredabilidad. Este parece ser el método ideal y la forma más fácil de evaluar a los padres potenciales porque el valor genético aditivo medio de un individuo es directamente muestreado en su descendencia. En la práctica, sin embargo, tienen la seria desventaja de aumentar el intervalo generacional, porque los padres no pueden ser seleccionados hasta que la descendencia haya sido evaluada. La selección de padres basada en sus valores de mejora predichos se ha aplicado comúnmente en la mejora animal utilizando el mejor predictor lineal insesgado o BLUP (*Best Linear Unbiased Predictor*) (Henderson, 1977). A diferencia de otros procedimientos, BLUP hace uso de toda la información de individuos para los cuales se registran los valores fenotípicos y maximiza la correlación entre los valores reproductivos predichos y los verdaderos.

El objetivo es, por lo tanto, estimar los parámetros genéticos y los valores genotípicos a través de BLUP y así identificar variedades con mayor mérito que podrían ser utilizadas como progenitores para ser hibridados y producir generaciones segregantes sobre las que pueda iniciarse un programa de selección.

Metodología

Este estudio se llevó a cabo durante los años 2016 y 2017 en el Campo Experimental J.F. Villarino de la Facultad de Ciencias Agrarias de la Universidad del Rosario, Argentina (33° 1S y 60° 53'O). Como material experimental se utilizaron 61 variedades de arveja que conforman la colección activa del programa de Mejoramiento de Leguminosas de grano de la Facultad (Tabla 1).

En ambos años se utilizó un diseño de bloques completos al azar con 2 repeticiones de 20 plantas por variedad. La fecha de siembra durante el 2016 fue 15 de Junio y el 21 de Junio para el 2017.

El espacio entre las plantas y entre surcos fue de 0,10 m y 0,70 m,

respectivamente, ya que son distancias para ensayos experimentales. Se utilizó un sistema de riego por goteo que si bien no es de uso común es necesario para suplementar la falta de precipitaciones en los momentos de desarrollo que lo requieren y se aplicó 3-(3,4-diclorofenil)-1-metoxi-1-metilurea (Linurón) como herbicida pre-emergente para evitar la competencia con malezas. Se evaluaron los siguientes caracteres: días hasta la floración (DF) medido como número de días desde la siembra hasta 50% de plantas florecidas, días a cosecha (DC), altura de planta (AP) (cm), calibre de semilla (C) (mm) y número de vainas por 20 plantas (NV20).

Tabla 1: Lista de accesiones del género *Pisum* de la colección activa.

Código (cod)	Accesión	Origen	Código (cod)	Accesión	Origen
<i>Pisum sativum</i> ssp. <i>sativum</i> var. <i>sativum</i>			<i>Pisum sativum</i> ssp. <i>sativum</i> var. <i>sativum</i>		
1	ROMACK	Estados Unidos	31	ZAV 18	Programa de mejoramiento local
2	ALASKA W.R.	Estados Unidos	32	ZAV 19	Programa de mejoramiento local
3	GRANADA	Estados Unidos	33	ZAV 21	Programa de mejoramiento local
4	GYPSY	Estados Unidos	34	ZAV 22	Programa de mejoramiento local
5	DANTE	Estados Unidos	35	DMR7	India
6	LEO	Estados Unidos	36	DDR11	India
7	CUARENTINAS	Argentina	37	DDR14	India
8	No. 4476	Argentina	38	KEOMA	Holanda
9	ERVILHA TORTA FLOR ROXA	Brasil	39	APARECIDA	Programa de mejoramiento local
10	ARVEJAS AMARILLAS	Venezuela	40	AMARILLA	Programa de mejoramiento local
11	ARVEJAS VERDES	Venezuela	41	CAN A	Holanda
12	MIRANDA	The Netherlands	42	EXPLORER	Canadá
13	HONHENHEIMER PINK- FLOWERED	Alemania	43	TURF	Rumania
14	No. 338 [22]	China	44	EI	Holanda
15	THIRTY-DAYS	Japón	45	ZAV5	Programa de mejoramiento local
16	MOSHONG	Afganistán	46	ZAV10	Programa de mejoramiento local
17	CHINESE PURPLE	Canadá	47	ZAV15	Programa de mejoramiento local
18	PAI WAN TOU	China	48	ZAV17	Programa de mejoramiento local
19	ILCA 5115	España	49	ZAV20	Programa de mejoramiento local
20	ILCA 5041	Etiopía	50	ZAV23	Programa de mejoramiento local
21	PICCOLLO PROVENZALE	Italia	51	ZAV25	Programa de mejoramiento local
22	INCA	América del Sur	52	ZAV26	Programa de mejoramiento local
23	FACON	Estados Unidos	53	MARINA	Rumania
24	ZAV 1	Programa de mejoramiento local	54	VIPER	Holanda
25	ZAV 2	Programa de mejoramiento local	55	ERIK II	Canadá
26	ZAV 4	Programa de mejoramiento local	56	NN16	Estados Unidos
27	ZAV 9	Programa de mejoramiento local	57	CAN B	Holanda
28	ZAV 11	Programa de mejoramiento local	58	B2001	Programa de mejoramiento local
29	ZAV 14	Programa de mejoramiento local	59	SPRUT	Rusia
30	ZAV 16	Programa de mejoramiento local	60	VC	Programa de mejoramiento local
			61	SPRING PEA	Australia

Los valores de los diferentes caracteres se compararon mediante un análisis de varianza combinado (ANVA), incluyendo los dos ambientes, ya que permite determinar el grado de significación de los efectos del año y la interacción genotipo x año para cada variable. Previamente se determinó la normalidad de las variables mediante la prueba de Shapiro-Wilk (1965) mediante el software InfoGen (Balzarini y Di Rienzo, 2003). El software MetaR (Alvarado *et al.*, 2016) se usó para estimar tanto los valores genotípicos para cada variedad, a través del método BLUP, como la heredabilidad en sentido amplio para las variables y las correlaciones genéticas entre ellas.

Para el cálculo de los BLUPs y de la heredabilidad todos los efectos fueron considerados al azar. El modelo utilizado fue:

$$Y_{ijk} = \mu + \text{Loc } i + \text{Rep}_j(\text{Loc } i) + \text{Gen } k + \text{Loc } i \times \text{Gen } k + \epsilon_{ijk}$$

Donde Y es el carácter de interés, μ es el efecto promedio, $\text{Loc } i$ es el efecto año, $\text{Rep}_j(\text{Loc } i)$ es el efecto de la $j^{\text{ésimo}}$ repetición dentro del $i^{\text{ésimo}}$ año, $\text{Gen } k$ es el efecto del $k^{\text{ésimo}}$ genotipo, $\text{Loc } i \times \text{Gen } k$ es el efecto de la interacción genotipo por año y ϵ_{ijk} es el error asociado con la $j^{\text{ésimo}}$ repetición, $i^{\text{ésimo}}$ año, y $k^{\text{ésimo}}$ genotipo. La heredabilidad en sentido amplio de un determinado carácter en un ambiente particular fue calculada como (Vargas *et al.* 2013):

$$h^2 = \frac{\sigma_g^2}{\sigma_g^2 + \sigma_e^2/n\text{reps}}$$

dónde

σ_g^2 and σ_e^2 son las variancias del genotipo y del error respectivamente y $n\text{reps}$ es el número de repeticiones.

Para el análisis combinado la heredabilidad en sentido amplio se calculó como:

$$h^2 = \frac{\sigma_g^2}{\sigma_g^2 + \frac{\sigma_{gs}^2}{n\text{locs}} + \sigma_e^2/(n\text{locs} \times n\text{reps})}$$

dónde:

σ_{gs}^2 es la variancia de la interacción genotipopor año y $n\text{locs}$ es el número de localidades en el análisis.

Las correlaciones genéticas entre caracteres fueron calculadas mediante la siguiente ecuación:

$$\rho_{g(jj')} = \frac{\sigma_{g(jj')}}{\sigma_{g(j)}\sigma_{g(j')}}$$

dónde:

$\sigma_{g(jj')}$ es la media aritmética de todas las covarianzas genotípicas por pares entre los caracteres j y j' .

$\sigma_{g(j)}\sigma_{g(j')}$ es el promedio aritmético de todos los promedios geométricos entre los componentes de variancia genotípica de los caracteres.

Tomando en cuenta los valores de los BLUP para cada variable se efectuó el ranking de los diferentes genotipos. Luego se obtuvo el valor promedio de los rankings para cada genotipo.

Resultados y discusión

La selección de las variedades que van a ser utilizadas como progenitores en planes de hibridación en los programas de mejoramiento, o al final del mismo para ser liberadas como nuevas variedades comerciales, debe basarse en la predicción directa de los valores reproductivos (Henderson, 1984; Guindón *et al.*, 2018) que son más confiables que la selección basada solo en el fenotipo, que está influido por las condiciones ambientales y por la presencia de interacción genotipo-ambiente.

Las variables mostraron una distribución normal. El análisis de varianza de las 61 variedades evaluadas en dos años mostró diferencias significativas entre genotipos, años y la interacción genotipo-año para todos los caracteres (Tabla 2).

La presencia de diferencias significativas entre los genotipos indica diferencias en el potencial genético de las variedades que hace posible la selección, mientras que las diferencias significativas entre años demuestran la existencia de diferentes condiciones ambientales. La presencia de interacción genotipo-año por su parte implica un comportamiento diferencial de las variedades ante las diferentes situaciones ambientales.

A fin de poder efectuar la selección y evitar el inconveniente para la misma que implica la presencia de interacción genotipos-año fue necesario proceder a la obtención de los valores genotípicos para cada variedad mediante la técnica de BLUP (Henderson, 1984; Crossa *et al.*, 2006; Oakey *et al.*, 2006; Burgueño *et al.*, 2007). Este método permite predecir un valor genotípico más preciso, que es importante para la selección de nuevos cultivares, o incluso los valores genéticos (efectos aditivos) para la selección de progenitores (Piepho *et al.*, 2008). En las Tablas 3 y 4 se presentan los valores de heredabilidad en sentido amplio y las correlaciones genéticas entre los caracteres.

Las estimaciones de parámetros genéticos, como la heredabilidad y las correlaciones genéticas, son esenciales en al menos tres aplicaciones: (1) conocimiento del control genético de los rasgos con el objetivo de diseñar estrategias de mejoramiento eficientes, (2) predicción de los valores genéticos de los candidatos para la selección, y (3) la determinación del tamaño de la muestra (p. ej., número de réplicas) y la forma de muestreo adecuada para la estimación precisa de los parámetros y la maximización de la precisión selectiva (Resende *et al.*, 2017).

La heredabilidad refleja la fiabilidad que se tiene en los fenotipos observados para indicar individuos genotípicamente superiores. Valores bajos de heredabilidad indican que el fenotipo se convierte en un indicador deficiente del valor genotípico debido al efecto pronunciado de los factores ambientales, lo que reduce la ganancia de la selección. Los datos obtenidos por año presentan elevados valores de heredabilidad. Estos valores concuerdan con los encontrados por Sardana *et al.* (2007), Sharma y Bora (2013), Tiwari y Lavanya (2012), Kumar *et al.* (2015), y Georgieva *et al.* (2016). Sin embargo al obtenerse la heredabilidad a través de los años los valores para las variables DC, y NV20 disminuyeron drásticamente (Tabla 3) debido a la elevada presencia de variancia para la interacción.

Los coeficientes de correlación genotípicos calculados entre los rasgos examinados se presentan en la Tabla 4. Se observó una correlación significativa y negativa de la variable NV20 con los días a floración y a cosecha. Valores similares fueron obtenidos por Meena *et al.* (2017) y Rakesh *et al.* (2015). Por su parte el calibre tuvo un comportamiento similar. Estos valores de correlación proporcionan información sobre si dos rasgos hereditarios comparten genes o no, la información sobre la magnitud y dirección de las correlaciones genéticas (negativas o positivas) puede ayudar en las decisiones de selección. Si la correlación es alta y

Tabla 2: Análisis de variancia para las variables Días hasta la Floración (DF), Días a Cosecha (DC), Altura de Planta (AP), Calibre de semilla (C) y Número de Vainas por 20 plantas (NV20)

F.V.	gl	DF		DC		AP		C		NV20	
		CM	F	CM	F	CM	F	CM	F	CM	F
Modelo.	122	632,9	20,1***	248,3	22,1***	3422,7	18,10***	0,03	20,9***	163177,1	22,8***
Año (A)	1	485,9	15,4***	651,7	58,1***	34504	182,42***	0,03	27,8***	14767633,6	2061,7***
Genotipo (G)	60	1153,9	36,5***	291	25,9***	5250,3	27,76***	0,05	39,1***	44179,6	6,2***
Repetición	1	0,01	0,0028	4,3	0,3	6,4	0,03	0,00003	0,02	785,9	0,1
A*V	60	124,9	3,96***	202,9	18,1***	1134,1	6,00***	0,004	3,1***	41473,5	5,8***
Error	120	31,5		11,2		189,2		0,001		7162,7	

Tabla 3: Heredabilidades en sentido amplio por ambiente y a través de ambientes para las variables Días hasta la Floración (DF), Días a Cosecha (DC), Altura de Planta (AP), Calibre de semilla (C) y Número de Vainas por 20 plantas (NV20).

Variable	h ² por año		h ² a través de los años
	2016	2017	
DF	0,98	0,94	0,89
DC	0,92	0,96	0,32
AP	0,93	0,95	0,78
C	0,95	0,96	0,92
NV20	0,88	0,77	0,13

Tabla 4: Correlaciones genéticas entre las variables Días hasta la Floración (DF), Días a Cosecha (DC), Altura de Planta (AP), Calibre de semilla (C) y Número de Vainas por 20 plantas (NV20). (En gris se indican los valores elevados de correlación).

	DF	DC	AP	C
DC	0,98			
AP	0,49	0,67		
C	-0,61	-0,97	-0,2	
NV20	-0,67	-0,98	-0,14	0,32

positiva la modificación de un carácter provocará la modificación del otro y si es alta y negativa servirá para efectuar selección indirecta, si ambos tienen altas heredabilidades. En el caso de la correlación entre NV20 ($h^2=0.13$) y DF ($h^2=0.89$) que es alta y negativa la selección por DF no modificará de forma importante a NV20 ya que esta última presenta escasa variancia genética.

La selección de los genotipos parentales superiores para iniciar un plan de hibridación se efectuó tomando en cuenta los valores genotípicos (BLUP) asignando un ranking de genotipos a cada

variable y obteniendo el valor promedio de dichos rankings (Tabla 5). En el caso de DF, DC y AP se asignaron los menores valores de ranking a las variedades más precoces y de menor altura siendo inverso para las variables C y NV20 ya que en los planes de mejora se buscan plantas de menor altura y precoces para poder ser utilizables en rotación con los cultivos de verano y de mayor rendimiento. En base a los menores valores de ranking promedio se seleccionó el 15% superior. Esto implica que las 10 variedades seleccionadas de la colección activa podrían utilizarse en planes de hibridación con el objeto de liberar variedades superiores.

Tabla 5: Tabla de valores genotípicos (BLUP) y de rankings de las variedades de arveja para las variables días hasta la floración (DF), Días a cosecha (DC), altura de planta (AP), calibre de semilla (C) y número de vainas por 20 plantas (NV20).

Variedad	DF	Rank	DC	Rank	AP	Rank	C	Rank	NV20	Rank	R
37	74,5	5	152,1	16	76,1	9	0,7	3	362,7	14	9,4
46	87,2	12	152,6	21	72	5	0,8	2	365,7	9	9,8
60	85,1	10	151,3	10	71,8	4	0,7	3	354,1	24	10,2
53	90,8	19	152,2	17	82,8	17	0,7	3	372,8	1	11,4
58	77,5	6	148,4	4	91,3	24	0,6	4	358,5	19	11,4
22	62,7	1	148,4	4	55,5	1	0,7	3	334	49	11,6
15	90,8	19	148,7	5	59,4	2	0,7	3	347,1	32	12,2
29	90,4	17	151,7	12	79,4	12	0,8	2	358,3	20	12,6
4	64,9	3	147,8	1	79,1	11	0,7	3	335,1	47	13
12	81,2	7	149,8	6	81,6	15	0,7	3	345,3	35	13,2
52	91,8	22	152,4	19	81,3	14	0,7	3	363,1	13	14,2
9	63,7	2	148,1	3	80,8	13	0,6	4	333,9	50	14,4
54	95,1	29	151,9	14	74,8	8	0,7	3	358,7	18	14,4
59	96,6	31	151,8	13	86,9	20	0,6	4	366,5	6	14,8
7	83,8	8	148	2	93,9	25	0,6	4	344,9	36	15
5	73,9	4	150,3	8	72,9	6	0,7	3	316,1	55	15,2
23	90,7	18	152	15	88,4	21	0,7	3	351,2	25	16,4
2	90,9	20	153	24	107,3	32	0,7	3	368,6	5	16,8
11	97,1	33	151,3	10	125,3	38	0,7	3	370,9	2	17,2
8	94,6	27	152,5	20	74,6	7	0,6	4	349,1	30	17,6
21	86,7	11	153,2	26	129	43	0,6	4	368,8	4	17,6
36	92,2	23	152,3	18	95,3	28	0,7	3	361,4	16	17,6
24	84,7	9	152,1	16	138,1	50	0,7	3	363,6	12	18
48	93,4	26	151,3	10	76,1	9	0,6	4	338,5	45	18,8
33	90,4	17	153,6	27	124,4	37	0,6	4	365,4	10	19
47	92,5	24	151,5	11	114,5	33	0,7	3	351,2	25	19,2
6	88,7	14	152,2	17	81,7	16	0,7	3	334,8	48	19,6
45	83,8	8	151,8	13	138,5	51	0,6	4	354,8	23	19,8
28	96	30	152,3	18	88,7	22	0,7	3	350,6	27	20
32	90,7	18	151,5	11	94,2	26	0,6	4	341,6	42	20,2

Variedad	DF	Rank	DC	Rank	AP	Rank	C	Rank	NV20	Rank	R
51	93	25	153,1	25	89	23	0,8	2	350,7	26	20,2
49	91,3	21	150,3	8	99,9	29	0,7	3	341,8	41	20,4
50	87,5	13	150,9	9	122,6	36	0,8	2	338,2	46	21,2
57	83,8	8	152,1	16	132,3	46	0,7	3	346,8	33	21,2
20	129,5	49	157,7	42	72,9	6	0,5	5	366,3	7	21,8
38	96,8	32	152,2	17	62,2	3	0,7	3	318,8	54	21,8
56	88,8	15	149,9	7	127,3	41	0,9	1	322,3	51	23
10	95	28	152,6	21	83,8	18	0,8	2	334	49	23,6
14	90,9	20	152,6	21	100	30	0,7	3	339,8	44	23,6
61	93	25	155,7	33	117,4	34	0,5	5	356,7	21	23,6
13	92,5	24	152,9	23	85,9	19	0,7	3	321,4	52	24,2
25	100,6	38	154,4	29	131	44	0,6	4	365,7	9	24,8
26	97,9	34	153,7	28	127,9	42	0,7	3	360,8	17	24,8
55	98,8	35	152,8	22	94,3	27	0,5	5	344,3	38	25,4
19	89,3	16	153,6	27	144,2	53	0,8	2	343,6	39	27,4
40	120,4	47	156,2	35	134,2	47	0,5	5	369,3	3	27,4
41	101,7	39	153,2	26	155,4	57	0,6	4	364,4	11	27,4
27	101,9	40	156,6	39	125,5	39	0,5	5	362,5	15	27,6
16	127,2	48	158,4	43	78	10	0,4	6	342,2	40	29,4
42	103,2	41	156,4	37	132,1	45	0,8	2	355,3	22	29,4
44	108,3	42	156,7	40	144,9	54	0,7	3	366,2	8	29,4
39	109,5	45	155,8	34	117,7	35	0,5	5	349,4	29	29,6
35	109,8	46	156,5	38	100,8	31	0,5	5	347,7	31	30,2
31	134	51	159,2	44	141,8	52	0,5	5	366,5	6	31,6
1	109,3	44	156,3	36	125,7	40	0,5	5	346,4	34	31,8
30	130,6	50	156,3	36	141,8	52	0,5	5	358,7	18	32,2
34	109,5	45	155,3	31	148,6	55	0,7	3	349,5	28	32,4
3	109	43	154,7	30	137	49	0,6	4	344,6	37	32,6
17	100,2	37	155,4	32	167,4	58	0,8	2	345,3	35	32,8
18	99,1	36	157	41	136,2	48	0,7	3	339,9	43	34,2

Conclusiones

Los valores genotípicos permiten una mejor selección de los progenitores para hibridar ya que eliminan el efecto del ambiente y de la interacción genotipo por ambiente y, por lo tanto, la ganancia genética sería más predecible.

Los parámetros genéticos permitieron un mayor conocimiento del control genético de los caracteres y así poder diseñar estrategias de mejoramiento eficientes, teniendo en cuenta que la arveja es un cultivo autógeno y por lo tanto se trabaja con líneas puras.

Agradecimientos

Este trabajo de investigación fue financiado por el Fondo para la Investigación Científica y Tecnológica (FONCyT, Argentina).

Bibliografías

- ALVARADO G, LÓPEZ M, VARGAS M, PACHECO A, RODRÍGUEZ F, BURGUEÑO J, CROSSA J (2016) META-R (Multi Environment Trial Analysis with R for Windows) Version 6.01. International Maize and Wheat Improvement Center.
- BALZARINI M, DI RIENZO J(2003) Infogen: Software for Statistical Analysis of Genetic Markers. National University of Córdoba, Córdoba.
- BEN-ZE'EV N, ZOHARY D (1973) Species relationships in the genus *Pisum* L. Israel Journal of Botany. 22:73-91.

4. BURGUEÑO J, CROSSA J, CORNELIUS PL, TRETOWAN R, MCLAREN G, KRISHNAMACHARI A (2007) Modeling additive x environment and additive x additive x environment using genetic covariances of relatives of wheat genotypes. *Crop Science*. 43:311-320.
5. CARVALHO FIF, SILVA SA, KUREK AJ, MARCHIORO VS (2003) Estimativas e implicações da herdabilidade como estratégia de seleção. Pelotas, Editora e gráfica da UFPel. 99p.
6. CHOUDHURY PR, TANVEER H, DIXIT GP (2007) Identification and detection of genetic relatedness among important varieties of pea (*Pisum sativum* L.) grown in India. *Genetica*. 130(2):183-191.
7. COTTERILL PP, JAMES JW (1984) Number of offspring and plot sizes required for progeny testing. *Silvae Genetica*. 33:203-209.
8. CROSSA J, BURGUEÑO J, CORNELIUS PL, MCLAREN G, TRETOWAN R (2006) Modeling genotype x environment interaction using additive genetic covariances of relatives for predicting breeding values of wheat genotypes. *Crop Science*. 46: 1722-1733.
9. FALCONER DS, MACKAY TFC (1996) An introduction to quantitative genetics, 4th edn. Prentice Hall, London. 469p.
10. FAO, IFAD, WFP (2014) The State of Food Insecurity in the World 2014. Strengthening the enabling environment for food security and nutrition. Rome, FAO.
11. GEORGIEVA N; NIKOLOVA I, KOSEV V (2016) Evaluation of genetic divergence and heritability in pea (*Pisum sativum* L.). *Journal of BioScience and Biotechnology*. 5(1): 61-67.
12. GUINDON F, MARTIN E, CRAVERO V, COINTRY E (2018) Transgressive segregation, heterosis and heritability for yield-related traits in a segregating population of *Pisum sativum* L. *Experimental Agriculture*. doi: 10.1017/S0014479718000224.
13. HENDERSON CR (1977) Prediction of the merits of single crosses. *Theoretical and Applied Genetics*. 49:273-282
14. HENDERSON CR (1984) Application of Linear Models in Animal Breeding. University of Guelph, Guelph, Ontario, Canada. 384p.
15. HENRIQUES EP, MORAES CB, SEBBENN AM, FILHO MT, MORAES MLT, MORI ES (2017) Genetic parameters estimates for silvicultural traits and wood density in *Eucalyptus urophylla* progeny test. [Scientia Forestalis](#). 45(113):119-128.
16. JANZEN J, BRESTER G, SMITH V (2014). Dry peas: trends in production trade, and price, Agricultural Marketing Policy Center, briefing 57. 7p.
17. KHUSH G (2005) What it will take to feed 5.0 billion rice consumers in 2030. *Plant Molecular Biology*. 59:1-6.
18. KUMAR R, KUMAR M, DOGRA RK, BHARAT NK (2015) Variability and character association studies in garden pea (*Pisum sativum* var. hortense L.) during winter season at mid hills of Himachal Pradesh. *Legumes Research*. 38(2):164-168.
19. LORENCETTI C, CARVALHO FIF, BENIN G, MARCHIORO V, OLIVEIRA AC, DA SILVA JAG, HARTWIG I, SCHMIDT DAM, VALÉRIO IP (2005) Combining ability and heterosis in diallelic oat cross. *Revista Brasileira de Agrociência*. 11:143-148.
20. MALLESH P, NANDA HC, DURGARAJU CH; SAMEER KUMAR CV, MOHAN N, LEEJ (2017) Variability, Heritability and Genetic Advance for Quantitative Traits in Pigeonpea (*Cajanus cajan* (L.) Mill sp.). *International Journal of Pure and Applied Bioscience*. 5(5):25-28.
21. MEENA BL, DAS SP, KANDPAL BK, NAGCHAN SV (2017) Genetic Estimates and Character Association Studies in Field Pea (*Pisum sativum* L.). *International Journal of Current Microbiology and Applied Sciences*. 6: 2375-2388.
22. NEMECEK T, VON RICHTHOFEN JS, DUBOIS G, CASTA P, PAHL CR (2008) Environmental impacts of introducing grain legumes into European crop rotations. *European Journal of Agronomy*. 28:380-393.
23. OAKEY H, VERBYLA A, PITCHFORD W, CULLIS B, KUCHEL H (2006) Joint modeling of additive and non-additive genetic line effects in single field trials. *Theoretical and Applied Genetics*. 113(5):809-19.
24. PIEPHO HP, MÖHRING J, MELCHINGER AE, BÜCHSE A (2008) BLUP for phenotypic selection in plant breeding and variety testing. *Euphytica*. 161:209-228.
25. RAKESH K, MANISH K DOGRAR, Y BHARAT NK (2015) Variability and character association studies in garden pea (*Pisum sativum* var. hortense L.) during winter season at mid hills of Himachal Pradesh. *Legume Research*. 38: 164-168.
26. RESENDE MDV, RAMALHO MAP, NUNES JAR, DA SILVA FL, CARNEIRO PCS (2017) BLUP in the Genetic Evaluation of Parents, Generations, Populations, and Progenies. In *Soybean Breeding*, 229-252 (Eds F. L. da Silva, A. Borém, T. Sedyama and W. H. Ludke). Cham, Switzerland: Springer International Publishing AG.
27. RODIÑO AP, HERNÁNDEZ-NISTAL J, HERMIDA M, SANTALLA M, DE RON AM (2009) Sources of variation for sustainable field pea breeding. *Euphytica*. 166 (1): 95-107.
28. SARDANA S, MAHAJAN RK, GAUTAM NK, RAM B (2007) Genetic variability in pea (*Pisum sativum* L.) germplasm for utilization. *SABRAO Journal of Breeding and Genetics*. 39(1):31-42.
29. SHAPIRO SS, WILK MB (1965). An Analysis of Variance Test for Normality (Complete Samples). *Biometrika*. 52:591-611.
30. SHARMA VK, BORA L (2013) Studies on genetic variability and heterosis in vegetable pea (*Pisum sativum* L.) under high hills condition of Uttarakhand, India. *African Journal of Agricultural Research*. 8(18):1891-1895.
31. SINGH RK, CHAUDHURY BD (1985) Biometrical methods of quantitative genetic analysis. New Delhi: India. 318p.
32. SINGH SK, SINGH VP, SRIVASTAVA S, SINGH AK, CHAUBEY BK, SRIVASTAVA, RK (2018) Estimation of correlation coefficient among yield and attributing traits of field pea (*Pisum sativum* L.). *Legume Research*. 41:20-26.
33. TIWARI G, LAVANYA GR (2012) Genetic variability, character association and component analysis in F4 generation of field pea (*Pisum sativum* var. *arvense* L.). *Karnataka Journal of Agricultural Science*. 25(2): 73-175.
34. VARGAS M, COMBS E, ALVARADO G, ATLIN G, MATHEWS K, CROSSA J (2013). META: a suite of SAS programs to analyze multi-environment breeding trials. *Agronomy Journal*. 105(1): 11-19.
35. ZOHARY D, HOPF M (1973) Domestication of Pulses in the Old World: Legumes were companions of wheat and barley when agriculture began in the Near East. *Science*. 182:887-94.