

Caracterización de accesiones de garbanzo (*Cicer arietinum* L.) mediante descriptores morfo agronómicos cuantitativos en una colección del Banco de Germoplasma de la Universidad Nacional de Córdoba

CASTILLO, V.¹; COLLAVINO, N.²; FARFAN, E.²; CARRERAS, J.³; FEKETE, A.⁴; POCOVI, M.⁵

RESUMEN

El garbanzo (*Cicer arietinum* L.) es la segunda leguminosa más cultivada en el mundo. La producción nacional está basada en pocos cultivares (Norteño, Chañaritos S-156, Kiara UNC-INTA, Felipe UNC-INTA, TUC 403, TUC 464 y TUC G 470). Debido a que el área cultivada está creciendo resulta importante disponer de nuevos materiales genéticos mejor adaptados a diferentes condiciones agroecológicas. Los objetivos del presente trabajo fueron caracterizar diferentes accesiones de garbanzo mediante descriptores morfo agronómicos cuantitativos, evaluar la variabilidad fenotípica de los materiales genéticos, determinar los descriptores que efectivamente contribuyen a la discriminación de las accesiones estudiadas y obtener una función canónica que permita clasificar nuevas accesiones según su origen.

Se estudiaron 93 accesiones de garbanzo de diferentes orígenes utilizando diferentes aproximaciones estadísticas uni y multivariadas. La caracterización de las accesiones se realizó sobre cinco plantas, evaluando 17 descriptores morfo agronómicos. Los resultados de los estadísticos simples revelaron que las variables número de vainas por planta y peso de 100 semillas presentaron valores altos de CV. Los componentes de peso y volumen de semillas resultaron asociarse positivamente entre sí, pero negativamente con el número de vainas por planta. En el gráfico del perfil multivariado los caracteres que permitieron la mayor diferenciación de las accesiones fueron número de semillas por planta, número de vainas por planta y rendimiento por planta. En el análisis de conglomerados se dio la conformación de tres grupos diferenciados por las variables pesos de 100 semillas, altura de planta, número de vainas y semillas por planta. En el análisis de componentes principales se encontró que las tres primeras componentes principales explicaron el 66% de la variación total. En el C1 las variables que mayor contribución realizaron a la separación de los tipos de garbanzo fueron: número de vainas y semillas por planta, tamaño de semillas, peso de 100 semillas y altura de planta. Mediante el análisis discriminante se lograron detectar las variables morfo agronómicas que mejor discriminan (número de vainas y semillas por planta) las accesiones. Este estudio permitió concluir que existe una considerable variabilidad en todos los caracteres estudiados. De este modo podría ser utilizada la información para introducir germoplasma con mayor divergencia genética, seleccionando los progenitores con los mayores contrastes genéticos para los programas de mejora y ampliar la base genética para el garbanzo en Argentina.

Palabras clave: garbanzo, variabilidad, accesiones, descriptores, análisis multivariado.

¹Universidad Nacional de Salta (UNSa), Facultad de Ciencias Naturales, Sede Central y Sede Metán-Rosario de la Frontera, Cátedra de Mejoramiento Genético Vegetal. Av. Bolivia, 5150 (4400), Salta, Argentina. Correo electrónico: castilloveronika@yahoo.com.ar

²Universidad Nacional de Salta (UNSa), Facultad de Ciencias Naturales, Cátedra de Mejoramiento Genético Vegetal.

³Universidad Nacional de Córdoba (UNCo), Facultad de Ciencias Agrarias, Cátedra de Mejoramiento Genético Vegetal.

⁴Instituto Nacional de Tecnología Agropecuaria (INTA), Estación Experimental Agropecuaria (EEA) Cerrillos, Salta.

⁵Universidad Nacional de Salta (UNSa), Facultad de Ciencias Naturales Cátedra de Genética.

Recibido 20 de noviembre de 2019 // Aceptado 13 de mayo de 2020 // Publicado online 21 de octubre de 2020

ABSTRACT

Chickpea (*Cicer arietinum* L.) is the second most important cultivated legume in the world. The production of Argentina is based on few cultivars (Norteño, Chañaritos S-156, Kiara UNC-INTA, Felipe UNC-INTA, TUC 403, TUC 464 and TUC G 470). As the cultivated area is increasing, it would be important to select new genetic materials better adapted to different agroecological conditions. The objectives of this research were to characterize different accessions of chickpea using quantitative morpho agronomic descriptors, to evaluate the phenotypic variability of genetic materials, determine the descriptors that effectively contribute to the discrimination of genetic materials of the accessions and obtain a canonical function that allows classifying new accessions according to its origin. The characterization of the accessions was carried out on five plants, evaluating 17 agronomic morpho descriptors in the field and laboratory. The results of descriptive statistics revealed that the pod numbers per plant and 100 seed weight variables presented high CV values. Seed weight and volume components were positively associated among them, but negatively correlated to pod numbers per plant. In the Multivariate Profile Analysis, the characters that allowed the greatest differentiation of accessions were seed numbers per plant, pod numbers per plant and yield per plant. In the cluster analysis, there were three groups differentiated by 100 seed weight, height of plant, pod numbers per plant and seed numbers per plant variables. In the principal component analysis, it was found that the first three main components accounted for 66% of the total variation. In C1 the variables that made the greatest contribution to the separation of chickpea types were: pod numbers per plant, seed numbers per plant, seed size, 100 seed weight and height of plant. Discriminant Analysis detected that the most discriminating morpho-agronomic variables were pod numbers per plant and seed numbers per plant. This study allows us to conclude that there is significant variation for all the characters studied. This variability can be used for safe introducing different germplasm and for selecting parents with the highest genetic contrasts for chickpea genetic improvement programs, and broadening the genetic bases of this crop in Argentina.

Keywords: chickpea, variability, accessions, descriptors, multivariate analysis.

INTRODUCCIÓN

El garbanzo (*Cicer arietinum* L) es la segunda leguminosa más cultivada en el mundo, desplazando a la arveja en 2016 (FAO, 2016). Se estima que en Argentina en el año 2018 se sembraron 110.000 hectáreas distribuidas principalmente entre Córdoba (45.000 ha), Tucumán (20.000 ha) y Salta (15.000 ha), mientras que las provincias de Catamarca, Santa Fe y Buenos Aires sumaron 30.000 ha (Panorama EEOC, 2018). La producción nacional está basada en pocos cultivares de garbanzo (Norteño, Chañaritos S-156, Kiara UNC-INTA, Felipe UNC-INTA, TUC 403, TUC 464 y TUC G 470) con adaptabilidad amplia. Las variedades Chañaritos S-156 y Norteño ocupan la mayor parte de la superficie cultivada, aunque comenzaron a difundirse Kiara y Felipe, muy relacionadas genéticamente con Norteño.

Debido a que el área cultivada con garbanzo está creciendo de manera sostenida, sería importante disponer de nuevos materiales mejor adaptados a diferentes condiciones agroecológicas tanto en áreas tradicionales como de expansión. La Universidad Nacional de Córdoba cuenta con una colección de germoplasma que incluye tanto materiales de centros internacionales (ICARDA; ICRISAT; IFAP-UCO) como variedades locales, líneas

y cultivares obtenidos por el propio programa de mejora del garbanzo desarrollado por la Universidad Nacional de Córdoba, INTA y Universidad Nacional de Salta. Conocer la variabilidad fenotípica de estos materiales es importante para el diseño de futuros cruzamientos con fines específicos de mejora. La caracterización genética de las colecciones de germoplasma puede estimarse utilizando diferentes métodos que van desde los convencionales como el uso de listas de descriptores morfológicos, métodos bioquímicos y moleculares (Carvalho, 2004). En garbanzo los descriptores morfológicos son muy utilizados para la descripción de los materiales genéticos, incluso la UPOV (Unión Internacional para la Protección de Obtenciones Vegetales) acepta un total de 19 caracteres morfológicos para la descripción de variedades de garbanzo. Los objetivos del presente trabajo fueron caracterizar 93 accesiones de garbanzo con descriptores morfo agrónomicos cuantitativos, evaluar la variabilidad fenotípica de los materiales genéticos, determinar los descriptores morfo agrónomicos que efectivamente contribuyen a la discriminación de las accesiones estudiadas y obtener una función canónica que permita clasificar nuevas accesiones según su origen.

MATERIALES Y MÉTODOS

Se estudiaron 93 accesiones de garbanzo de diferentes orígenes pertenecientes a la colección de la Universidad Nacional de Córdoba. Se incluyeron genotipos tipo Desi, tipo Kabuli, líneas seleccionadas en Argentina de material local tipo mexicano, líneas derivadas de cruzamientos intraespecíficos Desi x Kabuli y cuatro cultivares argentinos (tabla 1).

El ensayo se realizó en el departamento de Cerrillos (Salta) que posee un régimen de precipitaciones monzónico (800 mm anuales) y un tipo de suelo ustocrepto údico de acuerdo con la clasificación de Vargas Gil (1999).

El ensayo experimental consistió en un único bloque que contenía la totalidad de las accesiones, cada una de ellas sembrada en una línea de 4 m de longitud y a una distancia entre líneas de 0,70 m, con una densidad de siembra de 10 semillas por metro lineal. Esta estrategia permitió disponer de una apropiada población de plantas en la línea para sostener las condiciones del muestreo.

La caracterización de las accesiones se realizó sobre cinco plantas (réplicas) en competencia plena, escogidas aleatoriamente dentro de las que cumplían dicha condición. Se evaluaron en total 17 descriptores morfo agronómicos cuantitativos de planta, tallo, hoja y fruto, reconocidos por International Center for Agricultural Research in the Dry Areas (ICARDA), International Crops Research Institute for the Semi-Arid Tropics (ICRISAT) y Unión Inter-

nacional para la Protección de las Obtenciones Vegetales (UPOV) (tabla 2).

Se utilizaron estadísticos simples (promedio, amplitud, desvío estándar y coeficiente de variación %) para describir el comportamiento de las distintas accesiones con respecto a los descriptores cuantitativos analizados. Aplicando el coeficiente de correlación de Pearson se estimó la magnitud y el signo de la asociación entre cada par de descriptores.

A partir de los datos registrados se confeccionó una matriz de perfil multivariado a partir de la cual se originó una matriz de distancias euclídeas para estimar las relaciones fenotípicas entre pares de accesiones. Por un lado, la visualización de las relaciones fenotípicas generadas en la matriz de distancia se realizó a través de un dendrograma utilizando el método UPGMA (Unweighted Pair Group Method using Arithmetic Average). Como métodos de validación de los agrupamientos se estimaron coeficientes de correlación (r_c) entre los datos de distancia de la matriz original y los de la matriz cofenética correspondiente y, por otro lado, se aplicó la estrategia de Bootstrapping-resampling para simular pseudomuestras con las que repetir el clustering y evaluar la frecuencia con la que se repitió cada agrupamiento.

Se realizó Análisis de Componentes Principales (ACP). Utilizando el criterio de Kaiser, se seleccionaron las componentes cuyos autovalores fueron ≥ 1 (Cuadras, 2010). Este

1. España (Kabuli)									
Pringao	Juano	CA-2156	CA-2139						
2. India (Desi)									
JG-62	CPS-1	WR-315	PV-1	P-2245					
3. Argentina (Kabuli)									
Kiara	Chañaritos	Felipe	Norteño						
Líneas argentinas de tipo Mexicano (Kabuli)									
Mex-28	Mex-39	Mex-14	Mex-11	Mex-98	Mex-54	Mex-61	Mex-38		
Mex-56	Mex-24	Mex-51	Mex-31	Mex-122	Mex-60	Mex-58			
Mex-15	Mex-13	Mex-36	Mex-22	Mex-1	Mex-4	Mex-42			
4. Siria (Kabuli)									
I-25215	I-25237	I-25236	I-25218	I-25247	I-25220	I-25214	I-5125	I-5106	I-5218
I-25227	I-25213	I-25224	I-25231	I-5235	I-5239	I-5228	I-5115	I-5210	I-5203
I-25219	I-25222	I-25212	I-25126	I-5122	I-5243	I-5226	I-5116	I-5232	I-5214
I-25217	I-25230	I-25243	I-25204	I-5145	I-5221	I-5124	I-5130	I-5104	Gen27125 EST54
5. Líneas del cruzamiento Desi x Kabuli (JG62 x ILC 72)									
J- 72	J- 95	J- 64	J- 90	J- 98	J- 22	J- 60	J- 75	J- 96	
J- 56	J- 71	J- 61	J- 19	J- 86	J- 55	J- 84	J- 32		
6. Rusia (Kabuli)									
ILC-72									

Tabla 1. Listado de las 93 accesiones de garbanzo estudiadas con su denominación y origen.

análisis se realizó sobre la matriz de distancia aplicando la estandarización para las variables estudiadas y los resultados se visualizaron en un biplot. Por último, se realizó un análisis discriminante. Los grupos definidos *a priori* se establecieron sobre el origen geográfico de las accesiones:

Variable	Abreviatura
Longitud de folios	LONGF
Ancho de los foliolos	ANCHF
Número de foliolos por hoja	NFH
Número de ramas con vainas	NRCV
Longitud de canopia	LONGC
Ancho de canopia	ANCHC
Longitud de vaina	LONGV
Ancho de vaina	ANCHV
Número de semillas por planta	NSP
Número de vainas por planta	NVP
Altura de inserción de la primera vaina	ALTPV
Peso de 100 semillas	P100S
Longitud de semilla	LONGS
Ancho de semilla	ANCHS
Rendimiento por planta	RTOP
Altura de planta	ALTP
Número de semillas por vaina	NSV

Tabla 2. Caracteres morfo agronómicos de garbanzo evaluados.

Argentina, España, Siria e India. Las líneas producto de cruzamiento entre (JG62xILC-72) y ILC-72 no fueron incluidas en este análisis, el primero por no corresponder su origen a ningún grupo geográfico definido y el segundo por ser la única observación del grupo.

Todos los análisis estadísticos fueron realizados con el programa Infostat versión 2013 (Di Rienzo *et al.*, 2013), a excepción del Bootstrapping, el cual se realizó con el software R Studio, paquete *pvclust* (Suzuki y Shimodaira, 2015).

RESULTADOS

Los estimadores puntuales para los diferentes descriptores se resumen en la tabla 3. Los coeficientes de variación estimados oscilan entre 7,45% al 65,86%. Los caracteres que presentaron una variabilidad mayor al 30% fueron: número de ramas con vainas, número de semillas y vainas por planta, peso de 100 semillas y rendimiento por planta. En contraposición, las variables número de foliolos por hoja, ancho de canopia, longitud y ancho de vaina, longitud y ancho de semilla fueron las que presentaron una menor variabilidad relativa.

Un total de 77 correlaciones fueron significativas con valores entre 0,25 y 0,94, mientras que 5 de los coeficientes estimados fueron altamente significativos (tabla 4).

El valor correlación significativo más alto ($r=0,94$) correspondió a las variables número de vainas y semillas por planta, con un coeficiente de determinación (r^2) igual a 0,88, es decir, que el 88% de estas variables podría explicarse por una relación lineal entre ellas. En la figura 1 se

Variable	Media	DE	CV	Amplitud
NFH	13,51	1,01	7,45	11,00 - 16,00
LONGF	1,68	0,23	13,85	1,30 - 2,70
ANCHF	0,99	0,22	21,65	0,50 - 1,50
LONGC	43,03	10,93	25,40	24,20 - 80,00
ANCHC	86,94	9,46	10,89	66,50 - 115,20
ALTP	70,03	9,38	13,40	50,30 - 88,00
ALTPV	32,72	6,62	20,24	19,30 - 49,80
NRCV	6,78	4,46	65,86	2,80 - 37,80
NVP	155,01	81,25	52,41	28,80 - 382,50
NSV	1,22	0,19	15,59	1,00 - 1,90
ANCHV	11,73	1,26	10,78	8,70 - 13,70
LONGV	24,65	2,75	11,14	18,10 - 29,90
ANCHS	8,11	0,97	12,00	5,50 - 9,60
LONGS	9,65	1,07	11,12	7,20 - 12,30
NSP	190,68	115,47	60,56	40,30 - 692,20
P100S	41,95	13,50	32,19	14,20 - 64,90
RTOP	63,83	20,94	32,81	15,90 - 114,90

Tabla 3. Estadísticos descriptivos de caracteres cuantitativos evaluados en las accesiones de garbanzo.

presenta un diagrama del perfil multivariado para las accesiones y caracteres estudiados. Se observa que para los caracteres número de folíolos por hoja, ancho y longitud de foliolo, vaina y semilla, las accesiones no mostraron diferencias significativas. Por el contrario, las variables número de semillas y vainas por planta y rendimiento por planta permitieron, individualmente, diferenciar las accesiones J-56, J-86 y Mex-4 del resto de los materiales.

En el dendrograma (figura 2), validado por un coeficiente de correlación cofenética de 0,84, se conformaron tres grupos avalados por valores de AU (Aproximación insesgada) mayores al 95%. El grupo I está conformado por las accesiones I5106 e I5239, el grupo II está formado por accesiones de orígenes diversos, incluye accesiones tipo Desi (CPS-1, WR-315 y P2245), materiales producto del cruzamiento de los garbanzos tipo Desi x Kabuli (J-86, J-84, J-90, J-19, J-96, J-56, J-60, J-98, J-64, J-61 y J-55), accesiones de ICARDA, mexicanos y también incluye al cultivar comercial Chañaritos. El grupo III está conformado por 48 accesiones, las cuales corresponden al tipo Kabuli, excepto J-95 que proviene del cruzamiento Desi x Kabuli, también incluye a tres variedades comerciales argentinas (Norteño, Felipe y Kiara).

Del análisis de componentes principales se informan las primeras cinco componentes (CP) que explican el 78% de la varianza total acumulada. Las cuatro primeras presentaron autovalores mayores que 1, destacando C1, cuyo

autovalor de 7,56 indicaría que la cantidad de información contenida es equivalente a siete de las variables originales analizadas (tabla 5).

Los autovectores reportados en la tabla 6 muestran los coeficientes con que cada variable original fue ponderada para conformar las C1 y C2. Al construir la componente 1, las variables número de semillas y vainas por planta tuvieron la contribución negativa más alta, mientras que ancho y longitud de vaina y semilla y peso de 100 semillas mostraron los valores positivos más altos. Todas estas variables obtuvieron valores absolutos superior a 0,8. La variable rendimiento por planta fue la de mayor peso positivo en la construcción de C2, sin embargo, esta componente solo explicó un 12% de la variación total entre los materiales, por lo que sería conveniente analizar la proyección de las variables solo sobre C1. La proyección de las accesiones sobre C1 permite claramente dos grupos (figura 3). El grupo de la izquierda (grupo I) incluye el 70,58% de las entradas con denominación J y las accesiones tipo Desi de origen indio (CPS-1, PV-1, WR-315 y P-2245). Este grupo de genotipos se diferencia del resto por presentar menor tamaño de semilla y vaina y menor peso de 100 semillas y mayor número de vainas y semillas por planta, mientras que hacia la derecha se agrupan los garbanzos tipo Kabuli (grupo II), caracterizados por presentar mayor tamaño de vaina y semillas y menor número de vainas y semillas por planta.

VARIABLES	NFH	LONGF	ANCHF	LONGC	ANCHC	ALTP	ALTPV	NRCV	NVP	NSV	NSP	ANCHV	LONGV	ANCHS	LONGS	P100S	RTOP
NFH	1																
LONGF	-0,1	1															
ANCHF	0,02	0,79**	1														
LONGC	-0,12	0,31**	0,33*	1													
ANCHC	0,06	0,17	0,35**	0,12	1												
ALTP	0,07	0,42**	0,52**	0,44**	0,44**	1											
ALTPV	0,04	0,49**	0,56**	0,4**	0,4**	0,77**	1										
NRCV	0,01	-0,02	-0,04	-0,08	0,1	0,21*	0,04	1									
NVP	0,23*	-0,5	-0,63**	-0,26**	-0,26**	-0,42**	-0,53**	3,20E-03	1								
NSV	-0,09	-0,22	-0,3	-0,16	-0,16	-0,28**	-0,31**	3,20E-03	0,23*	1							
NSP	0,16	-0,49**	-0,62**	-0,27**	-0,27**	-0,44**	-0,55**	-4,30E-03	0,94**	0,47**	1						
ANCHV	-0,05	0,52**	0,7**	0,19*	0,32**	0,57**	0,58**	0,07	-0,7**	-0,24*	-0,69**	1					
LONGV	-0,11	0,47**	0,58**	0,17	0,28**	0,41**	0,38**	0,03	-0,61**	-0,25*	-0,59**	0,75**	1				
ANCHS	0,08	0,39**	0,61**	0,15	0,4	0,46**	0,44**	-0,03	-0,59**	-0,48**	-0,64**	0,78**	0,8**	1			
LONGS	0,04	0,38**	0,59**	0,15	0,34**	0,35**	0,32**	-0,03	-0,64**	-0,51**	-0,68**	0,73**	0,74**	0,87**	1		
P100S	0,09	0,4	0,65**	0,16	0,38**	0,46**	0,4	-0,02	-0,63**	-0,48**	-0,67**	0,77**	0,77**	0,92**	0,92**	1	
RTOP	0,33**	-0,14	-0,04	-0,05	0,14	0,11	-0,18*	0,07	0,56**	-0,09	0,48**	-0,03	-2,90E-03	0,17	0,05	0,17	1

Tabla 4. Coeficientes de correlación de Pearson entre descriptores cuantitativos de garbanzo. Donde NFH: Número de folíolos por hoja; LONGF: Longitud de foliolo; ANCHF: Ancho de foliolo; LONGC: Longitud de canopia; ANCHC: Ancho de canopia; ALTP: Altura de planta; ALTPV: Altura de inserción a la primer vaina; NRCV: Número de ramas con vainas; NVP: Número de vainas por planta; NSV: Número de semillas por vaina; NSP: Número de semillas por planta; ANCHV: Ancho de vaina; LONGV: Longitud de vaina; ANCHS: Ancho de semilla; LONGS: Longitud de semilla; P100S: Peso de 100 semillas; RTOP: Rendimiento por planta.

** Nivel de significación del 1%;

* Nivel de significación del 5%

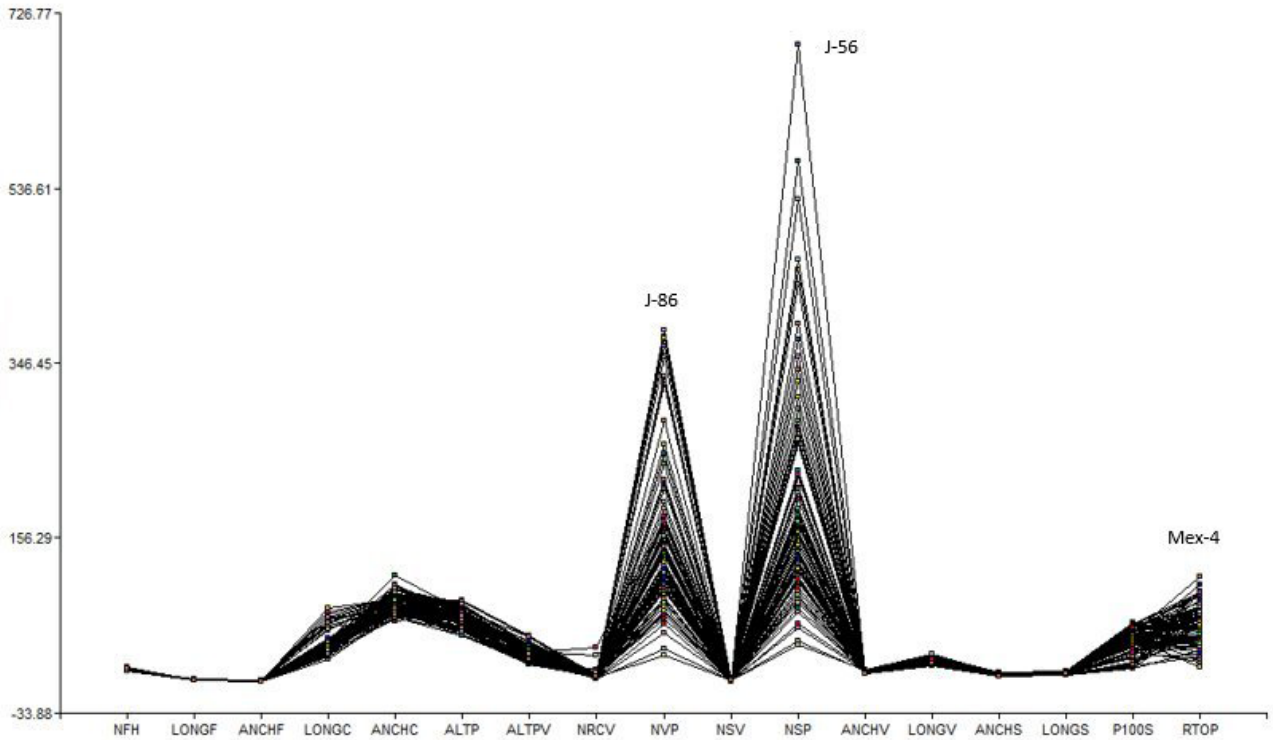


Figura 1. Diagrama de perfil multivariado de las 93 accesiones de garbanzo en torno a las variables cuantitativas.

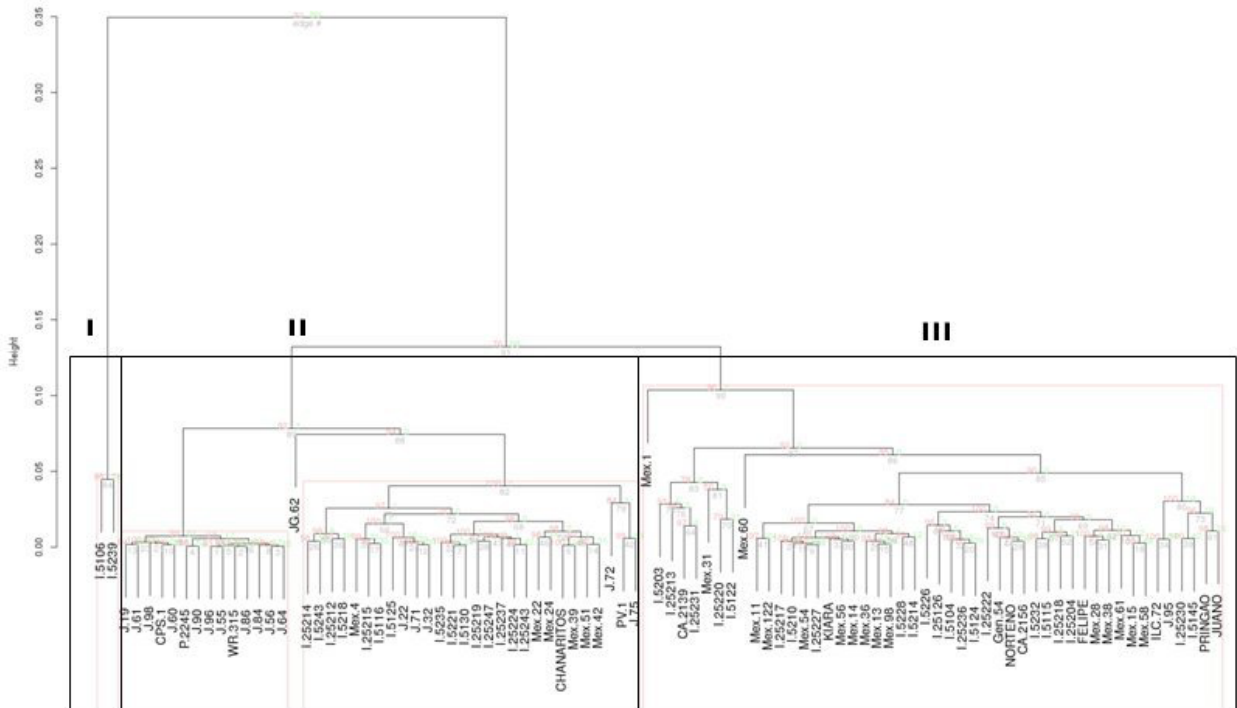


Figura 2. Dendrograma realizado a partir de distancias euclídeas entre 93 accesiones de garbanzo. Los recuadros muestran grupos con valores de $p \geq 95\%$, AU (Aproximación inesgada) a la izquierda y BP (probabilidad de bootstrap) a la derecha.

Componente	Autovalor	Proporción	Proporción acumulada
1	7,56	0,44	0,44
2	2,01	0,12	0,56
3	1,58	0,09	0,66
4	1,11	0,07	0,72
5	0,95	0,06	0,78

Tabla 5. Tabla de autovalores y proporción de la varianza absoluta total explicada (%) y acumulada (%) en el análisis de Componentes Principales para datos cuantitativos de 93 accesiones de garbanzo.

Variable	C1	C2	Variable	C1	C2
NFH	-0,05	0,59	NSV	-0,48	-0,25
LONGF	0,65	-0,21	ANCHV	0,88	0,07
ANCHF	0,82	-0,02	LONGV	0,81	0,12
LONGC	0,35	-0,20	ANCHS	0,86	0,33
ANCHC	0,46	0,28	LONGS	0,83	0,23
ALTP	0,66	0,12	NSP	-0,84	0,37
ALTPV	0,68	-0,13	P100S	0,87	0,32
NRCV	0,02	0,13	RTOP	-0,11	0,89
NVP	-0,83	0,44			

Tabla 6. Autovectores para el CP1 y el CP2 en el análisis de componentes principales para datos morfo agronómicos de 93 accesiones de garbanzo.

El test de Bartlett de homogeneidad de matrices de covarianza avaló el uso de una función discriminante lineal ($p > 0,9999$).

Definiendo cuatro grupos *a priori* basados en el origen de los materiales, se generaron tres funciones discriminantes o ejes canónicos (EC), aunque solo los dos primeros acumularon el 92,99% de la variación total entre grupos (tabla 7).

Con el análisis discriminante se obtuvo una función discriminante canónica (tabla 8).

La primera función lineal discriminante puede expresarse como:

$$F = -11,52 + 0,23(NFH) + 1,20(LONGF) + 0,52(ANCHF) - 2,7E-03(LONGC) + 0,01(ANCHC) - 0,04(ALTP) - 4,5E-04(ALTPV) - 1,7E-03(NRCV) - 0,02(NVP) - 0,39(ANCHV) -$$

$$0,13(LONGV) + 1,30(ANCHS) + 0,13(LONGS) + 1,5E-03(NSP) + 0,09(P100S) + 0,03(RTOP)$$

Este valor F permitirá proyectar cada nueva accesión en el plano del primer eje canónico y asignarla a un grupo. La función discriminante obtenida permitirá, en el futuro, clasificar nuevas accesiones de garbanzo del banco en alguno de los grupos de origen de acuerdo con el valor que asumen para esas entradas las 16 variables que conforman esta función (Di Rienzo *et al.*, 2013).

Sobre los ejes canónicos 1 y 2 (EC1 y EC2), nuevamente las variables que contribuyeron más a la discriminación en-

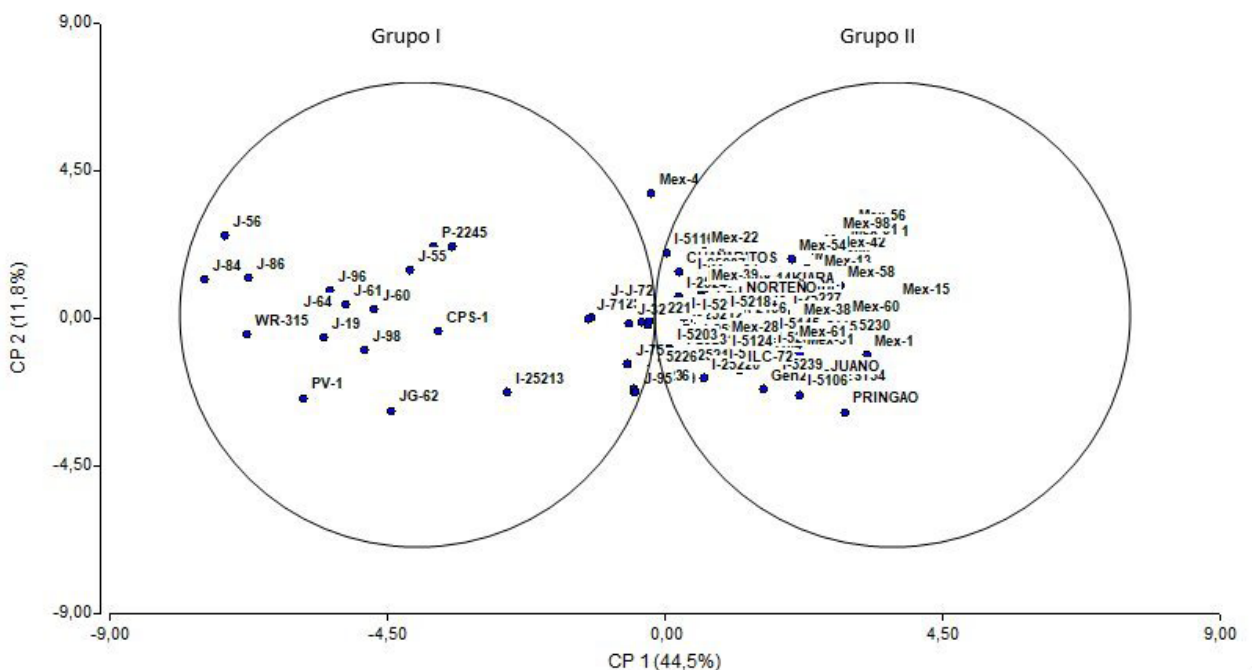


Figura 3. Representación biplot de la distribución espacial de las variables morfo-agronómicas y agrupamiento de las accesiones de garbanzo sobre las componentes principales 1 y 2.

Eje canónico	Autovalores	Proporción varianza (%)	Proporción varianza acumulada (%)
1	5,62	68,81	68,81
2	1,97	24,19	92,99
3	0,57	7,01	100,00

Tabla 7. Autovalores y variabilidad absoluta y acumulada de los tres ejes canónicos obtenidos por Análisis Discriminante para 93 accesiones de garbanzo.

Variables	EC1	EC2
Constante	-11,52	5,60
NFH	0,23	-0,65
LONGF	1,20	-1,81
ANCHF	0,52	2,96
LONGC	-2,7E-03	0,01
ANCHC	0,01	0,03
ALTP	-0,04	0,05
ALTPV	-4,5E-04	0,02
NRCV	-1,7E-03	0,06
NVP	-0,02	-0,02
ANCHV	-0,39	0,55
LONGV	-0,13	0,11
ANCHS	1,30	0,32
LONGS	0,13	-1,27
NSP	-1,5E-03	-5,2E-03
P100S	0,09	-0,04
RTOP	0,03	0,02

Tabla 8. Funciones discriminantes canónicas para los ejes canónicos 1 y 2 obtenidas por análisis discriminante en el total de 75 accesiones de garbanzo.

Variables	EC1	EC2
NFH	0,19	-0,54
LONGF	0,25	-0,37
ANCHF	0,07	0,40
LONGC	-0,03	0,06
ANCHC	0,09	0,27
ALTP	-0,32	0,35
ALTPV	0,02	0,09
NRCV	-5,4E-04	0,19
NVP	-0,84	-0,90
ANCHV	-0,29	0,41
LONGV	-0,22	0,18
ANCHS	0,52	0,13
LONGS	0,07	-0,67
NSP	-0,10	-0,04
P100S	0,51	-0,23
RTOP	0,67	0,40

Tabla 9. Funciones discriminantes, datos estandarizados de garbanzo con las varianzas comunes para los ejes canónicos 1 y 2.

tre grupo fueron número de vainas por planta, rendimiento por planta y longitud de semilla (tabla 9).

La tabla 10 de clasificación cruzada indica una tasa promedio de error de clasificación del 4%. Las accesiones de garbanzo de los grupos de Argentina e India se identificaron dentro de su grupo de origen sin error (0%). El error máximo de agrupamiento se dio en las accesiones pertenecientes al grupo España, cuya asignación errónea ubicó a tres de ellas dentro del grupo de Argentina.

En el diagrama de dispersión sobre el plano generado por los EC 1 y 2 se visualizan las elipses de predicción e intervalo de confianza que incluyen el 95% de las proyecciones de las accesiones centradas alrededor de sus respectivos orígenes (figura 4). Se reconoce que la elipse que incluye las accesiones de origen India y España presentan un mayor intervalo de confianza (área de la elipse). Puede observarse que el conjunto de accesiones

dentro de cada grupo presenta una dispersión diferente a las de los otros dos grupos.

DISCUSIÓN Y CONCLUSIONES

El coeficiente de variación estimado para los diferentes caracteres investigados es indicativo de su potencial como atributos de referencia para ser utilizados en la selección de nuevos cultivares en un programa de mejora genética. Esto se corresponde con lo referido por Emigh y Goodman (1985) que sugieren que aquellos caracteres que son altamente variables son los que más discriminan y permiten la clasificación de las accesiones, en contraposición a aquellos que tienden a ser poco variables. Los resultados de los estadísticos simples revelan la ocurrencia de heterogeneidad entre las accesiones para las características investigadas, presumiblemente asociadas a efectos genéticos cuantitativos. En este estudio las variables NVP y P100S

Grupo	Argentina	España	India	Siria	Total	Error (%)
Argentina	26	0	0	0	26	0,00
España	1	3	0	0	4	25,00
India	0	0	5	0	5	0,00
Siria	0	2	0	38	40	5,00
Total	27	5	5	38	75	4,00

Tabla 10. Tabla de clasificación cruzada para el análisis discriminante de 75 accesiones de garbanzo. En fila se representa el grupo al que pertenece la accesión y en columnas el grupo al que se asignó esta al usar la función discriminante.

presentaron valores altos de CV, similares a los obtenidos por Archak *et al.* (2016) y Kumar y Bahl (1992), lo cual sugiere que podrían resultar útiles para la discriminación y la selección.

Correlaciones positivas e importantes se obtuvieron entre los pares de variables P100S-LONGS y P100S-AN-CHS. En consecuencia, podría esperarse que el tamaño de semilla resulte fuertemente determinante del peso de esta. Cuando se seleccionan materiales genéticos de garbanzo con mayor peso de semilla debe también tenerse en cuenta la forma (longitud y ancho) ya que el valor comercial está asociado con granos de dimensiones proporcionadas. Este es un descriptor de importancia económica cuando se requiere realizar transacciones comerciales para exporta-

ción, ya que la demanda del mercado internacional requiere garbanzos de grano grande (Carreras, 1999). La fuerte correlación positiva entre estas variables permitiría reducir el número de atributos para considerar en futuras evaluaciones de los materiales genéticos de garbanzo disponibles en el banco de germoplasma. También se determinó en este trabajo una significativa correlación positiva entre NVP y RTOP (0,56), lo cual podría relacionarse con los tipos de materiales genéticos utilizados en esta investigación. Esta correlación estimada es, en este caso, la única que vincula un componente con el rendimiento por planta. Kumar y Bahl (1992) en un estudio comparativo en el que realizaron selección indirecta para rendimiento usando como índices de selección NVP, tamaño de semilla, producción por planta y NSV encontraron como mejores índices para

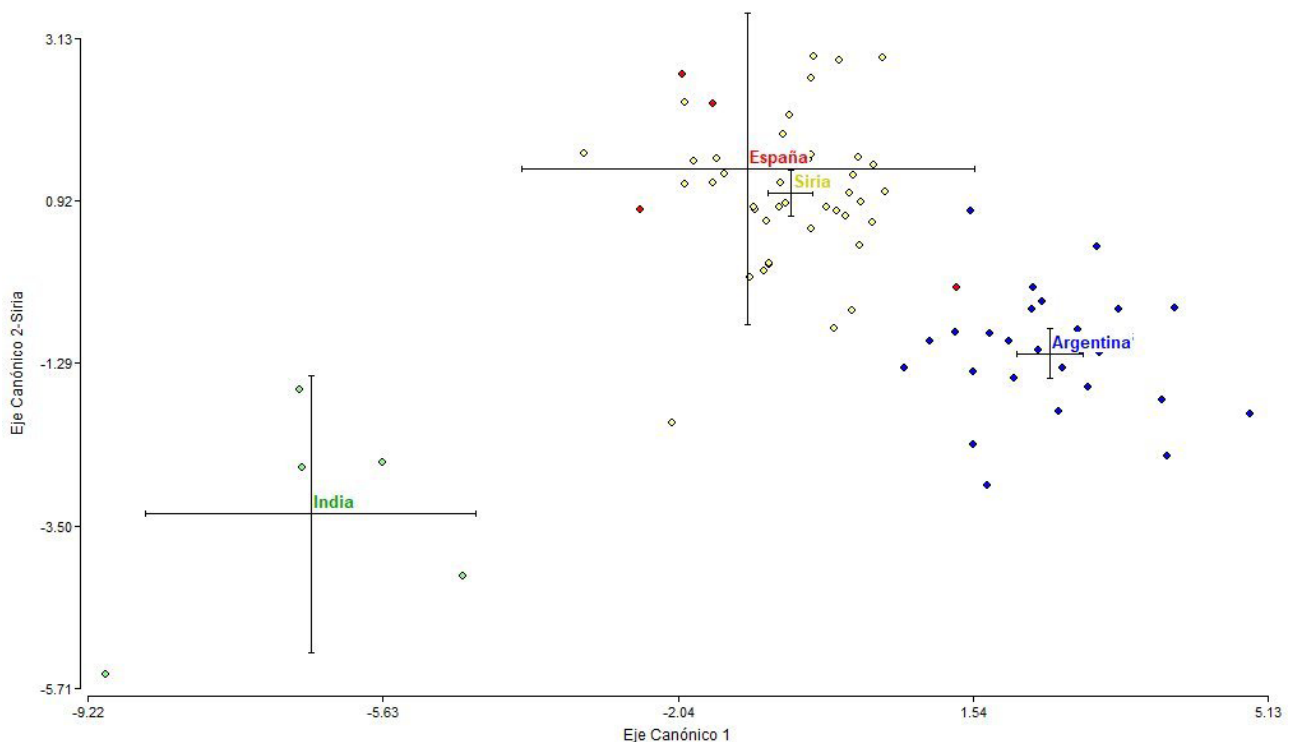


Figura 4. Representación de accesiones de garbanzo por origen y correspondientes Intervalos de confianza (b).

Referencias: Accesiones Verde pertenecen al grupo de origen India; Amarillo: Siria; Rojo: España; y Argentina: Azul.

rendimiento el NVP y el tamaño de semilla. En este trabajo, por una parte, los componentes de peso y volumen de semillas resultan asociados positivamente entre sí, pero negativamente correlacionados con el NVP. Debido a ello se pone en evidencia que se tratan de efectos competitivos en la determinación del RTOP, ya que, si se incrementara el NVP, redundaría en una significativa reducción de volumen y peso de la semilla. Este efecto de compensación explica la relativamente baja determinación del número de vainas sobre el rendimiento por planta (de apenas el 31,3%), lo que sugiere que los componentes de tamaño y peso de semilla contribuyen indirectamente al RTOP. Por otra parte, y en coincidencia con Padmavathi *et al.* (1995) la detección de elevadas correlaciones entre descriptores puede ser valiosa al momento de ser utilizada como herramienta tanto en selección directa como indirecta para incrementar productividad. La correlación negativa obtenida en este estudio entre las variables P100S y NVP coincide con el trabajo realizado de correlación por Pundir (1988) en una población de 12.010 individuos de garbanzo.

En el análisis del perfil multivariado los caracteres que permitieron la mayor diferenciación de las accesiones fueron NSP, NVP y RTOP. Este resultado es similar al obtenido por Cantarutti *et al.* (2016) a pesar de que trabajó con solo 22 materiales resultantes del cruzamiento entre JG-62 y ILC-72.

Producto de la caracterización morfológica en las 93 accesiones de garbanzo, se determinó que existe variabilidad fenotípica, ya que por medio del análisis de conglomerados se dio la conformación de cuatro grupos diferenciados, lo que fue una de las principales diferencias entre los grupos P100S, ALTP, NVP y NSP.

En el ACP se encontró que las tres primeras componentes principales explicaron el 66% de la variabilidad total, donde el primer componente aportó 44% de ese total. Resultado similar al obtenido por Shagarodsky *et al.* (2001) al trabajar con 19 entradas de distintos orígenes, en el cual las tres primeras componentes explicaron el 64,3% de la variabilidad total. En el CP1 las variables de mayor peso fueron: NVP, NSP, tamaño de vaina y semilla, P100S, LONGF, ALTP y ALTPV. Este resultado coincide parcialmente con Archak *et al.* (2016), en que las variables NVP, P100S y ALTP fueron determinantes en el CP1. En general se aprecia una gran variabilidad en el conjunto de accesiones de garbanzo estudiadas con los 17 descriptores morfo agronómicos evaluados. Los caracteres seleccionados mediante el análisis de componentes principales han contribuido a la descripción de los dos tipos de garbanzo (Desi y Kabuli). Las variables que realizaron mayor contribución a la separación de los tipos fueron: NVP, NSP, tamaño de semillas, P100S y ALTP. Todos estos caracteres a excepción de ALTP son citados como importantes componentes del rendimiento en garbanzo (Kharrat *et al.*, 1991; Kumar y Bahl 1992; Maynez *et al.*, 1993; Rubio *et al.*, 1998). Los resultados obtenidos además prueban que la metodología utilizada fue la apropiada para diferenciar claramente los distintos tipos de materiales incluidos en el estudio.

Mediante el análisis discriminante se lograron detectar las variables morfo agronómicas que permitieron discriminar genotipos en la colección de garbanzos. Si bien hubo coincidencias con los resultados de ACP y con el gráfico de perfil multivariado en relación con los descriptores más discriminantes (NVP y NSP), este nuevo estudio permitió asignar probabilísticamente las accesiones a los diferentes grupos propuestos con buen grado de aceptabilidad ya que los niveles de confusiones son bajos. Este resultado coincide con el estudio realizado por Sosa *et al.* (2018) en el que trabajaron con 42 accesiones de orígenes diferentes y concluyeron que una de las variables más discriminantes fue el descriptor NVP. Un importante aporte a los programas de mejora genética de garbanzo fue haber obtenido una función canónica que permitirá en un futuro clasificar, con un valor de probabilidad asociado, nuevas accesiones del banco de germoplasma en alguno de los grupos de origen establecidos en este trabajo.

La información presentada permite concluir que existe variación fenotípica para todos los caracteres estudiados en las 93 accesiones evaluadas. Esta variabilidad puede ser utilizada para introducir con mayor seguridad diferente germoplasma y seleccionar los progenitores con los mayores contrastes genéticos en los programas de mejora de garbanzo y ampliar la base genética de este cultivo en Argentina, ya que actualmente se encuentra limitada a unos pocos cultivares emparentados entre sí.

AGRADECIMIENTOS

Al Proyecto INTA-AUDEAS-CONADEV, CIAC-940138 por la colaboración y apoyo durante el transcurso de este trabajo.

BIBLIOGRAFÍA

- ARCHAK, S.; RISHI, K.T.; HARER, P.N.; MAHASE, L.B.; SINGH, N., DAHIYA OM, P.; ABDUL, N.M., SINGH, M.; TILEKAR, V.; KUMAR, V.; DUTTA, M.; SINGH, N.P., BANSAL, K.C. 2016. Characterization of chickpea germplasm conserved in the Indian National Genebank and development of a core set using qualitative and quantitative trait data. *The Crop Journal* 4. 417-424 pp.
- CANTARUTTI, N.; LUCARELLI, L.; SOLONYENZY, K. 2016. Caracterización multivariada de genotipos de garbanzo según caracteres morfológicos y de rendimiento. Universidad Nacional de Córdoba.
- 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. 144 p.
- CARRERAS, J. 2013. Establecimiento de bases genéticas para la mejora del garbanzo (*Cicer arietinum* L.) en Argentina. Tesis doctoral. UCO-España.
- CARRERAS, J.; MAZZUFERI, V.; KARLIN, M. 2016. El Cultivo de Garbanzo (*Cicer arietinum* L.) en Argentina. 1.ª ed. Universidad Nacional de Córdoba. Córdoba.
- CUADRAS, C.M. 2010. Nuevos Métodos de Análisis Multivariantes. CMC Editions. Barcelona. 285 p.
- DI RIENZO, J.A.; CASANOVES, F.; BALZARINI, M.G.; GONZALEZ, L.; TABLADA, M.; ROBLEDO, C.W. 2013. InfoStat, versión 2013,

- Grupo InfoStat, FCA, Universidad Nacional de Córdoba, Argentina. (Disponible: <http://www.InfoStat.com.ar> verificado: mayo de 2020).
- EEOC (ESTACIÓN EXPERIMENTAL OBISPO COLOMBRES). 2018. PANORAMA Campaña de poroto 2018. Siembra de garbanzo. Tucuman. (Disponible: <http://www.eeaoc.org.ar/tematica/44/Legumbres-secas.html> verificado: mayo de 2020).
- EMIGH, T.H.; GOODMAN, M.M. 1985. Multivariate analysis in nematode taxonomy. En: BARKER, K.R.; CARTER, C.E.; SASSER, J.N. (eds.). An advanced treatise on Meloidogyne. Vol. II methodology. North Carolina State University Graphics. Raleigh, N.C. 197-204 pp.
- FAO. 2016. El estado mundial de la agricultura y la alimentación. Roma.
- FELSENSTEIN, J. 1985. Confidence limits on phylogenies: An approach using the bootstrap. *Evolution* 39:783-791.
- ICARDA. 1993. Food legume improvement Program. Annual Report for 1993. ICARDA, Aleppo, Syria, 284 p.
- ICRISAT. 1984. The seventh International Pearl Millet Adaptation Trial (IPMAT 7), 1981. Patancheru, A.P. 502 324, India: International Crops Research Institute for the Semi-Arid Tropics (Limited distribution.)
- JENSEN, E.S.; HAUGGAARD NIELSEN, H. 2003. How can increased use of biological N₂ fixation in agriculture benefit the environment? *Plant and Soil* 252:177-186.
- KHARRAT, M.; BEN SALAH, H.; HALILA, H.M. 1991. Faba bean status and prospects in Tunisia. *Options Méditerranéennes. Série Séminaires*, 10: 169-172.
- KUMAR, J.; BAHL, P.N. 1992. Direct and indirect selection for yield in chickpea. *Euphytica* 60:197-199.
- MAYNEZ, M.; MOREMO, M.T.; GIL, J. 1993. Desi/Kabuli introgression for yield improvement in chickpea (*Cicer arietinum* L.). *J. Genet Breed* 47:61-64.
- MORENO, M.T.; CUBERO, J.I. 1978. Variation in (*Cicer Arietinum* L.). *Euphytica* 27:465-485.
- PADMAVATHI, P.V.; SREEMANNARAYANA MURTHY, S.; SATYANARAYANA RAO, V.; LAL AHAMED, M. 2013. Correlation and Path Coefficient Analysis in *Kabuli* Chickpea (*Cicer arietinum* L.). *International Journal of Applied Biology and Pharmaceutical Technology*. Volumen 4, Issue-3.
- PUNDIR, R.P.S.; REDDY, K.N.; MELAK, H. 1988. ICRISAT Chickpea germplasm catalog: evaluation and análisis. Catalog: Evaluation and Analysis. Volumen 1 de ICRISAT Chickpea Germplasm Catalog, Melak H. Mengesha. International Crops Research Institute for the Semi-Arid Tropics. Cornell University. 94 p.
- PUSHPAMMA, P.; GEERVANI, P. 1987. Utilisation of chickpea. En: SAXENA, M.C.; SINGH, K.B. (eds.). The Chickpea. CAB International, Wallingford, Reino Unido. 357-368 pp.
- RUBIO, J.; MORENO, M.T.; CUBERO, J.I.; 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.
- SHAGARODSKY, T.; CHIANG, M.L.; LÓPEZ, Y. 2001. Evaluación de cultivares de garbanzo (*Cicer arietinum* L.) en Cuba. *Agronomía Mesoamericana*, vol. 12, núm. 95-98 pp.
- SOSA, M.; CASTILLO, V.; FARFÁN, E.; DELGADO, R.; PE-REYRA, C.; CARRERAS, J.; COLLAVINO, G.; FÉKETE, A.; POCOVÍ, M. 2018. Análisis discriminante en la clasificación morfo agronómica de accesiones de garbanzo y comparación con grupos definidos a priori mediante microsatélites. Libro de Resúmenes del Congreso Argentino de Horticultura.
- SUZUKI, R.; SHIMODAIRA, H. 2015. Hierarchical Clustering with P-Values via Multiscale Bootstrap Resampling. Package: pv-clust. Versión: 2.0-0.
- TANNO, K.; WILLCOX, G. 2006. The origins of cultivation of *Cicer arietinum* L. and *Vicia faba* L.: early finds from Tell el-Kerkh, north-west Syria, late 10th millennium BP. *Vegetation History and Archaeobotany* 15 (3): 197-204.
- UPOV. 2005. International Union for Protection of Vegetal Obtaining.
- VARGAS GIL, J.R. 1999. Carta de suelos de la República Argentina, provincia de Salta- Valle de Lerma. EEA INTA Cerillos. Salta.