

INTERACCIÓN GENOTIPO-AMBIENTE EN AVENA SATIVA L. UTILIZANDO LOS MODELOS AMMI Y FACTORIAL DE CORRESPONDENCIAS¹

HORACIO ABEL ACCIARES² y HUGO OSCAR CHIDICHIMO²

RESUMEN - El objetivo fue (i) determinar la presencia de interacción genotipo-ambiente (IGA) en la producción forrajera de avena (*Avena sativa* L.) de genotipos tolerantes y no tolerantes a *Schizaphis graminum* empleando un número bajo de ambientes en la provincia de Buenos Aires (Argentina) mediante los modelos de efectos principales aditivos e interacción multiplicativa (AMMI) y análisis factorial de correspondencias (AFC) y (ii) comparar los resultados obtenidos por ambos métodos. Los ensayos se condujeron en La Dulce (Argentina) y La Plata (Argentina) (1993, 1994 y 1995). Se evaluaron 12 genotipos (comerciales y líneas avanzadas) en 12 ambientes (combinación de localidad, años y cortes). Los factores ambiente, genotipo e interacción explicaron un 41,15% ($p < 0,001$), 7,88% ($p < 0,05$) y 36,36% ($p < 0,001$) de la suma de cuadrados del total respectivamente. El modelo AMMI mostró los tres primeros ejes del análisis de componentes principales (ACP) altamente significativos ($p < 0,001$), explicando un 57,99%, 29,03% y 6,27% de la suma de cuadrados de la interacción respectivamente. Las tres primeros ejes del AFC explicaron un 58,98%, 29,58% y 5,60% de dicha suma de cuadrados, respectivamente. El uso conjunto de ambos métodos surge como una herramienta muy útil para reflejar y caracterizar la existencia de interacción genotipo-ambiente en avena.

Términos para índice: producción forrajera, modelos multivariantes, *Schizaphis graminum*, mejoramiento genético.

GENOTYPE-ENVIRONMENT INTERACTION IN AVENA SATIVA L. EMPLOYING AMMI AND FACTORIAL CORRESPONDENCE MODELS

ABSTRACT - The objective of this study was (i) to determine the presence of genotype-environment interaction (GxE) in *Avena sativa* L. for above dry matter yield of *Schizaphis graminum* tolerant and non-tolerant genotypes according to two different models: additive main effects and multiplicative interaction (AMMI) and factorial correspondence analysis; and (ii) to study and compare the results obtained with these models. Twelve genotypes and 12 environments were conducted at La Dulce and La Plata (Argentina) during three years (1993, 1994 and 1995). The environment (E), genotype (G) and GxE factors explained a 41.15%, 7.88% and 36.36% of the total sum of square, respectively. The first three axes of principal component analysis of AMMI were highly significant ($p < 0.001$), explaining a 57.99%, 29.03% and 6.27% of interaction sum of square. The first three factorial correspondence coordinates accounted for 58.98%, 29.58% and 5.60% of the interaction sum of square. The relationships between tolerant genotypes-first clipping environments and non-tolerant genotypes-second clipping environments were reflected in the biplots of both models. The simultaneous use of AMMI and factorial correspondence analysis appeared as a useful methodology for the study of GxE interaction in the oat breeding for tolerance to *Schizaphis graminum*.

Index terms: forage yield, multivariate models, *Schizaphis graminum*, breeding improvement.

¹ Aceptado para publicación en 3 de febrero de 1999.

² Ing. Agr., M.Sc., Departamento de Producción Vegetal, Facultad de Ciencias Agrarias y Forestales. UNLP. CC 31 (1900) La Plata. Argentina. Comisión de Investigaciones Científicas de la Pcia Buenos Aires. E-mail: haaccia@arnet.com.ar

INTRODUCCIÓN

En Argentina se cultivan aproximadamente dos millones de hectáreas de avena (*Avena sativa* L.) destinándose aproximadamente un 70% para uso forrajero. Dentro de las adversidades que soporta el

cultivo, se encuentra *Schizaphis graminum*, pulgón verde de los cereales. El cultivo de avena es uno de los más sensibles a su ataque. El daño que ocasiona es una pérdida total del cultivo en ataques tempranos en pre-macollaje (2-3 hojas verdaderas) (Chidichimo & Arriaga, 1991). Los biotipos predominantes del áfido migran de los cultivos estivales (*Sorghum bicolor*) hacia los verdes invernales (avena), afectando el destino forrajero de este cereal (Chidichimo & Arriaga, 1991).

Dicho cereal posee una amplia área de cultivo dentro de la provincia de Buenos Aires abarcando distintas condiciones edafoclimáticas. Esta diversidad ambiental modifica el ordenamiento relativo de los distintos cultivares difundidos, condicionando el proceso de selección de genotipos próximos a inscripción ó la introducción de nuevo germoplasma.

Dado que las respuestas genotípicas en los distintos ambientes son multivariadas, más que univariadas (Lin et al., 1986) serán las técnicas multivariantes las que permitan describir e interpretar los efectos de la interacción genotipo-ambiente (Gauch Junior & Furnas, 1991).

Cuando se evalúan un alto número de genotipos y ambientes (a nivel regional ó continental), las técnicas multivariantes y de ordenación pueden ser utilizadas para establecer la naturaleza de la interacción, al poner de manifiesto las asociaciones existentes entre genotipos y ambientes y por la caracterización que realizan de los ambientes (Thomson & Cunningham, 1979).

El modelo AMMI ha sido empleado en trabajos de interacción genotipo-ambiente en distintos cultivos (Zobel et al., 1988; Crossa et al., 1990, 1991; Shafii et al., 1992). Este modelo multivariante ha resultado ser de suma utilidad en la explicación de la suma de cuadrados de la interacción en estudios que involucran una amplia diversidad ambiental ó ante un elevado número de ambientes (Riggs, 1986; Zobel et al., 1988; Gauch Junior & Furnas, 1991; Gauch Junior, 1992; Nachit et al., 1992).

El análisis factorial de correspondencias es una técnica de ordenación que establece las relaciones existentes entre variables en términos de su posición relativa respecto a dos ó más ejes de coordenadas. Su empleo en el estudio de la interacción genotipo-ambiente fue propuesto inicialmente por

Hill (1974) y revalorizado por Westcott (1986), aunque no se ha empleado aún en estudios de interacción genotipo-ambiente.

Hasta el presente en nuestro país no se han realizado estudios del efecto de la interacción genotipo-ambiente en la producción forrajera de avena implementando el modelo AMMI y el análisis factorial de correspondencias en forma conjunta. Por lo expuesto, la hipótesis de trabajo planteada establece que el análisis factorial de correspondencias puede ser una metodología tan eficiente como el modelo AMMI en la cuantificación de la interacción.

El objetivo del presente trabajo fue (i) determinar la presencia de interacción genotipo-ambiente en la producción forrajera de avena de genotipos tolerantes y no tolerantes a *Schizaphis graminum* empleando un número bajo de ambientes en la provincia de Buenos Aires (Argentina) y (ii) examinar y comparar los resultados obtenidos por el modelo AMMI y el análisis factorial de correspondencias aplicado a ensayos llevados a cabo durante el período 1993-1995.

MATERIAL Y METODOS

Los ensayos se condujeron durante los años 1993, 1994 y 1995 en las localidades de La Dulce (38°45'S, 58°30'W, Bs.As.) y La Plata (34°55'S, 57°57'W, Bs.As.). Dichas localidades se encuentran separadas por una distancia de 500 km. Los genotipos y ambientes evaluados se detallaron en el Cuadro 1. Estas localidades fueron elegidas por ser sitios de evaluación de genotipos de avena en los planes de mejoramiento de dicho criadero. Los materiales tolerantes a *Schizaphis graminum* pertenecen al Criadero A-1349 (INASE) Cátedra de Cerealicultura, Departamento de Producción Vegetal, Facultad de Ciencias Agrarias y Forestales (UNLP), La Plata, Argentina (Cuadro 2).

Los datos analizados corresponden a kilogramos de materia seca aérea (kg M.S./ha). Se realizaron dos cortes de material (1 m²/parcela). Las determinaciones evaluadas fueron: producción de materia seca/ha al 1^{er} corte (60 días desde la emergencia), producción de materia seca/ha al 2^{do} corte (100 días desde la emergencia). La densidad de plantas utilizada fue de 300 plantas/m². El diseño estadístico fue de bloques al azar con cuatro repeticiones. La superficie de la parcela fue de 7,7 m² (7 surcos de 5 m de largo, distanciados 20 cm entre sí).

Los métodos utilizados para evaluar la interacción fueron:

Análisis AMMI

Este método tiene en cuenta efectos aditivos para los efectos principales y multiplicativos para el término de la interacción. El modelo propuesto fue:

$$Y_{ijk} = \mu + \alpha_i + \beta_j + \sum_{e=1} \lambda_e \gamma_{in} \delta_{jn} + \rho_{ij} + \epsilon_{ijk}$$

i = 1,2,...,g (genotipos)

j = 1,2,...,e (ambientes)

e = 1,2,...,n (ejes retenidos)

k = 1,2,...,r (repeticiones)

donde:

parámetros aditivos: μ , promedio general; α_i , desvío con respecto al promedio general del genotipo i; β_j , desvío con respecto al promedio general del ambiente j; parámetros multiplicativos: λ_e , valor singular (autovalor) del eje n del ACP de la interacción; γ_{in} , vector propio unitario (eigenvector) del genotipo i para el eje n-ésimo;

δ_{jn} , vector propio unitario (eigenvector) del ambiente j para el eje n-ésimo; ρ_{ij} , residuo del modelo AMMI; ϵ_{ijk} , término del error.

Para el cálculo de las coordenadas del ACP, genotípicas y ambientales, se utilizaron los parámetros multiplicativos. Se multiplicó el autovalor λ_e por su vector propio asociado: $\sqrt{\lambda_e} \gamma_{in}$ y $\sqrt{\lambda_e} \delta_{jn}$. El producto de dichas coordenadas (genotípicas y ambientales) permitió obtener la estimación de la interacción $\lambda_e \gamma_{in} \delta_{jn}$. El conjunto de estos valores constituyen la matriz de datos estimada por este modelo.

La suma de cuadrados de la interacción se dividió en N ejes de componentes principales.

De acuerdo con Freeman (1973) se asume que los datos están constituidos por "patrón de variación + ruido". Así, el modelo AMMI particiona la varianza explicada por los tratamientos debida al patrón de variación y un residuo de variación debido al "ruido" de los datos. De este modo, no emplea la metodología de particionar la varianza en bloques y error puro, tal como lo realiza el

CUADRO 1. Ambientes incluidos en los ensayos durante el período 1993-1995. Se detallan los códigos de los sitios como aparecen en los "biplots".

Ambiente	Ciudad	Año	Corte	Coordenadas
LD931-LD941-LD951	La Dulce	93-94-95	1	38°45'S, 58°30'W
LP931-LP941-LP951	La Plata	93-94-95	1	34°55'S, 57°57'W
LD932-LD942-LD952	La Dulce	93-94-95	2	38°45'S, 58°30'W
LP932-LP942-LP952	La Plata	93-94-95	2	34°55'S, 57°57'W

CUADRO 2. Genotipos incluidos en los ensayos durante el período 1993-1995.

Genotipo	Nombre	Características	Producción de materia seca aérea (kg/ha)
G1	Línea nº 1	Línea avanzada. Tolerante	1321,84
G2	Línea nº 13	Línea avanzada. Tolerante	1156,71
G3	Línea nº 14	Línea avanzada. Tolerante	1240,86
G4	Boyera F.A	Comercial. Tolerante	1427,93
G5	Línea nº 35	Línea avanzada. Tolerante	1372,15
G6	Millauquén INTA	Comercial. No Tolerante	1165,97
G7	Cristal INTA	Comercial. No Tolerante	1119,07
G8	Tambora F.A	Comercial. Tolerante	1244,56
G9	Buck 152	Comercial. No Tolerante	1055,55
G10	Bonaerense Paye	Comercial. No Tolerante	1075,32
G11	Suregrain	Comercial. No Tolerante	1105,11
G12	Buck Epecuén	Comercial. No Tolerante	1308,03
Promedio			1216,09

análisis de la varianza convencional. Los grados de libertad de los mismos se calcularon de acuerdo al procedimiento propuesto por Gollob, (1968):

$$G.L = G + E - 1 - 2n,$$

donde:

G, número de genotipos; n, números de ejes retenidos; E, número de ambientes.

Los resultados obtenidos por componentes principales se volcaron en un gráfico llamado "biplot" según la metodología propuesta por Zobel et al. (1988). El modelo propuesto es mixto, con genotipos como factor fijo y ambiente y repeticiones como factores aleatorios. Para su resolución se usó el programa estadístico SAS (SAS, 1988).

Análisis Factorial de Correspondencias

Se siguió la metodología propuesta por Westcott (1986). El método emplea la distancia Chi cuadrado para juzgar la proximidad entre los genotipos y ambientes. Este análisis se basa en el comportamiento de los genotipos en cada uno de los ambientes, proyectando los genotipos de acuerdo con su perfil y no en función del nivel del rendimiento registrado por cada uno de ellos. Con los datos originales se confeccionó una matriz conformada por filas compuestas por observaciones (genotipos) y columnas compuestas por variables (ambientes). El análisis factorial de correspondencias utiliza el rendimiento sólo como identificativo del genotipo. El modelo utilizado por este análisis fue:

$$f_{ij} = f_i f_j (1 + \sum_k \sqrt{\lambda_k} \lambda_k \psi_{ik} \phi_{jk})$$

i= 1,2,...,g (genotipos)

j= 1,2,..., e (ambientes)

k= 1,2,...,n (ejes factoriales)

donde:

f_{ij} es la frecuencia relativa observada; f_i y f_j son las frecuencias de las filas (genotipos) y las columnas (ambientes) respectivamente; λ_k es el autovalor k-ésimo; ψ_{ik} y ϕ_{jk} son los elementos de las filas y columnas de la matriz de las coordenadas factoriales. Como resultado se obtienen las matrices para genotipos y ambientes, están compuestas por genotipos y ambientes (filas) y ejes factoriales (columnas). Cada elemento de estas dos matrices esta representado por ψ_{ik} y ϕ_{jk} , respectivamente. Así, las coordenadas factoriales describen los patrones de desviación de la independencia de los genotipos y los ambientes. De este modo si los genotipos (filas) y ambientes (columnas) fuesen independientes, los autovalores deberían ser igual a cero (Rohlf, 1992). Las coordenadas factoriales para el 1^{er} y 2^{do} eje factorial de cada uno de los genotipos y ambientes se

graficaron en un "biplot", no presentándose las coordenadas del 3^{er} eje. Para la resolución de este análisis se empleó el subprograma análisis de correspondencias del programa estadístico NTSYS (V. 1.70) (Rohlf, 1992).

RESULTADOS Y DISCUSIÓN

En el Cuadro tres se detallaron los resultados obtenidos para los tres años evaluados. El análisis de la varianza mostró un efecto del ambiente altamente significativo ($p < 0,001$) con un 41,15% de la variación de la suma de cuadrados del total (SCT). El factor genotipo fue significativo ($p < 0,05$) registrando un 7,88% de la SCT. La interacción genotipo-ambiente fue altamente significativa ($p < 0,001$), obteniéndose un 36,36% de la SCT. El AMMI mostró los tres primeros ejes del ACP altamente significativos ($p < 0,001$), explicando un 57,99%, 29,03% y 6,27% de la SC de la interacción respectivamente. El residuo dejado por el modelo fue no significativo ($F=1,22$). El modelo retuvo el 85,39% de la SCT (ambiente + genotipo + interacción) utilizando 79 grados de libertad (11 para ambientes, 11 para genotipos y 57 para ACP1, ACP2 y ACP3).

CUADRO 3. Análisis AMMI de la producción de materia seca aérea (kg/ha) incluyendo los tres primeros ejes del análisis de componentes principales de la interacción (ACP).

Fuente de variación	Grados de libertad	SC ¹	% SC
Total	575	13.347,77	
Genotipo	11	1.051,80* ²	7,88 ³
Ambiente	11	5.492,75*** ⁴	41,15 ³
Rep/Amb.	36	309,67** ⁵	2,32 ³
GxA	121	4.854,30*** ⁵	36,36 ³
ACP 1	21	2.815,01*** ⁵	57,99 ⁶
ACP 2	19	1.409,20*** ⁵	29,03 ⁶
ACP 3	17	304,36*** ⁵	6,27 ⁶
Residuo	64	325,70 n.s. ⁵	6,71 ⁶
Error	396	1.639,24	12,28 ³

¹ Suma de cuadrados (SC) (valores presentados x 10⁴).

² Probado contra cuadrado medio (CM) de la interacción genotipo-ambiente.

³ Respecto de la SC del total.

⁴ Probado contra CM repetición/ambiente.

⁵ Probado contra CM error.

⁶ Respecto de la SC de la interacción genotipo-ambiente.

*, ** y *** Significativo al 0,05, 0,01 y 0,001 nivel de probabilidad.

El estudio de la interacción realizado con el AMMI se completó con el empleo del “biplot” (Fig. 1). Este explicó un 70,11% de SCT (%SC ACP1 + %SC ambiente + %SC genotipos).

Se obtuvieron tres agrupamientos para genotipos: Grupo 1: formado por los genotipos no tolerantes Millauquén INTA (G6), Cristal INTA (G7), Buck 152 (G9) y Bonaerense Payé (G10). Estos genotipos registraron una producción de materia seca aérea/ha por debajo del promedio general (1216.09 kg/ha) y valores de coordenadas del 1^{er} eje de ACP intermedios (10<ACP<20) positivos. Grupo 2: formado por los genotipos tolerantes Línea n^o 13 (G2), Línea n^o 14 (G3) y Tampera F.A (G8) y los genotipos no tolerantes Suregrain (G11) y Buck Epecuén (G12). Estos genotipos registraron una producción de materia seca aérea/ha cercana al promedio general y valores de coordenadas del 1^{er} eje de ACP bajos positivos ó negativos (-10<ACP<10). Este grupo resultó ser el más estable. Grupo 3: formado por los genotipos tolerantes Línea n^o 1 (G1), Línea n^o 35 (G5) y Boyera F.A (G4). Estos genotipos registraron una producción de materia seca aérea/ha cercana ó superior al promedio general y valores de coordenadas del 1^{er} eje de ACP intermedios negativos (ACP<-10).

Respecto de ambientes no se observó un patrón claro de asociación. Es posible observar en la Fig. 1 que La Dulce en el 1^{er} corte difiere en producción de materia seca y no en los valores de coordenadas del ACP, en tanto para el 2^{do} corte se observaron diferencias en la producción de materia seca como

en los valores de interacción a lo largo de los tres años evaluados. Respecto de La Plata, se observó una diferencia tanto en los niveles de producción de materia seca como en los valores de interacción para el 1^{er} y 2^{do} corte, en los tres años estudiados. Dada la posición ocupada por La Plata en los años 1994 y 1995 (con altos valores de producción) este ambiente está realizando un importante aporte a los efectos principales (ambientes y genotipos).

Asimismo se establecieron asociaciones entre el genotipo no tolerante Suregrain y el ambiente de La Dulce y La Plata para el 2^{do} corte en el año 1995 y de los genotipos no tolerantes Millauquén INTA, Cristal INTA, Buck 152 y Bonaerense Payé y los ambientes formados por La Dulce en el 2^{do} corte del año 1993 y La Plata para el mismo corte en el año 1994.

Del análisis de la Fig. 1, es posible visualizar que de los seis genotipos tolerantes a *Schizaphis graminum* evaluados, cinco de ellos superaron el promedio general, mientras que de los materiales no tolerantes sólo uno de ellos obtuvo una producción forrajera por encima del promedio. Por otra parte, se visualizó que los genotipos tolerantes a *Schizaphis graminum* han registrado el mismo signo (negativo) de las coordenadas del ACP que los ambientes de La Plata y La Dulce para el 1^{er} corte, indicando que la interacción de estos genotipos y ambientes es positiva, obteniendo una mayor producción forrajera en dichos sitios. El mismo comportamiento se obtuvo para los genotipos no tolerantes y los ambientes al momento del 2^{do} corte.

Respecto del análisis factorial de correspondencias se observó que las tres primeras coordenadas explicaron un 58,98%, 29,58% y 5,60% de la variación de la SC de la interacción respectivamente, siendo el porcentaje acumulado de 58,98% (1^{ra} coordenada), 88,57% (1^{ra} y 2^{da} coordenada) y 94,17% (1^{ra}, 2^{da} y 3^{er} coordenada). Estos valores resultaron ser similares a los obtenidos por los tres primeros ejes del ACP del AMMI.

El análisis de los genotipos y ambientes en el “biplot” del análisis factorial de correspondencias se realizó a partir del primer eje de correspondencias, dado el mayor porcentaje explicado por este eje (Fig. 2). El estudio de las misma arrojó resultados similares a los obtenidos con el “biplot” del AMMI.

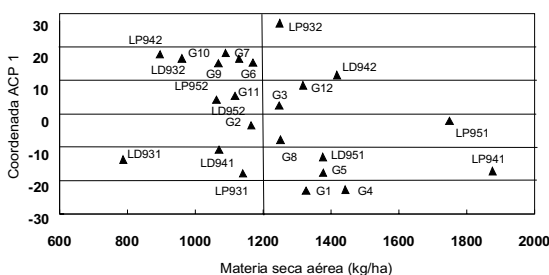


FIG. 1. Biplot de las coordenadas del primer eje de componentes principales (ACP 1) en función de la producción forrajera promedio (kg/ha) de los 12 genotipos y 12 ambientes evaluados.

Es posible visualizar que no hubo independencia de ambientes y genotipos indicando la existencia de interacción genotipo-ambiente significativa. De no haber existido interacción, los ambientes y genotipos se hubiesen distribuido en forma de nube alrededor del origen de ambos ejes. En nuestro caso fue posible visualizar agrupaciones de genotipos y ambientes.

Se obtuvo el mismo orden relativo respecto del primer eje del ACP del AMMI y del primer eje de correspondencias. Así se han seleccionado como estables los genotipos tolerantes Línea nº 13, Línea nº 14 y Tambera F.A, y los no tolerantes Suregrain y Buck 152. Respecto de ambientes, este método agrupó a los ambientes formados por La Plata y La Dulce del año 1994 y La Dulce del año 1995 para el 1^{er} corte y los ambientes La Plata y La Dulce del año 1995 para el 2^{do} corte.

Asimismo por esta metodología fue posible identificar la asociación entre los genotipos tolerantes Línea nº 14 y Tambera F.A y los ambientes de La Plata y La Dulce del año 1995 (1^{er} corte). También puso de manifiesto (al igual que el AMMI en la Fig.1) la asociación entre los genotipos no tolerantes Millauquén INTA, Cristal INTA, Buck 152 y los ambientes formados por La Dulce (año 1993) y La Plata (año 1994) para el 2^{do} corte.

El empleo conjunto del AMMI y el análisis factorial de correspondencias permitió alcanzar un conocimiento acabado de los ambientes, los genotipos y su interacción. Este comportamiento se manifestó en una gran eficiencia en la explicación de la suma de cuadrados de la interacción por parte del

1^{er} eje del ACP, coincidiendo con lo manifestado por Gauch Junior (1992). El alto grado de explicación alcanzado por los ACP1 y ACP2 indica que el modelo AMMI se ajustó a los datos, evidenciando que la interacción resultó ser, para éste grupo de datos, una función no aditiva del ambiente.

Ambos métodos adquieren importancia agronómica al emplear los "biplots" ya que permiten establecer los comportamientos de los ambientes, los genotipos y su interacción. Así, los genotipos tolerantes han manifestado una estrecha asociación con los ambientes para el 1^{er} corte, indicando una mayor producción de materia seca aérea/ha a los 60 días posteriores a la emergencia. Estos genotipos poseen una alta tasa de crecimiento inicial producto de su fuente de resistencia a *Schizaphis graminum* (como lo son las líneas PI 186270 y Russian 77) y por el proceso de selección realizado en insectario con infestación artificial de *Schizaphis graminum*. Aquellos materiales tolerantes a la acción del áfido tendrán inicialmente una mayor tasa de crecimiento respecto de los no tolerantes, por los que se los selecciona en insectario. Los genotipos no tolerantes Cristal INTA, Millauquén INTA y Bonaerense Payé poseen un ciclo de producción más largo que los anteriores, comportamiento puesto de manifiesto en una mayor producción forrajera al 2^{do} corte. Es por ellos que estos genotipos aparecieron asociados a los ambientes de dicho corte, registrando los mismos signos de coordenadas (positivos) del ACP. Los genotipos no tolerantes Buck Epecuén y Suregrain (ciclo intermedio) también aparecieron asociados a los ambientes del 2^{do} corte, registrando igual signo (positivo) de coordenadas de ACP que dichos ambientes.

Estos comportamientos están indicando que la relación ciclo del cultivar-localidad es responsable en gran parte de la interacción altamente significativa particionada en el 1^{er} eje del ACP.

Respecto de ambientes, fue posible visualizar el mayor aporte a la interacción realizado por La Plata para ambos cortes. Este comportamiento modificará el ordenamiento de producción alcanzado por cada genotipo año tras año. Así, en este ambiente, será necesario evaluar los distintos genotipos en una serie de años para obtener un conocimiento detallado de su comportamiento.

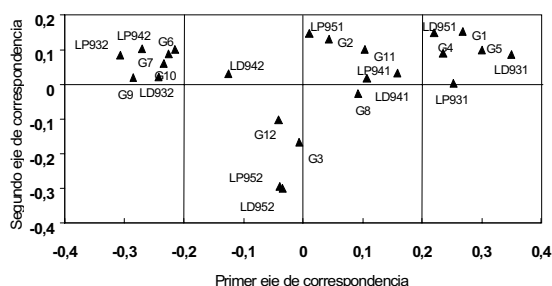


FIG. 2. Biplot de las coordenadas del segundo eje factorial de correspondencias en función del primer eje factorial de correspondencias. 12 genotipos y 12 ambientes evaluados.

Por otra parte, ambas metodologías han permitido destacar condiciones particulares de los diferentes años. Así, es posible visualizar en las Figs. 1 y 2 la sequía primaveral de 1995 que afectó la provincia de Buenos Aires dado que ambos sitios no difirieron en producción forrajera ni en los valores de coordenadas del ACP1, apareciendo muy próximas en ambos gráficos. Estas consideraciones agronómicas surgidas de los "biplots" pueden incrementarse de incorporar al análisis el 2^{do} eje del ACP (Yau, 1995) ó establecer gráficos tridimensionales (tres ejes de correspondencias) para el análisis factorial de correspondencias.

En el presente trabajo se ha observado la utilidad del AMMI no sólo en la manifestación de la interacción genotipo-ambiente y su origen sino también en el alto grado de explicación de la SC de la interacción alcanzado ante un bajo número de ambientes.

El análisis factorial de correspondencia también reflejó para el presente grupo de datos, no solo la presencia de la interacción sino también las asociaciones particulares para cada año, sitio y genotipo. Este comportamiento amplía el concepto de Thomson & Cunningham (1979) donde se establece la utilidad de los métodos multivariantes y de ordenación para el estudio de la interacción que involucren un alto número de ambientes y genotipos.

El uso conjunto de estas metodologías en los planes de mejoramiento de la producción forrajera de avena permitirá identificar aquellas líneas que manifiesten una respuesta complementaria a los distintos ambientes, pudiendo actuar como futuros padres en los sucesivos planes de mejoramiento.

Asimismo será posible establecer distintas alternativas de producción, con aquellos genotipos comerciales que presenten un patrón de respuesta tal que permitan ser considerados para su producción forrajera en distintas localidades con determinadas características ambientales ó de producción.

CONCLUSIONES

1. Los modelos AMMI y AFC resultan de gran utilidad en el estudio de la IGA para genotipos de avena ante un bajo número de ambientes.

2. El ciclo de producción de los distintos genotipos es responsable de la naturaleza de la interacción.

3. El uso conjunto de ambas metodologías es una alternativa de trabajo recomendable en el plan de mejoramiento de obtención de materiales de avena tolerantes a *Schizaphis graminum*.

4. Este uso simultáneo permite además, establecer la capacidad productiva de los genotipos como así también los ambientes en donde alcanzarán su máximo potencial genético.

REFERENCIAS

- CHIDICHIMO, H.O.; ARRIAGA, H.O. Obtención de cultivares de avena resistentes al pulgón verde de los cereales *Schizaphis graminum* (Rond). Blanchard. In: CONGRESO SUDAMERICANO DE AVENA, 1., 1991, Tres Arroyos, Argentina. Tres Arroyos: Quaker, 1991. p.1.
- CROSSA, J.; FOX, P.N.; PFEIFFER, W.H.; RAJARAM, S.; GAUCH JUNIOR, H.G. AMMI adjustment for statistical analysis of an international wheat yield trial. **Theoretical and Applied Genetics**, v.81, p.27-37, 1991.
- CROSSA, J.; GAUCH JUNIOR, H.G.; ZOBEL, R.W. Additive main effects and multiplicative interaction analysis of two international maize cultivar trials. **Crop Science**, v.30, p.493-500, 1990.
- FREEMAN, G.H. Statistical methods for the analysis of genotype- environment interactions. **Heredity**, v.31, p.339-354, 1973.
- GAUCH JUNIOR, H.G. **Statistical analysis of regional yield trials: AMMI analysis of factorial designs**. Amsterdam: Elsevier, 1992. 278p.
- GAUCH JUNIOR, H.G.; FURNAS, R.E. Statistical analysis of yield trials with Matmodel. **Agronomy Journal**, v.83, p.916-920, 1991.
- GOLLOB, H.F. A statistical model which combines features of factor analytic and analysis of variance techniques. **Psychometrika**, v.33, p.73-115, 1968.
- HILL, M.O. Correspondence analysis: a neglected multivariate method. **Applied Statistics**, v.23, p.340-354, 1974.

- LIN, C.S.; BINNS, M.R.; LEFKOVITCH, L.P. Stability analysis: where do we stand? **Crop Science**, v.26, p.894-900, 1986.
- NACHIT, M.N.; NACHIT, G.; KETATA, H.; GAUCH JUNIOR, H.G.; ZOBEL, R.W. Use of AMMI and regression models to analyse genotype-environment interaction in durum wheat. **Theoretical and Applied Genetics**, v.83, p.597-601, 1992.
- RIGGS, T.J. Collaborative spring barley trials in europe 1980-1982: analysis of grain yield. **Plant Breeding**, v.96, p.289-303, 1986.
- ROHLF, F.J. **NTSYS-pc**: Numerical and multivariate analysis system. Stony Brook, NY: Department Ecology and Evolution, State University of New York, 1992. ch.9, p.1-11.
- SAS INSTITUTE. **SAS/STAT user's guide, release 6**. 3.ed. Cary, NC, 1988. 1028p.
- SHAFII, B.; MAHLER, K.A.; PRICE, K.M.; PEDERSEN, J.F.; Genotype x environment interaction effects on winter rapeseed yield and oil content. **Crop Science**, v.32, p.922-927, 1992.
- THOMSON, N.J.; CUNNINGHAM, R.B. Genotype x environment interactions and evaluations of cotton cultivars. **Australian Journal of Agriculture Research**, v.30, p.105-112, 1979.
- WESTCOTT, B. Some methods of analyzing genotype-environment interaction. **Heredity**, v.56, p.243-253, 1986.
- YAU, S.K. Regression and AMMI analyses of genotype x environment interactions: an empirical comparison. **Agronomy Journal**, v.87, 121-126, 1995.
- ZOBEL, R.W.; WRIGHT, M.J.; GAUCH JUNIOR, H.G. Statistical analysis of a yield trial. **Agronomy Journal**, v.80, p.388-393, 1988.