

IMPLEMENTACIÓN DE MODELOS EMPÍRICOS PARA ESTIMAR LA EVOLUCIÓN FENOLÓGICA DE TRES CULTIVARES DE VID

**MARÍA JOSÉ MENDOZA VALENZUELA
INGENIERO AGRÓNOMO**

RESUMEN

Se realizó un estudio durante la temporada 2011/2012 con el objetivo de implementar modelos empíricos para estimar la evolución fenológica de tres cultivares de vid Sauvignon Blanc, Merlot y Chardonnay. Este estudio fue conducido en un cuartel vitícola de 1,0 ha ubicado en la Estación experimental Panguilemo, Valle del Maule, Talca (35°22,2' S, 71°35,39' O, 121 m.s.n.m) en el cual habían establecido plantas de origen clonal de diferentes cultivares. En este cuartel se seleccionaron 27 plantas, 9 plantas por cultivar, en las cuales se registró su evolución fenológica cada 7 días, utilizando la escala fenológica propuesta por Eichhorn y Lorenz y modificada por Coombe. Los modelos desarrollados se basaron en la metodología propuesta por Ortega et al. (2002). En el proceso de calibración, los modelos predictivos desarrollados permitieron estimar los valores observados de fenología de forma correcta (R^2 y Eficiencia del modelo $\geq 99\%$ y DEE $\leq 1,27$ unidades de fenología) para los tres cultivares de vid provenientes de una selección clonal. En el proceso de validación, usando una base de datos independiente de plantas provenientes de una selección masal, se observó que la estimación fue correcta, pero un poco menos precisa que para el proceso de calibración ($R^2 \geq 93,5\%$, EF $\geq 0,82$ y DEE $\leq 2,82$ unidades de fenología). Así los modelos propuestos para plantas provenientes de una selección clonal, también son aplicables a plantas de selección masal, Finalmente la variabilidad de la expresión fenológica resultó ser mucho más importante en los primeros estados fenológicos de la vid para los tres cultivares, llegando a alcanzar 3 a 4 estados de diferencia en una misma variedad. Para estados fenológicos más cercanos a cosecha la variabilidad disminuye observándose para los tres cultivares diferencias de sólo 1 o 2 estadíos. Estos resultados sugieren que para caracterizar correctamente la fenología en vides se debería seleccionar más de un brote por planta para hacer el registro de fenología.

Palabras claves: Fenología de la vid, modelos, variabilidad, selección clonal, selección masal.

ABSTRACT

A study was conducted during the season 2011/2012 in order to implement empirical models to estimate phenological evolution of three cultivars of vine Sauvignon Blanc, Merlot and Chardonnay. This study was conducted in a barracks vineyard of 1.0 ha located in the experimental station Panguilemo, Valle del Maule, Talca (35 ° 22.2 'S, 71 ° 35.39' W, 121 m) in which plants had established clonal origin different cultivars. In this quarter we selected 27 plants, nine plants per cultivar, in which phenological evolution was recorded in 7 days using phenological scale proposed by Eichhorn and Lorenz and modified by Coombe. The models developed were based on the methodology proposed by Ortega et al. (2002). In the calibration process, developed predictive models allowed us to estimate the observed values of phenology properly (model R² and Efficiency ≥ 99% and ≤ 1.27 DEE phenology units) for the three grape cultivars from a clonal selection. In the validation process, using a separate database of plants from mass selection, it was observed that the estimate was correct, but a little less accurate than for the calibration process (R² ≥ 93.5%, EF ≥ 0 , 82 and DEE phenology ≤ 2.82 units). So the proposed models for plants from clonal selection also apply to mass selection plants, Finally the phenological expression variability was much more important in the early growth stages of the vine for the three cultivars, reaching 3 4 states apart in the same variety. For phenological stages crop closest to decrease variability observed for the three cultivars differences of only 1 or 2 stages. These results suggest that to properly characterize the phenology vines should be selected more than one shoot per plant phenology to check.

Key words: Grapevine phenology, models, variability, clonal selection, mass selection.