

**MAESTRIA EN GENETICA VEGETAL
Area Mejoramiento Genético
UNR - INTA**

**Trabajo presentado como requisito para la obtención del
Grado Académico de**

MAGISTER EN GENETICA VEGETAL

**CARACTERIZACION MORFOLOGICA, GENETICA
Y AGRONOMICA DE DOS POBLACIONES
ADAPTADAS DE MOHA [*Setaria italica* (L.) P. Beauv.]**

**Tesis
del
Ingeniero Agrónomo**

JULIO GABRIEL VELAZCO

**Pergamino, Argentina
Diciembre de 2009**

**Trabajo presentado como requisito para la obtención del
Grado Académico de**

MAGISTER EN GENETICA VEGETAL

**CARACTERIZACION MORFOLOGICA, GENETICA
Y AGRONOMICA DE DOS POBLACIONES
ADAPTADAS DE MOHA [*Setaria italica* (L.) P. Beauv.]**

**Tesis
del
Ingeniero Agrónomo**

.....
JULIO GABRIEL VELAZCO

Aprobada por el Jurado de Tesis

.....
Ing. Agr. Pedro Rimieri (M.Sc., Dr.)

Director de Tesis

.....
Dra. Liliana Picardi

Coordinadora de la Carrera

**Pergamino, Argentina
Diciembre de 2009**

Agradecimientos:

A todos los que colaboraron de alguna u otra manera en el desarrollo de este trabajo. A Pedro Rimieri, por generosidad profesional y personal y por sus valiosos consejos y sugerencias aportados en esta Tesis.

A los chicos y (no tan chicos) del Grupo Mejoramiento Genético de Especies Forrajeras de la EEA-INTA Pergamino que participaron en las tareas de campo y en las mediciones, ellos son: Emilce Martínez, M. del C. “Windy” Maza, César Defacio y Juan José Lanzillota.

A Nora Sellart del Grupo Bovinos de la EEA-INTA Pergamino por su colaboración en los análisis de laboratorio.

A Catalina Améndola y Edith Frutos del Grupo de Estadística y Diseño de Experimentos de la EEA-INTA Pergamino por su colaboración en el análisis estadístico de los datos.

Al Centro Documental de la EEA-INTA Pergamino por la colaboración en las búsquedas bibliográficas.

A José De Battista y Alejo Ré del Grupo Mejoramiento y Evaluación de Forrajeras de la EEA-INTA Concepción del Uruguay por su colaboración en los ensayos de esta localidad.

A los jurados Renata Wolf, Julio Giavedoni y Gustavo Schrauf por aceptar ser evaluadores de esta tesis y por las modificaciones sugeridas para mejorar la versión final de este trabajo.

A la DNA de Organización y Recursos Humanos del INTA por el financiamiento de todos los gastos efectuados en este trabajo a través de la Beca de Capacitación de Postgrado para Profesionales (Res. 805/06).

INDICE

	<u>Pág.</u>
1. INTRODUCCION.....	1
1.1. Taxonomía.....	1
1.2. Origen, domesticación y difusión mundial.....	2
1.3. Morfología y desarrollo.....	4
1.4. Estructura genética poblacional.....	5
1.5. Recursos genéticos.....	8
1.6. Usos de la Moha.....	9
1.7. Estudios de variabilidad y caracterización morfológica.....	10
1.8. Estudios de variabilidad y caracterización molecular.....	11
1.9. Estudios relacionados con el mejoramiento genético.....	12
1.10. Cultivares de Moha en Argentina.....	13
Hipótesis.....	15
Objetivos.....	15
2. MATERIALE Y METODOS.....	16
2.1. Ensayo para la caracterización genética y morfológica.....	16
2.1.1. Sitio.....	16
2.1.2. Material vegetal.....	16
2.1.3. Descripción del ensayo.....	17
2.1.4. Caracteres evaluados en floración.....	19
2.1.5. Caracteres evaluados en madurez.....	20
2.1.6. Análisis de calidad forrajera.....	21
2.1.7. Análisis de los datos.....	23
2.1.7.1. Caracteres cuantitativos.....	23
2.1.7.1.1. Análisis univariado.....	23
2.1.7.1.2. Estimación de parámetros genéticos.....	26
2.1.7.1.3. Análisis Multivariado.....	30

	<u>Pág.</u>
2.1.7.2. Caracteres cualitativos.....	31
2.2. Ensayo para la caracterización agronómica.....	33
2.2.1. Material vegetal.....	33
2.2.2. Descripción del ensayo.....	33
2.2.3. Caracteres evaluados.....	36
2.2.4. Análisis de calidad forrajera.....	36
2.2.5. Análisis de los datos.....	38
3. RESULTADOS.....	41
3.1. Caracterización genética y morfológica de las poblaciones.....	41
3.1.1. Caracteres Cuantitativos.....	41
3.1.1.1. Tratamiento preliminar de los datos y ajuste del modelo general de análisis.....	41
3.1.1.2. Análisis de la variabilidad inter e intra poblacional.....	42
3.1.1.3. Variabilidad genética, ambiental y fenotípica.....	54
3.1.1.4. Heredabilidad y Respuesta a la selección.....	56
3.1.1.5. Correlaciones Fenotípicas, Genéticas y Ambientales.....	57
3.1.1.6. Progreso Genético y Respuesta Correlacionada.....	61
3.1.1.7. Interrelaciones multivariadas entre las líneas de las poblaciones.....	64
3.1.1.8. Análisis del agrupamiento de las líneas por semejanzas morfo-agronómicas.....	68
3.1.1.9. Selección de los caracteres más discriminantes entre las poblaciones.....	71
3.1.2. Caracteres Cualitativos.....	74
3.1.2.1. Frecuencias fenotípicas.....	74
3.1.2.2. Índices de diversidad fenotípica.....	77
3.2. Caracterización agronómica de las poblaciones.....	78
3.2.1. Producción de materia seca bajo dos tipos de aprovechamiento del cultivo.....	78

	<u>Pág.</u>
3.2.2. Análisis de caracteres de interés agronómico.....	81
3.2.3. Análisis de los parámetros químicos de calidad forrajera.....	83
3.2.4. Interacción Cultivar x Ambiente: análisis de estabilidad.....	85
4. DISCUSION.....	88
4.1. Caracterización genética y morfológica de las poblaciones.....	88
4.1.1. Caracteres Cuantitativos.....	88
4.1.1.1. Importancia de los caracteres estudiados.....	88
4.1.1.2. Ajuste del modelo y consideraciones previas al análisis de las poblaciones.....	89
4.1.1.3. Variabilidad inter e intra poblacional.....	90
4.1.1.4. Variabilidad genética, ambiental y fenotípica.....	93
4.1.1.5. Heredabilidad y Respuesta a la selección.....	95
4.1.1.6. Correlaciones Fenotípicas, Genéticas y Ambientales.....	98
4.1.1.7. Progreso Genético y Respuesta Correlacionada: implicancias para el mejoramiento de las poblaciones.....	103
4.1.1.8. Interrelaciones multivariadas entre las líneas de las poblaciones.....	106
4.1.1.9. Agrupamiento de las líneas por semejanzas morfo-agronómicas.....	108
4.1.1.10. Caracteres más discriminantes entre las poblaciones y clasificación de las líneas.....	109
4.1.2. Caracteres Cualitativos.....	111
4.1.2.1. Patrones de distribución de las frecuencias fenotípicas en las poblaciones.....	111
4.1.2.2. Diversidad fenotípica de las poblaciones.....	113
4.2. Caracterización agronómica de las poblaciones.....	117
4.2.1. Comportamiento de los cultivares bajo dos tipos de aprovechamiento del cultivo.....	117
4.2.2. Principales características agronómicas de los cultivares.....	119
4.2.3. Calidad forrajera de los cultivares.....	123
4.2.4. Adaptabilidad y estabilidad en el rendimiento de materia seca de los cultivares.....	128

	<u>Pág.</u>
5. CONCLUSIONES.....	133
6. BIBLIOGRAFIA CITADA.....	134
7. ANEXOS.....	144
7.1. Anexo I.....	144
7.2. Anexo II.....	145

INDICE DE CUADROS

Cuadro 1- Valor de p , coeficiente de determinación y coeficiente de variación del error del modelo lineal para todos los caracteres.....	42
Cuadro 2- Media, error estándar, valores máximos y mínimos y coeficiente de variación de las observaciones correspondientes a las poblaciones <i>Carapé</i> y <i>Yaguané</i> para todos los caracteres.....	43
Cuadro 3- Porcentajes de las sumas de cuadrados correspondientes a las poblaciones <i>Carapé</i> y <i>Yaguané</i> , a las líneas dentro de poblaciones y a las líneas de cada una de las poblaciones como porcentajes de la suma de cuadrados del total de las líneas.....	43
Cuadro 4- Variancias observadas en las poblaciones <i>Carapé</i> y <i>Yaguané</i> . Valores de F , valores de p y significancia de la prueba de diferencia entre dos variancias.....	44
Cuadro 5- Valores t y valores de p correspondientes a la prueba de comparación de medias de dos poblaciones con variancias distintas, y valores de F y valores de p para comparación entre medias de líneas.....	45
Cuadro 6- Estimadores de los componentes de variancia Población, Línea dentro de población y Error de muestreo, expresados como porcentaje de la variancia total.....	46

	<u>Pág.</u>
Cuadro 7- Valores de F, probabilidades asociadas y niveles de significancia correspondiente al Análisis de Variancia de las líneas derivadas de las poblaciones <i>Carapé</i> y <i>Yaguané</i>	47
Cuadro 8- Parámetros de variabilidad de las poblaciones <i>Carapé</i> y <i>Yaguané</i> : a) componentes de variancia genotípica, ambiental y fenotípica entre las líneas; b) coeficientes de variación genotípica, ambiental y fenotípica.....	55
Cuadro 9- Heredabilidad en sentido amplio, error estándar e intervalo de confianza de la heredabilidad, y respuesta a la selección expresada en las unidades correspondientes.....	56
Cuadro 10- Correlaciones fenotípicas entre los caracteres de las poblaciones <i>Carapé</i> y <i>Yaguané</i>	58
Cuadro 11- Correlaciones genéticas entre los caracteres de las poblaciones <i>Carapé</i> y <i>Yaguané</i>	59
Cuadro 12- Correlaciones ambientales entre los caracteres de las poblaciones <i>Carapé</i> y <i>Yaguané</i>	60
Cuadro 13- Progresos genéticos por selección directa y respuestas correlacionadas, expresados como porcentaje de la media del caracter, correspondientes a la población <i>Carapé</i>	62
Cuadro 14- Progresos genéticos por selección directa y respuestas correlacionadas, expresados como porcentaje de la media del caracter, correspondientes a la población <i>Yaguané</i>	63
Cuadro 15- Resumen del método <i>forward</i> para selección de variables discriminantes. Variables introducidas en cada paso de selección, valores de los estadísticos <i>Lambda</i> de Wilks, <i>F</i> y su valor <i>p</i> asociado.....	72
Cuadro 16- Medidas interpretativas de la función discriminante canónica entre las poblaciones <i>Carapé</i> y <i>Yaguané</i>	73

	<u>Pág.</u>
Cuadro 17- Tasa de error de clasificación estimada de acuerdo a las funciones obtenidas para la discriminación de las poblaciones.....	73
Cuadro 18- Índices de Diversidad Fenotípica Shannon-Weaver estandarizados para cada caracter y diversidad promedio con su errores estándar, correspondientes a las poblaciones <i>Carapé</i> , <i>Yaguané</i> y a la población total. Valores de probabilidad asociada a la prueba de <i>t</i>	77
Cuadro 19- Producción de materia seca de los cultivares <i>Carapé INTA</i> y <i>Yaguané INTA</i> , bajo dos tipos de corte, en tres ambientes (P1, P2 y CU).....	78
Cuadro 20- Producción de materia seca, promedios por cultivar y por tipo de corte.....	79
Cuadro 21- Resumen del análisis de variancia combinado (Modelo 1) de la producción de materia seca de los cultivares <i>Carapé INTA</i> y <i>Yaguané INTA</i> , correspondiente a un DBCA en parcelas divididas. Grados de libertad, suma de cuadrados, valores de <i>F</i> y <i>p</i>	80
Cuadro 22- Promedios de rendimiento de materia seca, días a floración y relación lámina/resto de la planta, correspondientes a los cultivares <i>Carapé INTA</i> y <i>Yaguané INTA</i> , en cuatro ambientes.....	81
Cuadro 23- Resultados del análisis de variancia combinado (Modelo 2) para rendimiento de materia seca de los cultivares <i>Carapé INTA</i> y <i>Yaguané INTA</i> en cuatro ambientes. Grados de libertad, sumas de cuadrados en porcentaje y valores de <i>F</i> con su probabilidad asociada.....	82
Cuadro 24- Resultados del análisis de variancia combinado (Modelo 2) para días a floración de los cultivares <i>Carapé INTA</i> y <i>Yaguané INTA</i> en cuatro ambientes. Grados de libertad, sumas de cuadrados en porcentaje y valores de <i>F</i> con su probabilidad asociada.....	82
Cuadro 25- Resultados del análisis de variancia combinado (Modelo 2) para relación lámina/resto en los cultivares <i>Carapé INTA</i> y <i>Yaguané INTA</i> en cuatro ambientes. Grados de libertad, sumas de cuadrados en porcentaje y valores de <i>F</i> con su probabilidad asociada.....	83

	<u>Pág.</u>
Cuadro 26- Resúmenes del análisis de variancia combinado (Modelo 2) para los contenidos de proteína bruta, fibra detergente neutro, fibra detergente ácido y digestibilidad <i>in vitro</i> de la materia seca. Porcentajes de sumas de cuadrados, valores de <i>F</i> y significancia.....	83
Cuadro 27- Contenidos, en porcentaje, de proteína bruta, fibra detergente neutro y ácido, y porcentajes de digestibilidad. Valores correspondientes a planta entera y a los componentes morfológicos lámina y resto de planta.....	84
Cuadro 28- Rendimiento promedio, coeficientes de regresión, desvíos de la regresión y coeficientes de determinación, de los cultivares <i>Carapé INTA</i> y <i>Yaguané INTA</i>	87

INDICE DE GRAFICOS

Gráfico 1- Medias de líneas de las poblaciones <i>Carapé</i> y <i>Yaguané</i> y medias poblacionales para el caracter número de macollos.....	47
Gráfico 2- Medias de líneas de las poblaciones <i>Carapé</i> y <i>Yaguané</i> y medias poblacionales para el caracter largo de lámina.....	48
Gráfico 3- Medias de líneas de las poblaciones <i>Carapé</i> y <i>Yaguané</i> y medias poblacionales para el caracter ancho de lámina.....	48
Gráfico 4- Medias de líneas de las poblaciones <i>Carapé</i> y <i>Yaguané</i> y medias poblacionales para el caracter altura de planta.....	49
Gráfico 5- Medias de líneas de las poblaciones <i>Carapé</i> y <i>Yaguané</i> y medias poblacionales para el caracter días a floración.....	49
Gráfico 6- Medias de líneas de las poblaciones <i>Carapé</i> y <i>Yaguané</i> y medias poblacionales para el caracter largo de panoja.....	50

	<u>Pág.</u>
Gráfico 7- Medias de líneas de las poblaciones <i>Carapé</i> y <i>Yaguané</i> y medias poblacionales para el caracter ancho de panoja.....	51
Gráfico 8- Medias de líneas de las poblaciones <i>Carapé</i> y <i>Yaguané</i> y medias poblacionales para el caracter peso de semilla.....	51
Gráfico 9- Medias de líneas de las poblaciones <i>Carapé</i> y <i>Yaguané</i> y medias poblacionales para el caracter peso de panoja.....	52
Gráfico 10-Medias de líneas de las poblaciones <i>Carapé</i> y <i>Yaguané</i> y medias poblacionales para el caracter contenido de fibra detergente neutro.....	52
Gráfico 11-Medias de líneas de las poblaciones <i>Carapé</i> y <i>Yaguané</i> y medias poblacionales para el caracter contenido de fibra detergente ácido.....	53
Gráfico 12-Medias de líneas de las poblaciones <i>Carapé</i> y <i>Yaguané</i> y medias poblacionales para el caracter digestibilidad <i>in vitro</i> de la materia seca.....	53
Gráfico 13-Interrelaciones entre las líneas de la población <i>Carapé</i> y <i>Yaguané</i> , entre todos los caracteres, y entre los caracteres y las líneas. Biplot correspondiente a las dos primeras componentes principales donde se representan puntos-línea <i>Carapé</i> , puntos-línea <i>Yaguané</i> y vectores-variable.....	65
Gráfico 14-Interrelaciones entre las líneas de la población <i>Carapé</i> y <i>Yaguané</i> , entre los caracteres morfológicos, y entre los caracteres y las líneas. Biplot correspondiente a las dos primeras componentes principales donde se representan puntos-línea <i>Carapé</i> , puntos-línea <i>Yaguané</i> y vectores-variable.....	67
Gráfico 15-Interrelaciones entre las líneas de la población <i>Carapé</i> y <i>Yaguané</i> , entre los caracteres, y entre los caracteres y las líneas. Biplot correspondiente a las dos primeras componentes principales donde se representan puntos-líneas <i>Carapé</i> , puntos-línea <i>Yaguané</i> y vectores-variable.....	68
Gráfico 16-Dendrograma correspondiente al análisis de agrupamiento de las líneas <i>Carapé</i> y <i>Yaguané</i> obtenido a partir de todos los caracteres. Método jerárquico de Ward, distancia Euclídea.....	69

	<u>Pág.</u>
Gráfico 17-Dendrograma correspondiente al análisis de agrupamiento de las líneas <i>Carapé</i> y <i>Yaguané</i> obtenido a partir de los caracteres morfológicos. Método jerárquico de Ward, distancia Euclídea.....	70
Gráfico 18-Distribuciones de frecuencias de: a) color y b) porte de lámina en las poblaciones <i>Carapé</i> y <i>Yaguané</i> . Prueba de homogeneidad: valores de Chi-Cuadrado y niveles de significancia.....	74
Gráfico 19-Distribuciones de frecuencias de: a) color, b) forma y c) grado de compactación de panoja, y d) largo de involucro en las poblaciones <i>Carapé</i> y <i>Yaguané</i> . Prueba de homogeneidad: valores de Chi-Cuadrado y niveles de significancia.....	76
Gráfico 20-Producción de materia seca del forraje acumulado (TA) y del rebrote (TR) en tres ambientes. Valores medios y líneas de tendencia.....	80
Gráfico 21-Interacción cultivar x ambiente para rendimiento de materia seca de los cultivares <i>Carapé INTA</i> y <i>Yaguané INTA</i>	85
Gráfico 22-Relación lineal entre el rendimiento de materia seca y el índice ambiental para los cultivares <i>Carapé INTA</i> y <i>Yaguané INTA</i> , correspondiente al análisis compuesto de regresión (Eberhardt y Russel 1966).....	86

INDICE DE FIGURAS

Figura 1- Ensayo para la caracterización genética y morfológica de las poblaciones <i>Carapé</i> y <i>Yaguané</i>	18
Figura 2- Ensayos para la caracterización agronómica de los cultivares <i>Carapé INTA</i> y <i>Yaguané INTA</i>	35
Figura 3- Panojas principales de ambas poblaciones.....	116
Figura 4- Panojas pertenecientes a las once subrazas propuestas en la clasificación que realizaron Prasada Rao <i>et al.</i> (1987).....	116
Figura 5- Caracteres cualitativos de panoja.....	144

RESUMEN

La Moha (*Setaria italica*) es una especie autógama, anual, estival, de ciclo muy corto utilizada en Argentina como especie forrajera para alimentación animal bajo la forma de heno y como forraje verde. Los cultivares más difundidos, mejor conocidos e inscriptos en el mercado local son *Carapé INTA* y *Yaguané INTA*, aunque poseen una limitada caracterización genética y agronómica. El presente estudio se realizó con el objetivo de caracterizar a ambos cultivares y evaluar su potencial en el mejoramiento. Para esto se midieron caracteres cuantitativos y cualitativos de interés agronómico sobre poblaciones de líneas derivadas de estos cultivares, se analizó la variabilidad existente dentro y entre dichas poblaciones, y se estimaron parámetros genéticos útiles para el mejoramiento. Además, se analizó el comportamiento agronómico de los cultivares *Carapé INTA* y *Yaguané INTA* de acuerdo al potencial de rendimiento, la precocidad y la calidad del forraje en distintos ambientes. Se encontraron diferencias significativas entre y dentro de las poblaciones. La población *Yaguané* presentó mayor variabilidad genética que la población *Carapé* en todos los caracteres y exhibió un potencial más alto para el mejoramiento de las características de interés agronómico consideradas. Los cultivares *Carapé INTA* y *Yaguané INTA* se diferenciaron agronómicamente en la capacidad de producción de materia seca, en la proporción de lámina y en el contenido de proteína bruta. Ambos, fueron considerados estables en su rendimiento de materia seca, mientras que *Yaguané INTA* estuvo mejor adaptado a todos los ambientes en relación a *Carapé INTA*.

ABSTRACT

Foxtail Millet [*Setaria italica* (L.) P. Beauv.] is an annual self-pollinating species used in Argentina as a warm-season forage for animal feeding as hay and pasture. The most spread, best known and registered in the local market are *Carapé INTA* and *Yaguané INTA*. Genetic and agronomic characterization of the available germplasm is limited. The objective of the present study was to characterize both cultivars and to evaluate its potential in genetic breeding. For this, quantitative and qualitative characters of agronomic interest were measured on lines populations derived from these two cultivars, variability between and within the populations were analyzed, and useful genetic parameters for crop improvement were estimated. In addition, agronomic performance of cultivars *Carapé INTA* and *Yaguané INTA* was analyzed according to its yield potential, precocity and forage quality across different environments. Differences among and within the populations were significant. The population *Yaguané* showed greater genetic variability than the population *Carapé* in all the characters and exhibited a higher potential for the improvement of the considered characteristics of agronomic interest. Cultivars *Carapé INTA* and *Yaguané INTA* were agronomically different in dry matter production capacity, in leaf proportion and in crude protein content. Both were considered stable in dry matter yield, whereas *Yaguané INTA* was better adapted to all environments than *Carapé INTA*.

1. INTRODUCCION

La Moha [*Setaria italica* (L.) P. Beauv.], también llamada en la literatura internacional como Moha de Hungría, Panizo, Mijo Cola de Zorro, German Millet y Foxtail Millet, es una especie anual, estival, C4, de ciclo de crecimiento muy corto, utilizada como cereal y como forraje en China, India, parte de Europa, norte y sur de América (Siles *et al.* 2004). Es una especie altamente autógama con porcentajes estimados de alogamia de entre 0.0 a 1.4% (Till-Bottraud *et al.* 1992). En general, por su respuesta al fotoperíodo es una especie de día corto (Evans *et al.* 1964), aunque existen variedades de día corto, día neutro y día largo en todo el mundo (Malm y Rachie 1971). El reducido tamaño de su genoma diploide ($2n=2x=18$, $1C = 490$ Mb) y su estructura genómica altamente conservada la hacen una especie adecuada para la realización de estudios genéticos y filogenéticos. Es un cultivo relativamente tolerante a déficits hídricos ya que, comparado con otros cultivos de verano, necesita menos agua y es más eficiente en su uso (Terra *et al.* 1999). Se adapta bien a climas templado-húmedos, subhúmedos, subtropicales y semiáridos. En relación a otros cereales, la Moha requiere suelos menos fértiles y se adapta a condiciones de crecimiento más pobres, con temperaturas altas y bajas precipitaciones. Actualmente no es un cultivo importante en el mercado mundial, pero sí en mercados locales, donde se preparan sus granos de muchas maneras para alimentación humana, y como especie forrajera para alimentación animal bajo la forma de heno, silaje o como forraje verde.

1.1. Taxonomía

Desde el punto de vista taxonómico, la Moha (*Setaria italica*) pertenece a la familia Poaceae, subfamilia Panicoideae, tribu Paniceae. Esta especie cultivada fue reconocida por Linnaeus (1753) como *Panicum italicum*, luego, este taxón fue transferido a *Setaria* y combinado a *S. italica* (mohas) por Beauvois (1812). *Setaria italica* se encuentra muy relacionada con *Setaria viridis*, de la cual se diferencia por la capacidad de dispersión natural de las semillas de esta especie considerada maleza.

Debido a esto, Harlan y de Wet (1971), sugirieron reconocer como *Setaria italica* ssp. *italica* (Moha) a la forma cultivada y como *Setaria italica* ssp. *viridis* a la forma espontánea (Cola de zorro, considerada maleza).

El género *Setaria* comprende 125 especies extendidas en todo el mundo, formando uno de los más antiguos complejos de especies salvajes, malezas y cultivadas en la agricultura mundial. La Moha representa la principal especie domesticada del género (Dekker 2003).

La Moha se divide comúnmente en dos complejos de cultivares en base a la estructura de la inflorescencia (Körnicker y Werner 1885b). Cultivares con panojas largas y péndulas pertenecen al grupo maxima, y aquellos con panojas más pequeñas y erectas pertenecen al grupo moharia. En 1928, Dekeprelevich y Kasparian clasificaron a las mohas en ssp. *moharium* para incluir a los cultivares que presentan numerosos macollos y panojas pequeñas y cilíndricas, y en ssp. *maxima* para incluir a los cultivares con uno o pocos macollos y panojas largas.

La última clasificación propuesta se basa en la morfología de la inflorescencia (Prasada Rao *et al.* 1987) y no se debe considerar como un estatus taxonómico formal. Bajo esta clasificación, las mohas se clasifican en tres razas: Moharia, Indica y Maxima. A su vez, la raza Moharia consta de las sub-razas Aristata, Fusiformis y Glabra; Indica consta de las sub-razas Erecta, Glabra, Nana y Profusa; y Maxima consta de las sub-razas Compacta, Spongiosa y Assamense. Una organización taxonómica alternativa basada en evidencia molecular fue sugerida por Fukunga *et al.* (2002a), quién caracterizó *landraces* o variedades locales de Eurasia en cinco grupos por su origen geográfico.

1.2. Origen, domesticación y difusión mundial

El origen del género y de la *Setaria* sp. salvaje Euroasiática fue probablemente África, de acuerdo a evidencia genómica de su origen tropical (Stapf y Hubbard 1930; Rominger 1962; Lakshmi y Ranjekar 1984; Prasado Rao *et al.* 1987; Simpson 1990).

En una segunda fase, los antecesores salvajes de las *Setaria* spp. que invadieron Eurasia luego de dejar África fueron especies anuales diploides similares a *Setaria viridis* (Körnicke y Werner 1885a, 1885b; Li 1934; Werth 1937; Li *et al.* 1942; Kihara y Kishimoto 1942; Li *et al.* 1945; Rominger 1962; Willweber-Kishimoto 1962; Prasada Rao *et al.* 1987; Simpson 1990). La diferenciación de especies y la adaptación siguió a esta expansión hacia regiones sub-tropicales y luego templadas (Dekker 2003).

Las primeras evidencias arqueológicas de la Moha cultivada fueron encontradas en el norte de China, hace aproximadamente 7.400 años (Li y Wu 1996), mientras que su uso como cultivo en Europa data hace 3.600 años (Neuweiler 1946; Helbaek 1960; de Wet y Harlan 1975; Dembinska 1976).

La antigua domesticación del cultivo ocurrió independientemente en diferentes zonas de Eurasia (de Wet *et al.* 1979; Jusuf y Pernes 1985; Nguyen Van y Pernes 1985; Prasada Rao *et al.* 1987; Fukunaga *et al.* 1997). China o Asia central es considerada como el centro de origen de las variedades cultivadas de Moha (Werth 1937). Además, China se considera el principal centro de diversificación de esta especie, donde actualmente se encuentra la mayor diversidad de poblaciones (Vavilov 1926; Harlan 1992). Kawase y Sakamoto (1984) sugieren que este país sería un centro de diversificación secundario y que la gran diversidad morfológica de esta especie podría ser el resultado del cultivo intensivo de variedades locales o *landraces* a lo largo de muchos años.

Estudios morfológicos comparativos indicarían que la Moha se extendió hacia India y Europa como cereal poco después de ser domesticada. Esto concuerda con otros estudios genéticos del ADN que sugieren al norte y sur de Asia y al este de Europa como centros secundarios de diversificación, siendo los grupos asociados a estas regiones genéticamente distintos. Otros autores han sugerido la existencia de tres centros de diversificación: China, Europa y la región geográfica comprendida entre Afganistán y el Líbano (Kawase y Sakamoto 1984, 1987; Sakamoto 1987; Li *et al.* 1995; Schontz y Rether 1999).

1.3. Morfología y desarrollo

La Moha tiene una arquitectura típica de una planta gramínea domesticada, que consiste en estructuras jerárquicamente organizadas. Esta arquitectura es plástica de acuerdo a las condiciones del ambiente, incluyendo la capacidad de formar uno o más macollos de diferente longitud. Un acortamiento progresivo del período vegetativo se produce con siembras tardías, y la elongación del tallo está determinada por el largo del período vegetativo. Además, la elongación del tallo se acelera con siembras tardías y se retrasa con siembras tempranas (Baltensperger 1996). La inflorescencia es un panoja terminal, con ramificaciones (fascículos) relativamente cortas, cuyo largo caracteriza a diferentes poblaciones. Cada fascículo consta de una a seis espiguillas, el número de espiguillas fértiles por fascículo es variable (de 1 a 3) y responde a condiciones ambientales (Clark y Pohl 1996). Las espiguillas son bifloras articuladas bajo las glumas y subtendidas por una a tres sedas involucrales ciliadas (Rominger 1962; Hitchcock 1971). La flor basal es estaminada o estéril y la apical es perfecta (Li *et al.* 1935; Willweber-Kishimoto 1962). El grado de rugosidad de la lemma posee valor taxonómico variando de suave y lisa en la Moha hasta rígida y áspera en *S. viridis* (Rominger 1962).

Las panojas generalmente emergen luego del solsticio de verano, floreciendo desde ese momento y hacia el otoño. La floración comienza cerca de la parte apical y continúa hacia ambos extremos de la panoja (Dekker *et al.* 1996). El tiempo transcurrido desde la siembra hasta la aparición de las panoja es muy variable y depende del fotoperíodo (Stevens 1960; Nieto-Hatem 1963; Schreiber 1965a; Schreiber y Oliver 1971). La floración y fecundación comienza en respuesta al acortamiento de fotoperíodo luego del solsticio de verano. Días largos retrasan esta respuesta reproductiva (Fabian 1938; King 1952; Peters y Yokum 1961; Peters *et al.* 1963; Santelman *et al.* 1963; Schreiber 1965; Vanden Born 1971), mientras que la respuesta al fotoperíodo se aceleraría por altas temperaturas (Schreiber y Oliver 1971; Ricroch *et al.* 1987). La Moha es sensible al fotoperíodo en todos los estados entre iniciación de panoja y antesis (Yuan *et al.* 2008). La floración ocurre en dos picos máximos diarios (0400 a 0800 h y 1900 a 0000 h, aprox.) en la oscuridad (Rangaswami Ayyangar *et al.* 1933; Li *et al.* 1935; Willweber-Kishimoto 1962).

Una panoja promedio puede tomar de 8 a 16 días para completar la floración, permaneciendo cada flor abierta por cerca de 30 minutos, y requiriendo, aproximadamente, 80 minutos para completar el proceso de floración, el cual se acelera con altas temperaturas y baja humedad ambiente (Malm y Rachie 1971).

La Moha es altamente autógena, ocurriendo la polinización cruzada anemófila en raras circunstancias (Pohl 1951; Nguyen Van y Pernes 1985). Las diferencias en altura de la panoja y los tiempos de fecundación (liberación de polen-receptividad de los estigmas) previenen los cruzamientos en muchas poblaciones. No existen barreras reproductivas que impidan germinación del polen y del tubo polínico entre la Moha y el resto de las especies del género *Setaria*, permitiendo hibridaciones interespecíficas ocasionales con las otras especies maleza (Willweber-Kishimoto 1962).

Desde el punto de vista citogenético, el genoma nuclear de *Setaria italica* está compuesto por nueve cromosomas en su forma haploide ($n = 9 = x$). El ADN de la Moha posee algunas características distintivas: un bajo contenido de ADN nuclear (haploide, valor-C, 1C:0.82 pg) y una baja proporción de ADN repetitivo (30%), representando el valor más bajo de la familia Poaceae (Lakshmi y Ranjekar 1984; Siva Raman *et al.* 1986). Los mapas genéticos de esta especie fueron construidos en base a marcadores RFLPs (Devos *et al.* 1998; Wang *et al.* 1998). La evidencia citológica indicaría que *Setaria viridis* es el antecesor común a todas las *Setaria* spp. Euroasiáticas, tanto malezas como cultivadas (Li *et al.* 1942).

1.4. Estructura genética poblacional

En la mayoría de los países del mundo donde se cultiva esta especie, los cultivares utilizados son, en realidad, producto de la selección sobre *landraces* más que de cruzamientos dirigidos y posterior selección (Baltensperger 1996). El término *landrace* o variedad local hace referencia a variedades que no han sido objeto del mejoramiento moderno, y si bien eran comunes hace un siglo y medio en otras especies autógenas (ej.: trigo, cebada, avena), en la actualidad representa el tipo de variedad más común en *Setaria italica*.

Las variedades locales se pueden definir como poblaciones diferenciadas, tanto geográfica como ecológicamente, que son visiblemente diferentes en su composición genética con las demás poblaciones y dentro de ellas, que además poseen un origen histórico distintivo, con ausencia de mejoramiento formal, localmente adaptadas y asociadas con sistemas agrícolas tradicionales (Camacho Villa *et al.* 2005).

La estructura genética de poblaciones de genotipos localmente adaptados es la base de la organización espacial y temporal actual, teniendo implicancias prácticas en el manejo y mejoramiento de la Moha. Esta especie es altamente autógama, con aproximadamente un 1% de alogamia, siendo esto suficiente, según Allard (1990), para la recombinación genética, mientras que asegura la retención de combinaciones favorables de genes, permitiendo de esa forma la evolución del cultivo en el campo. Indicando esto que las variedades locales son, en general, más complejas que una simple mezcla de líneas puras (Simmonds y Smartt 1999).

El patrón de diversidad genética de estas poblaciones está caracterizado por una variabilidad intra-poblacional inusualmente baja y una inusualmente alta diversidad genética entre poblaciones (Hamrick y Godt 1990; Wang *et al.* 1995a, 1995b). Estos dos patrones de la estructura genética poblacional distinguen a esta y otras especies autógamas introducidas, capaces de adaptarse rápidamente a las condiciones locales (Brown y Marshall 1981; Rice y Jain 1985; Barrett y Richardson 1986; Barrett y Shore 1989). Estas grandes diferencias entre poblaciones relativamente homogéneas, indicarían una fuerte tendencia a la adaptación local de un único genotipo (Dekker 2003). En el mismo sentido, Emery (1957), sostuvo que casi todas estas poblaciones consistirían en un único genotipo multilocus.

La estructura genética de las poblaciones de Moha y de otras especies autógamas, introducidas, indica claramente que la presencia de un alto nivel de variación genética no es un prerrequisito para una adaptación exitosa y un posterior éxito evolutivo (Allard 1965; Barrett y Shore 1989).

Dos estrategias contrastantes fueron hipotetizadas para explicar esta adaptación y éxito colonizador: el polimorfismo genético, con desarrollo de genotipos localmente adaptados (especialistas) y la plasticidad fenotípica, por el desarrollo de genotipos con propósitos más generales, adaptables a un amplio rango de condiciones ambientales (generalistas) (Bradshaw 1965; Baker 1965, 1974; Barrett y Richardson 1986).

Además de las posibles fuerzas selectivas responsables de una baja diversidad y una gran diferenciación poblacional, otros fenómenos han jugado un importante rol en la formación de la estructura genética de estas variedades locales. Tal vez el más importante (sobre todo en el caso de los cultivares obtenidos en Argentina), sea una historia de cuellos de botella genéticos, definidos como una repentina disminución de la densidad poblacional correspondiente con una disminución de la variabilidad genética total (Lincoln *et al.* 1998), asociados con los eventos iniciales de la población como el efecto fundador, que se da cuando una reducida proporción de la variabilidad genética de la población original está presente en el pequeño número de miembros fundadores de la nueva población (Lincoln *et al.* 1998). Además de, la ocurrencia sobre estas poblaciones, de deriva genética, es decir, de cambios aleatorios en las frecuencias génicas de pequeñas poblaciones aisladas, que no se deben a mutación, selección o inmigración (Lincoln *et al.* 1998), y de la selección natural (Wang *et al.* 1995a, 1995b).

En Argentina, los cultivares que actualmente existen, se originaron a partir de la introducción de poblaciones provenientes de China y posterior selección individual sobre estas, en la década del 60 (Larreguy 1982), lo que sugiere la ocurrencia de un cuello de botella genético en esas poblaciones o *landraces* introducidas. Estos genotipos, en la actualidad, se encuentran medianamente estabilizados en sus características poblacionales fundamentales y serían, los genotipos mejor adaptados ya que en los primeros años desde su obtención, fueron realizados los procesos de mantenimiento de la pureza varietal. Sin embargo, en los últimos 15 años no se han realizado tareas para el mantenimiento de la pureza varietal, actuando libremente diversos procesos de selección durante los sucesivos procesos de multiplicación de la semilla.

En este punto, cabe destacar que China, se diferencia marcadamente de otras regiones (ej. Europa) en relación a la historia y desarrollo de estas variedades locales o poblaciones *landraces*. Los agricultores del norte de la antigua China desarrollaron numerosas variedades de Moha, aplicando cuidadosas técnicas de selección sobre las tradicionales *landraces* que le permitieron aislar, mantener e intercambiar variedades con características deseables (Bray 1984). Este tipo de variedades se originó por la necesidad de almacenar las panojas sin trillar, ya que las semillas trilladas eran, a diferencia del trigo o la cebada, difíciles de conservar. Esto llevó a la práctica de sembrar semillas provenientes de panojas selectas, dándoles a los agricultores la base para identificar si los caracteres favorables aparecerían en la próxima generación o no (Berg 2009).

Berg (2009) utiliza el término *folk variety* en lugar de *landrace* para identificar a este tipo de poblaciones, y las define como variedades seleccionadas, mantenidas e identificadas por los agricultores debido a una o más propiedades distintivas. Estas variedades desarrolladas por agricultores innovadores podrían ser comparativamente más homogéneas que las primitivas *landraces* para los caracteres seleccionados pero por otro lado diversas y, por lo tanto, con capacidad de respuesta a nueva selección. Además se diferenciarían de las variedades modernas por su origen desconocido, su mayor variabilidad y su menor estabilidad varietal. A diferencia de las variedades locales tradicionales de trigo y cebadada caracterizadas por la ausencia de algún grado mejoramiento genético y que predominaron en Europa, las poblaciones de Moha encontradas en China se caracterizaron por ser típicas *folk varieties*, seleccionadas, identificadas y mantenidas por mejoradores tradicionales (Berg 2009).

1.5. Recursos genéticos

La colección de *landraces* de Moha en China comenzó en la década del 20' del siglo pasado, y más de 26.222 entradas, el 90% de las cuales son variedades locales, son actualmente preservadas en el Banco Nacional de Genes en Pekín. Colecciones más pequeñas de germoplasma de *Setaria italica* son mantenidas en el banco de germoplasma del Instituto Internacional de Investigación de Cultivos para los Trópicos Semi-Áridos (ICRISAT), en

Patancheru, India (1.535 entradas provenientes de 26 países); en el Instituto Nacional de Ciencias Agrobiológicas, de Tsukuba, Japón (1.279 entradas). Y en la Unidad de Conservación de Recursos Genéticos Vegetales del Departamento de Agricultura y del Servicio de Investigación Agrícola los Estados Unidos (766 entradas) (Doust *et al.* 2009).

1.6. Usos de la Moha

La Moha se cultiva ampliamente en China, India, Rusia y Japón donde es considerado un cereal menor y se usa principalmente para la producción de grano destinado a la alimentación humana y en menor medida se destina a la alimentación de mascotas (Baltensperger 1996)

En otros países del mundo como Estados Unidos la Moha fue introducida a mediados del siglo XIX (1849) donde no fue bien aceptada para consumo humano y en la actualidad es utilizada como cultivo forrajero para la producción de heno y silaje destinados a la alimentación del ganado. Las principales áreas de cultivo son el norte y oeste de las grandes planicies, incluyendo Colorado, Kansas, Nebraska, Wyoming, Dakota del Sur y Dakota del norte (Baltensperger 1996). Un desarrollo similar ocurrió con esta especie en países como Canadá, Australia, norte de África, Sud-América y algunos países de Europa (Wanous 1990).

Inicialmente, los cultivares obtenidos en Argentina se destinaron tanto para la producción de grano forrajero como a la producción de forraje de planta entera. Actualmente el uso de la Moha como cultivo granífero ha desaparecido, utilizándose sólo como planta forrajera. Constituyendo un verdeo de verano que se caracteriza por su rápido crecimiento, su corto período desde la siembra hasta su aprovechamiento (60-75 días), por su amplia ventana de siembra (de octubre a febrero) y por ser una especie que aporta, principalmente, materia seca y fibra, en condiciones ambientales que resultan limitantes (ej. déficit hídrico) para otros cultivos de verano. En sistemas intensivos de producción de leche o engorde de vacunos se utiliza como reserva forrajera invernal a través de la confección de heno, uso habitual también en campos de cría.

Además, se puede utilizar en pastoreo directo, aunque no es recomendable realizar más de un pastoreo ya que, debido a su poco anclaje, hay pérdida de plantas por arranque de los animales. Un uso intermedio consiste en realizar un único pastoreo en macollaje y luego realizar la henificación del rebrote (Echeverría 1981).

Este cultivo se siembra, principalmente, en zonas tamberas y de cría del país, incluyendo el sur de la provincia de Buenos Aires, Santa Fe, Entre Ríos, Córdoba, San Luis y algunas provincias del norte argentino.

1.7. Estudios de variabilidad y caracterización morfológica

Los trabajos relacionados a la caracterización de la especie realizados en distintas partes del mundo comprenden: la caracterización de 1.195 entradas provenientes de Eurasia obtenidas en el banco de germoplasma del ICRISAT y la creación de tres razas basada en caracteres cuantitativos y cualitativos de la panoja (Prasada Rao *et al.* 1987); análisis de la distribución geográfica de grupos de *landraces* de Eurasia de acuerdo a la esterilidad del polen de las F1 obtenidas a partir de estos con tres probadores de Japón, Taiwán y Bélgica (Kawase y Sakamoto 1987, Kawase *et al.* 1997); estudios para la diferenciación morfológica de materiales de Eurasia y África (Sato y Kokubu 1988a); estudio de la variabilidad de *landraces* de Pakistán y su relación con otras *landraces* de Eurasia de acuerdo con caracteres morfológicos (Ochiai *et al.* 1994); estudio de la diversidad fenotípica de *landraces* de China de acuerdo a caracteres cualitativos (Li *et al.* 1996); análisis y clasificación del patrón de macollaje en cuatro tipos, a partir del estudio de genotipos de Eurasia (Ochiai 1996); caracterización morfológica de 1.535 entradas de Eurasia, África y norte América provenientes del banco de germoplasma del ICRISAT y clasificación en las razas propuestas por Prasada Rao (1987)(Reddy *et al.* 2006).

En Argentina, existen trabajos donde se describen morfológicamente los cultivares y se establece su uso agronómico (Echeverría 1981), y se propuso el uso de caracteres morfológicos y bioquímicos de la semilla como herramienta para la identificación de cultivares (Pallares *et al.* 2004).

1.8. Estudios de variabilidad y caracterización molecular

Entre los primeros trabajos basados en estudios moleculares se pueden citar: la determinación de la variabilidad genética mediante el estudio electroforético de cinco sistemas de isoenzimas en líneas provenientes de Eurasia y África (Jusuf y Prenes 1985); la caracterización en base al estudio de las proteínas de reserva del grano (Kumar y Parvathy Parameswaran 1998).

Los trabajos más generales basados en el estudio del ADN comprenden: estudio de la variación de entradas de *Setaria italica* provenientes de Eurasia, África y Oceanía, y de la variación inter-específica con otras especies del género *Setaria* por análisis de RAPDs (Li *et al.* 1998); relaciones filogenéticas y genómicas en el género *Setaria* (Benabdelmouna *et al.* 2001); determinación de las relaciones genéticas con su pariente silvestre *Setaria viridis* usando marcadores AFLP (Le Thierry d'Ennequin *et al.* 2000); y la construcción de un mapa genético comparativo interespecífico Moha-Arroz construido a partir de marcadores de Moha más 111 RFLPs mapeados de arroz (*Oryza sativa*) y cinco de trigo (*Triticum aestivum*) (Devos *et al.* 1998). Entre los trabajos más específicos de *Setaria italica* basados en el estudio del ADN realizados en diversas partes del mundo se encuentran: la construcción de un mapa genético de Moha basado en RFLP (Wang *et al.* 1998); el estudio de la variación geográfica del genoma nuclear y la diferenciación genética de *landraces* de Eurasia y África con RFLPs, y la caracterización del rADN y su aplicación en la identificación de esas *landraces* (Fukunaga *et al.* 2002a, 2005); determinación de la variabilidad genética de líneas provenientes de Eurasia y África con RFLPs y de líneas de Eurasia con marcadores RAPDs (Schontz y Berther 1998, 1999); el estudio de la variación estructural del gen *Waxy* y su uso en la diferenciación y el establecimiento de los orígenes de las Mohas waxy (Fukunag *et al.* 2002b); y el desarrollo de EST-SSR en Moha (Jia *et al.* 2007).

El genoma de la Moha se está secuenciando en el Joint Genome Institute (JGI) del Departamento de Energía de Estados Unidos con el objetivo de utilizar a esta especie para construir un sistema modelo para estudiar a otras gramíneas C4 como fuentes de bioenergía (Doust *et al.* 2009).

1.9. Estudios relacionados con el mejoramiento genético

El mejoramiento en Moha ha sido limitado en los últimos años (Siles *et al.* 2001a). Esto se debe en parte a la morfología floral y al comportamiento reproductivo de la especie, lo que dificulta la producción de cruzamientos y la obtención de técnicas eficientes para su realización (Baltensperger 1996). La mayoría de los trabajos de mejoramiento en Moha se han llevado a cabo entre los años 1930 y 1965 en la actual Rusia, en China y en India y fueron recopilados por Malm y Rachie 1971. Trabajos más recientes en esas regiones no han sido tratados o recopilados en revisiones en la literatura Inglesa (Baltensperger 2002).

Entre los trabajos más relacionados con la obtención y desarrollo de materiales mejorados se pueden citar: el estudio de las relaciones entre las respuestas al fotoperíodo y a la temperatura en distintos materiales de Eurasia y África (Kokubu y Nagakura 1981); estudio del potencial de la hibridación inter-específica y la poliploidización en el mejoramiento de la Moha para caracteres cuantitativos, a partir del estudio de la heredabilidad de estos caracteres (Darmency *et al.* 1987); el estudio de las propiedades genéticas de los caracteres de interés agronómico (heredabilidad y correlaciones) de materiales de Eurasia y África (Sato y Kokubu 1988b); el estudio del porcentaje de hibridación espontánea entre *Setaria viridis* y la Moha y sus implicancias en el desarrollo de cultivos transgénicos debido al traspaso de genes aún entre especies altamente autógamias (Till-Bottraud *et al.* 1992); el desarrollo de técnicas para la hibridación artificial y la obtención de líneas avanzadas a partir de cruzamientos dirigidos, para la incorporación de resistencia a ciertas enfermedades y a la mejora de algunas características agronómicas (Siles *et al.* 2001a y 2001b); el análisis genético de caracteres de interés agronómico a partir del estudio de la F2 producto del cruzamiento de dos líneas contrastantes (Ichitani *et al.* 2003a y 2003b).

Además, se pueden citar: estudios para determinar el grado de heterosis para rendimiento en grano y otros caracteres agronómicos (Siles *et al.* 2004); estudio de la poliploidización de un cultivar Chino como una opción para el mejoramiento genético de caracteres morfológicos y reproductivos (Ahanchede *et al.* 2004); el estudio sobre el control genético del macollaje a través de la identificación de los loci responsables de los cambios en la capacidad de macollaje (Doust *et al.* 2004); el estudio de la variabilidad de caracteres morfo-fisiológicos, biofísico y bioquímicos y su relación con la productividad de semilla y de materia seca total, en 20 genotipos de la India (Channappagoudar *et al.* 2008); finalmente, se estudió la base genética de una línea macho estéril sensible al fotoperíodo (PMS) y se evaluó la sensibilidad al fotoperíodo en los distintos estados del desarrollo de la Moha, incluyendo su efecto sobre la fertilidad (Yuan *et al.* 2008).

1.10. Cultivares de Moha en Argentina

En la Argentina, la Moha fue introducida a partir de poblaciones originarias de China a mediados del siglo XX. A partir de estas poblaciones se obtuvieron por selección individual los cultivares creados por el INTA entre los años 1965 y 1968 (Echeverría, Rodríguez, Serrano y Madaloni) (Larreguy 1982), siendo algunos de estos cultivares los que se utilizan en la actualidad, mientras que otros se han perdido.

Los cultivares disponibles actualmente en la Argentina son, en realidad, lo que se define como variedades locales o *landraces*. Estas están constituidas idealmente por un conjunto heterogéneo de genotipos altamente homocigotas, sobre los que actuó libremente la selección de los ambientes donde fue multiplicada, durante los casi 40 años transcurridos desde su obtención hasta la actualidad.

Dentro de estos cultivares, los más difundidos y mejor conocidos en el mercado actual son *Carapé INTA* y *Yaguané INTA*, cada uno de los cuales posee diferencias tanto morfológicas como agronómicas que determinan su uso, abarcando toda la variabilidad existente en los materiales utilizados en Argentina.

Otros cultivares obtenidos de forma similar e inscriptos en el Instituto Nacional de Semillas (INASE) como *Ñandú INTA* y *Anaranjada INTA*, se han perdido en la actualidad, existiendo en el mercado, materiales con falsas denominaciones y origen desconocido, que derivarían de *Carapé INTA* y *Yaguané INTA*. Siendo estos últimos los únicos cultivares disponibles, inscriptos y fiscalizados en el INASE.

La relativa poca importancia como especie en los sistemas de producción de carne y leche en la Argentina, la falta de un mercado varietal importante y la poca o casi nula caracterización tanto genética como agronómica del germoplasma disponible en el país imposibilitaron la existencia de materiales correctamente identificados y definidos en el mercado local. Esto sumado a las características reproductivas de la especie, ha resultado en una muy limitada cantidad de estudios relacionados con el mejoramiento, lo que explica en cierta forma el escaso avance en la obtención de nuevos cultivares de Moha.

Los trabajos realizados en Argentina destinados a la caracterización del germoplasma presente en la actualidad son muy limitados, como así también los referidos a la obtención de germoplasma mejorado de Moha. Hasta el presente, no se han realizado trabajos de caracterización asociados con los parámetros genéticos de las poblaciones, como así tampoco se ha caracterizado fenotípicamente el germoplasma disponible y son inexistentes los estudios relacionados a la genética molecular (ADN) en esta especie.

La obtención de esta información permitiría definir y analizar los problemas y debilidades del germoplasma disponible y planificar el avance hacia el desarrollo de un germoplasma mejorado. Considerando esta información se podrá establecer si es posible explotar la variabilidad existente en los cultivares *Carapé INTA* y *Yaguané INTA* y utilizar a estos como poblaciones base para la selección, o si será necesario crear nueva variabilidad, ya sea mediante la recombinación entre materiales con diferencias suficientes y heredables o mediante la introducción de germoplasma exótico.

HIPÓTESIS:

Existe variabilidad genética en caracteres de interés agronómico entre y dentro de las poblaciones adaptadas y difundidas de Moha (*Setaria italica*).

OBJETIVOS:**General:**

- **Caracterizar genéticamente, fenotípicamente y agronómicamente a las dos poblaciones localmente adaptadas de Moha y considerar su aplicación en la obtención de poblaciones mejoradas.**

Específicos:

- **Caracterizar genéticamente y morfológicamente a los diferentes morfotipos de Moha y analizar la variabilidad entre y dentro de las poblaciones *Carapé INTA* y *Yaguané INTA*.**
- **Cuantificar los efectos genéticos y ambientales sobre los caracteres morfo-agronómico estudiados y establecer las asociaciones entre estos.**
- **Determinar parámetros genéticos poblacionales de utilidad para el mejoramiento y la definición de criterios de selección.**
- **Analizar el desempeño agronómico de los cultivares *Carapé INTA* y *Yaguané INTA* en distintos ambientes y caracterizar a estos cultivares de acuerdo a su adaptabilidad y estabilidad en el rendimiento de materia seca a través de los ambientes.**

2. MATERIALES Y METODOS

Se realizaron **dos ensayos**:

Ensayo 1: para **caracterizar morfológicamente** a una muestra representativa de **líneas** derivadas de las poblaciones *Carapé* y *Yaguané*, **cuantificar la variabilidad existente dentro y entre dichas poblaciones**, y **estimar parámetros genéticos** en los caracteres relacionados con la producción de biomasa forrajera, la producción de semillas y la calidad nutricional del forraje.

Ensayo 2: para **caracterizar agronómicamente** a los **cultivares** *Carapé INTA* y *Yaguané INTA*, analizar la interacción de estos con el ambiente y estudiar la estabilidad del desempeño de estos cultivares en los distintos ambientes.

2.1. Ensayo para la caracterización genética y morfológica:

2.1.1. Sitio:

El ensayo se realizó en la EEA-INTA Pergamino, provincia de Buenos Aires (33° 54' latitud sur, 60° 35' longitud oeste). El suelo corresponde a un Argiudol típico, serie pergamino, de textura franco-limosa.

2.1.2. Material vegetal:

A partir de los cultivares *Carapé INTA* y *Yaguané INTA* se obtuvieron, inicialmente, las poblaciones de líneas *Carapé* y de líneas *Yaguané*. Luego, para la realización de este ensayo, se utilizó una muestra de 64 líneas puras representativas, 32 líneas derivadas de la población *Carapé* y 32 líneas derivadas de la población *Yaguané*.

A cada una de las muestras de 32 **líneas puras definidas e identificadas** se las denominó en este trabajo como **población Carapé** y **población Yaguané**, para diferenciar a estos materiales experimentales de los utilizados en el ensayo 2.

Estas líneas se obtuvieron a partir de panojas individuales provenientes de las poblaciones base (cultivares *Carapé INTA* y *Yaguané INTA*) en la campaña 04/05, las cuales fueron conducidas por las dos campañas siguientes sembrando un surco por panoja. En la campaña 06/07 se cosecharon las panojas de una planta por cada surco (o línea), para disminuir posibles variaciones por efecto materno (de desarrollo). De las semillas obtenidas de cada planta se eligieron al azar las correspondientes a 32 líneas representativas de cada uno de los cultivares.

La semilla utilizada en este ensayo fue progenie de padres que crecieron bajo las mismas condiciones ya que provinieron de un mismo ensayo el año anterior. Esto permitió reducir ciertos factores de variación que afectan el fenotipo de las plantas y que pueden confundirse con efecto ambiental, pero que están determinados directamente por los efectos ambientales sobre la madre. En el mismo sentido, toda la semilla utilizada presentó entre 98% y 100% de energía germinativa y 100% de poder germinativo, con lo que se intentó reducir la variación debida a la calidad de la semilla y al vigor de las plántulas.

2.1.3. Descripción del ensayo:

2.1.3.1. Etapa en invernáculo:

La siembra se realizó en bandejas o “speelding” el 5/11/2007. Se mantuvieron en invernáculo durante 23 días. No se realizaron fertilizaciones ni aplicaciones de herbicida, se aplicó insecticida granulado sobre el sustrato al momento de la siembra. El transplante se realizó el 28/11/2007.



Figura 1- Ensayo para la caracterización genética y morfológica de las poblaciones *Carapé* y *Yaguané*: a) etapa en invernáculo, b) y c) etapa de campo.

2.1.3.2. Etapa de campo:

i) Diseño del experimento:

El material experimental se arregló de acuerdo a un diseño en látice parcialmente balanceado, 8 x 8, con cuatro repeticiones (látice cuádruple). Cada repetición contuvo los 64 tratamientos (t), en 8 bloques ($k=\sqrt{t}$), constituido cada uno, por 8 unidades experimentales. Se transplantaron 14 plantas por unidad experimental, con un distanciamiento de 40 cm. entre surcos y 30 cm. entre plantas dentro del surco.

ii) Manejo del cultivo:

El ensayo fue realizado en secano, no se realizaron fertilizaciones, se efectuó control mecánico de malezas y control químico de insectos.

2.1.4. Caracteres evaluados en floración:

Se consideró el momento en que el 50% de la parcela se encontraba en antesis.

a) Largo de lámina:

Distancia desde la lígula al ápice de la lámina, expresada en centímetros. Las mediciones se realizaron sobre la hoja anterior a la hoja bandera del macollo principal. Se tomó el promedio de 4 plantas en cada parcela.

b) Ancho de lámina:

Ancho máximo de la lámina, expresado en centímetros. Las mediciones se realizaron sobre la hoja anterior a la hoja bandera del macollo principal. Se tomó el promedio de 4 plantas en cada parcela.

c) Color de lámina:

Tomado como promedio de la parcela y expresados como: VC = verde claro, V = verde y VO = verde oscuro. (Basado en el descriptor de *Setaria* del INASE).

d) Arquitectura foliar:

Tomado como promedio de la parcela y expresadas como: Er = lámina erecta, Int = lámina intermedia y Pe = lámina péndula. (Basado en el descriptor de *Setaria* del INASE).

e) Días a floración:

Días desde la siembra hasta el 50% de floración de la parcela.

2.1.5. Caracteres evaluados en madurez:

Se consideró el estado de madurez fisiológica de las semillas.

a) Altura de planta:

Distancia comprendida entre el cuello de la planta y el extremo apical de la panoja correspondiente al macollo principal. Se tomó el promedio de 4 plantas en cada parcela.

b) Número de macollos:

Se realizó el conteo de macollos presentes en la planta. Se tomó el promedio de 4 plantas en cada parcela.

c) Largo de panoja:

Distancia entre la primera ramificación y el extremo apical de la panoja principal, expresada en centímetros. Se tomó el promedio de 4 plantas en cada parcela.

d) Ancho de panoja:

Ancho máximo de la panoja principal, expresado en centímetros. Tomado como el promedio de 4 plantas en cada parcela.

e) Forma de panoja:

Tomado como promedio de 4 plantas por parcela, considerándose tres formas básicas de la panoja principal, donde: Ci = cilíndrica, Co = cónica y Gl = globosa. (Ver ANEXO 1); (Basado en el descriptor de Setaria del INASE).

f) Color de panoja:

Tomado como promedio de 4 plantas por parcela, considerándose cuatro colores de la panoja principal, expresados como: Am = amarilla, C = castaño, CO = castaño oscuro y Pu = púrpura. (Ver ANEXO I); (Basado en el descriptor de Setaria del INASE).

g) Grado de compactación de la panoja:

Tomado como promedio de 4 plantas por parcela, considerándose tres grados de compactación de la panoja principal, donde: Cta = compacta, Int = semi-compacta y Lax = laxa. (Ver ANEXO I); (Basado en el descriptor de Setaria del INASE).

h) Largo de involucro o “barba”:

Largo del involucro de una espiguilla correspondiente a la parte media de la panoja principal, donde: Corto = menos de 6 mm., Intermedio = entre 6 y 12 mm. Largo = más de 12 mm. Se tomó el promedio de 4 plantas en cada parcela. (Ver ANEXO I).

i) Peso de panoja:

Peso en gramos de la panoja principal, expresado como el promedio de cuatro plantas por parcela.

j) Peso de 1000 semillas:

Se tomó el peso en gramos de una muestra de 200 semillas proveniente de cada parcela. Este peso se tomó con una balanza de 0,001 gr. de precisión y el valor se multiplicó por cinco.

2.1.6. Análisis de calidad forrajera:**2.1.6.1. Momento de corte:**

Para el análisis de calidad forrajera se cortaron las plantas en el estado de inicio de panojamiento (2/3 de la panoja principal emergida) en todas las parcelas.

2.1.6.2. Muestra:

Se cortaron dos plantas en cada una de las parcelas correspondientes a las repeticiones I y II. Estas plantas fueron cortadas a 5 centímetros del suelo y se secaron en estufa a 62 °C durante 48 horas. Las muestras secas de cada parcela se molieron en molino con malla de 2 mm. A partir de las muestras secas, molidas y homogeneizadas se extrajeron las alícuotas para las determinaciones de fibra detergente neutro (FDN), fibra detergente ácido (FDA), y digestibilidad *in vitro* de la materia seca (DIVMS).

2.1.6.3. Parámetros químicos evaluados:**b) Fibra Detergente Neutro (FDN):**

Obtenido según el método desarrollado por Van Soest *et al.* (1966). Para la determinación del porcentaje de FDN se utilizó el analizador de fibra ANKOM²²⁰ (ANKOM Corp., Fairport, NY-E.E.U.U.), según la Técnica de Bolsa de Filtración (TBF) y siguiendo el protocolo desarrollado por ANKOM Technology.

c) Fibra Detergente Ácido (FDA):

Obtenido según el método desarrollado por Van Soest *et al.* (1966). Para la determinación del porcentaje de FDA se utilizó el analizador de fibra ANKOM²²⁰ (ANKOM Corp., Fairport, NY-E.E.U.U.), según la Técnica de Bolsa de Filtración (TBF) y siguiendo el protocolo desarrollado por ANKOM Technology.

c) Digestibilidad *in vitro* de la materia seca (DIVMS):

Para determinar la digestibilidad *in vitro* de la materia seca (D.I.V.M.S.) del forraje se utilizó la técnica descrita por Goering y Van Soest (1970), siguiendo la modificación metodológica propuesta por ANKOM Technology Corporation (Fairport, NY-USA). Las muestras (250 mg) se incubaron en el interior de bolsitas de material sintético poroso, introducidas en recipientes de vidrio de 4 litros de capacidad en los que se añadieron 2 litros de una mezcla de líquido ruminal (obtenido de un animal bovino macho, de raza Hereford, fistulado y alimentado con la misma ración estandarizada previa extracción) y del medio de cultivo descrito por Goering y Van Soest (1970). La preparación del medio de cultivo y su mezcla con el líquido ruminal se realizaron en condiciones anaerobias (gaseado continuo con CO₂) y manteniendo la temperatura constante a 39°C. Se utilizó el incubador ANKOM Daisy^{II} (ANKOM Technology Corp.), que dispone de cuatro recipientes (jarras). En cada recipiente se introdujo una bolsita de cada una de las muestras (18 por jarra), una bolsita vacía (blanco) y una bolsita con moha de D.I.V. conocida utilizada como control de todo el procedimiento. Una vez cerrados los recipientes se introdujeron en el incubador durante 48 hs. en agitación continua, a una temperatura constante de 39°C. Transcurrido este tiempo se extrajeron las bolsitas de los recipientes y se sometieron a la acción de una solución detergente neutro durante 75 minutos a 100°C. Esta segunda fase se llevó a cabo empleando el analizador de fibra ANKOM²²⁰ (ANKOM Technology Corp.). Posteriormente, las bolsas se sometieron a tres lavados sucesivos con agua destilada a 100°C y se secaron a 102°C durante 3 h para determinar la desaparición de materia seca. Obteniéndose así los resultados en términos de digestibilidad verdadera *in vitro* de la materia seca (Goering y Van Soest 1970).

2.1.7. Análisis de los datos:

2.1.7.1. Caracteres cuantitativos:

2.1.7.1.1. Análisis univariado:

El estudio de los supuestos de distribución normal y homogeneidad de variancia de los datos y de los errores para cada carácter se realizó usando los procedimientos GLM y UNIVARIATE del Software SAS (SAS Institute, Inc., SAS/STAT software, Versión 8).

Para el análisis general de la variabilidad existente entre y dentro de las poblaciones se utilizó el modelo lineal mixto correspondiente a un diseño en bloques completos aleatorizados con factores anidados, donde los efectos del factor Población fueron fijos y los efectos del factor Línea dentro de población se consideraron aleatorios:

$$y_{ijkl} = \mu + \tau_i + \gamma_{k(i)} + \beta_j + \varepsilon_{(ijk)l}$$

$$i = 1...2, k = 1...32, j = 1...4, l = 1...256$$

y_{ijkl} = observación correspondiente a la k-ésima línea de la i-ésima población en el j-ésimo bloque.

μ = media general.

τ_i = efecto de la i-ésima población.

$\gamma_{k(i)}$ = efecto de la k-ésima línea dentro de la i-ésima población.

β_j = efecto del j-ésimo bloque.

$\varepsilon_{(ijk)l}$ = es el término de error. $\varepsilon_{(ijk)l} \sim N(0, \sigma_e^2)$

Se utilizaron las particiones de las sumas de cuadrados del Análisis de Variancia para la estimación de los componentes de variancia, y las pruebas de hipótesis sobre éstas cuando las variancias fueron homogéneas.

Los cuadrados medios esperados para el Análisis de Variancia de un diseño en bloques completos aleatorizados con un factor fijo (Población) y un factor aleatorio (Línea dentro de población) se presentan en la siguiente tabla:

Fuente de variación	g.l.	$\mathcal{E}(CM)$
Bloque	$r-1$	
Población	$a-1$	$\sigma_e^2 + n\sigma_\gamma^2 + \frac{bn \sum \tau_i^2}{(a-1)}$
Línea(Población)	$a(b-1)$	$\sigma_e^2 + n\sigma_\gamma^2$
Error	$ab(n-1)$	σ_e^2
Total	$abn-1$	

r = número de repeticiones, a = número de poblaciones, b = número de líneas dentro de poblaciones y n = r = número de datos de cada línea.

La **hipótesis nula** para los efectos fijos de “Población” fue: $H_0: \tau_i = 0$

La **prueba de la hipótesis nula** para el componente de variancia “Población” es:

$$F_0 = CM \text{ Población} / CM \text{ Línea (Población)}$$

La **hipótesis nula** para los efectos aleatorios de “Línea (Población)” fue: $H_0: \sigma_\gamma^2 = 0$

La **prueba de la hipótesis nula** para el componente “Línea (Población)” fue:

$$F_0 = CM \text{ Línea (Población)} / CM \text{ Error}$$

Se probó el supuesto de igualdad de variancias de las poblaciones *Carapé* y *Yaguané* mediante la prueba de F para comparación de dos variancias de poblaciones normales.

Donde la **hipótesis nula** fue: $H_0: \sigma_c^2 = \sigma_y^2$

Cuando las variancias de las poblaciones no fueron homogéneas se utilizó la **prueba de t para muestras independientes y variancias distintas**.

Donde la **hipótesis nula** fue: $H_0: \mu_c - \mu_y = \tau_i = 0$

Los **estimadores puntuales para los componentes de variancia** se calcularon de la siguiente forma:

Población: $\theta_t^2 = [CM \text{ Población} - CM \text{ Línea(Población)}] / bn$

Línea dentro de población: $\sigma_\gamma^2 = [CM \text{ Línea (Población)} - CM \text{ Error}] / n$

Dentro de línea: $\sigma_e^2 = CM \text{ Error}$

Para el **análisis de la variabilidad existente entre las líneas correspondientes a cada una de las poblaciones** se utilizó el modelo lineal para un diseño en bloques completos aleatorizados, donde los efectos del factor Línea se consideraron aleatorios:

$$y_{jkl} = \mu + \gamma_k + \beta_j + \varepsilon_{(jk)l}$$

$$k = 1...32 \quad , \quad j = 1...4 \quad , \quad l = 1...128$$

y_{jkl} = observación correspondiente a la k-ésima línea en el j-ésimo bloque.

μ = media general.

γ_k = efecto de la k-ésima línea.

β_j = efecto del j-ésimo bloque.

$\varepsilon_{(jk)l}$ = es el término de error. $\varepsilon_{(jk)l} \sim N(0, \sigma_e^2)$

Los cuadrados medios esperados para el Análisis de Variancia de un diseño en bloques completos aleatorizados con factor Línea aleatorio se presentan en siguiente tabla:

Fuente de variación	g.l.	$\mathcal{E}(CM)$
Bloques	r-1	
Línea	b-1	$\sigma_e^2 + n\sigma_\gamma^2$
Error	(b-1)(n-1)	σ_e^2
Total	bn-1	

r= número de repeticiones, b= número de líneas y n=r= número de datos de cada línea.

La **hipótesis nula** para los efectos aleatorios del factor “Línea” fue: $H_0: \sigma_\gamma^2 = 0$

El **estadístico de prueba** fue: $F_0 = CM \text{ Línea} / CM \text{ Error}$

2.1.7.1.2. Estimación de parámetros genéticos:

Se obtuvo la estimación de la variancia ambiental (σ_{amb}^2) y de la variancia genética (σ_G^2) considerando la variación entre las distintas líneas y utilizando el análisis de variancia (ANOVA) de cada una de las poblaciones como sigue:

Fuente de variación	g.l.	CM	$\mathcal{E}CM$
Entre Líneas	k-1	CM_L	$\sigma_{amb}^2 + n_0\sigma_G^2$
Dentro de Líneas	(k-1)(n-1)	CM_e	σ_{amb}^2

k= número de líneas y n₀= coeficiente relacionado al número de datos de cada línea.

Donde las fuentes de variación son la variancia entre las medias de las líneas y la variancia de las mediciones de una misma línea.

Los estimadores de los componentes de variancia entre líneas (σ^2_G), dentro de líneas (σ^2_{amb}) y de la variancia total (σ^2_F) de los efectos aleatorios se determinaron despejando:

- **Variancia Genética:** $\sigma^2_G = (CM_L - CM_e) / n_o$
- **Variancia Ambiental:** $\sigma^2_{amb} = CM_e$
- **Variancia Fenotípica:** $\sigma^2_F = \sigma^2_G + \sigma^2_{amb}$

Donde CM_L = cuadrado medio entre líneas, CM_e = cuadrado medio dentro de líneas y n_o = coeficiente relacionado al número de datos de cada línea.

Se calcularon los **coeficientes de variación fenotípica (CV_F)**, **genética (CV_G)** y **ambiental (CV_{amb})** de acuerdo a las siguientes formulas:

$$CV_F = \frac{\sqrt{\sigma^2_F}}{\bar{X}} \cdot 100 ; CV_G = \frac{\sqrt{\sigma^2_G}}{\bar{X}} \cdot 100 ; CV_{amb} = \frac{\sqrt{\sigma^2_{amb}}}{\bar{X}} \cdot 100$$

El componente de la variancia genotípica se expresó como una proporción de la variación fenotípica total de los efectos aleatorios, correspondiente a la **Heredabilidad en Sentido Amplio (H^2)** (Kearsey y Pooni 1996) o **Grado de Determinación Genética (GDG)** (Falconer 1970):

$$H^2 = GDG = \sigma^2_G / \sigma^2_G + \sigma^2_{amb}$$

Los estimadores del **error estándar de H^2** se calcularon según la formula para diferente número de observaciones (Becker 1984):

$$E.E.(H^2) = \sqrt{\frac{2(N-1)(1-H^2)^2[1+(n_o-1)H^2]^2}{n_o^2(N-k)(k-1)}}$$

Donde: k es el número de líneas evaluadas, N el número total de observaciones y n_o es el coeficiente relacionado con el número de observaciones de cada línea.

Los **intervalos de confianza para el estimador H^2** se calcularon según la siguiente fórmula (Bogyo y Becker 1963):

$$\Pr [(1 - K_{\alpha/2}) \leq H^2 \leq (1 - K_{1-\alpha/2})] = 1 - \alpha$$

Donde: $K_r = n_o \cdot CM_e \cdot F_r / CM_L + CM_e (n_o - 1) F_r$

F_r = valor F de tabla, $r = \alpha/2$ o $1-\alpha/2$, $F_{\alpha/2}$ = con los g.l. para CM_L en el numerador y los g.l. para CM_e en el denominador, $F_{1-\alpha/2}$ = se obtiene invirtiendo los g.l. y tomando el recíproco del valor tabulado, límite de confianza = $1 - \alpha = 0.95$.

Se estimaron los **coeficientes de correlación genética (r_G)**, **ambiental (r_{amb})** y **fenotípica (r_F)** entre dos caracteres a partir del Análisis de Variancia de cada uno de los caracteres por separado y de un Análisis de Covariancia de los mismos datos.

Se consideraron las esperanzas de los cuadrados medios (\mathcal{ECM}) de estos análisis, presentados en la siguiente tabla:

F.V.	ANOVA(X)	ANOVA(Y)	Análisis de Covariancia(XY)
Entre Líneas	$\sigma^2_{amb(X)} + n_o \sigma^2_{G(X)}$	$\sigma^2_{amb(Y)} + n_o \sigma^2_{G(Y)}$	$\sigma_{amb(XY)} + n_o \sigma_{G(XY)}$
Dentro de Líneas	$\sigma^2_{amb(X)}$	$\sigma^2_{amb(Y)}$	$\sigma_{amb(XY)}$

A partir de la tabla anterior se estimaron r_G , r_{amb} y r_F de acuerdo a las siguientes fórmulas:

$$r_G = \frac{\sigma_{G(XY)}}{\sqrt{\sigma_{G(X)}^2 \times \sigma_{G(Y)}^2}} ; r_{amb} = \frac{\sigma_{amb(XY)}}{\sqrt{\sigma_{amb(X)}^2 \times \sigma_{amb(Y)}^2}} ; r_F = \frac{\sigma_{F(XY)}}{\sqrt{\sigma_{F(X)}^2 \times \sigma_{F(Y)}^2}}$$

Para el análisis de los coeficientes de correlación r se utilizó un estimador aproximadamente no viciado de las correlaciones de la población (ρ), obtenido a partir de la siguiente ecuación:

$$\rho = r [1 + (1 - r^2) / 2n] \text{ (Fisher 1915).}$$

La prueba de significancia de las correlaciones se basó en el estadístico t de Student según la fórmula $t_{(n-2)} = r/\sqrt{[(1-r^2)/(n-2)]}$ (Fisher 1954), donde n =número de genotipos cuando se probó r_G y número de fenotipos cuando se probaron r_{amb} y r_F .

La **respuesta a la selección (R)**, cuando se seleccionan líneas puras por medias de parcela, se estimó de acuerdo a la siguiente ecuación, donde la heredabilidad apropiada a utilizar es H^2 (Simmonds y Smartt 1999; Bernardo 2002):

$$R = i \cdot H^2 \cdot \sigma_F$$

Donde i = intensidad de selección (en este trabajo se tomó $i = 1,554$ correspondiente a seleccionar el 15% superior de la población considerada) y σ_F = desvío estándar fenotípico de las medias de líneas.

El **progreso genético esperado (ΔG)** se expresó como porcentaje de la media del carácter considerado ($R/x.100$).

La **respuesta correlacionada (CR_Y)** en Y, lo que representa el cambio esperado en la media del carácter Y cuando se selecciona el 15% superior de la población considerada para el carácter X, se estimó según la siguiente ecuación y se expresó como porcentaje de la media del carácter Y considerado:

$$CR_Y = i \cdot H_X \cdot H_Y \cdot \sigma_{F(Y)} \cdot r_{G(XY)}$$

Donde r_G es el coeficiente de correlación adecuado cuando se utiliza la heredabilidad en sentido amplio (H^2) (Simmonds y Smartt 1999).

Los Análisis de Variancia univariados se realizaron utilizando el procedimiento GLM en el Software SAS (SAS Institute, Inc., SAS/STAT software, Versión 8). Se usaron las ecuaciones de modelo mixto y las esperanzas de los cuadrados medios para estimar la significancia de los efectos de los diferentes factores y obtener los componentes de variancia. Cuando las variancias de las poblaciones no fueron estadísticamente iguales se utilizó el procedimiento TTEST de SAS (2001) para la comparación de medias.

2.1.7.1.3. Análisis Multivariado:

Análisis de Componentes Principales:

Se utilizó una matriz de correlaciones como punto de partida para analizar los autovalores y autovectores de las dos primeras componentes principales y determinar qué proporción de la variación total fue explicada por los componentes y cuales de las variables tuvieron una mayor contribución en cada componente principal. Luego se seleccionaron sub-grupos de variables para realizar distintos análisis de interés genético y agronómico teniendo en cuenta los ANOVA, las matrices de correlaciones y los ACP preliminares, y relacionando esto con las estimaciones de parámetros genéticos (heredabilidades y correlaciones genéticas).

Para facilitar la interpretación de los análisis se realizaron gráficos *biplot* de las dos primeras componentes principales donde se presentan puntos-individuos y vectores-variables, lo que permitió identificar las asociaciones entre las líneas, entre las variables y entre las líneas y las variables.

Análisis de Agrupamiento:

Se realizó un agrupamiento **jerárquico aglomerativo** de las líneas de ambas poblaciones mediante el método de **mínima variancia de Ward**, se utilizó la medida de **distancia Euclídea** y **se estandarizaron los datos** de las variables. Este análisis exploratorio permitió conocer la estructura de agrupamiento y las relaciones de las líneas de ambas poblaciones de acuerdo a las variables consideradas.

Tanto el método de agrupamiento, como la medida de distancia utilizada se eligieron de acuerdo a los objetivos del análisis y a la interpretación de los resultados, considerando además los valores del *coeficiente de correlación cofenética* y del R-Cuadrado como medidas de la calidad del agrupamiento y el número adecuado de clusters.

Con el fin de facilitar la interpretación del análisis se realizaron gráficos (dendrogramas) donde se representa la evolución del agrupamiento de las líneas de acuerdo a la distancia seleccionada.

Análisis Discriminante:

Para describir las relaciones y las diferencias existentes entre las poblaciones *Carapé* y *Yaguané* se realizó un **Análisis Discriminante Canónico (lineal)** y **Cuadrático** para obtener una función discriminante que logre maximizar y hacer más evidente las diferencias entre ambas poblaciones, y determinar cuales son las variables que más contribuyen a explicar esas diferencias.

Para la selección preliminar de las variables a incluir en la función discriminante, se utilizó el procedimiento según el **método de selección paso a paso, hacia delante o método *forward***, el criterio utilizado para incluir una variable en la definición de la función discriminante fue la prueba de F, considerándose un valor de p pre-especificado de 0.15, por debajo del cual una nueva variable fue incluida.

Los análisis multivariados se realizaron con el software SAS (2001). El análisis de componentes principales, mediante el procedimiento PRINCOMP. Para el análisis de agrupamiento se utilizó el procedimiento CLUSTER (opción METHOD=WARD, STD). La selección de variables discriminantes se realizó mediante el procedimiento STEPDISC (opción METHOD=FORWARD, SLENTY= .15). El análisis discriminante canónico se realizó con el procedimiento CANDISC, y el discriminante cuadrático, mediante el procedimiento DISCRIM (opción POOL=NO, luego de la comprobación mediante la opción POOL=TEST).

Todos los gráficos correspondientes al análisis multivariado se realizaron con el software InfoStat (*InfoStat, versión 2008*. Grupo InfoStat, FCA, Universidad Nacional de Córdoba, Argentina).

2.1.7.2. Caracteres cualitativos:

Los caracteres cualitativos se analizaron a partir de tablas de frecuencias y gráficos comparativos considerando tanto las variaciones entre como dentro de las poblaciones *Carapé* y *Yaguané*. Los caracteres cualitativos considerados fueron: color y porte de lámina, color, forma, y grado de compactación de panoja, y largo de involucro.

Se utilizó la técnica no paramétrica de **Chi-Cuadrado** (χ^2) para evaluar y comparar las distribuciones de frecuencias a través de la **Prueba de Homogeneidad**, cuya hipótesis nula fue que las distribuciones son las mismas en ambas poblaciones. Se consideraron los seis caracteres cualitativos.

La **diversidad fenotípica** de cada una de las poblaciones y de la población total se estimó de acuerdo a cada uno los caracteres morfo-agronómicos considerados, como así también, la diversidad global obtenida a partir de los seis caracteres en conjunto. El análisis de dicha diversidad se realizó mediante el **Índice de Diversidad Biológica de Shannon-Weaver** (Shannon y Weaver 1949), calculado según la siguiente fórmula:

$$H' = -\sum p_i \cdot \ln p_i$$

Donde p_i = abundancia relativa de cada clase fenotípica.

Se consideró como medida de uniformidad de las poblaciones (**E**) a la relación entre la diversidad observada y la diversidad máxima posible:

$$E = H' / \ln S$$

Donde: H' = diversidad y S = número de clases fenotípicas.

El valor de **E** se sitúa entre 0 y 1, donde 1 representa la situación en que todas las clases fenotípicas son igualmente abundantes. La riqueza específica (**S**) se define como el número total de clases fenotípicas presentes en cada población. Para poner a prueba las diferencias entre los valores de diversidad fenotípica global de ambas poblaciones se realizó una prueba de t (Hutchenson, 1970), calculando la variancia según:

$$\text{Var}(H') = [\sum p_i \cdot \ln^2 p_i - (\sum p_i \cdot \ln p_i)^2] / N + (n - 1) / 2N^2$$

Donde N es el número de observaciones de los n grupos considerados.

Y el estadístico de prueba fue:

$$T = (H'_1 - H'_2) / [\text{Var}(H'_1) + \text{Var}(H'_2)]^{1/2}$$

Con: $[\text{Var}(H_1) + \text{Var}(H_2)]^2 / [\text{Var}(H_1)^2 / N_1 + \text{Var}(H_2)^2 / N_2]$ grados de libertad.

2.2. Ensayo para la caracterización agronómica:

2.2.1. Material vegetal:

Se utilizaron **mezclas físicas de líneas** derivadas de cada uno de los cultivares *Carapé INTA* y *Yaguané INTA*. Estas muestras purificadas de cada cultivar estuvieron constituidas por 75 genotipos representativos, cuyas semillas se mezclaron para reconstituir la estructura poblacional semejante a la que presentan estos cultivares en el mercado. Estos materiales experimentales se identificaron en este trabajo como **cultivar *Carapé INTA*** y **cultivar *Yaguané INTA***, para diferenciarlos de las muestras de líneas puras definidas que se nombraron como población *Carapé* y población *Yaguané* en el Ensayo 1.

2.2.2. Descripción del ensayo:

2.2.2.1. Ambientes:

El ensayo se realizó en cuatro ambientes: tres en la EEA-INTA Pergamino, Pcia. de Buenos Aires, realizando el ensayo en tres épocas distintas, en diferentes lotes y con distintas prácticas de fertilización (**P1, P2 y P3**), y el cuarto ambiente en la EEA-INTA Concepción del Uruguay, Pcia. de Entre Ríos (**CU**). Las principales características de los cuatro ambientes son presentadas en la siguiente tabla:

Ambiente	Latitud Sur	Longitud Oeste	Tipo Suelo	Fertilización (kg/ha)	Temp. media (°C)	Heliofanía efec. (h/día)	Pptac. acum. (mm)
P1	33° 54'	60° 35'	Argiudol típico	46 P	20.5	9.6	186
P2	33° 54'	60° 35'	Argiudol típico	46 P + 23 N	23.0	8.2	249
P3	33° 54'	60° 35'	Argiudol típico	46 P	20.1	7.7	172
CU	32° 29'	58° 20'	Peluderte típico	46 P + 18 N	24.1	8.0	238

2.2.2.2. Siembra:

Las siembras se realizaron en Pergamino el 18/10/2007 (**P1**), el 13/12/2007 (**P2**) y el 6/02/2008 (**P3**), y en Concepción de Uruguay el 21/12/2007 (**CU**). La densidad de siembra fue de 17 kg/ha en P1, P2 y P3, y de 18,75 Kg/ha en CU, se sembró en stand denso y con un espaciamiento entre surcos de 20 cm. en todos los ambientes.

2.2.2.3. Fertilización:

Se realizó una fertilización en el momento de la siembra con 100 Kg/ha de súper fosfato triple en P1, P2 y P3, y con 100 Kg/ha de fosfato diamónico en CU. En P2 se realizó una segunda fertilización con 50 kg/ha de urea en el estado de macollaje.

2.2.2.4. Diseño del experimento:

Se utilizó un diseño en parcela dividida en un DBCA, con 6 repeticiones.

Tratamientos: cultivar *Carapé INTA* y cultivar *Yaguané INTA*.

Sub-tratamientos: se realizó un primer corte en macollaje (40-50 cm de altura con el primer nudo visible) dejando 10-12 cm de remanente, y luego, se efectuaron las mediciones sobre el rebrote producido (**TR**); en el otro sub-tratamiento, se realizaron las mediciones sobre el forraje acumulado desde emergencia hasta inicio de panojamiento (50% de la parcela con panojas emergidas), sin corte previo (**TA**). En el ambiente P3 sólo se realizó el sub-tratamiento **TA**.

2.2.2.5. Muestreo:

La superficie de muestreo en todas las sub-parcelas fue de 1,5 m², a partir de la cual se extrajo una sub-muestra de 300 gr. de materia verde para la determinación del porcentaje de materia seca del forraje, y una sub-muestra de 500 gr. de materia verde para la separación de componentes morfológicos.

Estas muestras fueron utilizadas para efectuar los análisis de los parámetros químicos de calidad forrajera, tanto de planta entera como de sus componentes morfológicos.

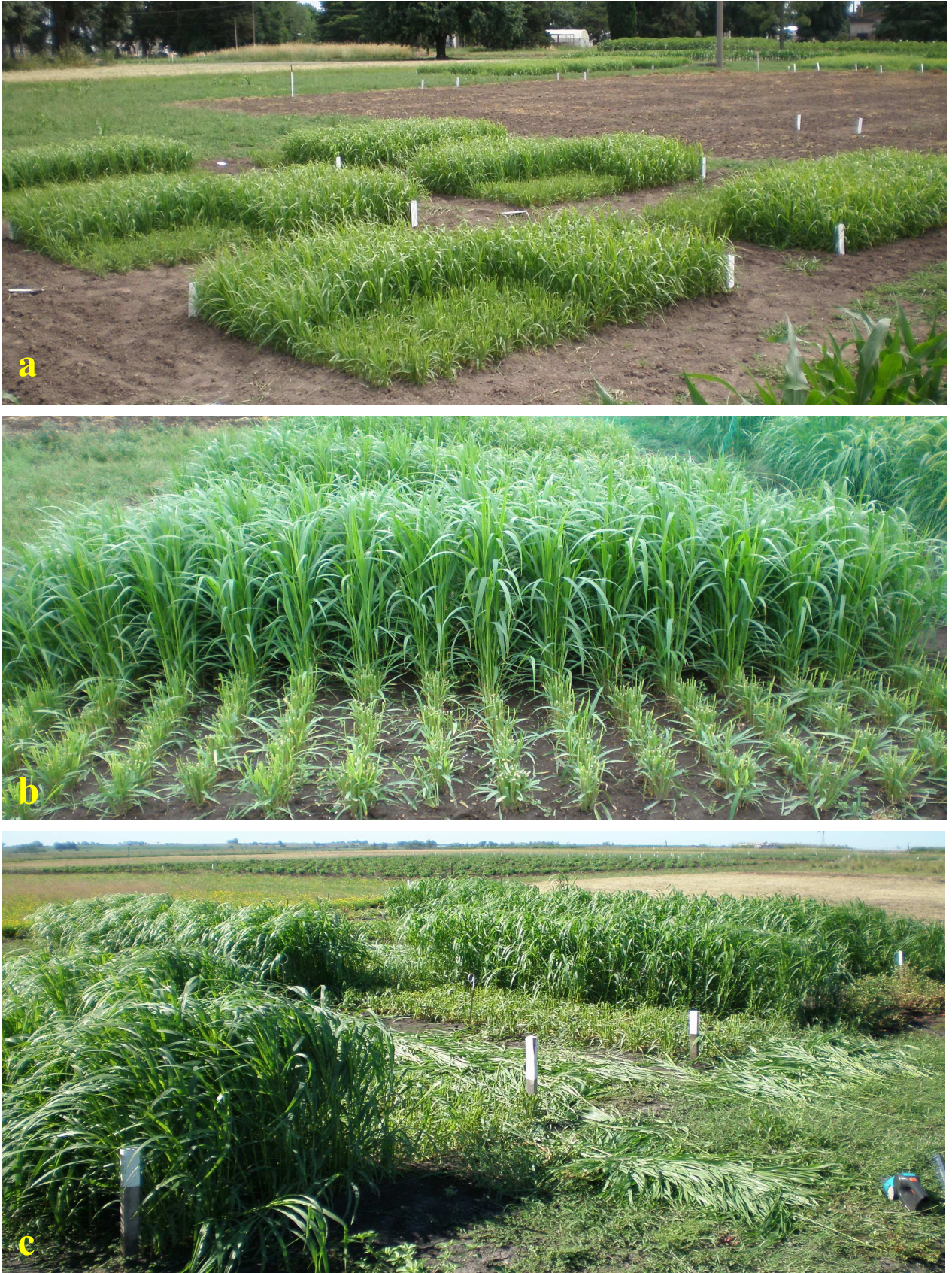


Figura 2- Ensayos para la caracterización agronómica de los cultivares *Carapé INTA* y *Yaguané INTA*:
a) ambiente P1, b) ambiente P2, y c) ambiente CU.

2.2.3. Caracteres evaluados:

a) Producción de materia seca:

Expresada como kilogramos de materia seca por hectárea. Obtenida a partir del peso verde del forraje producido en cada sub-parcela en el estado de inicio de panojamiento, y del porcentaje de materia seca de dicho forraje. En el sub-tratamiento TR se midió la materia seca producida por el rebrote. En el sub-tratamiento TA se midió la producción de materia seca acumulada desde la emergencia del cultivo. En ambos sub-tratamientos el corte para medición se realizó en el mismo estado fenológico (inicio de panojamiento).

b) Relación lámina/resto:

Expresada como el cociente entre los pesos secos de las láminas de las hojas y del resto de los componentes morfológicos de la parte aérea de la planta (tallos, vaina y panoja pre-formada), determinada en el estado de inicio de panojamiento. Este carácter no fue evaluado en el sub-tratamiento TR.

c) Días a floración:

Días desde la siembra hasta el 50% de floración de la parcela.

2.2.4. Análisis de calidad forrajera:

2.2.4.1. Muestra:

Para el análisis de los parámetros químicos de calidad del forraje se utilizaron las sub-parcelas que recibieron un único corte en inicio de panojamiento (TA), correspondientes a dos repeticiones del ensayo de campo en P1, P2 y P3 y a tres repeticiones del ensayo de campo en CU. Las muestras tanto de planta entera como de sus componentes morfológicos se secaron en estufa a 62 °C durante 48 horas. Las muestras secas se molieron en molino con malla de 2 mm. A partir de las muestras secas, molidas y homogeneizadas se extrajeron las alícuotas para las determinaciones de proteína bruta (PB), fibra detergente neutro (FDN), fibra detergente ácido (FDA), y digestibilidad *in vitro* de la materia seca (DIVMS).

2.2.4.2. Parámetros químicos evaluados:

a) Proteína Bruta (PB):

Se obtuvo a partir del contenido de nitrógeno total del forraje, determinado por el método micro Kjeldahl según la AACC (1995), multiplicado por el factor 6,25 (debido a que las proteínas contienen un 16% de N en promedio). Expresado como porcentaje del peso seco.

b) Fibra Detergente Neutro (FDN):

Es el residuo remanente luego de la solubilización del forraje en detergente neutro, obtenido según el método desarrollado por Van Soest *et al.* (1966). Para la determinación del porcentaje de FDN se utilizó el analizador de fibra ANKOM²²⁰ (ANKOM Corp., Fairport, NY-E.E.U.U.), según la Técnica de Bolsa de Filtración (TBF) y siguiendo el protocolo desarrollado por ANKOM Technology.

c) Fibra Detergente Ácido (FDA):

Es el residuo remanente de la solubilización del forraje en detergente ácido, obtenido según el método desarrollado por Van Soest *et al.* (1966). Para la determinación del porcentaje de FDA se utilizó el analizador de fibra ANKOM²²⁰ (ANKOM Corp., Fairport, NY-E.E.U.U.), según la Técnica de Bolsa de Filtración (TBF) y siguiendo el protocolo desarrollado por ANKOM Technology.

d) Digestibilidad *in vitro* de la materia seca (DIVMS):

Las determinaciones de la digestibilidad *in vitro* de la materia seca se obtuvieron utilizando el incubador ANKOM Daisy^{II} (ANKOM Technology, Fairport, NY-USA) y el analizador de fibra ANKOM²²⁰, de acuerdo al método *in vitro* desarrollado por Goering y Van Soest (1970) y siguiendo el protocolo recomendado por ANKOM Technology Corp.

Los valores de digestibilidad *in vitro* obtenidos con el sistema ANKOM fueron transformados, para su interpretación en la Discusión, a valores de digestibilidad *in vitro* según el método de Tilley y Terry (1963) mediante la siguiente fórmula propuesta por Van Soest *et al.* (1966):

$$X_2 = (X_1 - 16.2) / 0.92$$

Donde: X_1 = DIVMS (ANKOM) y X_2 = DIVMS (Tilley y Terry)

2.2.5. Análisis de los datos:

Previamente a todos los análisis se realizó la prueba de Bartlett para comprobar la homogeneidad de variancia de los errores entre ambientes y poder realizar el Análisis de Variancia Combinado (Steel y Torrie, 1980). En cada ambiente, se probaron los supuestos de normalidad y homogeneidad de variancias de los errores. Estos supuestos se examinaron mediante los procedimientos GLM y UNIVARIATE del Software SAS.

Para el **análisis de la producción de materia seca de los cultivares *Carapé INTA* y *Yaguané INTA* bajo dos tipos de corte**, se consideró un diseño de parcelas divididas en un DCBA, con dos tratamientos (cultivares), dos sub-tratamientos (TR y TA) y seis repeticiones, en tres ambientes (P1, P2 y CU). El modelo lineal mixto utilizado (**Modelo 1**) fue:

$$Y_{ijkl} = \mu + \alpha_l + \tau_i + \beta_{j(l)} + \delta_{ij(l)} + \gamma_k + (\gamma\tau)_{ki} + (\alpha\tau)_{li} + (\alpha\gamma)_{lk} + \varepsilon_{ijkl}$$

$$i = 1...2 ; j = 1...6 ; k = 1...2 ; l = 1...3$$

Y_{ijkl} = observación correspondiente a la i -ésima población, bajo el k -ésimo sub-tratamiento en el j -ésimo bloque del l -ésimo ambiente; μ = media general; α_l = efecto aleatorio del l -ésimo ambiente; τ_i = efecto fijo de la i -ésima población; $\beta_{j(l)}$ = efecto aleatorio del j -ésimo bloque del l -ésimo ambiente; δ_{ij} = efecto aleatorio de interacción entre la i -ésima población y el j -ésimo bloque del l -ésimo ambiente; γ_k = efecto fijo del k -ésimo sub-tratamiento; $(\gamma\tau)_{ki}$ = efecto fijo de interacción entre el k -ésimo sub-tratamiento y la i -ésima población; $(\alpha\tau)_{li}$ = efecto aleatorio de interacción entre el l -ésimo ambiente y la i -ésima población; $(\alpha\gamma)_{lk}$ = efecto aleatorio de interacción entre el l -ésimo ambiente y el k -ésimo sub-tratamiento, y ε_{ijkl} es el término de error $\sim N(0, \sigma_e^2)$.

Para el **análisis de los caracteres producción de materia seca acumulada desde la emergencia (TA), días a floración y relación lámina/resto como así también de los parámetros químicos de calidad en los cuatro ambientes**, se utilizó el modelo lineal mixto para un diseño en bloques completos aleatorizados (**Modelo 2**):

$$Y_{ijkl} = \mu + \alpha_l + \tau_i + \beta_{j(l)} + (\alpha\tau)_{li} + \varepsilon_{ijkl}$$

$$i = 1...2 ; j = 1...6 ; l = 1...4$$

Y_{ijkl} = observación correspondiente a la i -ésima población en el j -ésimo bloque del l -ésimo ambiente; μ = media general; α_l = efecto aleatorio del l -ésimo ambiente; τ_i = efecto fijo de la i -ésima población; β_j = efecto aleatorio del j -ésimo bloque del l -ésimo ambiente; $(\alpha\tau)_{li}$ = efecto aleatorio de interacción entre el l -ésimo ambiente y la j -ésima población; y ε_{ijkl} es el término de error $\sim \mathbf{N}(\mathbf{0}, \sigma_e^2)$.

Se utilizó el Modelo 2 para evaluar el comportamiento medio y la magnitud de los efectos de los cultivares, los ambientes y la interacción cultivar x ambiente mediante el análisis de variancia combinado a través de los cuatro ambientes.

El **análisis de la estabilidad** en el comportamiento de los cultivares a través de los diferentes ambientes fue realizado según la metodología propuesta por Eberhart y Russell (1966), que se compone de un análisis de variancia y de un análisis de regresión lineal simple.

Para este análisis se representó cada ambiente mediante un índice ambiental (I), donde I representa el índice del ambiente “I”, que se correspondió con la diferencia entre el comportamiento promedio de los cultivares en el ambiente “I” y el comportamiento promedio general de los cultivares en todos los ambientes. Luego se regresionó el rendimiento de cada cultivar (variable dependiente) sobre el índice ambiental (variable independiente).

La estabilidad de cada cultivar se describió de acuerdo a parámetros definidos por el modelo propuesto. El primer parámetro, b es el coeficiente de regresión lineal, que mide la respuesta de los cultivares a los diferentes ambientes. Para probar la hipótesis que los b_i de cada cultivar son iguales a 1, se efectuó una Prueba de t . El segundo parámetro S_{di}^2 , es un estimador de la variancia debida a las desviaciones de la regresión, calculado sobre la base de los valores estimados de acuerdo al análisis de regresión, y mide la consistencia o estabilidad del comportamiento de los cultivares. La significancia de los S_{di}^2 de cada cultivar se obtuvo mediante la prueba de F, donde $H_0: S_{di}^2 = 0$ y el estadístico de prueba se calculó mediante la proporción entre el cuadrado medio de las desviaciones de regresión y el estimador de la varianza del error acumulado. Este procedimiento considera un cultivar estable cuando $b_i = 1.0$ y $S_{di} = 0$.

Además, se consideró el coeficiente de determinación R^2 de la función de regresión como parámetro para analizar la estabilidad, propuesto por Pinthus (1973). La variable sobre la cual se analizó la estabilidad de los cultivares fue el rendimiento de materia seca (TA).

Los análisis de variancia combinados se realizaron utilizando el procedimiento GLM en el software SAS. Los rendimientos medios de los cultivares en cada ambiente fueron regresionados sobre los índices ambientales correspondientes a cada ambiente mediante el procedimiento REG del software SAS.

3. RESULTADOS

3.1. Caracterización genética y morfológica de las poblaciones

3.1.1. Caracteres Cuantitativos:

3.1.1.1. *Tratamiento preliminar de los datos y ajuste del modelo general de análisis*

El análisis los datos de campo permitió establecer que la variación dentro de los bloques incompletos fue mayor que la variación entre los bloques incompletos, debido, en parte, a la naturaleza del material experimental. Además, las repeticiones fueron más homogéneas que los bloques incompletos dentro de las repeticiones, lo que determinó que el agrupamiento en los bloques sea poco efectivo. A esto se sumó la pérdida de unidades experimentales (datos desbalanceados) lo que hace que el diseño en láttice pierda sus ventajas frente a un diseño en bloques completos aleatorizados, prefiriéndose además, este diseño cuando se hacen varias mediciones sobre la misma unidad experimental y no se requiere la máxima exactitud en los contrastes múltiples (Cochran y Cox 1976).

Los supuesto de normalidad y homogeneidad de variancia de los datos y de los errores dentro de las poblaciones se cumplieron en todos los caracteres (prueba de normalidad de Shapiro-Wilks y prueba $F_{máx}$ de Hartley para homogeneidad de variancias: $p > 0.05$), para ello se realizaron transformaciones logarítmicas en los caracteres número de macollos y ancho de panoja, y se eliminaron datos *outliers* en el caracter días a floración.

Los indicadores del grado de ajuste de los datos al modelo general de análisis para todos los caracteres son presentados en el Cuadro 1. El modelo lineal fue altamente significativo ($p < 0.001$) para todos los caracteres analizados, y explicó más del 70% de la variación total de los datos ($R^2 > 0.70$) salvo para peso de semilla donde el modelo logró explicar el 63% de la variación. Los coeficientes de variación del error del modelo fueron bajos para la mayoría de los caracteres, siendo los más elevados en el análisis de los caracteres peso y ancho de panoja (ver Cuadro 1).

Cuadro 1- Valor de p , coeficiente de determinación (R^2) y coeficiente de variación del error del modelo lineal (CV_e) para todos los caracteres.

Indicador	N° de Macollos	Largo Lámina	Ancho Lámina	Floración	Altura	Largo Panoja
Valor p	<.0001***	<.0001***	<.0001***	<.0001***	<.0001***	<.0001***
R^2	0.94	0.75	0.85	0.89	0.72	0.95
CV_e (%)	6.1	5.6	6.3	3.3	8.8	5.7
Indicador	Ancho Panoja	Peso mil semillas	Peso Panoja	F.D.N.	F.D.A.	D.I.V.M.S.
Valor p	<.0001***	<.0001***	<.0001***	0.0001***	<.0001***	0.0004***
R^2	0.90	0.63	0.93	0.72	0.74	0.71
CV_e (%)	11.5	4.18	16.7	2.3	3.7	2.6

ns: no significativo; * $p < 0.05$; ** $p < 0.01$; *** $p < 0.001$.

3.1.1.2. Análisis de la variabilidad inter e intra poblacional:

Los valores medios, rangos de variación y coeficientes de variación de las observaciones correspondientes a las poblaciones *Carapé* y *Yaguané* para todos los caracteres se presentan en el Cuadro 2. Las plantas de la población *Yaguané* presentaron, en promedio, un menor número de macollos, mayor altura, láminas más largas y anchas, y panojas más largas, anchas y pesadas que las plantas provenientes de la población *Carapé*. Estas últimas fueron en promedio más precoces (70.2 vs. 73.3 días) y presentaron semillas más pesadas. Las diferencias entre las dos poblaciones fueron mínimas para los caracteres relacionados con la calidad del forraje (FDN, FDA y DIVMS). Los rangos de variación de las observaciones de la población *Yaguané* fueron mayores en los doce caracteres analizados, presentando además mayores coeficientes de variación que la población *Carapé* en todos los caracteres. En ambas poblaciones la mayor variación de las observaciones correspondió a los caracteres número de macollos y peso de panoja (ver Cuadro 2).

En el Cuadro 3 se presentan las magnitudes relativas de las variaciones entre las poblaciones *Carapé* y *Yaguané* y entre las líneas dentro de dichas poblaciones, expresadas como porcentaje de las sumas de cuadrados.

Además se presentan las sumas de cuadrados de las líneas de *Carapé* y de las líneas de *Yaguané* como porcentaje de las sumas de cuadrados del total de líneas dentro de poblaciones.

Cuadro 2- Media, error estándar, valores máximos y mínimos y coeficiente de variación de las observaciones correspondientes a las poblaciones *Carapé* (C) y *Yaguané* (Y) para todos los caracteres.

Carácter	Media \pm E.E.		Rango (min-max)		Coeficiente de Variación (%)	
	C	Y	C	Y	C	Y
Nº de macollos	24.7 \pm 0.35	11.1 \pm 0.54	15.5 – 35.3	2.8 – 32.5	15.9	55.2
Largo de lámina (cm)	46.6 \pm 0.28	49.7 \pm 0.47	38.1 – 53.9	36.3 – 61.0	6.8	10.7
Ancho de lámina (cm)	2.17 \pm 0.01	2.55 \pm 0.03	1.80 – 2.50	1.75 – 3.30	6.7	13.4
Floración (días)	70.2 \pm 0.30	73.3 \pm 0.67	61.0 – 78.0	62.0 – 96.0	4.9	10.3
Altura (cm)	102.3 \pm 1.04	118.6 \pm 1.37	68.5 – 128.8	87.0 – 164.5	11.4	13.0
Largo de panoja (cm)	18.4 \pm 0.11	26.4 \pm 0.34	14.9 – 21.8	16.3 – 34.5	6.6	14.7
Ancho de panoja (cm)	1.53 \pm 0.01	2.35 \pm 0.05	1.20 – 2.00	1.30 – 4.90	11.0	26.4
Peso de semilla (gr)	2.87 \pm 0.01	2.79 \pm 0.02	2.48 – 3.12	2.19 – 3.27	4.6	6.7
Peso de panoja (gr)	5.7 \pm 0.09	13.0 \pm 0.42	3.6 – 8.3	5.2 – 24.0	16.9	36.2
FDN (%)	59.71 \pm 0.21	59.38 \pm 0.26	55.40 – 62.93	55.04 – 66.48	2.8	3.5
FDA (%)	30.08 \pm 0.17	29.18 \pm 0.26	26.78 – 32.40	25.82 – 33.50	4.4	5.5
DIVMS (%)	83.03 \pm 0.34	83.53 \pm 0.36	74.26 – 88.33	73.92 – 89.37	3.3	3.5

Cuadro 3- Porcentajes de las sumas de cuadrados (% SC) correspondientes a las poblaciones *Carapé* y *Yaguané*, a las líneas dentro de poblaciones y a las líneas de cada una de las poblaciones como porcentajes de la suma de cuadrados del total de las líneas.

Fuente de variación	% SC					
	Nº de Macollos	Largo Lámina	Ancho Lámina	Floración	Altura	Largo Panoja
Poblaciones	61.4	15.5	41.9	7.6	42.5	69.2
Líneas dentro de poblaciones	38.6	84.5	58.1	92.4	57.5	30.8
Líneas <i>Carapé</i>	12.7	21.1	9.9	14.2	25.4	4.6
Líneas <i>Yaguané</i>	87.3	78.9	90.1	85.8	74.6	95.4

Fuente de variación	% SC					
	Ancho Panoja	Peso de semilla	Peso Panoja	F.D.N.	F.D.A.	D.I.V.M.S.
Poblaciones	49.9	7.4	57.8	1.0	11.5	1.1
Líneas dentro de poblaciones	50.1	92.6	42.2	99.0	88.5	98.9
Líneas <i>Carapé</i>	3.3	25.0	1.7	30.9	31.3	39.5
Líneas <i>Yaguané</i>	96.7	75.0	98.3	69.1	68.7	60.5

Del Cuadro 3 se surge que la mayor proporción de la variación observada se debió a la variabilidad entre las poblaciones en los casos de número de macollos y largo y peso de panoja. Por el contrario, una mayor proporción de la variabilidad en las observaciones fue explicada por las líneas dentro de las poblaciones en los caracteres largo de lámina, días a floración, peso de semilla, FDN, FDA y DIVMS. Mientras que las proporciones fueron similares en los casos de ancho de lámina, altura de planta y ancho de panoja. Al considerar la variación total de las líneas correspondientes a cada una de las poblaciones se observa que la mayor proporción de variabilidad se debió a las líneas derivadas de la población *Yaguané* en todos los caracteres (ver Cuadro 3).

En el Cuadro 4 se muestran las variancias de ambas poblaciones en todos los caracteres. Además, se presentan los resultados de la prueba de F para contrastar las variancias de dos poblaciones independientes. Las diferencias entre las variancias observadas en las dos poblaciones fueron altamente significativas en todos los caracteres, salvo para los contenidos de FDN y FDA, y la DIVMS (ver Cuadro 4).

Cuadro 4- Variancias observadas en las poblaciones *Carapé* (C) y *Yaguané* (Y). Valores de *F*, valores de *p* y significancia de la prueba de diferencia entre dos variancias.

Caracter	Variancias		Prueba de Homogeneidad	
	<i>C</i>	<i>Y</i>	<i>F</i>	<i>p</i>
Nº de macollos	0.005	0.054	11.56	<.0001***
Largo de lámina (cm)	9.9	28.5	2.85	<.0001***
Ancho de lámina (cm)	0.02	0.11	5.45	<.0001***
Floración (días)	11.9	56.7	4.76	<.0001***
Altura (cm)	135.1	239.0	1.77	0.0016**
Largo de panoja (cm)	1.5	15.2	10.38	<.0001***
Ancho de panoja	0.03	0.38	13.46	<.0001***
Peso de mil semilla (gr)	0.017	0.035	2.00	<.0001***
Peso de panoja (gr)	0.9	22.2	23.65	<.0001***
FDN (%)	2.83	4.43	1.57	0.0773 ns
FDA (%)	1.78	2.62	1.47	0.1290 ns
DIVMS (%)	7.62	8.43	1.11	0.6873 ns

ns: no significativo; *: $p < 0.05$; **: $p < 0.01$; ***: $p < 0.001$.

Se encontró evidencia estadística que permite asumir que las poblaciones *Carapé* y *Yaguané* poseen distintas magnitudes de variabilidad en todos los caracteres relacionados con la producción de biomasa forrajera, la precocidad y la producción de semillas (ver Cuadro 4).

Los resúmenes de la prueba de *t* para la comparación de medias entre dos poblaciones con variancias distintas y de la prueba de *F* para la comparación de medias entre las líneas dentro de las poblaciones se muestran en el Cuadro 5. La comparación de medias entre las poblaciones *Carapé* y *Yaguané* permitió establecer diferencias altamente significativas ($p < 0.001$) en todos los caracteres, con excepción del contenido de FDN y la DIVMS. Además se comprobó la existencia de diferencias altamente significativas entre las líneas de ambas poblaciones para la totalidad de los caracteres analizados (ver Cuadro 5).

Cuadro 5- Valores *t* y valores de *p* correspondientes a la prueba de comparación de medias de dos poblaciones con variancias distintas, y valores de *F* y valores de *p* para comparación entre medias de líneas.

Caracter	Poblaciones		Líneas dentro de Población	
	<i>t</i>	<i>p</i>	<i>F</i>	<i>p</i>
N° de macollos	18.57	<.0001***	19.00	<.0001***
Largo de lámina	-5.70	<.0001***	7.50	<.0001***
Ancho de lámina	-11.70	<.0001***	9.61	<.0001***
Floración	-4.25	<.0001***	21.37	<.0001***
Altura	-9.53	<.0001***	3.93	<.0001***
Largo de panoja	-22.17	<.0001***	17.21	<.0001***
Ancho de panoja	-14.28	<.0001***	13.27	<.0001***
Peso de semilla	3.63	0.0004***	4.61	<.0001***
Peso de panoja	-16.90	<.0001***	15.56	<.0001***
FDN	0.98	0.3311 ns	2.63	<.0001***
FDA	3.41	0.0009***	2.52	0.0002***
DIVMS	-1.00	0.3195 ns	2.39	0.0003***

ns: no significativo; *: $p < 0.05$; **: $p < 0.01$; ***: $p < 0.001$.

Las estimaciones de los componentes de variancia permitieron aislar más adecuadamente las fuentes primordiales de variación entre las observaciones (ver Cuadro 6).

Tres componentes de variancia contribuyeron a la variación total: el componente población (θ_t^2), que explicó la mayor proporción de la variación en los caracteres número de macollos, ancho de lámina, altura de planta, y largo, ancho y peso de panojas; la variancia de las líneas dentro de una población ($\sigma\gamma^2$), que fue responsable de la mayor proporción de variación en las observaciones de largo de lámina (50.2%) y días a floración (75.1%); y la variabilidad atribuida al muestreo de una misma línea (σ_e^2), que representó un alto porcentaje de la variación total de las observaciones del peso de semilla y de los parámetros de calidad forrajera (FDN, FDA y DIVMS) (ver Cuadro 6).

Cuadro 6- Estimadores de los componentes de variancia Población (θ_t^2), Línea dentro de población ($\sigma\gamma^2$) y Error de muestreo (σ_e^2), expresados como porcentaje de la variancia total.

Componente de Variancia (%)	N° de Macollos	Largo Lámina	Ancho Lámina	Floración	Altura	Largo Panoja
Población (θ_t^2)	72.6	18.9	51.0	10.2	44.2	78.8
Línea dentro de población ($\sigma\gamma^2$)	22,6	50.2	33.4	75.1	23.6	17.1
Error (σ_e^2)	4,8	30.9	15.6	14.7	32.2	4.1

Componente de Variancia (%)	Ancho Panoja	Peso de semilla	Peso Panoja	F.D.N.	F.D.A.	D.I.V.M.S.
Población (θ_t^2)	61.2	7.6	69.7	0.0	13.7	0.0
Línea dentro de población ($\sigma\gamma^2$)	29.7	44.5	24.8	44.9	37.3	41.1
Error (σ_e^2)	9.1	47.9	5.5	55.1	49.0	58.9

En el Cuadro 7 se resumen las pruebas de F, correspondientes al análisis de las diferencias entre las líneas de cada una de las poblaciones, para los 12 caracteres de interés agronómico. Al analizar las líneas dentro de cada una de las poblaciones se determinó que las diferencias entre las líneas de la población *Yaguané* fueron altamente significativas para todos los caracteres considerados, mientras que las diferencias entre las líneas de la población *Carapé* fueron no significativas en número de macollos, ancho y peso de panoja, y contenido de fibra (FDN y FDA) (ver Cuadro 7).

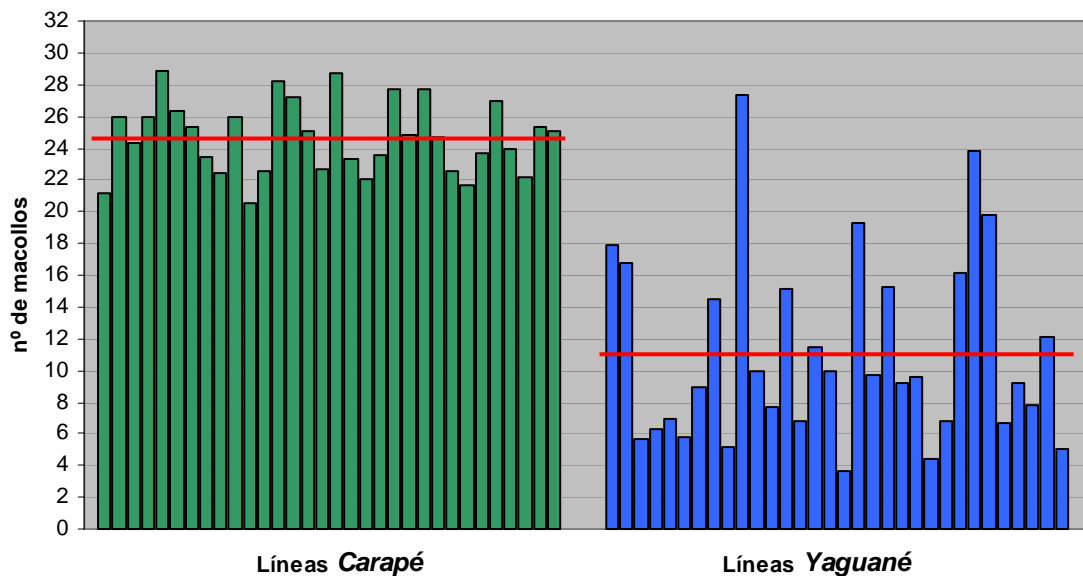
Los valores medios de las líneas representativas de las poblaciones *Carapé* y *Yaguané*, más las medias poblacionales para los todos caracteres considerados se muestran en los Gráficos 1, 2, 3, 4, 5, 6, 7, 8, 9, 10, 11 y 12.

Cuadro 7- Valores de F, probabilidades asociadas y niveles de significancia correspondiente al Análisis de Variancia de las líneas derivadas de las poblaciones *Carapé* y *Yaguané*.

Caracter	Líneas <i>Carapé</i>		Líneas <i>Yaguané</i>	
	<i>F</i>	<i>p</i>	<i>F</i>	<i>p</i>
Nº de macollos	1.17	0.2639 ns	36.84	<.0001***
Largo de lámina	3.17	<.0001***	11.83	<.0001***
Ancho de lámina	1.91	0.0047**	17.32	<.0001***
Floración	6.04	<.0001***	36.69	<.0001***
Altura	2.00	0.0027**	5.87	0.0016**
Largo de panoja	1.59	0.0318*	32.82	<.0001***
Ancho de panoja	0.89	0.6409 ns	25.66	<.0001***
Peso de semilla	2.28	0.0004***	6.93	<.0001***
Peso de panoja	0.53	0.9806 ns	30.59	<.0001***
FDN	1.63	0.0516 ns	3.63	<.0001***
FDA	1.58	0.0629 ns	3.46	<.0001***
DIVMS	1.89	0.0162*	2.90	0.0002***

ns: no significativo; *: $p < 0.05$; **: $p < 0.01$; ***: $p < 0.001$.

Gráfico 1- Medias de líneas de las poblaciones *Carapé* y *Yaguané* y medias poblacionales (línea roja) para el caracter número de macollos.



Todas las líneas de la población *Carapé* presentaron, en promedio, más de 20 macollos y superaron a la media de la población *Yaguané*. Aunque las líneas de esta última población, en general, fueron menos macolladoras, se observa que algunas líneas exhibieron valores propios de la población *Carapé* (ver Gráfico 1).

Gráfico 2- Medias de líneas de las poblaciones *Carapé* y *Yaguané* y medias poblacionales (línea roja) para el caracter largo de lámina.

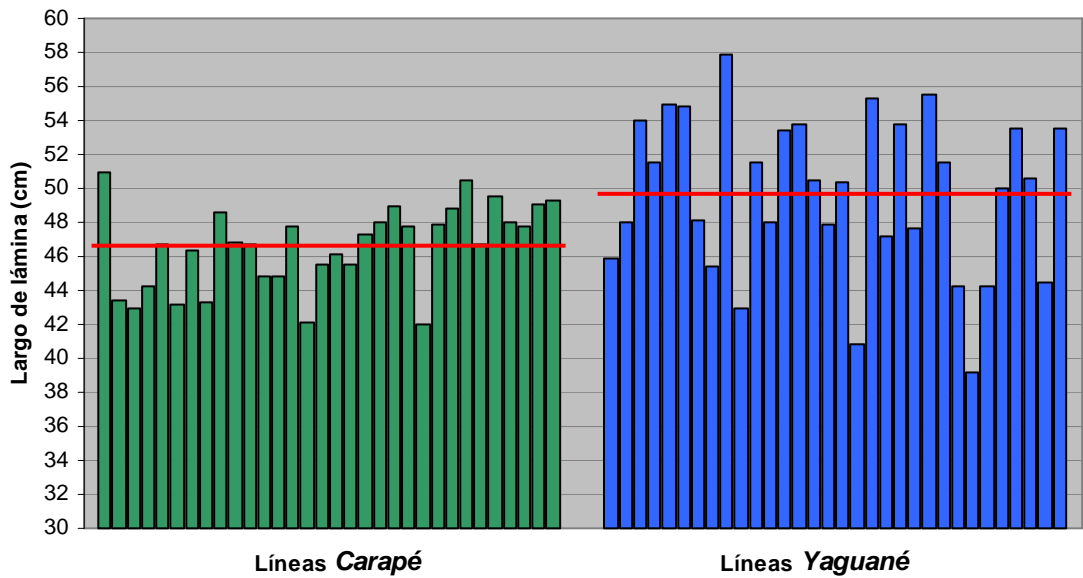
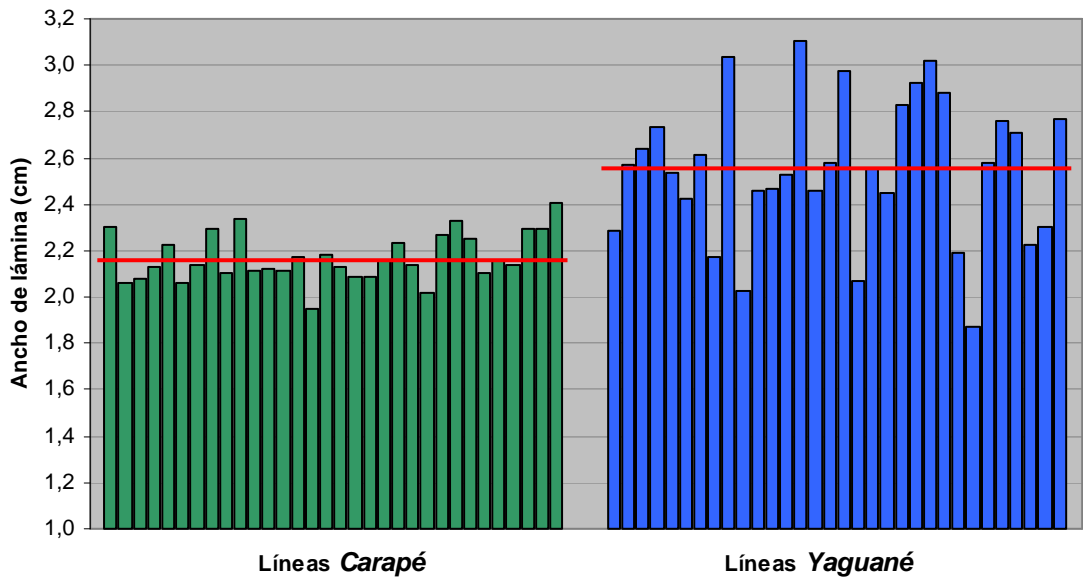


Gráfico 3- Medias de líneas de las poblaciones *Carapé* y *Yaguané* y medias poblacionales (línea roja) para el caracter ancho de lámina.



Si bien la población *Yaguané* tuvo láminas más larga y anchas, existieron líneas dentro de esta que presentaron láminas más cortas y angostas que todas las líneas provenientes de la población *Carapé* (ver Gráficos 2 y 3).

Gráfico 4- Medias de líneas de las poblaciones *Carapé* y *Yaguané* y medias poblacionales (línea roja) para el caracter altura de planta.

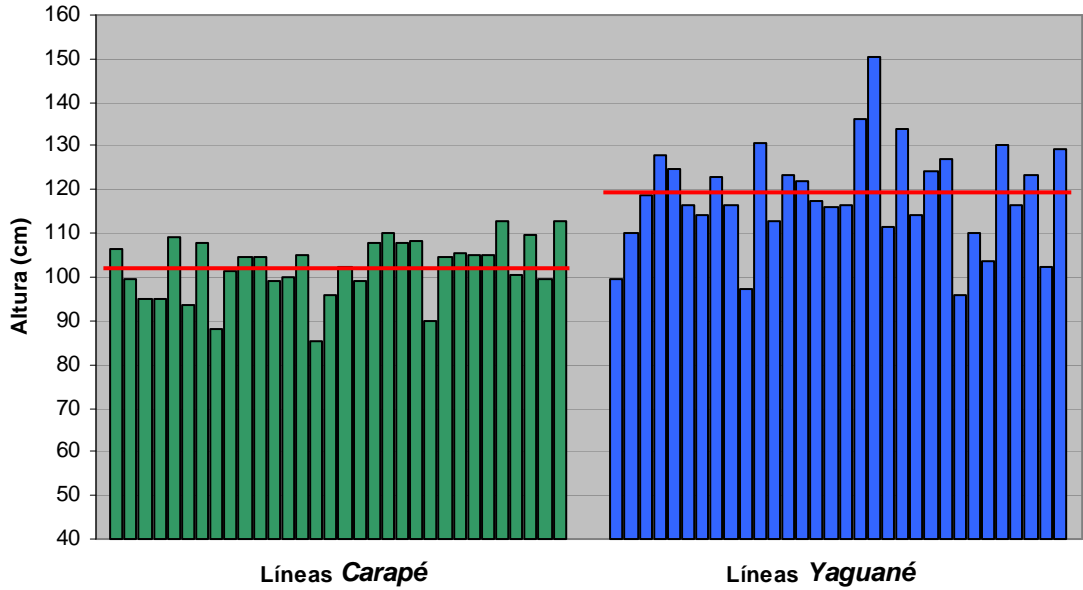
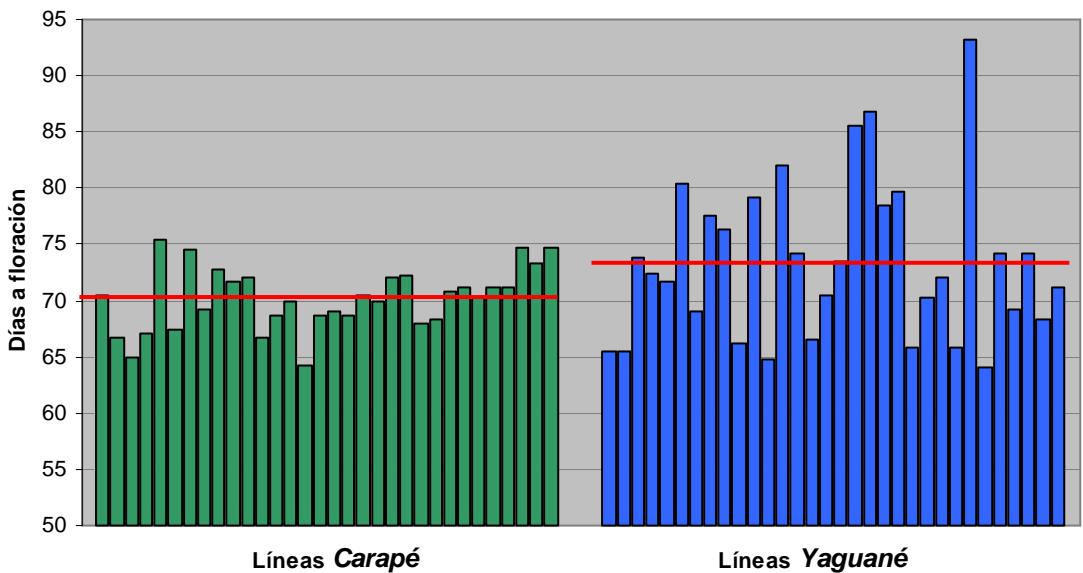
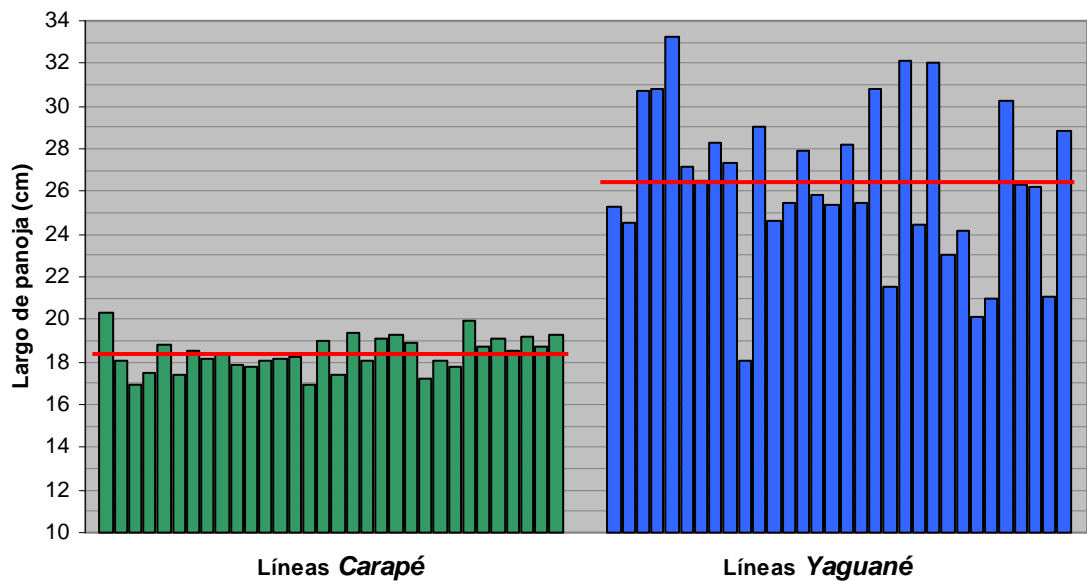


Gráfico 5- Medias de líneas de las poblaciones *Carapé* y *Yaguané* y medias poblacionales (línea roja) para el caracter días a floración.



Al considerar las alturas promedio de cada línea se observa que la línea más alta (1.50 metros) perteneció a la población *Yaguané*, mientras que la línea más baja (0.85 metros) provino de la población *Carapé* (ver Gráfico 4). En cuanto a la precocidad, las diferencias entre poblaciones fueron mínimas, existiendo por el contrario, grandes diferencias entre líneas, donde la línea más precoz floreció 29 días antes que la línea más tardía (64 días vs. 93 días) (ver Gráfico 5).

Gráfico 6- Medias de líneas de las poblaciones *Carapé* y *Yaguané* y medias poblacionales (línea roja) para el caracter largo de panoja.



De acuerdo a lo presentado en el Cuadro 7, se observa en los Gráficos 6, 7 y 9 las limitadas diferencias existentes entre las líneas de la población *Carapé* con respecto a los caracteres largo, ancho y peso de panoja, mientras que en la población *Yaguané* existieron líneas que duplicaron en ancho y peso de panoja a otras líneas de la misma población, como así también líneas que superaron en largo de panoja a otras líneas por más de 12 centímetros (ver Gráficos 6, 7, y 9).

Si bien, entre las líneas de la población *Carapé* no existieron diferencias significativas en los contenidos de FDN y FDA (ver Cuadro 7), se observaron diferencias de hasta 5 % de FDN y hasta 4 % de FDA. Las diferencias fueron mayores entre las líneas de la población *Yaguané*, llegando a ser de hasta el 9 % de FDN y de hasta 6 % de FDA (ver Gráficos 10 y 11).

Gráfico 7- Medias de líneas de las poblaciones *Carapé* y *Yaguané* y medias poblacionales (línea roja) para el carácter ancho de panoja.

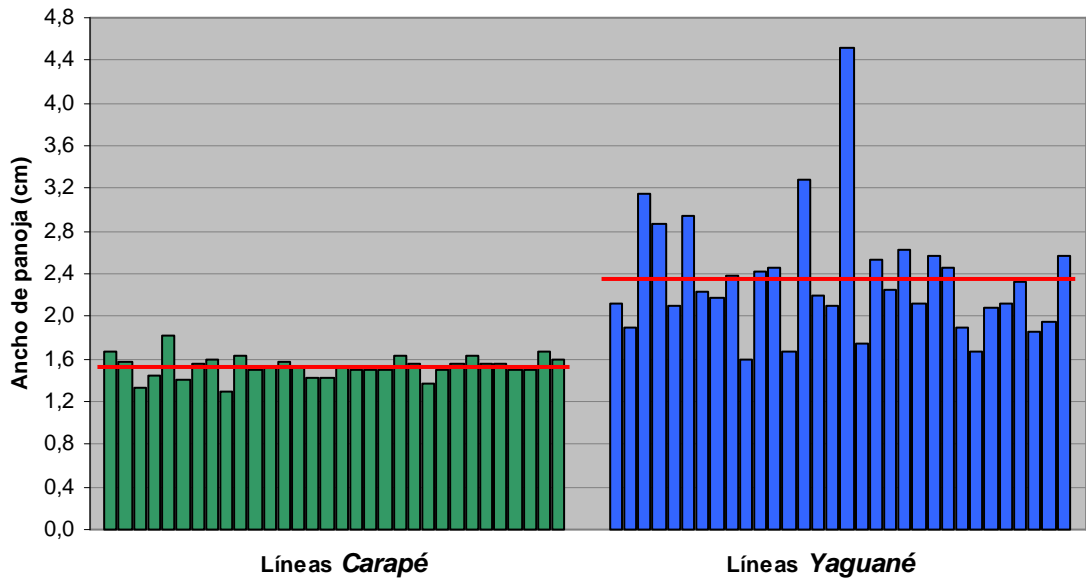


Gráfico 8- Medias de líneas de las poblaciones *Carapé* y *Yaguané* y medias poblacionales (línea roja) para el carácter peso de semilla.

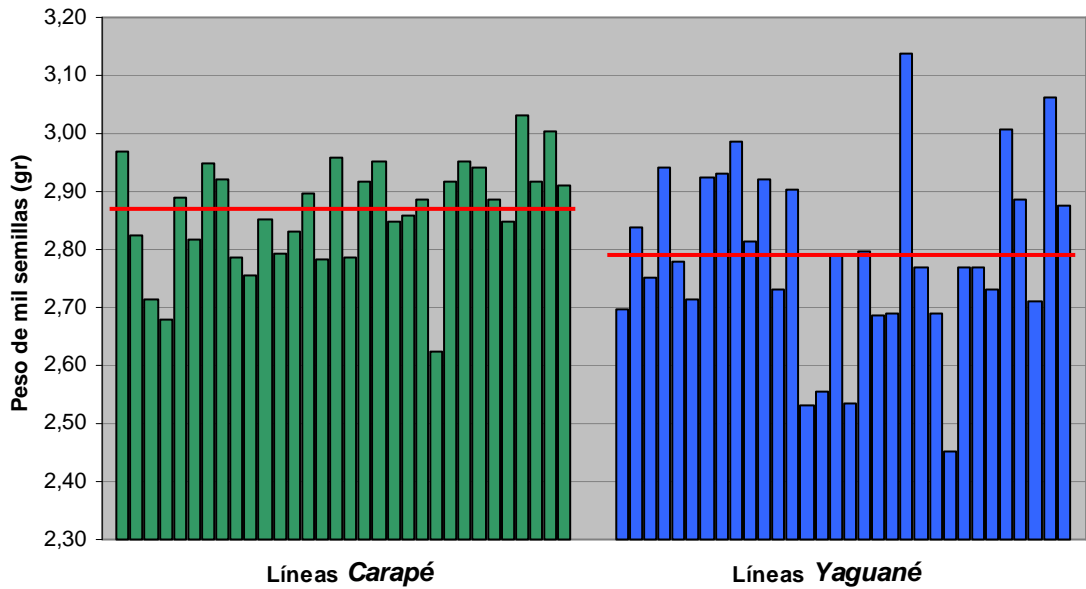


Gráfico 9- Medias de líneas de las poblaciones *Carapé* y *Yaguané* y medias poblacionales (línea roja) para el caracter peso de panoja.

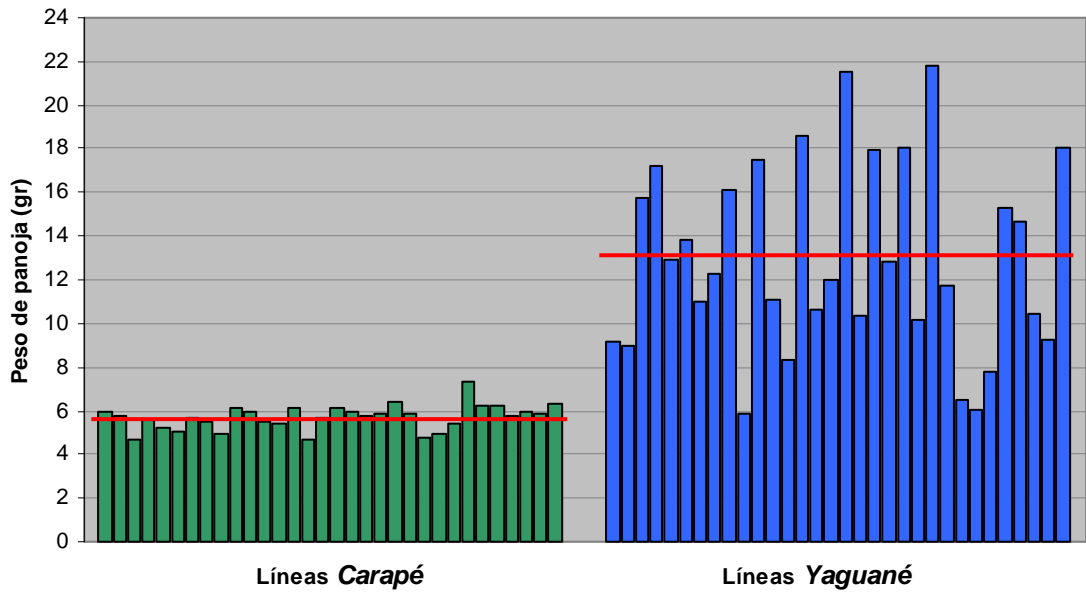


Gráfico 10- Medias de líneas de las poblaciones *Carapé* y *Yaguané* y medias poblacionales (línea roja) para el caracter contenido de fibra detergente neutro (% FDN).

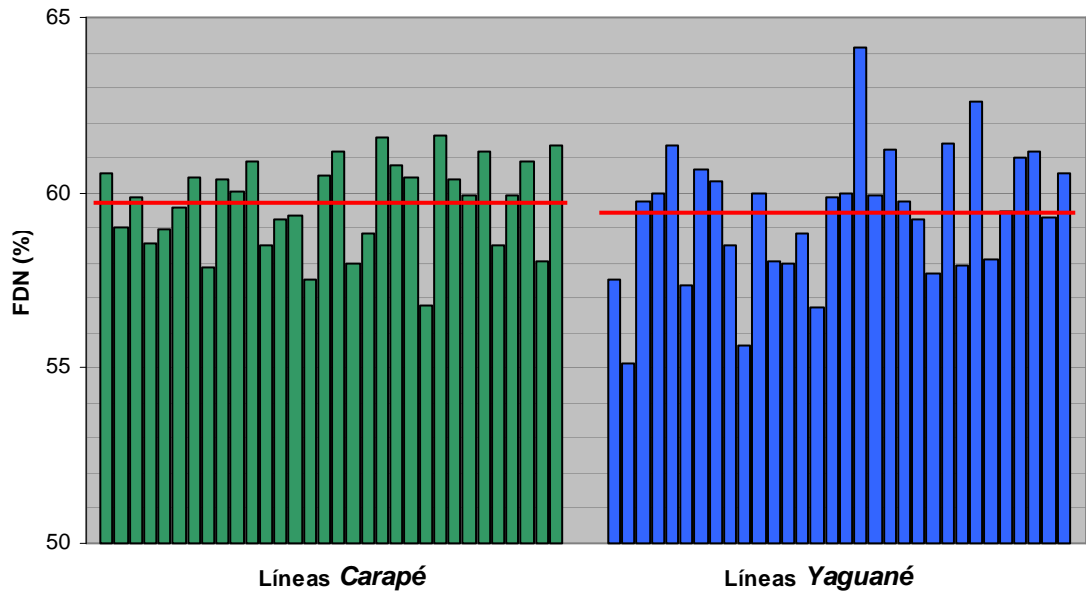


Gráfico 11- Medias de líneas de las poblaciones *Carapé* y *Yaguané* y medias poblacionales (línea roja) para el caracter contenido de fibra detergente ácido (% FDA).

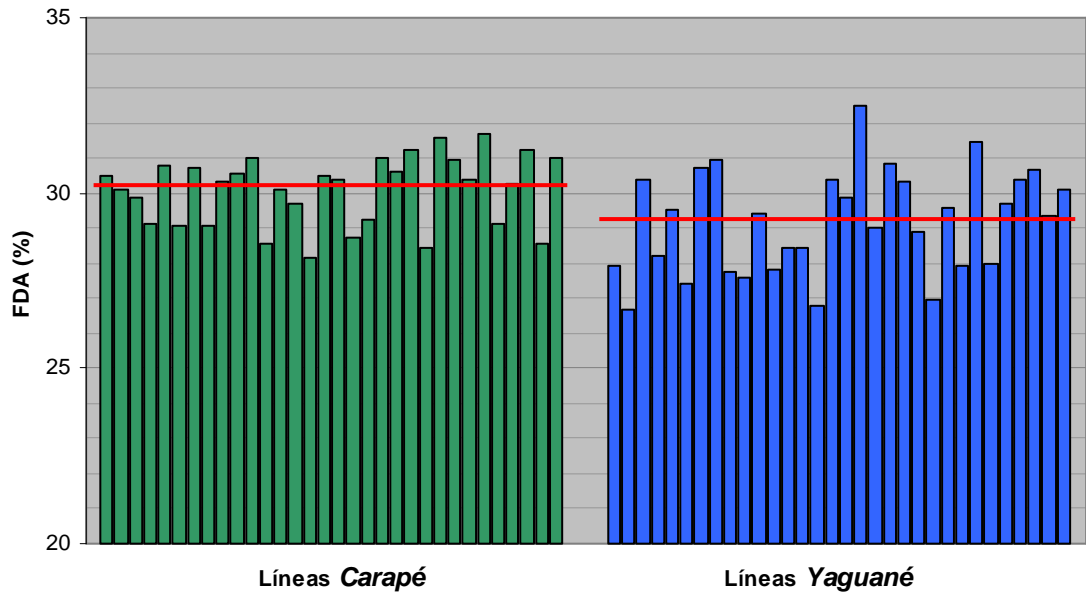
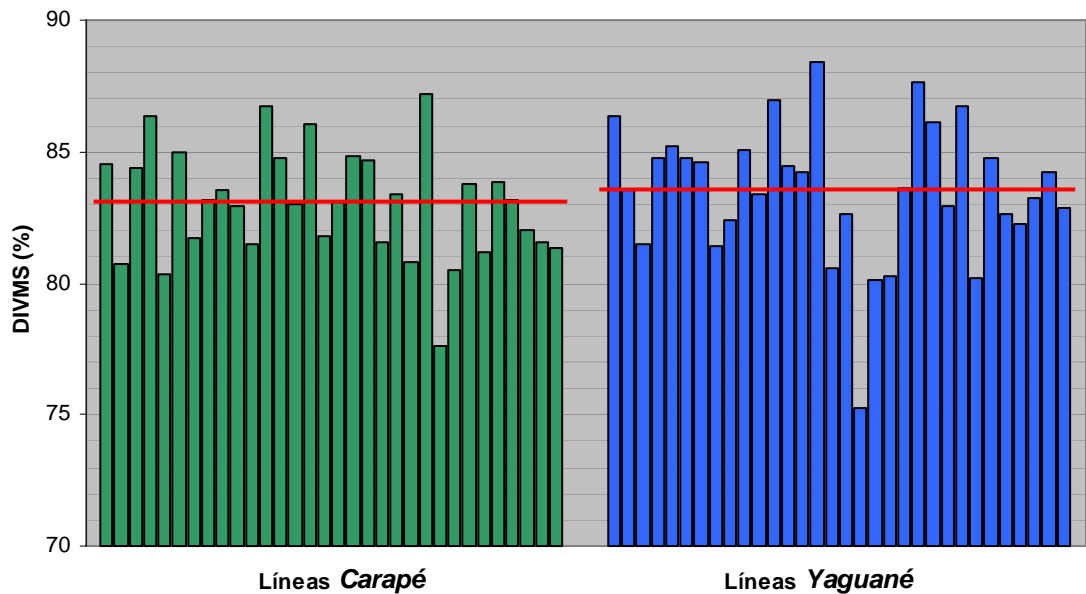


Gráfico 12- Medias de líneas de las poblaciones *Carapé* y *Yaguané* y medias poblacionales (línea roja) para el caracter digestibilidad *in vitro* de la materia seca (% DIVMS).



Los valores de digestibilidad potencial de la materia seca de las distintas líneas fueron significativamente diferentes en ambas poblaciones, observándose en la población *Carapé*, líneas con 77.6 % de DIVMS hasta líneas con 87.2 % de DIVMS (ver Gráfico 12).

Al igual que en otros caracteres analizados, las líneas provenientes de la población *Yaguané* presentaron los valores más extremos de digestibilidad, teniendo la línea menos digestible un 75.3 % de DIVMS, mientras que la línea con mayor digestibilidad potencial presentó el 88.4 % de DIVMS (ver Grafico 12).

3.1.1.3. Variabilidad genética, ambiental y fenotípica:

Como resultado del análisis del modelo lineal mixto para los caracteres relacionados con la producción de biomasa forrajera, la precocidad, la producción de semillas y la calidad nutricional del forraje, se obtuvieron los componentes de variancia genotípica, ambiental y fenotípica, y los coeficientes de variación genética, ambiental y fenotípica de las poblaciones *Carapé* y *Yaguané* (ver Cuadro 8a-b).

La variancia genética de la población *Yaguané* fue mucho mayor que la variancia genética de la población *Carapé* en todos los caracteres, destacándose los caracteres número de macollos, ancho de lámina, y largo, ancho y peso de panoja. La variancia de los efectos ambientales sobre las líneas de la población *Yaguané* fue mayor en todos los caracteres morfológicos, mientras que en los parámetros de calidad forrajera (FDN, FDA, DIVMS) la variancia ambiental fue mayor en la población *Carapé*. La variancia de las observaciones, una vez despejado el efecto bloque (σ^2_F), fue mayor entre las líneas de la población *Yaguané* en todos los caracteres considerados (ver Cuadro 8a).

Los coeficientes de variación genética de la población *Carapé* fueron limitados (1.1-7.5 %) y menores que los de la población *Yaguané* en todos los caracteres. En esta última población, los CV_G fueron altos en número de macollos y en los caracteres relacionados con la panoja (13.8-32.8 %) y bajos en los parámetros de calidad y peso de semilla (2.7-5.2 %). Los coeficientes de variación ambiental presentaron magnitudes similares en ambas poblaciones para todos los caracteres, siendo mayores en los casos de altura de planta y peso y ancho de panoja (ver Cuadro 8b).

Cuadro 8a-b- Parámetros de variabilidad de las poblaciones *Carapé* (C) y *Yaguané* (Y): a) componentes de variancia genética, ambiental y fenotípica entre las líneas, y b) coeficientes de variación genética, ambiental y fenotípica.

a) Caracter	σ^2_G		σ^2_{amb}		σ^2_F	
	C	Y	C	Y	C	Y
N° de macollos	0.0006	0.0484	0.004	0.006	0.004	0.056
Largo de lámina (cm)	4.4	19.4	5.5	8.9	9.9	28.3
Ancho de lámina (cm)	0.007	0.088	0.014	0.031	0.021	0.118
Floración (días)	8.1	50.9	3.7	7.6	11.8	58.6
Altura (cm)	25.9	114.6	89.2	106.5	115.1	221.1
Largo de panoja (cm)	0.4	13.2	1.1	2.3	1.5	15.5
Ancho de panoja (cm)	0.006	0.305	0.020	0.082	0.026	0.387
Peso de semilla (gr)	0.005	0.021	0.012	0.015	0.017	0.036
Peso de panoja (gr)	0.2	18.2	0.6	4.2	0.8	22.4
FDN (%)	0.4	2.8	2.4	1.7	2.8	4.5
FDA (%)	0.2	1.7	1.6	0.9	1.8	2.6
DIVMS (%)	1.3	5.3	6.4	3.3	7.7	8.6

b) Caracter	CV _G (%)		CV _{amb} (%)		CV _F (%)	
	C	Y	C	Y	C	Y
N° de macollos	1.8	21.1	4.6	7.8	4.8	24.0
Largo de lámina	4.5	8.9	5.1	6.0	6.8	10.7
Ancho de lámina	3.9	11.6	5.5	6.8	6.7	13.5
Floración	4.1	9.7	2.7	3.7	4.9	10.5
Altura	5.0	9.0	9.2	8.7	10.5	12.5
Largo de panoja	3.5	13.8	5.6	5.7	6.6	14.9
Ancho de panoja	5.2	23.6	9.3	12.2	10.6	26.5
Peso de semilla	2.4	5.2	3.9	4.3	4.6	6.8
Peso de panoja	7.5	32.8	13.5	15.7	15.4	36.4
FDN (%)	1.1	2.8	2.6	2.2	2.8	3.6
FDA (%)	1.4	4.5	4.2	3.3	4.4	5.6
DIVMS (%)	1.4	2.7	3.0	2.2	3.3	3.5

3.1.1.4. Heredabilidad y Respuesta a la selección:

Los estimadores de la heredabilidad en sentido amplio (H^2), el error estándar y el intervalo de confianza de la estimación ($\alpha = 0.95$), y la respuesta predicha luego a un ciclo de selección fenotípica (R), se muestran en el Cuadro 9.

Cuadro 9- Heredabilidad en sentido amplio (H^2), error estándar (E.E.) e intervalo de confianza de la heredabilidad (I.C.), y respuesta a la selección (R) expresada en las unidades correspondientes.

Caracter	$H^2 \pm$ E.E.		I.C. H^2 ($\alpha = 0.95$)		R *	
	C	Y	C	Y	C	Y
Nº de macollos	0.33 ± 0.10	0.89 ± 0.03	0.15 - 0.53	0.80 - 0.93	0.03	0.33
Largo de lámina (cm)	0.44 ± 0.09	0.68 ± 0.07	0.26 - 0.63	0.54 - 0.81	2.2	5.6
Ancho de lámina (cm)	0.33 ± 0.10	0.74 ± 0.06	0.16 - 0.53	0.61 - 0.85	0.08	0.40
Floración (días)	0.68 ± 0.07	0.87 ± 0.03	0.53 - 0.86	0.79 - 0.93	3.7	10.3
Altura (cm)	0.23 ± 0.09	0.52 ± 0.09	0.06 - 0.44	0.34 - 0.69	3.8	12.0
Largo de panoja (cm)	0.29 ± 0.10	0.85 ± 0.04	0.11 - 0.49	0.76 - 0.91	0.5	5.2
Ancho de panoja (cm)	0.24 ± 0.10	0.79 ± 0.05	0.07 - 0.44	0.67 - 0.88	0.06	0.77
Peso de mil semillas (gr)	0.29 ± 0.10	0.58 ± 0.08	0.13 - 0.51	0.41 - 0.73	0.06	0.17
Peso de panoja (gr)	0.24 ± 0.09	0.81 ± 0.05	0.06 - 0.44	0.70 - 0.89	0.3	6.0
FDN (%)	0.15 ± 0.17	0.63 ± 0.10	-0.20 - 0.47	0.36 - 0.80	0.4	2.1
FDA (%)	0.11 ± 0.17	0.64 ± 0.10	-0.24 - 0.43	0.38 - 0.81	0.2	1.6
DIVMS (%)	0.17 ± 0.16	0.61 ± 0.11	-0.18 - 0.49	0.34 - 0.79	0.8	2.8

* Respuesta predicha (R) considerando una intensidad de selección $i=1.554$ (15 % de individuos seleccionados).

Los estimadores de la heredabilidad de todos los caracteres considerados fueron mayores en la población *Yaguané* en comparación con la población *Carapé*. Los caracteres de mayor heredabilidad fueron los relacionados al macollaje, a la precocidad y al tamaño de panoja en la población *Yaguané* (0.79-0.89), mientras que en la población *Carapé* se destacaron el largo de lámina y días a floración (0.44 y 0.68). En ambas poblaciones, fueron los caracteres relacionados con la calidad del forraje y la altura de planta los que presentaron los menores valores de heredabilidad. Los intervalos de confianza de los estimadores de la heredabilidad fueron más amplios cuando menor fue la heredabilidad para todos los caracteres en ambas poblaciones. La respuesta predicha luego de un ciclo de selección fue superior en la población *Yaguané* para todos los caracteres considerados (ver Cuadro 9).

3.1.1.5. Correlaciones Fenotípicas, Genéticas y Ambientales:

Las correlaciones fenotípicas entre caracteres correspondientes a las poblaciones *Carapé* y *Yaguané* se presentan en el Cuadro 10 (página 58). Al comparar las correlaciones de ambas poblaciones, se observa que en la población *Yaguané* el carácter número de macollos presentó las correlaciones más altas y negativas con el resto de los caracteres que hacen a la producción de biomasa forrajera y a la producción de semilla (entre -0.36*** y -0.71***), contrariamente, las correlaciones observadas entre estos caracteres y la capacidad de macollaje fueron muy bajas o nulas (entre 0.0 y 0.18*) en la población *Carapé*. Además, en esta población, el carácter días a floración presentó correlaciones significativas con todos los caracteres salvo número de macollos, mientras que en *Yaguané* la precocidad sólo se correlacionó significativamente con la altura de planta, el contenido de fibra (FDN y FDA) y la digestibilidad (DIVMS). En la población *Yaguané* el peso de semilla se correlacionó significativamente sólo con el ancho de panoja y con casi todos los caracteres en la población *Carapé*. En ambas poblaciones el largo y el ancho de lámina se correlacionaron significativamente con el largo y el ancho de panoja, siendo las magnitudes de las correlaciones mayores en la población *Yaguané* (entre 0.43*** y 0.64***) que en la población *Carapé* (entre 0.24** y 0.48***). Los parámetros de calidad forrajera se correlacionaron significativamente con la altura y la precocidad en ambas poblaciones. La correlación r_F entre FDN y FDA fue alta y positiva y ambos parámetros se correlacionaron negativamente con la digestibilidad tanto en *Yaguané* (-0.61*** y -0.69***) como en *Carapé* (-0.62*** y -0.71***) (ver Cuadro 10).

En el Cuadro 11 se presentan los coeficientes de correlación genética entre todos los caracteres (página 59). Los caracteres que determinan el tamaño de lámina, la altura de planta y el tamaño de panoja presentaron correlaciones genéticas altamente significativas y negativas con el número de macollos en la población *Yaguané* (entre -0.68*** y -0.84***), mientras que, en la población *Carapé*, estas correlaciones fueron de menor magnitud (entre -0.13 y -0.50**) y positiva en el caso del ancho de panoja. El carácter que presentó las menores correlaciones r_G con el resto de los caracteres fue la capacidad de macollaje en la población *Carapé* y el peso de semillas en la población *Yaguané* (ver Cuadro 11).

Cuadro 10- Correlaciones fenotípicas entre los caracteres de las poblaciones *Carapé* (bajo la diagonal) y *Yaguané* (sobre la diagonal).

r_F	<i>Yaguané</i>											
	N° macollos	Largo lámina	Ancho lámina	Floración	Altura	Largo panoja	Ancho panoja	Peso semilla	Peso panoja	FDN	FDA	DIVMS
<i>Carapé</i> N° macollos		-0.70***	-0.67***	0.07	-0.36***	-0.66***	-0.60***	0.05	-0.71***	-0.11	0.01	-0.13
Largo lámina	-0.02		0.71***	0.05	0.42***	0.64***	0.43***	0.00	0.59***	-0.06	-0.20*	0.18*
Ancho lámina	0.03	0.64***		-0.18*	0.25**	0.48***	0.53***	0.09	0.62***	-0.09	-0.21*	0.19*
Floración	-0.02	0.44***	0.36***		0.37***	0.14	0.01	0.15	0.14	0.45***	0.41***	-0.54***
Altura	0.03	0.57***	0.29**	0.39***		0.57***	0.19*	0.00	0.48***	0.36***	0.27**	-0.32***
Largo panoja	-0.07	0.48***	0.29**	0.29**	0.46***		0.45***	0.13	0.72***	0.12	0.02	0.02
Ancho panoja	0.18*	0.24**	0.30**	0.29**	0.25**	0.42***		-0.23**	0.72***	0.03	-0.01	0.02
Peso semilla	-0.30**	0.28**	0.19*	0.38***	0.11	0.30**	0.32***		0.02	0.01	0.12	-0.05
Peso panoja	0.00	0.44***	0.32***	0.22*	0.45***	0.59***	0.51***	0.20*		0.12	0.03	0.10
FDN	-0.09	0.26**	0.16	0.21*	0.23**	0.17	0.01	0.19*	0.16		0.89***	-0.61***
FDA	-0.06	0.22*	0.16	0.29***	0.24**	0.19*	0.10	0.20*	0.14	0.92***		-0.69***
DIVMS	0.09	-0.16	-0.16	-0.31***	-0.16	-0.06	-0.11	-0.33***	0.04	-0.62***	-0.71***	

*: $p < 0.05$; **: $p < 0.01$; ***: $p < 0.001$.

Cuadro 11- Correlaciones genéticas entre los caracteres de las poblaciones *Carapé* (bajo la diagonal) y *Yaguané* (sobre la diagonal).

<i>r_G</i>	<i>Yaguané</i>											
	N° macollos	Largo lámina	Ancho lámina	Floración	Altura	Largo panoja	Ancho panoja	Peso semilla	Peso panoja	FDN	FDA	DIVMS
<i>Carapé</i>												
N° macollos		-0.84***	-0.78***	0.09	-0.53**	-0.74***	-0.68***	0.06	-0.79***	-0.12	0.05	-0.15
Largo lámina	-0.50**		0.73***	0.06	0.58**	0.77***	0.51**	-0.01	0.77***	-0.16	-0.30	0.16
Ancho lámina	-0.33	0.64***		-0.24	0.36*	0.52**	0.65***	-0.10	0.76***	-0.13	-0.26	0.22
Floración	-0.01	0.84***	0.72***		0.66***	0.18	0.02	0.08	0.18	0.58***	0.55**	-0.73***
Altura	-0.03	1.00***	0.71***	1.00***		0.76***	0.26	0.12	0.70***	0.50**	0.37*	-0.51**
Largo panoja	-0.39*	1.00***	0.75***	0.84***	0.82***		0.49**	0.19	0.80***	0.13	0.05	-0.02
Ancho panoja	0.23	0.70***	0.98***	0.72***	0.78***	0.69***		-0.38*	0.79***	0.00	-0.05	0.02
Peso semilla	-0.56**	0.89***	0.77***	0.61***	0.78***	0.98***	0.66***		-0.04	0.03	0.23	-0.14
Peso panoja	-0.13	0.91***	0.59***	0.63***	0.77***	0.78***	0.51**	0.65***		0.14	0.03	-0.13
FDN	-0.30	0.71***	0.58**	0.50**	1.00***	0.48**	0.11	0.38*	0.52**		0.92***	-0.71***
FDA	-0.16	0.70***	0.66***	0.66***	1.00***	0.57**	0.42*	0.43*	0.50**	0.88***		-0.76***
DIVMS	0.09	-0.57**	-0.75***	-0.57**	-0.90***	-0.47**	-0.66***	-0.69***	-0.40*	-0.62***	-0.80***	

*: $p < 0.05$; **: $p < 0.01$; ***: $p < 0.001$.

Cuadro 12- Correlaciones ambientales entre los caracteres de las poblaciones *Carapé* (bajo la diagonal) y *Yaguané* (sobre la diagonal).

<i>r_e</i>	<i>Yaguané</i>											
	N° macollos	Largo lámina	Ancho lámina	Floración	Altura	Largo panoja	Ancho panoja	Peso semilla	Peso panoja	FDN	FDA	DIVMS
<i>Carapé</i> N° macollos		-0.20*	-0.20*	-0.05	0.03	-0.08	-0.15	0.01	-0.20*	-0.07	-0.17	-0.04
Largo lámina	0.26**		0.65***	0.04	0.20*	0.28**	0.21*	0.02	0.07	0.18*	0.07	0.23**
Ancho lámina	0.20*	0.65***		0.08	0.09	0.36***	0.16	-0.08	0.11	0.05	-0.08	0.14
Floración	-0.03	-0.03	0.04		-0.29**	-0.06	-0.03	0.42***	-0.04	-0.10	-0.16	0.24**
Altura	0.05	0.35***	0.13	-0.07		0.27**	0.09	-0.14	0.09	0.15	0.10	-0.02
Largo panoja	0.07	0.16	0.08	-0.17	0.34***		0.28**	0.03	0.34***	0.07	-0.12	0.19*
Ancho panoja	0.16	0.02	0.04	0.01	0.09	0.33***		0.06	0.44***	0.11	0.12	-0.01
Peso semilla	-0.17	-0.09	-0.09	0.20*	-0.15	-0.01	0.19*		0.18*	-0.03	-0.10	0.11
Peso panoja	0.05	0.23**	0.22*	-0.05	0.35***	0.52***	0.51***	0.02		0.08	0.03	-0.01
FDN	-0.03	-0.08	-0.10	-0.12	-0.16	0.00	-0.04	0.08	-0.01		0.81***	-0.32***
FDA	-0.02	-0.13	-0.12	-0.10	-0.14	-0.01	-0.05	0.07	-0.02	0.94***		-0.48***
DIVMS	0.09	0.16	0.21*	0.00	0.20	0.17	0.16	-0.11	0.26**	-0.62***	-0.65***	

*: $p < 0.05$; **: $p < 0.01$; ***: $p < 0.001$.

En ambas poblaciones, los tres parámetros de calidad forrajera presentaron correlaciones genéticas significativas con la altura y la precocidad, además la digestibilidad del forraje (DIVMS) se correlacionó más fuertemente con FDA (-0.80*** y -0.76***) que con FDN (-0.62*** y -0.71***) en ambas poblaciones (ver Cuadro 11).

Las correlaciones ambientales entre los caracteres en ambas poblaciones se muestran en el Cuadro 12 (página 60). En la población *Yaguané*, las variaciones ambientales que favorecieron el macollaje, redujeron el tamaño de lámina y de panoja. Además, las variaciones en el ambiente que aumentaron el largo y el ancho de lámina (0.65***) también favorecieron el aumento en el largo de la panoja (0.28** y 0.36***). En la población *Carapé* se observaron correlaciones ambientales altamente significativas y positivas entre el largo de lámina y el ancho de lámina, la altura y el peso de la panoja (0.65***, 0.35*** y 0.23**, respectivamente). Asimismo, las variaciones ambientales que aumentaron la altura de las plantas también aumentaron en largo (0.34***) y el peso (0.35***) de las panojas en la población *Carapé* (ver Cuadro 12).

3.1.1.6. Progreso Genético y Respuesta Correlacionada:

Los progresos genéticos (% ΔG) obtenidos por selección directa sobre las líneas y las respuestas correlacionadas (% CR_Y) por selección indirecta para todos los caracteres cuando se utilizaron diferentes criterios simples de selección sobre las poblaciones *Carapé* y *Yaguané* son presentados en los Cuadros 13 y 14, respectivamente (páginas 62 y 63).

En el caso de la población *Carapé* se obtuvieron los progresos genéticos y respuestas correlacionadas de todos los caracteres, aun cuando no se encontraron diferencias significativas entre líneas en los caracteres número de macollos, ancho y peso de panoja, FDN y FDA (Cuadro 7). Las respuestas a la selección directa (% ΔG) fueron relativamente bajas para todos los caracteres considerados (0.9-5.2 %) (ver Cuadro 13, página 62).

Cuadro 13- Progresos genéticos (ΔG) por selección directa (sombreado) y respuestas correlacionadas (CR_Y), expresados como porcentaje de la media del caracter, correspondientes a la población *Carapé*.

Criterio de selección	Progreso genético y respuesta correlacionada (%) en <i>Carapé</i>											
	N° macollos	Largo lámina	Ancho lámina	Floración	Altura	Largo panoja	Ancho panoja	Peso semilla	Peso panoja	FDN	FDA	DIVMS
N° macollos	2.1	-2.0	-1.1	-0.1	-0.1	-1.2	1.1	-1.2	-0.9	-0.3	-0.2	0.1
Largo lámina	-1.2	4.7	2.5	3.5	5.2	3.7	3.8	2.3	7.1	0.8	1.1	-0.8
Ancho lámina	-0.7	2.6	3.4	2.6	3.2	2.4	4.6	1.7	3.9	0.6	0.8	-0.9
Floración	0.0	4.8	3.5	5.2	6.4	3.8	4.8	1.9	6.1	0.7	0.9	-0.7
Altura	-0.1	3.3	2.0	3.0	3.8	2.2	3.0	1.4	4.3	0.8	1.1	-0.9
Largo panoja	-0.8	3.8	2.4	2.8	3.5	2.9	3.0	2.0	4.9	0.4	0.7	-0.5
Ancho panoja	0.4	2.4	2.9	2.2	3.0	1.9	3.9	1.2	2.9	0.1	0.5	-0.7
Peso semilla	-1.1	3.3	2.5	2.1	3.3	2.9	2.9	2.0	4.1	0.3	0.5	-0.8
Peso panoja	-0.2	3.1	1.7	1.9	2.9	2.1	2.0	1.2	5.6	0.3	0.6	-0.4
FDN	-0.4	1.9	1.3	1.2	3.0	1.0	0.3	0.6	2.4	0.7	0.8	-0.5
FDA	-0.2	1.6	1.3	1.4	2.6	1.0	1.1	0.5	1.9	0.5	0.7	-0.6
DIVMS	0.1	-1.6	-1.2	-1.5	-2.9	-1.1	-2.2	-1.1	-1.9	-0.4	-0.8	0.9

Cuadro 14- Progresos genéticos (ΔG) por selección directa (sombreado) y respuestas correlacionadas (CR_Y), expresados como porcentaje de la media del caracter, correspondientes a la población *Yaguané*.

Criterio de selección	Progreso genético y respuesta correlacionada (%) en <i>Yaguané</i>											
	N° macollos	Largo lámina	Ancho lámina	Floración	Altura	Largo panoja	Ancho panoja	Peso semilla	Peso panoja	FDN	FDA	DIVMS
N° macollos	33.5	-10.9	-13.3	1.3	-7.0	-14.9	-23.6	0.5	-38.0	-0.5	0.3	-0.6
Largo lámina	-24.7	11.4	10.9	0.7	6.8	13.6	15.5	-0.1	32.5	-0.6	-1.7	0.6
Ancho lámina	-10.1	8.6	15.5	-3.1	4.4	9.6	20.6	-0.7	33.4	-0.5	-1.5	0.8
Floración	3.0	0.8	-4.0	14.1	8.6	3.6	0.7	0.6	8.6	2.4	3.6	-2.9
Altura	-13.6	5.8	4.7	7.2	10.1	11.7	6.9	0.7	25.8	1.5	1.8	-1.6
Largo panoja	-24.2	9.8	8.7	2.5	9.9	19.7	13.6	1.4	37.6	0.5	0.3	-0.1
Ancho panoja	-21.5	6.2	10.4	0.3	3.2	9.3	32.5	-2.7	35.8	0.0	-0.2	0.1
Peso semilla	1.6	-0.1	-1.4	0.9	1.3	0.8	-10.1	6.1	-1.6	0.1	0.8	-0.5
Peso panoja	-25.3	9.5	12.4	2.5	8.9	15.4	26.2	-0.3	45.9	0.6	0.2	-0.5
FDN	-3.4	-0.5	-1.9	7.0	5.6	2.2	0.0	0.2	5.7	3.5	5.1	-2.4
FDA	1.4	-3.3	-3.8	6.7	4.2	0.8	-1.5	1.5	1.2	2.1	5.5	-2.6
DIVMS	-4.2	0.2	3.1	-8.7	-5.6	-0.3	0.6	-0.9	-5.2	-2.4	-4.1	3.3

Seleccionando las líneas más tardías se obtuvo el mismo nivel de respuesta sobre el largo de lámina que el obtenido por selección directa sobre este carácter, lográndose también un mayor aumento en el ancho de lámina y en la altura de planta. Además, el mayor progreso genético en este último carácter se obtuvo cuando se seleccionó por largo de lámina (5.2 %) (ver Cuadro 13).

Los progresos genéticos ($\% \Delta G$) logrados sobre todos los caracteres en la población *Yaguané* fueron superiores a los obtenidos en la población *Carapé*, destacándose los progresos logrados en largo, ancho y peso de panoja (19.7 %, 32.5 % y 45.9 %, respectivamente) y en número de macollos (33.5 %). Aunque, seleccionando por este último carácter se obtuvo, paralelamente, una disminución del resto de los caracteres relacionados con la producción de biomasa forrajera y la producción de semillas. Las menores respuestas tanto a la selección directa como indirecta se lograron sobre los parámetros de calidad forrajera. En promedio, las mayores respuestas correlacionadas ($\% CR_Y$) se obtuvieron sobre el peso de panoja, siendo inversa la respuesta cuando se seleccionó por número de macollos (-38.0 %) (ver Cuadro 14, página 63).

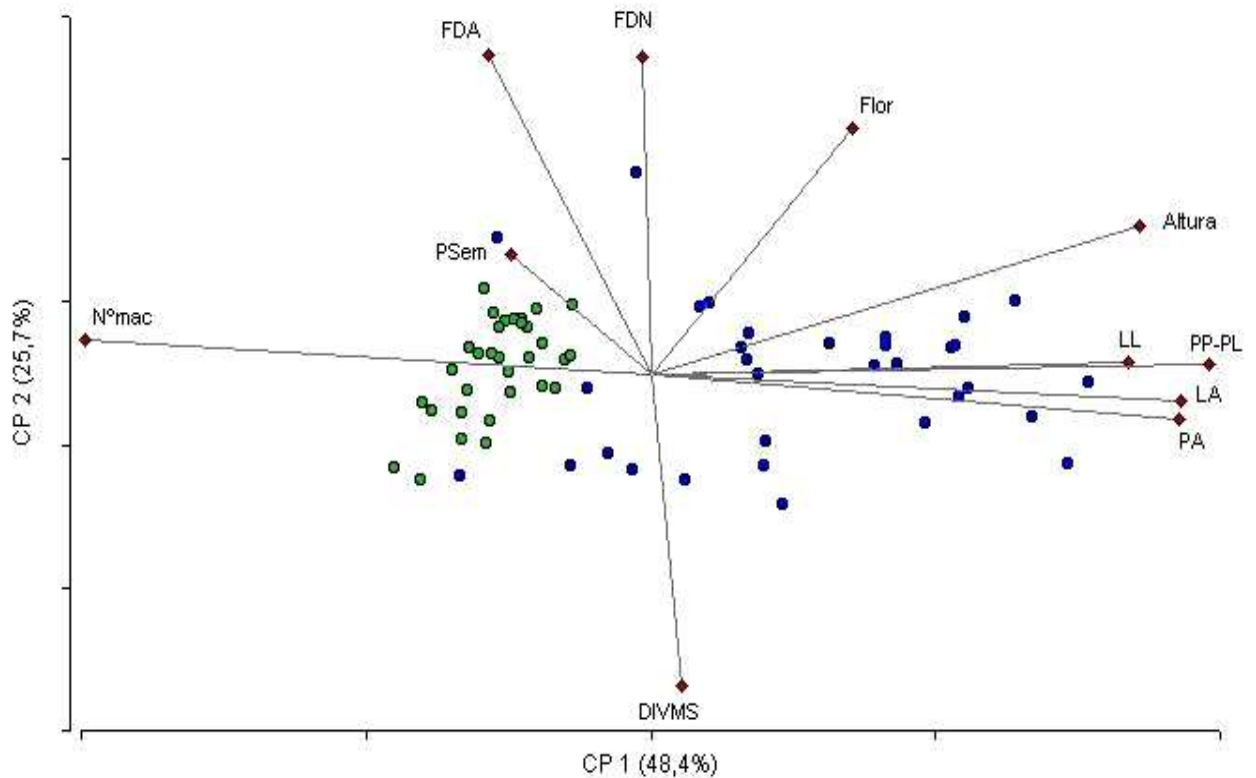
3.1.1.7. Interrelaciones multivariadas entre las líneas de las poblaciones

Para examinar el comportamiento de las líneas de ambas poblaciones con relación al conjunto de todos los caracteres o variables considerados se realizó un Análisis de Componentes Principales. Este análisis, además de reducir la dimensionalidad de los datos multivariados, permitió obtener gráficos que facilitan la interpretación de la variabilidad y covariabilidad de los datos. En estos gráficos *biplot* (Gabriel 1971) se visualizan las observaciones de las líneas y las variables en un mismo espacio, permitiendo identificar asociaciones entre las líneas de las poblaciones, entre las variables y entre las variables y las líneas (ver Gráficos 13, 14 y 15).

El biplot de las dos primeras componentes principales correspondiente a todos los caracteres analizados se presenta en el Gráfico 13. Las dos primeras componentes principales (CP 1 y CP 2) explicaron el 74.2% de la variación total.

La CP 1 logró una mejor separación de las líneas de ambas poblaciones, sin embargo, las líneas de la población *Carapé* se ubicaron en una nube compacta, mientras que las líneas de la población *Yaguané* presentaron una gran dispersión sobre la CP 1 (ver Gráficos 13).

Gráfico 13- Interrelaciones entre las líneas de la población *Carapé* y *Yaguané*, entre todos los caracteres, y entre los caracteres y las líneas. Biplot correspondiente a las dos primeras componentes principales (CP 1 y CP 2) donde se representan puntos-línea *Carapé* (●), puntos-línea *Yaguané* (●) y vectores-variable (◆).

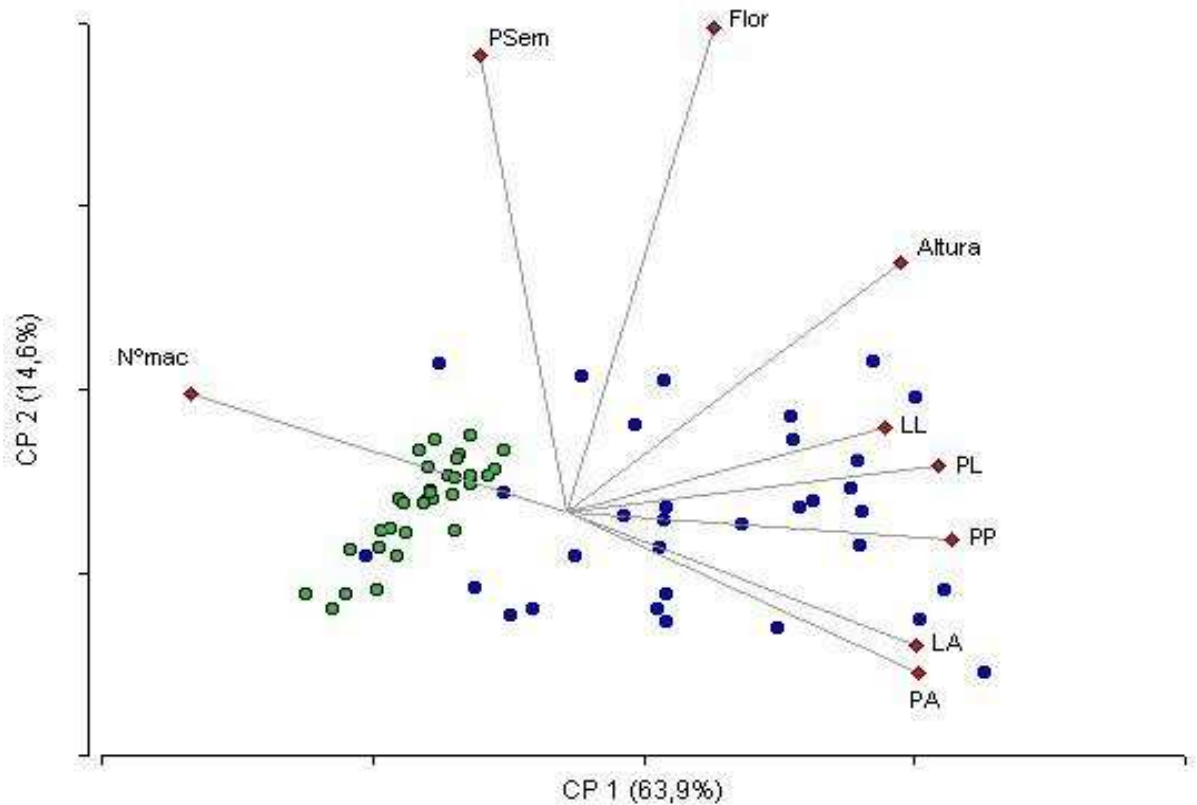


Las variables con mayor contribución a la variabilidad de las líneas en el eje CP 1 se identifican por el largo de los vectores-variables, destacándose el peso (PP) y el largo de panoja (PL), el número de macollos (N°mac), el ancho de lámina (LA), el ancho de panoja (PA) y la altura de planta (Altura) (autovectores: 0.40, 0.39, -0.39, 0.37, 0.37 y 0.34, respectivamente). Sobre la CP 2 la separación entre las poblaciones fue nula, siendo similar también la dispersión de las líneas. Las variables que más contribuyeron a la construcción de la CP 2 fueron la digestibilidad (DIVMS), FDN, FDA y días a floración (Flor), explicando parte de la variabilidad entre las líneas no explicada por la CP 1. El peso de semillas (PSem) se destaca por ser la variable que menos aportó a la variabilidad en ambos CP (ver Gráfico 13).

Las direcciones de los vectores-variable indican una correlación alta y negativa entre el número de macollos y los caracteres relacionados con el tamaño de planta, lámina y panoja. Siendo casi nula la correlación entre estos caracteres y los parámetros de calidad forrajera. La mayoría de las líneas de la población *Yaguané* estuvieron asociadas con valores más altos en largo, ancho y peso de panoja, largo y ancho de lámina, altura de planta y días a floración, y a valores bajos en número de macollos. Se observaron algunas líneas de la población *Yaguané* con comportamientos muy similares al de las líneas de *Carapé* y otras asociadas a los valores extremos de FDN, FDA y DIVMS. Las líneas de la población *Carapé* presentaron comportamientos muy similares entre sí, siendo limitada la dispersión de las líneas sobre los dos ejes. Estas líneas estuvieron asociadas con los valores más altos en número de macollos y peso de semillas, y con menores tamaños de lámina, panoja y altura de planta (ver Gráfico 13).

Los resultados del análisis de componentes principales sin considerar los parámetros químicos de calidad (FDN, FDA y DIVMS) se resumen en el Gráfico 14. Este segundo ACP se realizó considerando la baja correlación que presentaron los tres parámetros con el resto de los caracteres, lo que dificulta la reducción de la dimensionalidad de los datos. A esto se suma la escasa diferencia entre las dos poblaciones con respecto a estos caracteres (Cuadro 5). Al considerar sólo a los caracteres morfológicos y a la precocidad en el análisis, las dos primeras componentes lograron explicar el 78.5% de la variación total de las líneas. El aporte de las variables al CP 1 fue similar al del primer ACP (Gráfico 13), aunque explicó una mayor proporción de la variabilidad total (63.9%). En la CP 2 contribuyeron en mayor medida la precocidad y el peso de semilla. La nube de puntos-línea *Carapé* fue muy compacta, mientras que las líneas *Yaguané* presentaron una gran dispersión sobre la CP 1 lo que se explica por la diferente variabilidad que presentan las líneas de ambas poblaciones en los caracteres morfológicos. Se obtuvo una mayor dispersión de puntos sobre la CP 2 en relación al análisis que incluía los parámetros de calidad. Las líneas más altas, más tardías, con láminas y panojas más grandes y con menor número de macollos pertenecieron a la población *Yaguané*, mientras que en la población *Carapé* predominaron las líneas con las características opuestas. Al igual que lo observado en el Gráfico 13, existieron líneas de la población *Yaguané* muy similares a las líneas de la población *Carapé* en los caracteres morfológicos (ver Gráfico 14).

Gráfico 14- Interrelaciones entre las líneas de la población *Carapé* y *Yaguané*, entre los caracteres morfológicos, y entre los caracteres y las líneas. Biplot correspondiente a las dos primeras componentes principales (CP 1 y CP 2) donde se representan puntos-línea *Carapé* (●), puntos-línea *Yaguané* (●) y vectores-variable (◆).

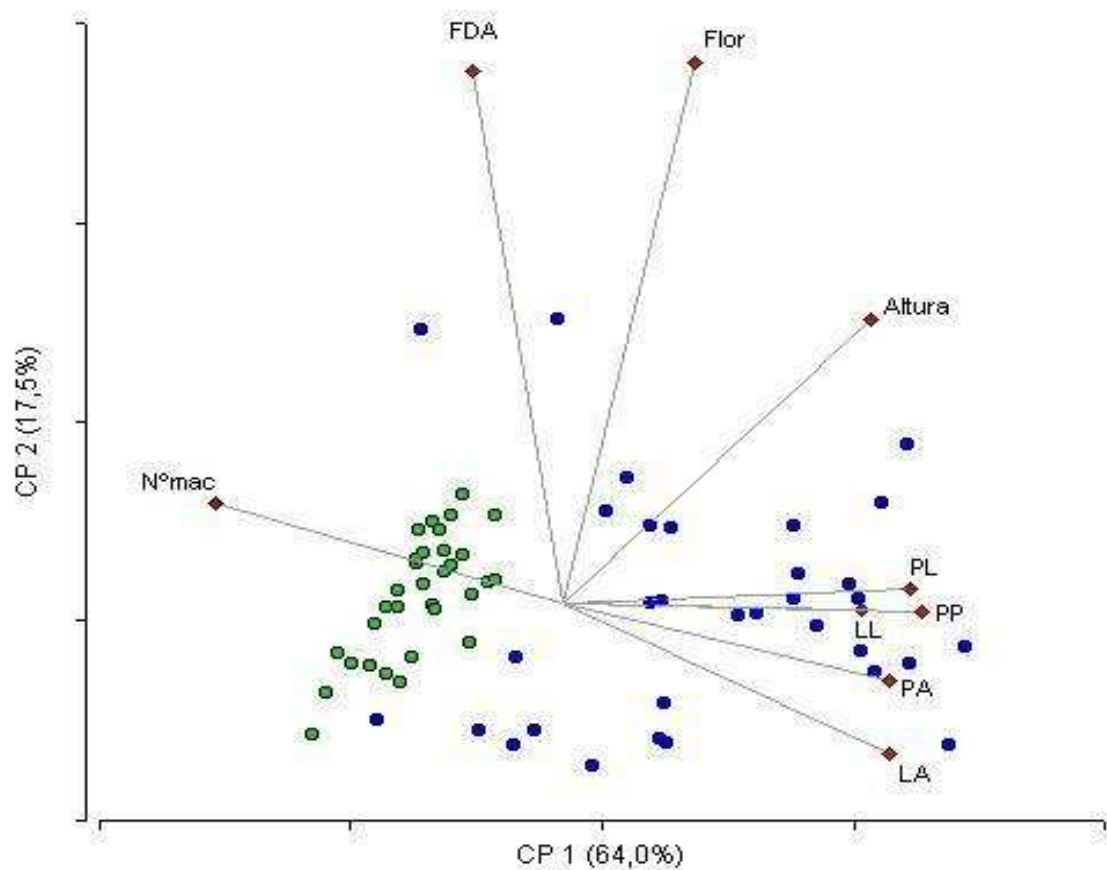


Un tercer análisis de componentes principales se realizó sin considerar el carácter peso de semillas ya que, al estar poco correlacionado con el resto de los caracteres aportó poco a los dos componentes principales en el primer ACP (Gráfico 13), además este carácter presentó baja heredabilidad en ambas poblaciones (Cuadro 9). Entre los parámetros de calidad forrajera solo se utilizó el carácter FDA, que presentó una alta correlación con FDN y es el principal determinante de la DIVMS. Así se logró reducir el número de caracteres analizados y aumentar la proporción de variabilidad explicada por las dos primeras componentes principales, que en este caso fue del 81.5% (ver Gráfico 15).

En el Gráfico 15 nuevamente se observó que fueron los caracteres morfológicos los que contribuyeron en mayor medida a explicar la variabilidad de las líneas de ambas poblaciones sobre la CP 1.

Mientras que en la población *Yaguané* la mayor proporción de variación se explicó sobre la CP 1, en la población *Carapé*, una importante proporción de la variabilidad se debió a las diferencias en precocidad, FDA y altura de planta, siendo estas las variables que más contribuyeron a la CP 2 (ver Gráfico 15).

Gráfico 15- Interrelaciones entre las líneas de la población *Carapé* y *Yaguané*, entre los caracteres, y entre los caracteres y las líneas. Biplot correspondiente a las dos primeras componentes principales (CP 1 y CP 2) donde se representan puntos-líneas *Carapé* (●), puntos-línea *Yaguané* (●) y vectores-variable (◆).

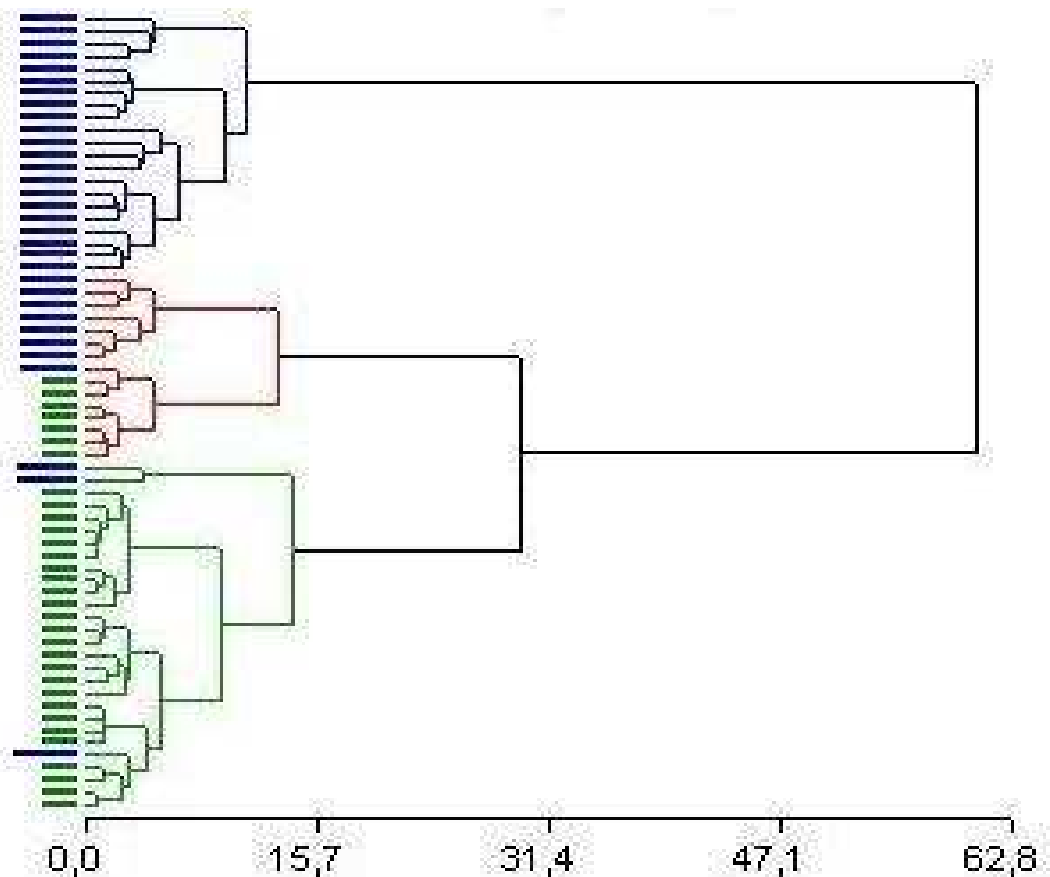


3.1.1.8. Análisis del agrupamiento de las líneas por semejanzas morfo-agronómicas

El análisis exploratorio para conocer la estructura del agrupamiento natural de las líneas de las poblaciones *Carapé* y *Yaguané* basado en los doce caracteres morfo-agronómicos se resume en el Gráfico 16.

Las líneas de ambas poblaciones fueron agrupadas sucesivamente en conglomerados según sus similitudes, minimizando las sumas de cuadrados entre conglomerados en cada unión de manera que la pérdida de homogeneidad dentro de cada grupo formado fue la menor posible (método de mínima variancia de Ward). Fijando un criterio de corte a una distancia euclídea de 25.0 se formaron tres grupos de líneas. Un grupo coloreado de azul que se separó de los otros dos y que estuvo compuesto en su totalidad por líneas de la población *Yaguané*. Luego se separaron los dos grupos restantes, uno coloreado de rojo compuesto por un 53.3% de líneas de la población *Yaguané* y un 46.7% de líneas de la población *Carapé*, y finalmente, el tercer grupo (coloreado de verde) estuvo formado por un 89.3% de líneas de *Carapé* y un 10.7% de líneas de *Yaguané* (ver Gráfico 16).

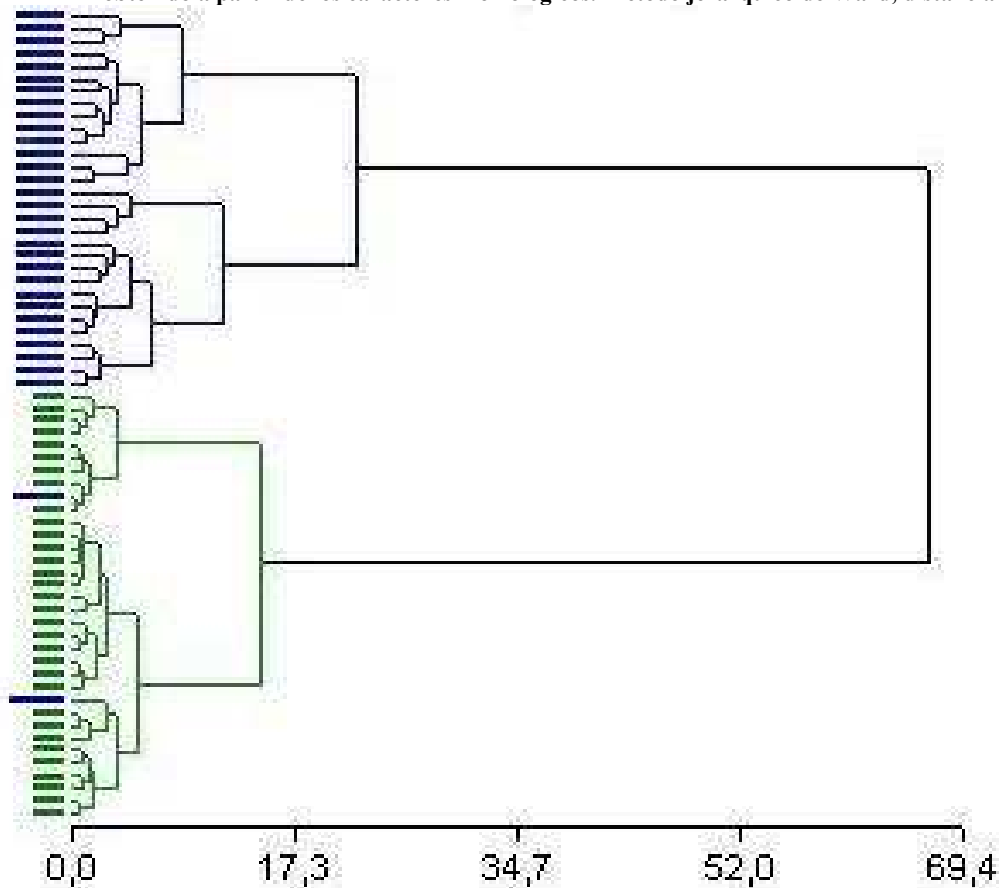
Gráfico 16- Dendrograma correspondiente al análisis de agrupamiento de las líneas *Carapé* (—) y *Yaguané* (—) obtenido a partir de todos los caracteres. Método jerárquico de Ward, distancia Euclídea.



Así, al considerar las relaciones multivariadas entre las líneas se constituyó un grupo *tipo Yaguané* (grupo azul), un grupo de líneas *tipo Carapé* (grupo verde) y un grupo de características intermedias (grupo rojo). El coeficiente de correlación cofenética (CCC) logrado con este agrupamiento fue 0.67 y se requirieron 12 clusters para lograr explicar más del 80% de la variación total (R-Cuadrado = 0.8058) (Gráfico 16).

Un segundo análisis de agrupamiento se realizó teniendo en cuenta sólo los caracteres morfológicos de manera de reducir el número de variables y eliminar del análisis aquellos caracteres que aportaron poco a la variabilidad de los datos y presentarían un limitado interés desde el punto de vista del mejoramiento (Cuadro 2, 5, 8a-b y 9). El dendrograma resultante de este segundo análisis de agrupamiento se muestra en el Gráfico 17.

Gráfico 17- Dendrograma correspondiente al análisis de agrupamiento de las líneas *Carapé* (—) y *Yaguané* (—) obtenido a partir de los caracteres morfológicos. Método jerárquico de Ward, distancia Euclídea.



Considerando el mismo punto de corte (distancia euclídea= 25.0) fijado en el análisis anterior, se aprecian sólo dos grupos que se separaron a una distancia de 67.3. Un grupo formado completamente por líneas de la población *Yaguané* (conglomerado azul) y un grupo donde se ubican todas las líneas de la población *Carapé* más dos líneas provenientes de la población *Yaguané* (5.9%) (ver Gráfico 17). Con este conjunto de datos se logró una mejor descripción del agrupamiento natural de las líneas (CCC= 0.73) y el número de conglomerados adecuados para explicar más del 80% de la variación fue de 9 (R-Cuadrado = 0.8105).

3.1.1.9. Selección de los caracteres más discriminantes entre las poblaciones

Continuando con el análisis exploratorio y con el fin de describir mejor las diferencias entre las poblaciones *Carapé* y *Yaguané*, se realizó el análisis discriminante. El objetivo último de este análisis discriminante fue determinar qué variables caracterizan las diferencias existentes entre las dos poblaciones y encontrar la combinación lineal o cuadrática de las variables independientes que mejor permiten diferenciarlas.

Los resultados del método *forward* para la selección paso a paso de variables discriminantes se resumen en el Cuadro 15. En este método la variable que primero se seleccionó fue la que presentó el menor valor de p asociado a la prueba de F que, en este caso, es una función del estadístico *Lambda* de Wilks, que se define como el cociente entre la variancia “dentro de grupo” y la variancia “total”. Así la primera variable seleccionada fue la que minimizó el Λ de Wilks o, equivalentemente la que logró el estadístico F mayor y significativo (se requería un valor de $p < 0.15$). Logrando, de esta forma, que la variabilidad no explicada por las diferencias “entre grupos” fuera mínima, es decir, que las diferencias observadas entre las *puntuaciones discriminantes* se deban fundamentalmente a diferencias existentes entre las poblaciones y no a diferencias internas dentro de ellas.

Cuadro 15- Resumen del método *forward* para selección de variables discriminantes. Variables introducidas en cada paso de selección, valores de los estadísticos *Lambda* de Wilks, *F* y su valor *p* asociado.

Paso	Variable introducida	Λ de Wilks	<i>F</i>	<i>p</i>
1	Largo de panoja	0.3033	142.4	<.0001
2	Largo de lámina	0.2441	14.8	0.0003
3	Nº de macollos	0.2082	10.3	0.0021
4	FDA	0.1940	4.3	0.0420
5	Altura	0.1760	5.9	0.0180

En el Cuadro 15 se observa que, de las doce variables disponibles, la primera que entra al modelo es largo de panoja, siendo la variable que, a nivel individual, consiguió la mayor discriminación entre las dos poblaciones, presentando el mayor valor de *F* y por lo tanto el menor valor de Λ de Wilks. En el segundo paso, se incorpora la variable largo de lámina, indicando que este par de caracteres es, de todos los pares posibles, el que mejor separó a las poblaciones *Carapé* y *Yaguané*. Luego de la incorporación de una quinta variable, se observa como la discriminación entre las poblaciones va aumentando, lo que se refleja en la disminución paulatina del valor Λ de Wilks, que pasa de 0.3033 a 0.1760. Considerando el valor final de *Lambda* de Wilks, se evidencia que con estas cinco variables se logró que el 82.4% de la variación total se deba a las diferencias entre las poblaciones y sólo un 17.6% a las diferencias dentro de las poblaciones (ver Cuadro 15).

Con las variables seleccionadas según el método *forward*, se estimó la función discriminante entre las poblaciones. Debido a que ambas poblaciones presentaron matrices de variancias-covariancias distintas, correspondió estimar una función discriminante cuadrática, sin embargo, también se estimó una función discriminante canónica con el propósito de interpretar esta función ya que en el caso del enfoque cuadrático la interpretación de la función obtenida se dificulta.

La expresión de la función discriminante canónica estimada a partir de las cinco variables seleccionadas es:

$$F = 19.99 + 0.27(\text{Largo panoja}) - 0.32(\text{Largo lámina}) - 4.39(\text{N}^\circ \text{ macollos}) - 0.40(\text{FDA}) + 0.06(\text{Altura})$$

En el Cuadro 16 se presentan coeficientes que permiten interpretar la función estimada al cuantificar la contribución de las distintas variables a la discriminación entre las poblaciones.

Cuadro 16- Medidas interpretativas de la función discriminante canónica entre las poblaciones *Carapé* y *Yaguané*.

Variab les	Coeficientes estandarizados	Coeficientes de estructura
Largo de panoja	0.73	0.70
Largo de lámina	-1.17	0.20
N° de macollos	-0.70	-0.59
FDA	-0.51	-0.17
Altura	0.56	0.39

De acuerdo a los coeficientes estandarizados por variancias y covariancias se puede observar que la variable con mayor coeficiente, ignorando su signo, es largo de lámina, seguido por el largo de panoja (0.73) y el número de macollos (-0.70). Los coeficientes de estructura se interpretan del mismo modo, pero no están afectados por las correlaciones entre las variables que integran la función. Analizando estos coeficientes, se aprecia que las tres variables que más correlacionan con la función discriminante son: largo de panoja (0.70), número de macollos (-0.59) y altura (0.39) (ver Cuadro 16).

En el Cuadro 17 se presentan las estimaciones de las tasas de error por mala clasificación de las líneas de cada una de las poblaciones de acuerdo a las funciones discriminantes estimadas.

Cuadro 17- Tasa de error de clasificación estimada de acuerdo a las funciones obtenidas para la discriminación de las poblaciones.

Regla de clasificación	Error de clasificación (%)		
	en <i>Carapé</i>	en <i>Yaguané</i>	Total
Función discriminante canónica	0.00	6.25	3.13
Función discriminante cuadrática	0.00	3.13	1.56

El Cuadro 17 indica que, con el enfoque de la función cuadrática, se mejoró el ajuste de la regla de clasificación de las líneas en sus correspondientes poblaciones (98.44% vs. 96.87% de clasificaciones correctas).

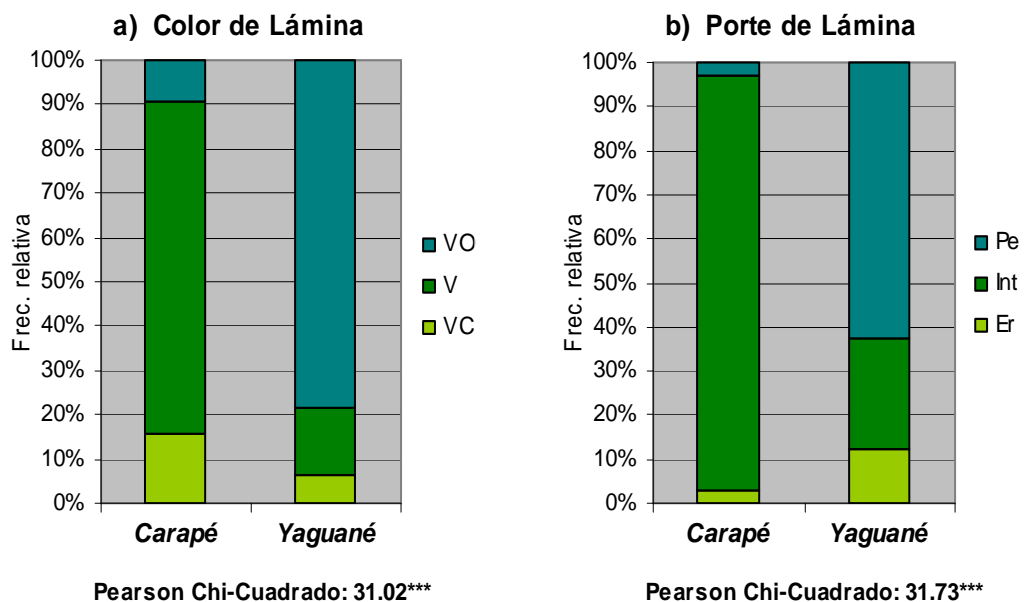
Todas las líneas de la población *Carapé* fueron clasificadas correctamente con ambas funciones discriminantes, mientras que, del total de líneas de la población *Yaguané*, el 6.25% fueron mal clasificadas dentro de la población *Carapé* con la función lineal y el 3.13% utilizando la función cuadrática (ver Cuadro 17).

3.1.2. Caracteres Cualitativos:

3.1.2.1. Frecuencias fenotípicas

Las frecuencias fenotípicas para los caracteres color y porte de lámina, expresadas como porcentaje del total de líneas en las poblaciones *Carapé* y *Yaguané*, se muestran en los Gráficos 18a-b.

Gráfico 18a-b- Distribuciones de frecuencias del color y porte de lámina en las poblaciones *Carapé* y *Yaguané*. En 18a VO: verde oscuro, V: verde y VC: verde claro. En 18b Pe: péndula, Int: intermedia y Er: erecta. Prueba de homogeneidad: valores de Chi-Cuadrado y niveles de significancia (***: $p < 0.001$).



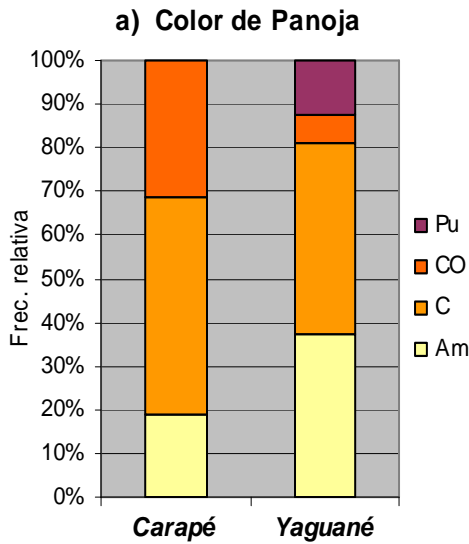
En el Gráfico 18a observó una diferencia significativa en la distribución de las clases fenotípicas de color de lámina de ambas poblaciones, lo que se evidenció por medio de la prueba de homogeneidad de distribuciones (Chi-Cuadrado: 31.02***).

Entre las líneas de la población *Carapé*, la clase fenotípica más frecuente fue lámina verde (75.0%) y la menos abundante fue verde oscuro (9.4%), mientras que en la población *Yaguané*, esta última clase fue la más frecuente (78.2% de los casos) y el color de lámina verde claro fue el menos observado (6.2%) (ver Gráfico 18a). Al considerar el porte de lámina, se observó una marcada diferencia inter poblacional en las frecuencias relativas de las distintas clases fenotípicas. En la población *Yaguané* la clase más abundante fue la lámina péndula (62.5%), mientras que en la población *Carapé*, la mayor proporción de líneas presentó un porte de lámina intermedio (93.8%) (ver Gráfico 18b).

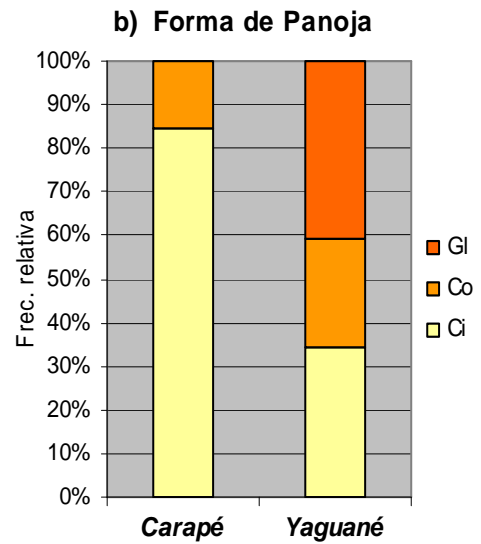
En el Gráfico 19a-d se presentan las frecuencias relativas de las clases fenotípicas de cuatro caracteres cualitativos de panoja correspondientes a las poblaciones *Carapé* y *Yaguané*. Además se muestran los resultados de la técnica no paramétrica de Chi-Cuadrado utilizada para evaluar y comparar las distribuciones de frecuencias de las poblaciones.

Los patrones de distribución en ambas poblaciones fueron significativamente diferentes en las clases fenotípicas de los cuatro caracteres (ver Gráfico 19a-d). No se encontraron panojas con coloraciones púrpuras entre las líneas de la población *Carapé*, mientras que en la población *Yaguané* esta coloración se encontró en el 12.5% de los casos (ver Gráfico 19a). Más del 80% de las líneas de la población *Carapé* presentaron panojas cilíndricas y no se observaron panojas globosas. Sin embargo, en la población *Yaguané* se encontraron todas las formas de panojas casi en la misma proporción (ver Gráfico 19b). Las panojas compactas fueron las más frecuentes en *Carapé* (90.6%) y no se observaron panojas laxas, mientras que en *Yaguané* esta última clase fenotípica se presentó en el 34.4% de las líneas (ver Gráfico 19c). Casi la totalidad de las líneas de población *Carapé* presentaron cedas involucrales intermedias a largas, encontrándose sin embargo, en la población *Yaguané* un 40.6% de líneas con cedas involucrales cortas (ver Gráfico 19d).

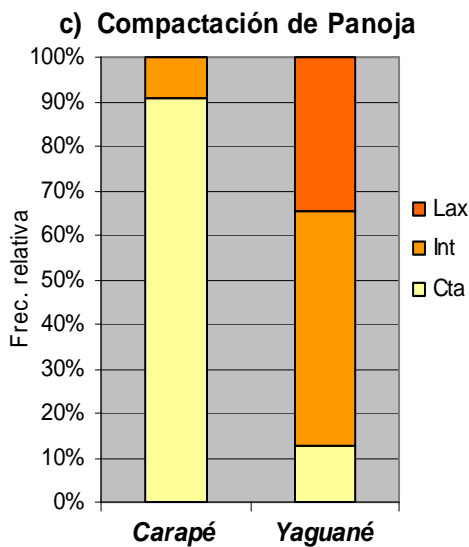
Gráfico 19a-d- Distribuciones de frecuencias del color, la forma y el grado de compactación de panoja, y del largo de involucro en las poblaciones *Carapé* y *Yaguané*. En 19a Pu: púrpura, CO: castaño oscuro, C: castaño y Am: amarilla. En 19b Gl: globosa, Co: cónica y Ci: cilíndrica. En 19c Lax: laxa, Int: intermedia y Cta: compacta. En 19d Lgo: largo, Int: intermedio y Cor: corto. Prueba de homogeneidad: valores de Chi-Cuadrado y niveles de significancia (**: $p < 0.05$; ***: $p < 0.001$).



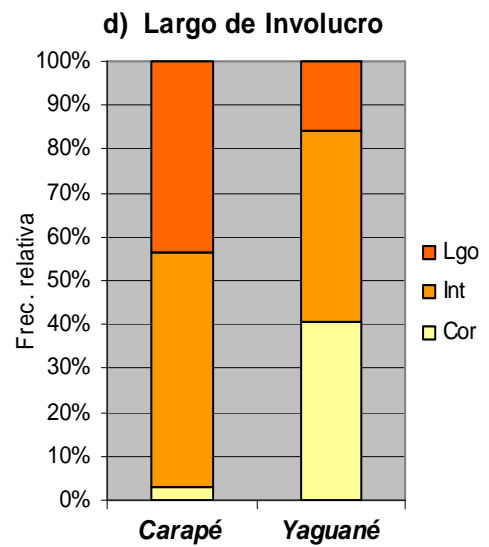
Pearson Chi-Cuadrado: 11,47**



Pearson Chi-Cuadrado: 20.43***



Pearson Chi-Cuadrado: 39.47***



Pearson Chi-Cuadrado: 14.84***

3.1.2.2. Índices de diversidad fenotípica

Los Índices de Diversidad Shannon-Weaver estimados para los seis caracteres individuales y para estos caracteres en conjunto, correspondientes a las poblaciones *Carapé*, *Yaguané* y a la población total de Moha, se presentan en el Cuadro 18. La variancia de los índices de diversidad se utilizó para comparar estadísticamente estos estimadores de diversidad fenotípica entre las poblaciones *Carapé* y *Yaguané* por medio de una prueba de *t*.

Cuadro 18- Índices de Diversidad Fenotípica Shannon-Weaver estandarizados (*E*) para cada caracter y diversidad promedio con sus errores estándar, correspondientes a las poblaciones *Carapé*, *Yaguané* y a la población total. Valores de probabilidad asociada a la prueba de *t*.

Carácter	<i>Carapé</i>	<i>Yaguané</i>	Población total
Color de lámina	0.66	0.58	0.88
Porte de lámina	0.25	0.82	0.79
Forma de panoja	0.39	0.98	0.87
Color de panoja	0.74	0.84	0.86
Compactación de panoja	0.28	0.88	0.92
Largo de involucro	0.73	0.92	0.95
Media ± E.E.	0.51 ± 0.093	0.84 ± 0.056	0.88 ± 0.022
Prueba de <i>t</i>	<i>p</i> = 0.0126*		

*: significativo al 0.05.

Basado en los índices de diversidad estandarizados, se observa que la población *Yaguané* presentó niveles de diversidad relativamente altos en la forma de panoja (0.98) y en el largo de involucro (0.92). En la población *Carapé*, los niveles de diversidad fueron limitados e inferiores a los observados en *Yaguané* para todos los caracteres. Las mayores diferencias en el nivel de diversidad entre las dos poblaciones se observaron en el porte de lámina (0.25 vs. 0.82) y en la forma (0.39 vs. 0.98) y grado de compactación de panoja (0.28 vs. 0.88). Se encontraron diferencias significativas en los niveles de diversidad fenotípica de los caracteres morfo-agronómicos entre las poblaciones *Carapé* y *Yaguané* (0.51 vs. 0.84, valor $p < 0.05$) (ver Cuadro 18).

3.2. Caracterización agronómica de las poblaciones

La prueba de Bartlett para probar la homogeneidad de los errores entre ambientes resultó no significativa ($p > 0.05$), por lo que se pudo utilizar el análisis de variancia combinado para todos los ambientes. Las pruebas de los supuestos de homogeneidad de variancia y distribución normal de los errores de todos los caracteres analizados fueron no significativas al 5% de probabilidad, previas transformación logarítmica de los datos correspondientes al carácter días a floración.

3.2.1. Producción de materia seca bajo dos tipos de aprovechamiento del cultivo

En el cuadro 19 se muestran los resultados correspondientes a un ensayo realizado en parcelas divididas, en tres ambientes (P1, P2 y CU), donde se analizó la producción de materia seca por hectárea (kg.M.S./ha) de los cultivares *Carapé INTA* y *Yaguané INTA* bajo dos tipos de aprovechamiento. Un tipo de aprovechamiento consistió en realizar un único corte del forraje en el estado de inicio de panojamiento (corte acumulado, TA), el otro aprovechamiento consistió en cortar el forraje en el mismo estado fenológico que el corte acumulado, pero este forraje cortado fue el rebrote producido luego de un corte previo simulando un pastoreo, realizado en macollaje (corte del rebrote, TR). Con esto, se analizó el desempeño de ambos cultivares con respecto a la producción de materia seca con destino a la henificación bajo dos planteos hipotéticos: por un lado, cuando se aprovecha el material acumulado desde la siembra y, por otro lado, cuando se henifica el rebrote luego de un pastoreo previo.

Cuadro 19- Producción de materia seca (en Kg/ha) de los cultivares *Carapé INTA* (C) y *Yaguané INTA* (Y), bajo dos tipos de corte, en tres ambientes (P1, P2 y CU).

Material cortado	P1		P2		CU	
	C	Y	C	Y	C	Y
Acumulado	12145.9	12836.0	9648.0	10562.0	9265.6	9308.5
Rebrote	12458.5	11630.8	8599.4	8869.1	5064.3	5081.8
Promedio	12302.2	12233.4	9123.7	9715.5	7165.0	7195.1

En los tres ambientes, el cv. *Yaguané INTA* superó al cv. *Carapé INTA* cuando se midió el material acumulado, mientras que la tendencia en el rendimiento del rebrote no fue clara entre los cultivares a través de los ambientes (ver Cuadro 19).

Al analizar los promedios de los tres ambientes y los promedios generales por cultivar y por corte (Cuadro 20), se observa que, cuando se cortó el rebrote, fue *Carapé INTA* el cultivar con mayor rendimiento de materia seca (8707.4 kg/ha vs. 10353.2 kg/ha), mientras que el cultivar *Yaguané INTA* fue el que rindió más cuando se cortó el material acumulado (10902.2 kg/ha vs. 10353.2 kg/ha). El corte del forraje acumulado rindió aproximadamente 2000 kg más de materia seca por hectárea que cuando se cortó el rebrote (ver Cuadro 20).

Cuadro 20- Producción de materia seca (kg/ha), promedios por cultivar y por tipo de corte.

	Forraje cortado		Promedio Cultivar
	Acumulado	Rebrote	
<i>Carapé INTA</i>	10353.2	8707.4	9530.3
<i>Yaguané INTA</i>	10902.2	8527.2	9714.7
Promedio corte	10627.7	8617.3	

Los resultados del análisis de variancia combinado (Modelo 1) del rendimiento de materia seca de ambos cultivares a través de todos los ambientes, correspondiente a un DBCA en parcelas divididas, donde los tratamientos (Cultivar) fueron *Carapé INTA* y *Yaguané INTA* y los sub-tratamientos (Corte) fueron el corte del forraje acumulado (TA) y el corte del rebrote luego de simular un pastoreo previo (TR), se muestran en el Cuadro 21. En este se observa que el efecto de los ambientes fue altamente significativo ($p < 0.001$) y representó la mayor fuente de la variabilidad en la producción de materia seca (68.8% de la suma de cuadrados total). Las diferencias entre los tratamientos (cultivares) no fueron significativas, mientras que los efectos del tipo de corte (sub-tratamientos) fueron altamente significativos. La interacción entre cultivar y tipo de corte no fue significativa y representó una bajísima proporción de la variación total de los datos, indicando la ausencia de respuestas diferenciales entre los cultivares ante los distintos tipos de corte. La interacción del tipo de corte con los ambientes fue altamente significativa ($p = 0.0003$) (ver Cuadro 21).

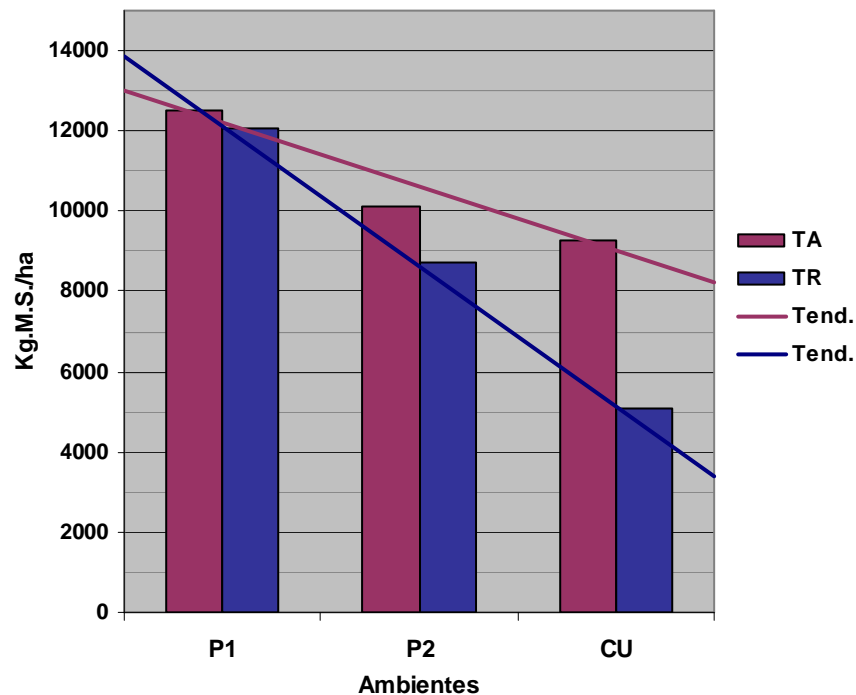
Cuadro 21- Resumen del análisis de variancia combinado (Modelo 1) de la producción de materia seca de los cultivares *Carapé INTA* y *Yaguané INTA*, correspondiente a un DBCA en parcelas divididas. Grados de libertad, suma de cuadrados (%), valores de *F* y *p*.

Fuente de variación	g.l.	%SC	<i>F</i>	<i>p</i>
Ambiente	2	68.8	73.99	<.0001***
Bloque (Amb.)	15	4.0	0.57	0.8737
Cultivar	1	0.1	0.76	0.3983
Ambiente x Cultivar	2	0.3	0.94	0.4123
Corte	1	16.0	34.46	<.0001***
Cultivar x Corte	1	0.5	1.13	0.2957
Corte x Ambiente	2	10.3	10.96	0.0003***

*: $p < 0.05$; **: $p < 0.01$; ***: $p < 0.001$.

En el Gráfico 20 se muestra los rendimientos promedios de materia seca cuando se cortó el material acumulado (TA) y cuando se cortó el rebrote (TR) en los tres ambientes. Además se presentan las líneas de tendencia de los rendimientos de ambos cortes a través de los ambientes.

Gráfico 20- Producción de materia seca del forraje acumulado (TA) y del rebrote (TR) en tres ambientes. Valores medios y líneas de tendencia.



Las diferencias entre ambos tipos de corte fueron disminuyendo a medida que los promedios por ambiente aumentaron. Estas diferencias fueron significativas sólo en P2 ($p < 0.05$) y en CU ($p < 0.001$) (ver Gráfico 20).

3.2.2. Análisis de caracteres de interés agronómico

En el Cuadro 22 se presentan los rendimientos de materia seca obtenidos a partir de un único corte en inicio de panojamiento, los días desde la siembra hasta el 50% de floración y las proporciones de lámina del forraje, correspondientes a los cultivares *Carapé INTA* y *Yaguané INTA*, en cuatro ambientes. El cv. *Yaguané INTA* tuvo mayores rendimientos, fue más tardío y presentó una menor proporción de lámina que el cv. *Carapé INTA* en todos los ambientes (ver Cuadro 22).

Cuadro 22- Promedios de rendimiento de materia seca, días a floración y relación lámina/resto de la planta, correspondientes a los cultivares *Carapé INTA* (C) y *Yaguané INTA* (Y), en cuatro ambientes.

Ambiente	Rendimiento (kg.M.S./ha)		Días a floración		Relación lámina/resto	
	C	Y	C	Y	C	Y
P1	12145.9	12836.0	82.2	83.0	0.72	0.67
P2	9648.2	10561.6	67.2	69.3	0.72	0.66
P3	4761.5	5309.4	73.0	77.2	0.90	0.74
CU	9265.6	9308.5	66.2	68.7	0.62	0.53
Promedio	8955.3	9503.9	72.1	74.5	0.74	0.65

El análisis combinado de variancia para todos los ambientes (Modelo 2), considerando los caracteres producción de materia seca, días a floración y proporción de lámina se muestran en los Cuadros 23, 24 y 25, respectivamente.

En el Cuadro 23 se observa que la principal fuente de variación entre los datos de rendimiento de materia seca se debió al efecto de los ambientes, que fue altamente significativo ($p < 0.001$) y representó el 90.3% de la variación total observada.

Las diferencias entre el rendimiento de materia seca de los cultivares a través de los cuatro ambientes fueron altamente significativas a un nivel probabilidad del 1%, mientras que la interacción cultivar x ambiente no fue significativa y representó la menor fuente de variabilidad de los rendimientos (ver Cuadro 23).

Cuadro 23- Resultados del análisis de variancia combinado (Modelo 2) para el rendimiento de materia seca de los cultivares *Carapé INTA* y *Yaguané INTA* en cuatro ambientes. Grados de libertad, sumas de cuadrados en porcentaje (%SC) y valores de *F* con su probabilidad asociada.

Fuente de variación	g.l.	%SC	F	<i>p</i>
Ambiente	3	90.3	374.41	<.0001***
Bloque (Amb.)	20	8.3	5.19	0.0003***
Cultivar	1	0.9	11.66	0.0027**
Cultivar x Ambiente	3	0.5	1.32	0.2959

*: $p < 0.05$; **: $p < 0.01$; ***: $p < 0.001$.

Las diferencias en precocidad entre ambos cultivares fueron significativas ($p < 0.05$) aunque representaron una proporción limitada de la variación total de los datos, mientras que un 91.4% de dicha variación se debió al efecto de los ambientes. Además, la interacción de los cultivares con el ambiente resultó tener un efecto no significativo y explicó sólo el 1% de la variación total observada (ver Cuadro 24).

Cuadro 24- Resultados del análisis de variancia combinado (Modelo 2) para los días a floración de los cultivares *Carapé INTA* y *Yaguané INTA* en cuatro ambientes. Grados de libertad, sumas de cuadrados en porcentaje (%SC) y valores de *F* con su probabilidad asociada.

Fuente de variación	g.l.	%SC	F	<i>p</i>
Ambiente	3	91.4	209.48	<.0001***
Bloque (Amb.)	20	3.8	1.33	0.2642
Cultivar	1	3.8	12.71	0.0377*
Cultivar x Ambiente	3	1.0	2.08	0.1552

*: $p < 0.05$; **: $p < 0.01$; ***: $p < 0.001$.

En el Cuadro 25 se evidencia que el efecto ambiente explicó el 62.7% de la variación en las observaciones de la relación lámina/resto, representando una menor proporción de la variabilidad en relación con el rendimiento de materia seca y los días a floración (Cuadros 23 y 24, respectivamente).

Las diferencias en la proporción de lámina que presentaron los cultivares *Carapé INTA* y *Yaguané INTA* fueron significativas, mientras que la interacción cultivar x ambiente para este carácter no fue significativa y representó la menor proporción de la variación de los datos (ver Cuadro 25).

Cuadro 25- Resultados del análisis de variancia combinado (Modelo 2) para la relación lámina/resto en los cultivares *Carapé INTA* y *Yaguané INTA* en cuatro ambientes. Grados de libertad, sumas de cuadrados en porcentaje (%SC) y valores de *F* con su probabilidad asociada.

Fuente de variación	g.l.	%SC	<i>F</i>	<i>p</i>
Ambiente	3	62.7	32.08	<.0001***
Bloque (Amb.)	20	16.6	1.28	0.2958
Cultivar	1	17.1	14.16	0.0328*
Cultivar x Ambiente	3	3.6	1.85	0.1711

*: $p < 0.05$; **: $p < 0.01$; ***: $p < 0.001$.

3.2.3. Análisis de los parámetros químicos de calidad forrajera

El análisis de variancia combinado a través de los ambientes (Modelo 2) indicó que el efecto cultivar fue significativo sólo para el contenido de proteína bruta (PB), mientras que para el resto de los parámetros de calidad forrajera no existieron diferencias significativas entre los cultivares *Carapé INTA* y *Yaguané INTA*, representando además, muy bajos porcentajes de las sumas de cuadrados total (ver Cuadro 26).

Cuadro 26- Resúmenes del análisis de variancia combinado (Modelo 2) para los contenidos de proteína bruta (PB), fibra detergente neutro (FDN), fibra detergente ácido (FDA) y digestibilidad *in vitro* de la materia seca (DIVMS). Porcentajes de sumas de cuadrados, valores de *F* y significancia.

Fuente de variación	PB		FDN		FDA		DIVMS	
	%SC	<i>F</i>	%SC	<i>F</i>	%SC	<i>F</i>	%SC	<i>F</i>
Ambiente	54.3	5.6*	98.2	127.2***	94.9	96.8***	84.9	12.8**
Bloque (Amb)	16.3	2.7	0.3	0.2	1.6	0.8	11.0	2.9
Cultivar	23.8	19.9**	1.2	4.7	0.7	1.7	0.4	0.5
Cultivar x Ambiente	5.6	1.6	0.3	0.3	2.8	2.2	3.7	1.6

*: $p < 0.05$; **: $p < 0.01$; ***: $p < 0.001$.

La variación entre ambientes fue significativa en los cuatro parámetros químicos, sin embargo, el efecto del ambiente fue menor sobre el contenido de PB y su contribución sobre la variación total fue limitada en relación a los casos de fibra detergente neutro y ácido (FDN y FDA) y la digestibilidad *in vitro* de la materia seca (DIVMS) (ver Cuadro 26).

En el Cuadro 27 se muestran los valores que tomaron los cuatro parámetros químicos cuando se analizó toda la parte aérea de la planta y cuando se analizaron los componentes morfológicos lámina y resto de la planta (que incluye: tallo, vaina y panoja inmadura) por separado.

Cuadro 27- Contenidos, en porcentaje, de proteína bruta (PB), fibra detergente neutro (FDN) y ácido (FDA), y porcentajes de digestibilidad (DIVMS). Valores correspondientes a planta entera y a los componentes morfológicos lámina y resto de planta.

Componente	<i>Carapé INTA</i>	<i>Yaguané INTA</i>
PB planta entera*	13.05	11.60
lámina*	18.93	17.51
resto	9.88	8.72
FDN planta entera	59.75	60.42
lámina	54.12	54.13
resto	64.10	64.58
FDA planta entera	31.19	31.57
lámina	25.01	25.16
resto	36.30	37.22
DIVMS planta entera	78.65	78.92
lámina	86.03	86.39
resto	70.76	69.92

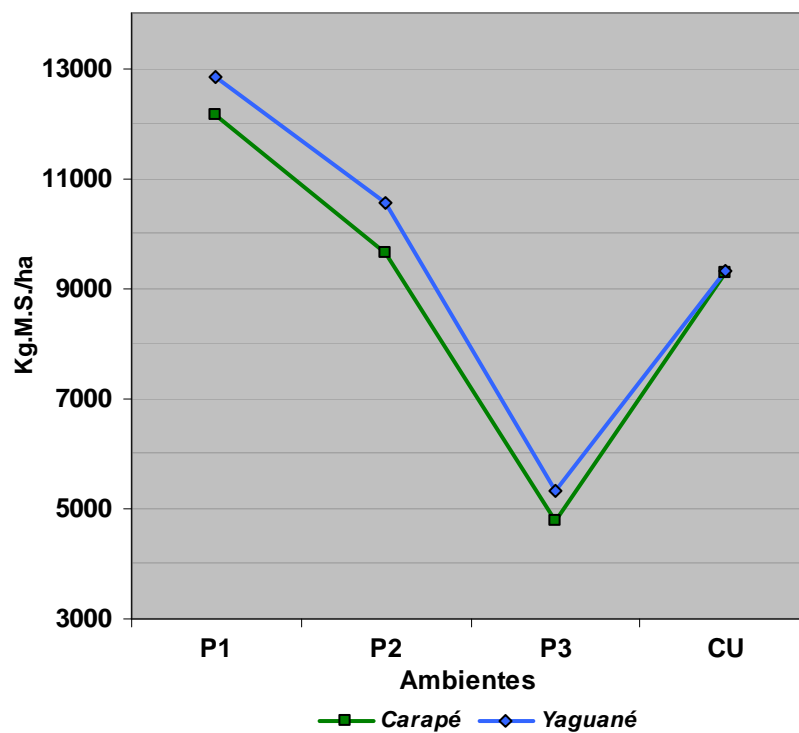
*: diferencias significativas entre cultivares.

Cuando se consideran los indicadores de calidad forrajera en la planta entera, se observa que el cv. *Carapé INTA* presentó contenidos significativamente superiores de proteína bruta ($p < 0.01$) y valores levemente inferiores de contenido de fibra (FDN-FDA) y de digestibilidad. Además, en ambos cultivares las láminas tuvieron un mayor porcentaje de PB, un menor contenido de fibra y fueron más digestibles que el resto de los componentes de la planta (ver Cuadro 27).

3.2.4. Interacción Cultivar x Ambiente: análisis de estabilidad

Los datos de rendimiento de materia seca de los cultivares *Carapé INTA* y *Yaguané INTA* en los cuatro ambientes, se muestran en el Gráfico 21. En este gráfico se observa que los mayores rendimientos promedio ocurrieron en el ambiente P1 (12491 Kg. de M.S./ha), mientras que los menores rendimientos se obtuvieron en P3 (5035 Kg. de M.S./ha). Las diferencias entre cada uno de los ambientes fueron altamente significativas ($p < 0.01$). Además el cultivar *Yaguané INTA* superó al cultivar *Carapé INTA* en todos los ambientes (ver Gráfico 21).

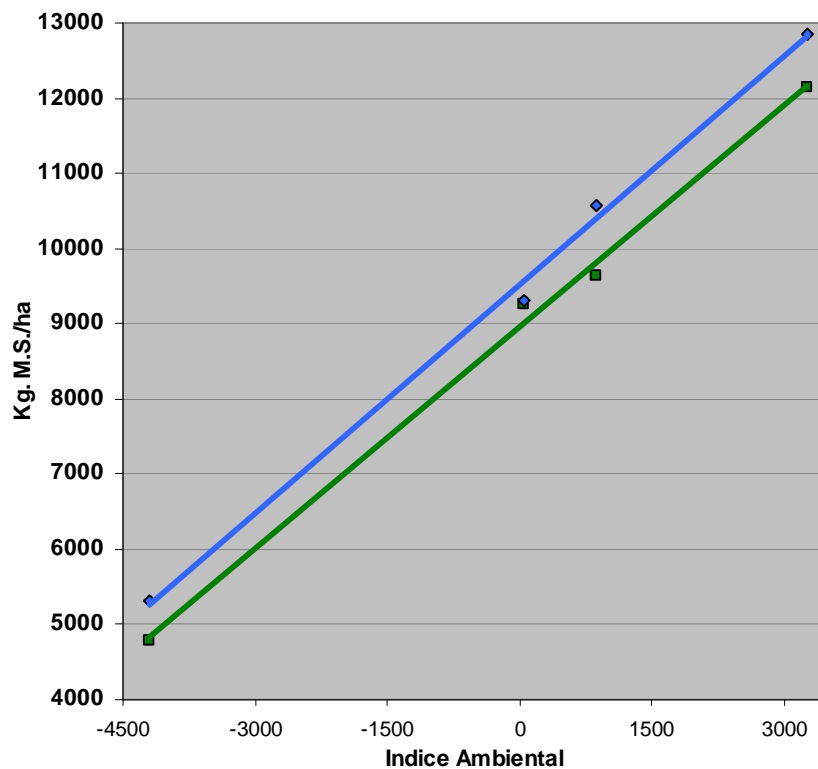
Gráfico 21- Interacción cultivar x ambiente para rendimiento de materia seca de los cultivares *Carapé INTA* y *Yaguané INTA*.



Las diferencias en el rendimiento de materia seca de ambos cultivares fueron significativas ($p < 0.05$) sólo en los ambientes P1 y P2.

Para facilitar la evaluación del patrón de desempeño relativo de ambos cultivares a través de los distintos ambientes, se presentan en el Gráfico 22, los niveles de rendimiento de ambos cultivares representados sobre el índice ambiental, como así también, las líneas de regresión de las respuestas de ambos cultivares ante los cambios en dicho índice, según el método propuesto por Eberhart y Russell (1966).

Gráfico 22- Relación lineal entre el rendimiento de materia seca y el índice ambiental para los cultivares *Carapé INTA* (—■—) y *Yaguané INTA* (—◇—), correspondiente al análisis compuesto de regresión (Eberhardt y Russel 1966).



En el Gráfico 22 se puede apreciar que, según el patrón de respuesta representado por las líneas de regresión, el cultivar *Yaguané INTA* fue superior al cultivar *Carapé INTA* en todos los ambientes y la diferencia entre sus rendimientos fue casi constante, aunque, con una leve tendencia a aumentar hacia los ambientes donde los rendimientos promedio fueron mayores (interacción no cruzada o patrón 2 de interacción, Ouyang *et al.* 1995).

Los estimadores de los parámetros que miden la sensibilidad o respuesta de los cultivares a las variaciones de los ambientes, como así también, la estabilidad en el rendimiento de materia seca de ambos cultivares, de acuerdo a la metodología de Eberhart y Russell (1966), son presentados en el Cuadro 28.

Cuadro 28- Rendimiento promedio (kg.M.S./ha), coeficientes de regresión (b), desvíos de la regresión (S_d^2) y coeficientes de determinación (R^2), de los cultivares *Carapé INTA* y *Yaguané INTA*.

Cultivar	Media	b	S_d^2	R^2 (%)
<i>Carapé INTA</i>	8955.3	0.98	-2991	99.5
<i>Yaguané INTA</i>	9503.9	1.02	-2994	99.7

Los coeficientes de regresión de los cultivares *Carapé INTA* y *Yaguané INTA* para el rendimiento de materia seca no se diferenciaron significativamente de la unidad (se podría asumir que: $b_i = 1.00$). Además, el componente lineal de la interacción Cultivar x Ambiente fue no significativo ($p > 0.05$), por lo tanto, los coeficientes de regresión de ambos cultivares fueron estadísticamente iguales ($b_C = b_Y$). Los valores estimados de los cuadrados medios de las desviaciones de las funciones de regresión (S_{di}^2) fueron casi idénticos en ambos cultivares y no fueron significativamente diferentes de cero ($p > 0.05$) (ver Cuadro 28). Los coeficientes de determinación (R^2), que aparecen en la última columna del Cuadro 28, muestran que entre un 99.5% y un 99.7% de las variaciones en el rendimiento de los cultivares se debieron a la respuesta lineal de éstos frente a los cambios ambientales.

4. DISCUSION

4.1. Caracterización genética y morfológica de las poblaciones

4.1.1. Caracteres Cuantitativos:

4.1.1.1. Importancia de los caracteres estudiados

Los caracteres cuantitativos estudiados en este trabajo están fuertemente asociados a tres aspectos fundamentales en una especie forrajera: la producción de materia seca total (MST), la producción de semilla y la calidad forrajera. La producción de materia seca total del cultivo de Moha depende, entre otros factores, del tamaño del sistema fotosintético, de su actividad y de la longitud del período durante el cual ocurre la fotosíntesis (Channappagoudar *et al.* 2008). La altura de planta y el número de macollos por planta son dos de los caracteres más importantes en relación a la producción de materia seca y al rendimiento en grano (RG) de la Moha (Prasada Rao *et al.* 1985; Patil y Mohankumer 1988, Channappagoudar *et al.* 2008). Además existe una alta correlación entre la acumulación de MST y el RG en esta especie (Hanumantharao y Satyamaryana 1987; Channappagoudar *et al.* 2008). El largo y el ancho de lámina se relacionan directamente con el área foliar. Esta última da una buena idea de la capacidad fotosintética de la planta, que junto con la duración del área foliar, determinan la capacidad de producción de materia seca de los genotipos (Yoshida *et al.* 1972; Udupudi *et al.* 1998; Channappagoudar *et al.* 2008). Los días a floración se relacionan con la longitud del período de crecimiento durante el cual se produce la fotosíntesis. Además, este carácter, en el caso particular de la Moha, es determinante del ciclo del cultivo y de su valor estratégico en la rotación de cultivos. La producción de semilla en la Moha está relacionada con los caracteres anteriormente mencionados y principalmente con el tamaño y peso de la panoja y el peso de semilla (Prasada Rao *et al.* 1985; Sato y Kokubu 1988b; Ichitani *et al.* 2003b; Channappagoudar *et al.* 2008).

El análisis químico del forraje es importante para caracterizar nutricionalmente a las poblaciones de Moha estudiadas en este trabajo, que se destacan por ser una fuente primaria de fibra y energía, utilizada bajo la forma de heno principalmente. Por lo que el análisis de los parámetros que estiman el contenido de fibra del forraje complementado con estimaciones de la digestibilidad real a través de análisis dinámicos de fermentación ruminal (análisis *in vitro*) es fundamental para obtener una caracterización más adecuada del valor nutritivo de las poblaciones *Carapé* y *Yaguané*.

El contenido total de fibra de las poblaciones de Moha estudiadas se estimó a partir de la fibra detergente neutro (FDN), asociada en cierta medida al término “pared celular” del forraje (Wattiaux 1996). De todas las fracciones fibrosas, FDN es la que mejor se correlaciona con el consumo voluntario de materia seca (Harris 1993; Chalupa *et al.* 1996). La fibra detergente ácido (FDA) es el otro parámetro químico analizado en este trabajo que se relaciona con la porción de la fibra total que es indigerible debido a la presencia de sílice y lignina, y cuya concentración presenta una alta asociación negativa con la digestibilidad del forraje (Harris 1993; Weiss 1994; Bernard 1999), aunque no se encontró un base científica concreta que conecte estos dos parámetros (Van Soest *et al.* 1991). El conocimiento de la digestibilidad del forraje es fundamental para establecer su valor nutritivo. Los métodos *in vitro* para predecir la digestibilidad de la materia seca (DIVMS) brindan un parámetro químico-biológico que permitió estimar de manera precisa, eficiente y rápida la digestibilidad real del forraje producido por las poblaciones *Carapé* y *Yaguané*, en comparación con los métodos *in vivo* e *in situ* (De Boever *et al.* 1988; Beever y Mould 2000).

4.1.1.2. Ajuste del modelo y consideraciones previas al análisis de las poblaciones

Haber considerado a las poblaciones estudiadas de Moha como estructuras jerárquicas constituidas por sub-unidades identificables que poseen características propias (líneas puras) y que aportan a la variabilidad total de estas poblaciones, fue respaldado por el alto grado de ajuste del modelo seleccionado para analizarlas (Cuadro 1).

Para la interpretación de todos los análisis realizados sobre este ensayo se debe considerar que las poblaciones de Moha se reproducen en autogamia y que estarían constituidas por individuos totalmente homocigóticos. Dado que, para este trabajo se cosechó cuidadosamente la semilla de cada una de las plantas utilizadas para obtener las líneas de las poblaciones *Carapé* y *Yaguané*, toda la descendencia de cada una de estas plantas estaría compuesta por individuos genéticamente idénticos por vía sexual al ser totalmente homocigóticos: formaron líneas puras (Cubero 2003). Esta modelización de la estructura poblacional de una especie altamente autógena como la Moha se basa en considerar que estas poblaciones se acercan al equilibrio luego de numerosas generaciones de autofecundación, logrando la fijación de los genotipos más aptos y donde cada una de las poblaciones resultantes consistirían en una mezcla de líneas puras (Simmonds y Smartt 1999).

4.1.1.3. Variabilidad inter e intra poblacional

Los valores medios de los caracteres morfológicos y la precocidad de las poblaciones *Carapé* y *Yaguané* presentaron características contrastantes y, si bien, no coincidieron en magnitud, sí lo hicieron en cuanto a las diferencias relativas entre ambas poblaciones, con las descripciones reportadas por Josifovich y Echeverría (1971), Gorostegui (1971) y Echeverría (1981), quienes describieron a *Carapé* como una población que se caracteriza por presentar plantas más macolladoras, más bajas y precoces, con láminas más pequeñas, panojas más pequeñas y livianas, y semillas más pesadas, en comparación con las plantas provenientes de la población *Yaguané*.

De acuerdo a la clasificación de las mohas cultivadas propuesta por Prasada Rao *et al.* (1987), basada en caracteres morfológicos y su distribución geográfica, las poblaciones *Carapé* y *Yaguané* pertenecerían a la raza máxima. Esta raza propia de China, se caracteriza por ser ampliamente variable y presenta dos tipos de plantas: aquellas provenientes del este de China, son altas, con panojas largas y péndulas, de hasta 30 cm (posible origen de la población *Yaguané*); y plantas con panojas más pequeñas, erectas y compactas (posible origen de la población *Carapé*) características del noroeste de China (Prasada Rao *et al.* 1987).

Además, estos autores señalan que la raza máxima fue la que se introdujo en los Estados Unidos y los cultivares forrajeros de este país son muy similares en característica morfológicas y productivas a las Mohas de Argentina. Lo que reforzaría la idea de la pertenencia de las poblaciones *Carapé* y *Yaguané* a la raza máxima.

La población *Carapé* también podría derivar de la raza moharia, ya que ciertos cultivares de esta raza, típicamente asociada con el sudeste europeo y el sudoeste de Rusia, provienen del noroeste de China y fueron descritos como cultivares macolladores (5-52 macollos), que presentan macollos secundarios (característica observada en algunas líneas *Carapé*), con inflorescencias pequeñas y compactas (Prasada Rao *et al.* 1987). En el mismo sentido, de acuerdo a la clasificación propuesta por Dekapreleevich y Kasparian (1928), la población *Yaguané* pertenecería a la sub-especie *maxima* y la población *Carapé* a la *ssp. moharium*.

Las grandes diferencias observadas entre ambas poblaciones (Cuadros 2 y 5) concuerdan con lo señalado por otros autores, que destacan la alta variabilidad existente entre variedades locales de Moha de otras partes del mundo con respecto a caracteres agronómicos considerados en este trabajo (Kokubu *et al.* 1977; Sato y Kokubu 1988a; Ochiai *et al.* 1994; Ochiai 1996; Li *et al.* 1996; Kawase *et al.* 1997; Reddy 2006). La alta diferenciación poblacional observada representa un patrón característico de estas variedades locales de especies altamente autógamias, e indicarían una fuerte tendencia hacia la adaptación local (Hamrick y Godt 1990; Barrett y Richardson 1986; Barrett y Shore 1989).

Cuando se aislaron los componentes de variación inter e intra poblacionales de los distintos caracteres, se observó que la mayor divergencia entre ambas poblaciones se evidenció al considerar el número de macollos, la altura de planta, el ancho de lámina y el tamaño y peso de panoja de las poblaciones *Carapé* y *Yaguané* (Cuadro 6). Estas diferencias estarían relacionadas con los distintos grados de domesticación al que fueron sometidas las poblaciones. Ya que, la domesticación de las Moha habría involucrado un aumento gradual de la dominancia apical, lo que genera una concentración de recursos en el tallo principal de la planta (Ichitani *et al.* 2003; Doust *et al.* 2004).

Esto favorece el desarrollo de todas las estructuras ubicadas sobre el tallo principal (hojas y panoja), con la correspondiente supresión de la actividad de los meristemas axilares (macollos) (Ichitani *et al.* 2003). Lo anterior sugiere que la población *Carapé* estaría asociada a etapas más tempranas de la domesticación, mientras que la población *Yaguané* presentaría una mayor dominancia apical, asociada con una etapa más avanzada en la selección del fenotipo domesticado. Esta teoría concuerda con lo señalado por Ochiai (1996) y Doust *et al.* (2004), quienes relacionan a los tipos más macolladores con las primeras mohas domesticadas a partir de *Setaria viridis*, mientras que las mohas que presentan pocos macollos serían derivadas de las anteriores en una etapa más moderna de la domesticación y el mejoramiento del cultivo.

Las poblaciones *Carapé* y *Yaguané* presentaron, en general, variabilidades intra-poblacionales muy distintas (Cuadros 3, 4 y 7). Este hecho sería el resultado de la historia de sucesos ocurridos sobre cada una de las poblaciones. En primer lugar se debe considerar la variabilidad presente en las poblaciones (originarias de China) sobre las que se practicó la selección individual. Luego, la variabilidad existente en las nuevas poblaciones seleccionadas según criterio de los obtentores (cultivares *Carapé INTA* y *Yaguané INTA*, año 1965 y 1967, respectivamente). Estos cultivares mejorados sufrieron procesos evolutivos en las condiciones de cultivo, lo que habría incrementado las frecuencias de los genotipos más aptos (Allard 1990) y habría cambiado a las poblaciones hacia la adaptación local, pero manteniendo las características distintivas de cada cultivar. De acuerdo a lo propuesto por Saxena y Singh (2006), la falta de mantenimiento de la pureza de los cultivares en los últimos años (más de 15 años), habría llevado a que este tipo de cultivares mejorados “evolucionen” hacia nuevas *landraces*. Dicho proceso sería, según Berg (2009), el producto de eventos tales como mutaciones y recombinaciones, y hasta las meras prácticas de cosecha, limpieza y clasificación de las semillas en los establecimientos multiplicadores.

Los sucesos mencionados anteriormente llevaron, inicialmente, a una pérdida de variabilidad en ambas poblaciones por la acción antrópica propia del mejoramiento. A partir de entonces, otros factores actuaron en forma azarosa generando nueva variabilidad o reduciéndola (Saxena y Singh 2006).

Sin embargo, estos procesos pudieron haber actuado de manera diferencial, tanto en sentido como en magnitud, sobre la estructura de ambas poblaciones. Lo que habría determinado los diferentes grados de variabilidad observada actualmente en las poblaciones *Carapé* y *Yaguané*.

La mayor variabilidad observada en la población *Yaguané* se evidenció en la existencia de diferencias muy acentuadas entre las líneas de esta población en la mayoría de los caracteres estudiados. Contrariamente, las líneas de *Carapé* fueron relativamente homogéneas en ciertos caracteres y en otros, las diferencias fueron poco marcadas (Cuadros 3 y 7, Gráficos 1-12).

4.1.1.4. Variabilidad genética, ambiental y fenotípica

En el punto anterior se discutió acerca del comportamiento medio y la variabilidad de las poblaciones sobre la base de los valores observados. Sin embargo, para analizar las propiedades genéticas de las poblaciones *Carapé* y *Yaguané*, se debe particionar la variabilidad observada (fenotípica) en componentes atribuibles a la influencia del genotipo (constitución genética) y del ambiente (factores no genéticos que afectan al fenotipo). Desde el punto de vista del mejoramiento, esta descomposición de la variabilidad permitiría determinar la importancia relativa del genotipo y del ambiente en la determinación del valor fenotípico de las poblaciones de Moha estudiadas (Falconer 1970). Además, permitiría identificar a la población de Moha con mayor potencial para el mejoramiento, es decir, aquella que presente una mayor variabilidad genética sumada a un valor medio alto (o bajo, según el carácter) (Bernardo 2002).

La población *Yaguané* sería la que posee un mayor potencial como base para el mejoramiento, debido a que presentó mayor variabilidad genética que la población *Carapé*, en todos los caracteres morfo-agronómicos estudiados (Cuadro 8a). En *Yaguané*, se destacan por su alta variabilidad, los caracteres relacionados con la capacidad de macollaje y al tamaño de panoja, con CV_G de 21.1-32.8% (Cuadro 8b).

Estos resultados concuerdan con lo reportado por otros autores (Basheeruddin y Sahib 2004), quienes encontraron mayores coeficientes de variación genética en los caracteres relacionados a la producción de semilla en genotipos de la India. Cabe destacar la limitada variabilidad genética que presentan ambas poblaciones con respecto a los caracteres relacionados a la calidad nutricional del forraje (FDN, FDA y DIVMS). Esto representaría un potencial obstáculo para el mejoramiento tradicional de la calidad de esta especie forrajera a partir de las poblaciones disponibles, si se pretendiera aumentar la calidad disponible “per se”.

Los diferentes niveles de variabilidad en los valores genotípicos de estas poblaciones, es decir, la variabilidad en el arreglo particular de genes que poseen sus individuos, están influenciadas por las frecuencias génicas y por la riqueza alélicas de ambas poblaciones. Estas últimas son características de cada población en particular y se relacionan con los distintos procesos históricos que afectaron a las poblaciones *Carapé* y *Yaguané* desde su origen. La selección hecha por el hombre y posteriormente, la selección natural por fertilidad, serían los principales factores que determinaron el nivel de diversidad genética actual en ambas poblaciones. A esto se suma el efecto de otros procesos estocásticos que afectan la diversidad (ej. mutación, recombinación, deriva genética).

Es importante destacar que la población *Yaguané* representa la mayor parte del mercado actual de Moha y posee una dispersión geográfica considerablemente mayor que *Carapé*. Esta mayor difusión sería, en parte, consecuencia de la alta variabilidad genética de *Yaguané*, lo que le otorgaría una mayor tolerancia a las variaciones del ambiente (adaptación amplia). Contrariamente, la limitada variabilidad genética de la población *Carapé* podría explicar su menor difusión geográfica e indicaría una fuerte tendencia a la adaptación local por parte de unos pocos genotipos multilocus (Emery 1957).

Cuando se consideró la variancia de las desviaciones ambientales, no se observaron grandes diferencias en los efectos no genéticos sobre ambas poblaciones. Esto indicaría que la magnitud de la variancia ambiental fue independiente del genotipo de las poblaciones, es decir que, no hubo una respuesta diferencial de las poblaciones *Carapé* y *Yaguané* ante las mismas variaciones ambientales (Kearsey y Pooni 1996).

Si bien, como se mencionó anteriormente, se han realizados descripciones morfológicas de los cultivares introducidos y difundidos en Argentina, no se han reportado aún, estudios relacionados a la caracterización de la variabilidad de los caracteres de interés agronómico en estos materiales. En este sentido, el presente trabajo representaría un significativo aporte al conocimiento de una de las propiedades más importantes que caracterizan a las poblaciones, tanto desde el punto de vista del estudio descriptivo como desde su potencial aplicación en el mejoramiento de las poblaciones *Carapé* y *Yaguané*.

4.1.1.5. Heredabilidad y Respuesta a la selección

Luego de haber detectado la presencia de diferentes grados de variación genética en las poblaciones *Carapé* y *Yaguané* para los caracteres poligénicos estudiados, se procedió a estimar en qué medida estos caracteres están determinados por el genotipo. El estadístico utilizado para estimar la proporción de la variación fenotípica total que es atribuible a los efectos medios de los genes fue la *heredabilidad*. Cuya mayor utilidad en el presente estudio genético fue la de expresar la confiabilidad de los valores fenotípicos de las poblaciones como indicadores de sus valores genotípicos en los diferentes caracteres cuantitativos considerados (Falconer 1970, Bernardo 2002). Además, esto permitirá tener indicios del potencial éxito en el mejoramiento de un determinado carácter por medio de la selección fenotípica sobre las poblaciones, a través de la estimación de la respuesta a la selección (R).

En el contexto de este estudio, y dado que las poblaciones de Moha estudiadas constituyen grupos de líneas puras (genotipos altamente fijados), el estimador de mayor utilidad es la heredabilidad en sentido amplio (H^2), ya que, en este caso, sería posible explotar toda la variancia genética (Bernardo 2002). El mayor interés en este estudio de la heredabilidad se centra en comparar los valores de H^2 de los distintos caracteres en la población *Carapé* y en la población *Yaguané*, más que en mejorar su estimación.

Los valores de heredabilidad estimados en este trabajo fueron, como es esperable, propiedad de las poblaciones en estudio y de las condiciones específicas del experimento (Simmonds y Smartt 1999). Dado que, en este trabajo ambas poblaciones fueron sometidas a idénticas condiciones experimentales y ambientales, las diferencias en la heredabilidad estimada en la población *Carapé* y en la población *Yaguané* se explicarían principalmente por características genéticas inherentes a cada población. La mayor variabilidad genética exhibida por la población *Yaguané* en todos los caracteres sería el factor determinante de las mayores heredabilidades estimadas en esta población (0.52-0.89) con relación a la población *Carapé* (0.11-0.68). Las relativamente bajas heredabilidades de esta última población se deben a que la variancia ambiental superó en casi todos los caracteres a la magnitud de la variancia genética.

El conocimiento de los diferentes niveles de heredabilidad de los caracteres morfo-agronómicos en las poblaciones *Carapé* y *Yaguané* representa un factor esencial para determinar el resultado que se podría esperar de la selección en cada población. La importancia de esta primera estimación de la heredabilidad de los caracteres de interés agronómico en las poblaciones *Carapé* y *Yaguané* radica fundamentalmente en su utilización como herramienta para predecir los niveles de respuesta a la selección que se pueden obtener en estas poblaciones. Esto permitiría establecer, junto con el conocimiento de la variabilidad disponible, el grado de avance posible en el mejoramiento de ambas poblaciones de Moha.

Al considerar los distintos caracteres, se observó que aquellos que presentaron mayor variabilidad genética fueron también los de mayor heredabilidad en ambas poblaciones. La heredabilidad en sentido amplio del carácter días a floración estuvo entre las más altas en ambas poblaciones (0.68 en *Carapé* y 0.87 en *Yaguané*). Esto concuerda con Basheeruddin y Sahib (2004), quienes encontraron la heredabilidad más alta en este carácter (0.96). Rathod *et al.* (2002) estimaron los valores más altos de H^2 en los caracteres número de macollos y largo de panoja, lo que coincide con los valores estimados en la población *Yaguané*.

La heredabilidad en sentido amplio de la altura de planta fue relativamente limitada en ambas poblaciones y presentaron valores intermedios en relación a lo reportado por Sato y Kokubu (1988b), Rao *et al.* (1984) y Sandhu *et al.* (1974) quienes estimaron H^2 de 0.17, 0.99 y 0.93, respectivamente, siendo estos últimos valores anormalmente altos.

Los autores citados trabajaron sobre poblaciones provenientes de Eurasia. Sin embargo, no existía, hasta ahora, información acerca de la heredabilidad de los caracteres de importancia agronómica en las poblaciones de Moha de Argentina. En este sentido, cabe destacar el importante aporte del presente trabajo en la estimación de uno de las propiedades poblacionales de mayor utilidad para el mejoramiento. Principalmente en el caso de las poblaciones *Carapé* y *Yaguané*, caracterizadas por su escaso nivel de mejoramiento “moderno”, donde el conocimiento de este parámetro adquiere una mayor relevancia. Ya que, constituye una de las primeras medidas para valorar el potencial de estas poblaciones localmente adaptadas como base para la selección.

Estos valores predictivos de H^2 deben tomarse con precaución, ya que la estimación de los componentes de variancia y, por lo tanto, sus proporciones están sujetas a error experimental y sufren de debilidad estadística (Crow 1986; Simmonds y Smartt 1999). Con el objetivo de conocer la precisión de las estimaciones de la heredabilidad de los caracteres en ambas poblaciones, se utilizó el error estándar y el intervalo de confianza de la heredabilidad como indicadores de la precisión en la estimación. El error estándar representa a la raíz cuadrada de la variancia del muestreo en la estimación de H^2 (Fisher 1954), asumiendo que se distribuye normalmente. En este sentido, se observó que las estimaciones fueron más precisas para las heredabilidades más altas en las dos poblaciones.

El conocimiento de la heredabilidad y la variabilidad fenotípica de los distintos caracteres en las poblaciones *Carapé* y *Yaguané*, permitió predecir la respuesta a la selección directa de esos caracteres (R) y, por lo tanto, la diferencia de valor fenotípico medio entre la descendencia de los progenitores seleccionados y la generación parental antes de la selección.

El cambio estimado en los valores medios de ambas poblaciones, como resultado de la selección artificial, se debería básicamente a la modificación de las frecuencias génicas en las poblaciones, en los loci que determinan la expresión del carácter morfo-agronómico seleccionado (Falconer 1970).

Los valores presentados en el Cuadro 9 representan el cambio estimado en la media fenotípica de ambas poblaciones luego de un ciclo de selección y seleccionando el 15% de individuos superiores para el carácter considerado. Las mayores respuestas a la selección directa obtenidas en la población *Yaguané* para todos los caracteres se debieron principalmente a la mayor variabilidad fenotípica y a los altos valores de H^2 que presentó en comparación con la población *Carapé*. Estas diferencias fueron más evidentes en los caracteres con variabilidades y valores de H^2 más contrastantes entre las poblaciones (ej.: número de macollos y largo, ancho y peso de panoja). Rathod *et al.* (2002) reportaron las mayores respuestas cuando seleccionaron sobre el número de macollos y el largo de panojas en genotipos de la India, lo que concuerda con las mayores respuestas estimadas para estos mismos caracteres en la población *Yaguané*.

En Argentina, tampoco se han realizado trabajos sobre estimaciones de la respuesta a la selección de los caracteres de importancia agronómica en los genotipos localmente adaptados y difundidos de Moha como son las poblaciones *Carapé* y *Yaguané*.

4.1.1.6. Correlaciones Fenotípicas, Genéticas y Ambientales

Desde el punto de vista del mejoramiento de las poblaciones *Carapé* y *Yaguané*, es importante conocer cómo el cambio de un carácter va a causar modificaciones simultáneas en otros caracteres de interés agronómico. Por lo tanto, el conocimiento de la magnitud, la dirección y las causas de la correlación entre éstos determinará el posible éxito del mejorador (Kearsey y Pooni 1996). De este modo, se podría estar interesado en mejorar varios atributos fenotípicos en estas poblaciones de forma simultánea, o contrariamente, modificar ciertos caracteres de interés sin que se afecte negativamente a otras características deseables.

El estudio de las correlaciones fenotípicas entre los caracteres morfo-agronómicos en ambas poblaciones permitió apreciar la asociación entre los valores fenotípicos observados de dos caracteres. Sin embargo, en este trabajo se consideró importante examinar y distinguir dos causas subyacentes a la correlación fenotípica entre los caracteres, estas son, las causas genéticas y las causas ambientales (o no genéticas) que la determinan. En el caso de las poblaciones de *Carapé* y *Yaguané*, formadas (teóricamente) por genotipos homocigotas en todos los loci con diferentes alelos fijados, las correlaciones genéticas detectadas se deberían mayormente a frecuencias génicas correlacionadas (Kearsey y Pooni 1996) y tendrían el carácter de “transitorias” ante la ocurrencia de cruzamientos aleatorios en estas poblaciones (Hegmann y Possidente 1981). Falconer (1970) y Simmonds y Smartt (1999) sostienen que la causa genética de correlación es principalmente la pleiotropía, mientras que Mather y Jinks (1982) destacan que el ligamiento es más importante. Sin embargo, tanto el material como el diseño experimental utilizados en este trabajo impiden establecer la importancia relativa del ligamiento o la pleiotropía como fenómenos responsables de las correlaciones genéticas.

Las altas correlaciones negativas de los valores fenotípicos y genotípicos del carácter número de macollos con el resto de los caracteres morfológicos en la población *Yaguané* estarían condicionadas fisiológicamente. Los genes que incrementan la dominancia apical causarían una redistribución de recursos en la planta favoreciendo el desarrollo de las estructuras de los tallos principales y limitando el crecimiento de macollos en los meristemas axilares. Esto explicaría tanto la magnitud como la dirección opuesta de estas correlaciones en *Yaguané*. La baja o nula correlación fenotípica y genética entre el macollaje y el resto de los caracteres en *Carapé* se explicaría por la escasa variación en la constitución genética de los loci que determinan el grado de dominancia apical (número de macollos) en esta población ($CV_G = 1.8\%$). Es decir, que estos genes pleiotrópicos habrían sido fijados por selección (natural o artificial) en esta población y participarían en poco en las variancias y en las covariancias que involucran al carácter número de macollos.

Las correlaciones fenotípicas entre el resto de los caracteres morfológicos en la población *Carapé* fueron de menor magnitud que las correlaciones genéticas entre estos caracteres.

Esta diferencia se explicaría por las bajas heredabilidades que presenta esta población en todos sus caracteres, esto determina que las correlaciones fenotípicas estén influenciadas en mayor medida por las correlaciones ambientales, que en esta población fueron relativamente bajas. La población *Yaguané* presenta, por el contrario, asociaciones similares entre los valores fenotípicos y genotípicos de los caracteres morfológicos, esto se debería a los altos valores de H^2 que, en general, presentan los caracteres en esta población.

Al considerar la relación entre la precocidad y el resto de los caracteres se observan marcadas diferencias entre ambas poblaciones. En *Carapé* se evidenciaría que el mismo grupo de genes que retrasa la floración también favorecería el crecimiento de los órganos vegetativos (tamaño de lámina y longitud de tallo) y reproductivos (tamaño y peso de panoja y peso de semilla) de la planta. El efecto pleiotrópico de los loci que controlan a estos caracteres fue sugerido en Moha (Ichitani *et al.* 2003; Siles *et al.* 2004), en arroz (Li *et al.* 1995; Cui *et al.* 2004) y en las Poaceae en general (Lin *et al.* 1995). La disminución en la magnitud de las correlaciones fenotípicas en relación a las correlaciones genéticas (r_F : 0.11-0.57 vs. r_G : 0.51-1.00) se explicaría por la baja heredabilidad de estos caracteres en la población *Carapé*, ya que, el grado de asociación entre los valores fenotípicos de dos caracteres está determinado, en parte, por sus heredabilidades (Falconer 1970). Contrariamente, en la población *Yaguané* sólo existió una asociación significativa entre los valores genotípicos de los caracteres días a floración y altura de planta. Lo que indicaría una mayor independencia, desde el punto de vista del control genético, entre estos dos caracteres y el resto de los caracteres morfológicos asociados con la producción de biomasa forrajera. Esta característica, propia de *Yaguané*, le otorgaría a esta población un alto potencial desde el punto de vista del mejoramiento.

En general, las variaciones en el ambiente afectaron de manera similar a la expresión del fenotipo de los distintos caracteres en ambas poblaciones. Sin embargo, las variaciones ambientales que favorecieron el macollaje también aumentaron el tamaño de lámina y no afectaron al peso de la panoja en *Carapé*, mientras que, en *Yaguané*, cualquier efecto ambiental que favoreció el macollaje produjo, paralelamente una disminución del tamaño de lámina y de panoja.

Esta diferencia en el signo de las correlaciones ambientales de ambas poblaciones representa otra diferencia substancial entre *Carapé* y *Yaguané*, e indicaría que la variación ambiental afecta a estos caracteres a través de mecanismos fisiológicos diferentes.

Las altas correlaciones fenotípicas y genéticas de los caracteres altura de planta y días a floración con el contenido de pared celular (FDN-FDA) en la población *Yaguané* se deberían a que los genotipos que crecen por un período de tiempo mayor, producen frecuentemente mayor cantidad de nudos y/o entrenudos más largos (líneas de *Yaguané* de ciclo más largo y de mayor altura) (Simmonds y Smartt 1999). Estas plantas más altas requieren una mayor estructura de sostén, que en este caso se lograría con un mayor contenido de pared celular. Este aumento en la proporción de pared celular se evidencia en los dos parámetros químicos que se relacionan con el contenido de fibra del forraje (FDN y FDA). Estas mismas relaciones se podrían establecer en la población *Carapé*, donde además, los genotipos con mayor tamaño de lámina presentarían un mayor contenido de fibra. La correlación genética entre el contenido de fibra de la planta en el inicio de panojamiento y los caracteres relacionados con el tamaño de la panoja se explicaría por una mayor proporción de estructuras fibrosas (panojas inmaduras de mayor tamaño al momento del corte). La baja correlación fenotípica entre estos caracteres que se observó en la población *Carapé* se debería a los bajo valores de H^2 que presentan. La alta correlación entre FDN y FDA se debe, principalmente, a que ambos parámetros químicos estiman el contenido de distintos componentes de la misma pared celular. La correlación negativa entre el contenido de fibra (FDN-FDA) y la digestibilidad (DIVMS) es comúnmente citada en la literatura en numerosas especies forrajeras (ej.: Van Soest y Marcus 1964; Wolf *et al.* 1993; Giraldo *et al.* 2007), aunque no en Moha. Por lo que, el presente trabajo representa el primer aporte en el estudio de las asociaciones entre estos parámetros químicos que influyen en la calidad forrajera de la especie.

Las correlaciones fenotípicas entre caracteres morfo-agronómicos estudiadas en genotipos de Eurasia por Sato y Kokubu (1988b) no fueron consistentes con las correlaciones fenotípicas encontradas en las poblaciones *Carapé* y *Yaguané*.

Las correlaciones fenotípicas entre algunos caracteres en la población *Yaguané* son similares en signo y magnitud a las correlaciones reportadas por Ichitani *et al.* (2003b) quienes analizaron la progenie del cruzamiento entre dos líneas contrastantes en precocidad, número de macollos, altura y largo de panoja, provenientes de Japón y de Rusia. La alta correlación genética entre altura de planta y largo de panoja en las poblaciones *Carapé* y *Yaguané* coincide con lo reportado por Siles *et al.* (2004) quienes estudiaron la heterosis al cruzar varias líneas de Moha, y sugirieron que ambos caracteres serían controlados por los mismos genes o estarían ligados en fase de acoplamiento.

El estudio de las asociaciones y sus causas entre estos caracteres de interés agronómico en las poblaciones de Moha de Argentina no se ha reportado hasta la actualidad. El presente trabajo representa un primer avance en el análisis de estas correlaciones.

Otras correlaciones entre caracteres de interés agronómico, que se relacionan indirectamente con las estudiadas en este trabajo, se han citado en la bibliografía: Cangiano (1979) y Vaz Martins e Ibañez (2003) encontraron una relación muy elevada entre la altura de planta y el rendimiento de materia seca (R^2 : 0.98 y 0.88, respectivamente) de la Moha, trabajando con el cultivar *Yaguané INTA*. Channappagoudar *et al.* (2008) encontraron una fuerte correlación positiva entre la altura de planta y el número de macollos con el rendimiento de materia seca total, de este último y con el rendimiento en grano, en genotipos de Moha provenientes de la India. Estos autores consideraron a los caracteres altura de planta y número de macollos por planta como dos de los mayores determinantes del rendimiento de materia seca de esta especie.

Esta información se podría complementar con los datos obtenidos en este trabajo para ser utilizada en futuros programas de mejoramiento de la especie orientados a maximizar la producción de biomasa forrajera y lograr una adecuada producción de semilla.

4.1.1.7. Progreso Genético y Respuesta Correlacionada: implicancias para el mejoramiento de las poblaciones

La existencia de cierto grado de correlación genética entre los caracteres de interés agronómico en las poblaciones *Carapé* y *Yaguané* determina que la selección para un carácter pueda afectar paralelamente a un segundo carácter. Desde el punto de vista de mejoramiento de estas poblaciones, es importante poder predecir cómo la selección por un carácter afectará a otros caracteres correlacionados con el primero (Falconer 1970). Esta respuesta correlacionada a la selección (CR_Y) puede ser deseable cuando dos caracteres están asociados de manera favorable, así la selección por un primer carácter lograría mejorar a un segundo carácter. Contrariamente, puede ocurrir que cuando se selecciona sobre las poblaciones para un determinado carácter se “arrastre” involuntariamente a otro, normalmente no deseado (Cubero 2003).

La respuesta de un carácter correlacionado se pudo predecir en la población *Carapé* y en la población *Yaguané* a partir del conocimiento de las heredabilidades y la correlación genética entre los caracteres estudiados (Falconer 1970; Kearsley y Pooni 1996). Debido a que la selección se realizaría sobre genotipos altamente fijados (líneas puras de *Carapé* y líneas puras de *Yaguané*), las respuestas correlacionadas se pudieron estimar a partir de la heredabilidad en sentido amplio (H^2) y de la correlación de los valores genotípicos (r_G) (Simmonds y Smartt, 1999).

Las estimaciones del progreso genético (ΔG) y la respuesta correlacionada (CR_Y) que se pueden obtener en las poblaciones *Carapé* y *Yaguané* luego de un ciclo de selección, representan un factor importante cuando se quieren mejorar varios caracteres simultáneamente. Asimismo, permitirían comparar en forma teórica las eficacias relativas de los distintos métodos y criterios de selección. Si bien, estas estimaciones están sujetas a cierto grado de error de muestreo y son estrictamente válidas por un ciclo de selección, en el contexto de este trabajo representa información útil para determinar y contrastar el potencial de *Carapé* y de *Yaguané* como poblaciones base para la selección.

Además, se debe considerar que las poblaciones de Moha están formadas por genotipos fijados y altamente adaptados, lo que permitiría un rápido avance en la obtención de líneas puras superiores. Estas se podrían utilizar como tales (variedad local mejorada, compuesto de líneas) o se podrían incluir en un programa de cruzamiento de líneas elite para la generación de nueva variabilidad y la futura obtención de líneas recombinantes.

Las menores respuestas a la selección tanto directa ($\% \Delta G$) como indirecta ($\% CR_Y$) estimadas en la población *Carapé* con relación a las respuestas logradas sobre la población *Yaguané* se explicarían por las bajas heredabilidades y la poca variabilidad fenotípica que presentó *Carapé* en todos los caracteres analizados. El limitado potencial de esta población como material base para el mejoramiento se debe, fundamentalmente, a la reducida variabilidad genética de *Carapé* para la mayoría de los caracteres de interés agronómico. Se observa que en esta población está agotada la variabilidad para obtener una adecuada respuesta por selección directa o indirecta en el número de macollos y en los parámetros de calidad forrajera. Estos caracteres presentan las heredabilidades más bajas y están poco correlacionadas con el resto de los caracteres.

El mayor progreso genético y las mayores respuestas correlacionadas se podrían obtener seleccionando los genotipos más tardíos. Esto se debe a que el carácter días a floración presenta una alta correlación genética con la mayoría de los caracteres y es el carácter con mayor heredabilidad en sentido amplio en la población *Carapé*. Debido a que en esta población se cumple que $CR_Y / \Delta G > 1$ para casi todos los caracteres (salvo macollaje) cuando se seleccionan las líneas tardías, sería más eficiente la selección indirecta que la selección directa para aumentar el tamaño de lámina, la altura de planta y el tamaño y peso de panoja. Además, el carácter días a floración sería más simple y rápido de medir que el resto de los caracteres, aunque debería considerarse la magnitud del error experimental que afecta a las observaciones de este carácter.

Los niveles de progreso genético y de respuestas correlacionadas que se podrían obtener en la población *Yaguané* son en general altos.

Esto se explicaría principalmente por la mayor variabilidad genética presente en esta población y porque todos los caracteres están correlacionados genéticamente. Los menores niveles de respuesta a la selección que se podrían obtener en esta población sobre el contenido de fibra (FDN y FDA) y la digestibilidad se deben, al igual que en la población *Carapé*, a la poca variación que presentan los genotipos con respecto a estos parámetros de calidad y a su limitada correlación con los demás caracteres morfo-agronómicos. En la población *Yaguané* se podría obtener un adecuado progreso genético en el número de macollos en un ciclo de selección (33.5% de aumento en la media), pero la correlación negativa entre este carácter y el resto de los caracteres morfológicos representaría un límite para el mejoramiento conjunto de la capacidad de macollaje y los demás caracteres relacionados con la producción de materia seca y de semilla. Una característica ventajosa de esta población es que la precocidad está poco relacionada con el resto de los caracteres de interés (salvo la altura de planta), lo que se permitiría aumentar la capacidad de macollaje o el tamaño de lámina y de panoja de la población sin modificar notablemente su ciclo de crecimiento. Este hecho es de fundamental interés en la Moha, donde es deseable una alta producción de materia seca en un corto período de tiempo debido al uso estratégico de este verdeo de verano en las rotaciones.

Si se deseara mejorar la población *Yaguané* tomando como único criterio de selección al peso de la panoja, se lograría el mayor porcentaje de progreso genético (45.9%) junto con los mayores niveles de respuesta correlacionada en el resto de los caracteres morfo-agronómicos, aunque se disminuiría la capacidad de macollaje de la población. Se debe considerar que la capacidad de macollaje es una característica deseable en los cultivos forrajeros principalmente porque se relacionaría con la adaptación al pastoreo y la capacidad de rebrote (Briske y Richards 1994; Hazard *et al.* 2001). En el caso de la Moha, esta característica perdería importancia, ya que el cultivo es destinado, principalmente, a henificación luego de un único corte mecánico del forraje y no es muy aconsejado su uso en pastoreo (Echeverría 1981; Terra *et al.* 1999).

Además de considerar a los caracteres en forma individual como criterios de selección, se deberían tener en cuenta otras alternativas para el mejoramiento de las poblaciones *Carapé* y *Yaguané* a través de la selección de varios caracteres simultáneamente.

Así, podrían utilizar niveles de selección independientes (*independent culling*), donde se deberían establecer niveles mínimos de desempeño en cada uno de los caracteres de interés para el uso forrajero de estas poblaciones de Moha que fueran considerados en el método. Un segundo método se podría basar en la utilización de índices de selección. Con este método se selecciona por varios caracteres basándose en el valor de un único índice. Los índices se podrían construir como una función lineal de los caracteres que mejor describan los atributos agronómicos y forrajeros de las poblaciones *Carapé* y *Yaguané* y a cada uno de los cuales se les debería dar una cierta ponderación de acuerdo a las correlaciones y a un valor económico de estos caracteres (ej.: *índice óptimo*, Smith 1936 y Hazel 1943; *índice base*, Williams 1962).

La obtención de estas primeras estimaciones realizadas sobre las poblaciones *Carapé* y *Yaguané* representa un avance importante en la caracterización genética para el futuro mejoramiento del germoplasma adaptado en Argentina. Los trabajos publicados sobre la predicción de la respuesta a la selección en Moha son muy limitados en el mundo, existen en la bibliografía dos estudios al respecto sobre genotipos graníferos de la India (Rathod *et al.* 2002; Basheeruddin y Sahib 2004) y no existen estudios de este tipo relacionados específicamente con el uso forrajero de la especie.

4.1.1.8. Interrelaciones multivariadas entre las líneas de las poblaciones

Hasta aquí se han analizado las características morfo-agronómicas y genéticas de las poblaciones *Carapé* y *Yaguané* por separado. Sin embargo, resulta interesante considerar a ambas poblaciones como una única población de genotipos adaptados o como “la Población de Moha de Argentina” en el contexto del análisis exploratorio. Este análisis permite interpretar mejor, por medio de gráficos, las interrelaciones entre los genotipos de las distintas poblaciones, las principales fuentes de variación y cómo se correlacionan con los caracteres considerados.

Cuando se consideraron todas las variables analizadas se pudo observar la estructura subyacente de ambas poblaciones.

La mayor variabilidad entre el conjunto de genotipos estuvo asociada con el número de macollos y el tamaño de la planta (altura, tamaño de lámina y tamaño y peso de panoja). De lo observado en los Gráficos 13, 14 y 15 se confirma que las líneas de la población *Carapé* estuvieron asociadas a plantas más pequeñas y macolladoras. La poca dispersión de las líneas de *Carapé* en el plano de las componentes principales indica una alta asociación entre los valores fenotípicos de estas líneas. Esto es consecuencia de la limitada variabilidad exhibida por esta población en todos los caracteres. La alta variabilidad de la población *Yaguané* en cuanto al tamaño de planta y a la capacidad de macollaje, determinó la gran dispersión de las líneas sobre el eje más asociado a estos caracteres. Además, se observó la existencia de líneas de la población *Yaguané* muy similares fenotípicamente a la población *Carapé*. Los caracteres relacionados con la precocidad y con la calidad forrajera no representaron una fuente importante de variabilidad entre los genotipos de ambas poblaciones, confirmando los resultados obtenidos en el análisis univariado. Asimismo, se observó una mayor variabilidad para estos caracteres en la población *Yaguané*.

Cuando se consideró la población total de líneas se apreció que la correlación negativa entre el macollaje y el resto de los caracteres morfológicos aumenta en magnitud. Esto demostraría la existencia de diferentes grados de dominancia apical entre los genotipos de ambas poblaciones, lo que determinaría el cambio en el número de macollos producidos y el consecuente cambio en el tamaño del resto de los órganos vegetativos y reproductivos.

Además, se confirma la poca relación que existe entre los caracteres morfológicos y los parámetros de calidad forrajera en la población total de Moha. Los últimos sí estuvieron asociados con la precocidad del total de genotipos. Además el peso de semilla fue el carácter que menos aportó a la variabilidad total de las poblaciones y las líneas provenientes de la población *Carapé* se asociaron a los mayores pesos de semilla.

Se consideró también un análisis sin tener en cuenta a los parámetros químicos de calidad forrajera teniendo en cuenta que estas variables aportaron poco a la variabilidad de las líneas, fueron los caracteres con menor heredabilidad y estuvieron poco relacionados con el resto de los caracteres por lo que aportan poco a la reducción de información.

Así, con menos variables consideradas se logró explicar mejor la variabilidad del total de líneas y se obtuvieron las mismas conclusiones en cuanto a las interrelaciones entre las líneas. De los caracteres medidos a campo, la precocidad y el peso de semillas fueron los que menos aportaron a la diferenciación de las líneas y se correlacionaron poco con los demás caracteres. El peso de semilla, además, fue el carácter con menor heredabilidad en ambas poblaciones, por lo que su importancia para la caracterización genética es limitada para ser utilizada en el mejoramiento.

Con el objetivo de hacer más eficiente la síntesis de la información, se trataron de eliminar variables redundantes y/o que no aportan a destacar las relaciones entre las variables y las líneas. Como parámetro de calidad forrajera se consideró únicamente la variable FDA ya que es la que mejor se correlaciona con FDN y la digestibilidad del forraje. El peso de semilla tampoco fue considerado como variable de análisis por las razones ya mencionadas. De esta forma se logró ahorrar recursos y explicar la mayor proporción de variabilidad entre el total de las líneas utilizando solo nueve caracteres relacionados con la producción de materia seca, la producción de semilla y la calidad forrajera.

4.1.1.9. Agrupamiento de las líneas por semejanzas morfo-agronómicas

Se utilizó el análisis agrupamiento como un método exploratorio de la estructura del agrupamiento de las líneas de ambas poblaciones de acuerdo los valores fenotípicos de las variables morfo-agronómicas de interés. Así se obtuvo la clasificación de las líneas en grupos más o menos homogéneos en relación a los caracteres considerados. Cuando se clasificaron las líneas de acuerdo a todas las variables en estudio, se formaron tres grandes grupos de genotipos. Esto indicaría que en realidad existen líneas de características morfo-agronómicas intermedias entre un grupo de líneas que respondería al biotipo *Yaguané* y otro grupo que representaría al biotipo *Carapé* (Gráfico 16). Es pertinente definir el concepto de biotipo como el conjunto de características morfológicas y/o fisiológicas que se consideran típicas o representativas de una variedad o raza (RAE).

El agrupamiento obtenido teniendo en cuenta sólo a los caracteres morfológicos como variables de clasificación fue más satisfactorio, ya que se obtuvieron dos grandes grupos de líneas que se correspondieron mejor con su origen poblacional. Esto permitió asociar más adecuadamente a cada una de las poblaciones con un biotipo distintivo. El análisis de agrupamiento realizado a partir de los caracteres morfológicos logró explicar una mayor proporción de la variabilidad total y se obtuvo una mejor representación gráfica del agrupamiento natural de las líneas (Gráfico 17).

Existió un porcentaje mínimo de líneas de la población *Yaguané* morfológicamente muy similares a las líneas de la población *Carapé*. Esto podría deberse a la alta variabilidad inherente a la población *Yaguané* o bien a la mezcla física de semilla de ambas poblaciones en algún momento de la historia reciente de los cultivares, cuando se dejaron de realizar tareas de mantenimiento de la pureza. Asimismo se debe considerar la posibilidad de cruzamientos espontáneos entre ambos cultivares o con su antecesor salvaje *Setaria viridis* (“cola de zorro”) que es interfértil con la Moha. Cualquiera de estas posibilidades de hibridación conducirían a un aumento en la capacidad de macollaje de las poblaciones, ya que el hábito macollador sería dominante sobre el hábito no macollador (Li *et al.* 1945; Ochiai 1996).

4.1.1.10. Caracteres más discriminantes entre las poblaciones y clasificación de las líneas

La técnica del análisis discriminante ayudó a complementar los análisis realizados hasta aquí para identificar las características que más diferencian (discriminan) a las dos poblaciones con respecto a los doce caracteres morfo-agronómicos y cuyas diferencias entre las poblaciones son de particular interés genético y agronómico. A partir del método *forward* de selección de variables, se identificó un subgrupo constituido por los cinco caracteres que mejor explicaron las diferencias entre la población *Carapé* y la población *Yaguané* y se desestimaron los siete caracteres restantes debido a su escasa capacidad discriminatoria o porque la información que aportan al modelo resultó redundante. (La interpretación del resultado del método *forward* se presenta en el ANEXO 2).

A partir de los cinco caracteres que más contribuyeron a diferenciar a la población *Carapé* de la población *Yaguané* se obtuvo la función discriminante que mejor separó a ambas poblaciones. Debido a que las matrices de variancia-covariancia de ambas poblaciones fueron diferentes, la función más adecuada fue una combinación cuadrática de las variables. No obstante, con el fin de poder interpretar mejor a la función discriminante, se utilizó una función lineal. La interpretación de la función discriminante permitió establecer la contribución relativa de los cinco caracteres a la discriminación de las poblaciones. De acuerdo a los coeficientes estandarizados de la función, el largo de lámina sería el carácter más importante en la discriminación de las poblaciones, seguido por el largo de panoja y el número de macollos (Cuadro 16). Cuando se analizaron los coeficientes de estructura de la función discriminante se pudo establecer que los caracteres que más determinaron las diferencias entre las poblaciones *Carapé* y *Yaguané* fueron, principalmente, el largo de panoja, en segundo lugar el número de macollos, seguido por la altura de planta. De los dos coeficientes considerados, serían preferibles los coeficientes de estructura para una mejor interpretación de la función que discrimina a la población *Carapé* de la población *Yaguané*, ya que estos muestran la contribución *bruta* de cada carácter a la función discriminante al no estar afectados por las correlaciones entre las variables de la función.

La gran contribución del largo de panoja para diferenciar a las dos poblaciones adaptadas y difundidas en Argentina concuerda con la importancia dada por Körnicke y Werner (1885b) a este carácter para dividir a la Moha en dos grupos de cultivares, el grupo maxima (panojas largas y péndulas) y el grupo moharia (panojas cortas y erectas). En el mismo sentido, fue utilizado el largo de panoja y el número de macollos por Dekaprelevich y Kasparian (1928) para clasificar a esta especie en sub-especie *moharium* (panoja corta y muchos macollos) y *ssp. maxima* (panoja larga y pocos macollos). Esto destaca la gran importancia de estos dos caracteres para la diferenciación y clasificación de las mohas.

Una vez encontrada la función discriminante a partir del análisis descriptivo de las diferencias entre las poblaciones *Carapé* y *Yaguané* se consideró la utilización de esta función para clasificar nuevos individuos en alguna de las dos poblaciones (uso predictivo de la función).

La estimación de la probabilidad de una mala clasificación de las líneas estudiadas fue utilizada para analizar la bondad de la regla de clasificación. Los errores de clasificación fueron bajos tanto con la función lineal como con la función cuadrática. Esto indicaría una alta capacidad de estas funciones discriminantes para clasificar a futuras líneas como pertenecientes al tipo *Carapé* o al tipo *Yaguané* de acuerdo a los cinco caracteres morfo-agronómicos considerados. La utilización de esta regla de clasificación de los genotipos de Moha podría representar el paso inicial para una correcta clasificación y tipificación de nuevos materiales por sus características de interés agronómico, en dos grupos contrastantes.

4.1.2. Caracteres Cualitativos:

4.1.2.1. Patrones de distribución de las frecuencias fenotípicas en las poblaciones

El estudio de los caracteres morfológicos de control monogénico u oligogénico se fundamenta en el potencial uso de estos como marcadores genéticos. Estos son útiles para una adecuada caracterización, clasificación y manejo de las poblaciones *Carapé* y *Yaguané* y para lograr una efectiva conservación y uso en programas de mejoramiento del germoplasma adaptado y difundido de Moha en Argentina.

Los patrones de variación en las clases fenotípicas de los seis caracteres cualitativos analizados indican una gran variabilidad entre las poblaciones *Carapé* y *Yaguané*. Asimismo, los patrones de variación de los fenotipos fueron diferentes para los distintos caracteres. Por ejemplo, en la población *Yaguané* abundan los genotipos asociados a láminas de color verde oscuro, mientras que en la población *Carapé* fueron más frecuentes los genotipos con láminas más claras coincidiendo con las primeras descripciones del cultivar (Gorostegui 1971). No se han reportado estudios acerca de los distintos portes de lámina y su distribución en las poblaciones de Moha del mundo. La predominancia de láminas con un porte más erecto en la población *Carapé* podría deberse al menor tamaño de lámina de esta en comparación con la población *Yaguané*, donde fueron más frecuentes las líneas con láminas más péndulas.

Los caracteres cualitativos relacionados con la morfología de la panoja presentaron grandes diferencias no sólo en los patrones de variación sino también en los niveles de polimorfismo de ambas poblaciones. Así, la coloración púrpura en el pedúnculo, glumas y cedas involucrales de la panoja sólo se encontró en la población *Yaguané*. Siles *et al.* (2001b) encontraron que la presencia de coloraciones púrpura en distintos órganos de la planta de Moha estaría controlada por un único gen, donde la coloración púrpura (P) es dominante sobre la ausencia de coloración (p) (órganos verdes o castaños en madurez). Esto indicaría la presencia del alelo dominante (P) en la población *Yaguané*, lo que permitiría el potencial uso de este carácter como un marcador genético de pigmentación. Tanto este como otros marcadores monogénicos serían útiles para la estimación del porcentaje de cruzamiento en especies altamente autógamas como la Moha, como así también ayudaría a la identificación de los híbridos F₁ en programas de mejoramiento.

El menor grado de polimorfismo de la población *Carapé* también se evidenció en la forma y en el grado de compactación de la panoja. Las tres formas básicas de panoja encontradas en las poblaciones estudiadas en este trabajo (cilíndrica, cónica y globosa) fueron encontradas también en *landraces* de China (Li *et al.* 1996), Pakistán (Ochiai *et al.* 1994) y otras regiones de Eurasia (Sato y Kokubu 1988a). Solamente la panoja de forma cilíndrica fue mencionada en las primeras descripciones de ambas poblaciones (Gorostegui 1971; Larreguy 1982).

El grado de compactación de la panoja de Moha estaría condicionado por dos genes dominantes (D y E) con efectos duplicados (epistasia doble dominante), donde la presencia de al menos un alelo dominante determina la expresión de tipo de panoja compacta (Siles *et al.* 2001b). De acuerdo a lo anterior, el genotipo ddee (panoja laxa) estaría presente sólo en la población *Yaguané*, mientras que en la población *Carapé* predominaría el genotipo DDEE (compacta). Según estos autores, las panojas con grado de compactación intermedio, presente en ambas poblaciones, responderían a los genotipos DDee o ddEE.

Las frecuencias de los distintos genotipos que determinan el desarrollo de las cedas involucrales de la panoja en las poblaciones *Carapé* y *Yaguané* fueron muy diferente.

El desarrollo del involucro en esta especie estaría controlado por un solo factor (L) con efectos aditivos (dominancia incompleta) (Baltensperger 1996). De acuerdo a la constitución genética asociada a los distintos fenotipos de este carácter, propuesta por Siles *et al.* (2001b), el genotipo menos frecuente en la población *Carapé* sería L_2L_2 (involucro corto), mientras que el genotipo L_1L_1 (involucro largo) sería el más raro en la población *Yaguané*. El fenotipo con largo de involucro intermedio estaría determinado por el genotipo L_1L_2 , aunque si consideramos que los genotipos utilizados son líneas puras, esta clase fenotípica estaría determinada por efectos no genéticos y/o por errores en la medición del carácter.

El conocimiento de la distribución de las clases fenotípicas en las poblaciones *Carapé* y *Yaguané*, como así también la determinación de control genético de estos caracteres y, por lo tanto, de la forma en que estos se heredan, representa el paso inicial en el desarrollo de marcadores genéticos morfológicos y de pigmentación. Asimismo, el estudio de las asociaciones entre posibles marcadores genéticos morfológicos y otros caracteres de importancia agronómica facilitaría el mejoramiento de estas poblaciones de Moha, dándole una fácil identificación a estos genes de interés agronómico y proveyendo un instrumento para la selección poco costoso y rápido. En este sentido, cabe destacar que no se han realizado hasta el momento trabajos relacionados con el estudio de caracteres cualitativos y su potencial aplicación en la clasificación y mejoramiento de la Moha en la Argentina.

4.1.2.2. Diversidad fenotípica de las poblaciones

Para facilitar la cuantificación y comparación estadística de los niveles de diversidad fenotípica de las poblaciones *Carapé* y *Yaguané* con respecto a los caracteres cualitativos considerados, se utilizó un índice de biodiversidad (índice Shannon-Weaver) que refleja la heterogeneidad de pequeñas comunidades en base a la cantidad de variantes fenotípicas presentes y su abundancia relativa (Pla 2006). En general, la población *Yaguané* presentó una diversidad fenotípica significativamente mayor en los seis caracteres de lámina y panoja en relación a la población *Carapé*.

La menor diversidad observada en esta última población con respecto a los caracteres cualitativos, es coincidente con los reducidos niveles de variabilidad que exhibió en los caracteres cuantitativos estudiados. Los diferentes niveles de diversidad que presentan ambas poblaciones confirma los resultados obtenidos por Li *et al.* (1996) que revelan diferentes niveles de diversidad fenotípica entre las *landraces* de distintas regiones de China, posiblemente asociado a la variada topografía y diferentes climas de estas regiones. Esto además concuerda con la hipótesis que considera a China como el principal centro de diversificación de la Moha (Vavilov 1926; Kawase y Sakamoto 1984; Sakamoto 1987; Gao y Chen 1988; Li *et al.* 1996).

Los reducidos niveles de diversidad del color de lámina en ambas poblaciones se explican por el predominio de una clase fenotípica por sobre el resto de las variantes (láminas verdes en *Carapé* y láminas verde oscuro en *Yaguané*). Esto también explica los bajos índices de biodiversidad que presenta la población *Carapé* en el porte de lámina y en la forma y compactación de la panoja, donde son claramente dominantes los individuos con láminas de porte intermedio y con panojas cilíndricas y compactas. La alta diversidad fenotípica de la población *Yaguané* con respecto a la morfología de las panojas se debe a que las diferentes variantes fenotípicas están presentes en proporciones similares o que todas las clases fenotípicas son igualmente abundantes en la población (equiabundantes) (Molinari 1989). En este sentido, se destaca la forma de panoja que presenta niveles de diversidad cercanos al máximo posible, es decir, que todas las clases fenotípicas presentes son igualmente abundantes.

Cuando se considera a las poblaciones *Carapé* y *Yaguané* en su conjunto, como la población total de Moha de Argentina, se observó que la diversidad fenotípica media fue mayor que la diversidad de las poblaciones individuales. Esto se debe a que los niveles de diversidad fenotípica de la población total en los caracteres color de lámina, color y compactación de panoja y desarrollo de involucro fueron mayores a los que presentó cada población. Este aumento en la diversidad de los caracteres se debe a que las proporciones de cada clase fenotípica en *Carapé* y en *Yaguané* se complementarían en cierta medida.

Por ejemplo, el color de lámina más frecuente en la población *Carapé* fue el verde, mientras que, en la población *Yaguané* fue más abundante el color verde oscuro. De esta forma, cuando se considera a la población total, las proporciones de cada clase fenotípica se encuentran más equilibradas. Lo contrario ocurre con el porte de lámina y la forma de panoja, donde los niveles de biodiversidad en la población total de Moha son menores a los encontrados en la población *Yaguané*. Esto se explica porque al unir a las poblaciones *Carapé* y *Yaguané*, los individuos con porte de lámina intermedio y panoja cilíndrica se hacen claramente dominantes en la población total.

A modo de ilustración de los niveles de diversidad fenotípica encontrados en ambas poblaciones con respecto a los caracteres morfológicos de la panoja, se muestran en la Figura 3 las panojas principales de diferentes líneas de estas poblaciones. Además, para compararlo con la variabilidad que presenta las mohas de diversas partes del mundo, se muestran en la Figura 4, las panojas pertenecientes a las once subrazas propuestas en la clasificación que realizaron Prasad Rao *et al.* (1987) del germoplasma de Moha proveniente de diferentes regiones de Eurasia, conservados en el ICRISAT, Patancheru, India. (Ver página 116).

Este índice de biodiversidad además de permitir determinar los niveles de variabilidad fenotípica en las poblaciones *Carapé* y *Yaguané*, constituiría un importante instrumento en el mejoramiento de estas poblaciones, ya que los valores de este índice están asociados al grado de incertidumbre o probabilidad de disponer de una determinada clase fenotípica deseable para la selección. Actualmente no se han reportado trabajos relacionados con el empleo de este índice, ni con el estudio de la variabilidad de los caracteres cualitativos en las mohas adaptadas y difundidas en Argentina.

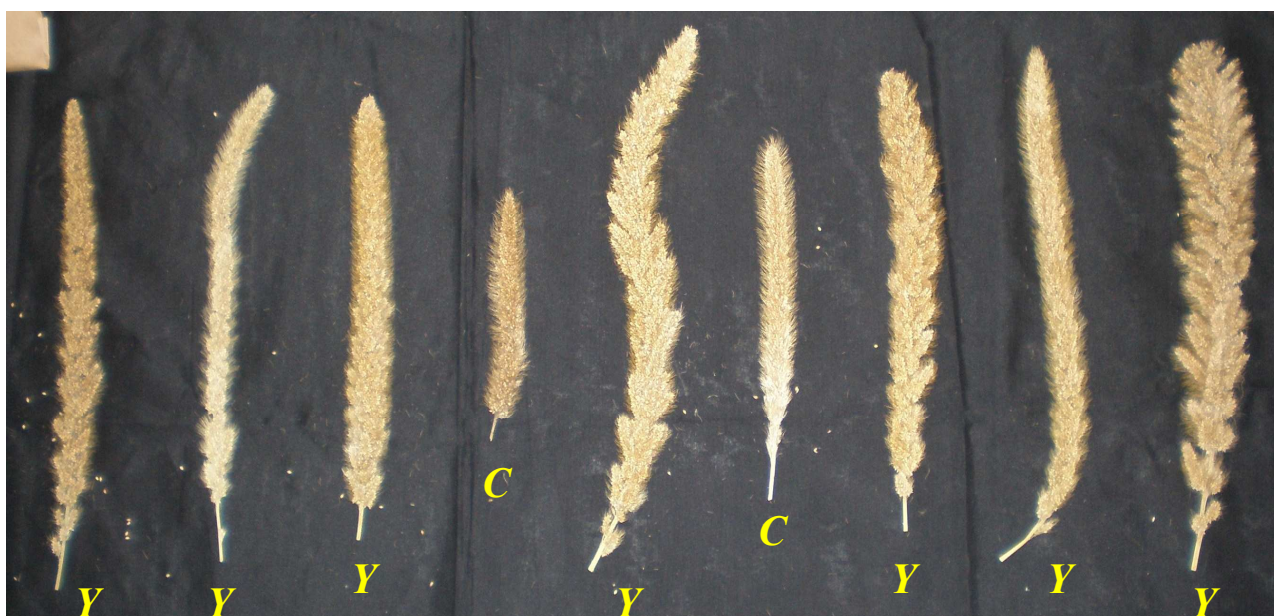


Figura 3- Panojas principales de ambas poblaciones: dos panojas de la población *Carapé* (C) y siete de la población *Yaguané* (Y).

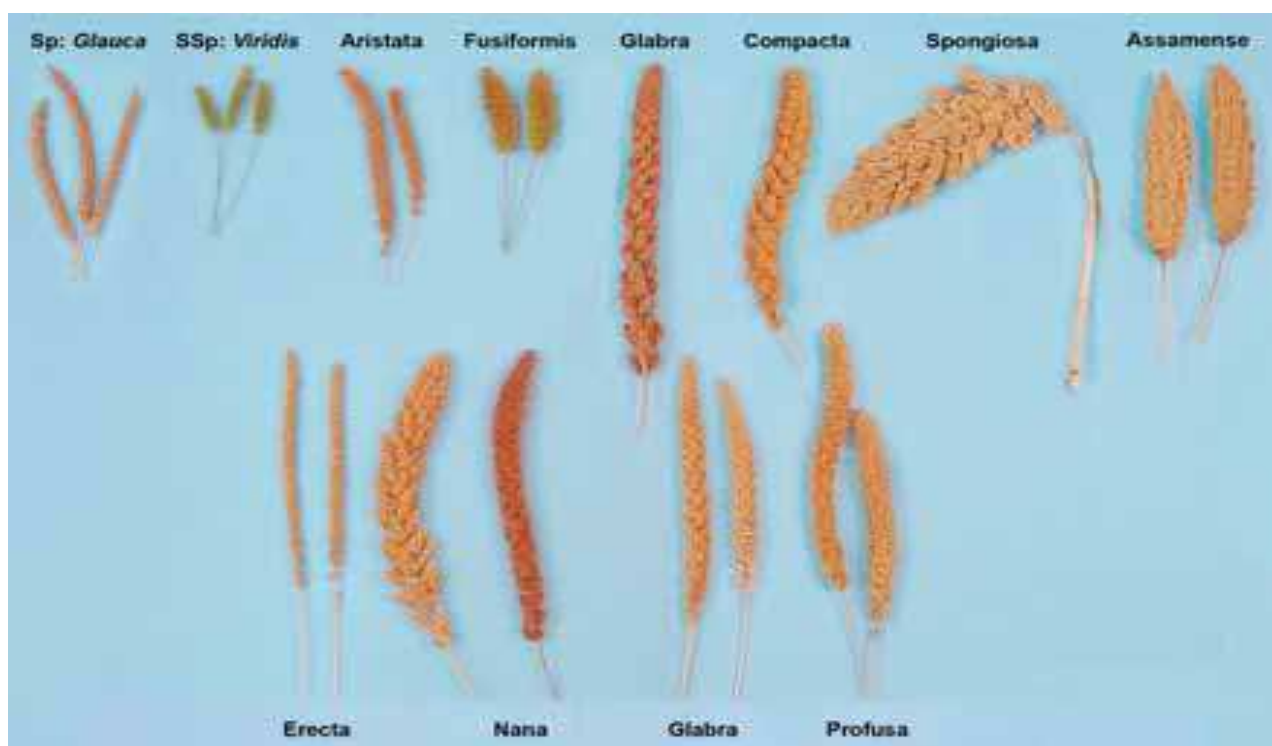


Figura 4- Panojas pertenecientes a las once subrazas propuestas en la clasificación que realizaron Prasada Rao *et al.* (1987) del germoplasma de Moha proveniente de diferentes regiones de Eurasia, conservados en el ICRISAT, Patancheru, India.

4.2. Caracterización agronómica de las poblaciones

Para caracterizar a las poblaciones *Carapé* y *Yaguané* de acuerdo a los aspectos más relacionados al uso agronómico del cultivo de Moha en el país, se estudiaron a estas poblaciones bajo las mismas condiciones, en cuanto a la estructura poblacional y al manejo, que en los sistemas productivos de carne y leche de Argentina. Con este fin, se utilizó una mezcla física de genotipos que representarían muestras purificadas de los cultivares *Carapé INTA* y *Yaguané INTA*. Además, el cultivo fue sometido a distintas condiciones ambientales y productivas para evaluar su plasticidad o adaptación a distintos tipos de suelo, diferentes épocas de siembra y prácticas de manejo (densidad de siembra, fertilización, momento de corte). Este capítulo se focalizó en los aspectos agronómicos que más caracterizan a ambos cultivares de Moha, estos son: la capacidad de producción de materia seca como fuente primaria de fibra cuyo destino principal es la henificación, la precocidad, su amplio rango en cuanto a épocas de siembra y su alta adaptación a distintos ambientes, condiciones productivas y posibilidades de utilización (en pastoreo directo, como reserva forrajera, la combinación de ambos, etc.) (Josifovich y Echeverría 1979; Echeverría 1981; Terra *et al.* 1999; Vaz Martins e Ibañez 2003).

4.2.1. Comportamiento de los cultivares bajo dos tipos de aprovechamiento del cultivo

Uno de los aspectos importantes en la caracterización de los cultivares *Carapé INTA* y *Yaguané INTA* es el estudio de su comportamiento agronómico bajo diferentes modos de utilización o aprovechamiento del forraje producido. Se han sugerido dos formas de aprovechamiento del cultivo de Moha tanto en la bibliografía local como internacional: una consiste en realizar un primer pastoreo en macollaje y destinar el rebrote producido para la confección de heno (TR); la otra sería realizar un único corte del forraje con destino a la henificación (TA) (Gorostegui 1971; Josifovich y Echeverría 1979; Echeverría 1981; Terra *et al.* 1999; Koch 2001; Lang 2001; Baker 2003; Vanin 2004).

Desde la obtención de ambos cultivares se ha señalado la aptitud diferencial de los mismos para su uso en pastoreo y su capacidad de rebrote. Se ha destacado al cultivar *Carapé INTA* como el más adaptado al pastoreo directo en etapas tempranas del cultivo debido a su mayor capacidad de rebrote en relación al cultivar *Yaguané INTA*. Mientras que este último ha sido destacado por su aptitud granífera y por su alta producción de materia seca para henificación (Gorostegui 1971; Josifovich y Echeverría 1979; Echeverría 1981). En este trabajo se comparó por primera vez el desempeño de estos dos cultivares bajo los dos tipos de utilización ampliamente propuestos para el cultivo de Moha. Además, a partir de los resultados se pudieron extraer indicios más concretos acerca de la capacidad de rebrote diferencial de ambos cultivares a través de la medición de la materia seca obtenida del rebrote de cada cultivar.

De los resultados obtenidos en el ensayo realizado en tres ambientes surge que no existirían diferencias entre ambos cultivares con respecto al rendimiento de materia seca bajo los dos tipos aprovechamiento (TR y TA) del forraje producido (Cuadro 21). Si bien, en promedio, el cv. *Carapé INTA* produjo un rebrote levemente mayor que el cv. *Yaguané INTA*, esta diferencia no fue estadísticamente significativa. Debido a esto, no se podría concluir que *Carapé INTA* posee una mayor capacidad de rebrote y por lo tanto una mejor adaptación al pastoreo en relación a *Yaguané INTA*. Esto no concuerda con lo señalado en las primeras descripciones de estos cultivares ya mencionadas. La ausencia de una interacción significativa entre cultivar y tipo de corte confirma lo señalado anteriormente, ya que esto indicaría que no existe un cultivar que se destaque sobre el otro en relación a alguno de los dos planteos de aprovechamiento del forraje. Sin embargo, sería necesario realizar más estudios al respecto para poder extraer una mejor conclusión acerca de la adaptación a la defoliación y a la capacidad de rebrote de estos cultivares.

En general, el rendimiento de materia seca (kg.M.S./ha) fue mayor cuando se realizó un único corte del forraje para henificar (TA), en comparación con el rendimiento obtenido a partir del rebrote luego de un primer pastoreo (TR) (Cuadro 20). Por lo tanto, si se desea obtener la mayor producción de forraje para henificar, se debería aprovechar el cultivo por medio de un único corte en el inicio de panojamiento independientemente del cultivar que se considere.

Mientras que la segunda opción debería ser utilizada en situaciones especiales o de emergencia donde, por ejemplo, se requiera disponer de forraje verde de Moha para un pastoreo rápido e intensivo en el verano. Cabe destacar que la cantidad de materia seca teóricamente aprovechada con un primer pastoreo no alcanzó a compensar la disminución de aproximadamente 2000 kg.M.S./ha disponible para henificación en relación al aprovechamiento TA (datos no mostrados). En este sentido, Terra *et al.* (1999) señalaron que, si bien no se incrementaría la producción total de materia seca con un primer pastoreo o corte realizado en pleno macollaje, se podría llegar al momento de la henificación con mayores valores de proteína bruta y digestibilidad, es decir con más forraje de calidad.

Del Gráfico 20 se aprecia que la diferencia entre los dos tipos de utilización de la Moha fue menor en los ambientes más productivos. Así, en el ambiente P1 no existió diferencia significativa en el rendimiento de materia seca con uno u otro método. A partir de esto se podría sostener que en los ambientes de alta productividad se obtendría casi la misma producción de materia seca para henificar con cualquiera de los dos tipos de aprovechamiento del forraje de Moha, y además, se estaría obteniendo una cantidad de materia seca adicional con el pastoreo en macollaje, si el forraje es utilizado de acuerdo a TR.

4.2.2. Principales características agronómicas de los cultivares

Dentro de los principales atributos agronómicos de los cultivares de Moha, se destaca su capacidad de producción de materia seca en un corto período de crecimiento (Echeverría 1981; Terra *et al.* 1999; Vaz Martins e Ibañez 2003). Esta característica destaca a la Moha de otras especies estivales como un cultivo estratégico desde el punto de vista de la rotación y, además, determina que pueda funcionar como un cultivo de emergencia al poder sembrarse cuando es demasiado tarde para la siembra de otras especies (Baker 2003).

Además, la proporción de lámina de los cultivares *Carapé INTA* y *Yaguané INTA* constituye una característica importante relacionada con la determinación de la calidad del forraje, afectando en la selectividad y el consumo de forraje por parte del animal.

Esto hace que la cuantificación de la relación lámina/resto represente una información valiosa en programas de mejoramiento de especies forrajeras como la Moha (Ferri y Stritzler 2005). En este trabajo se caracterizó por primera vez a los cultivares adaptados y más difundidos de Moha en Argentina (*Carapé INTA* y *Yaguané INTA*) de acuerdo al potencial de producción de materia seca, los días a floración (precocidad) y a la proporción de lámina (foliosidad) que presentó cada cultivar.

El análisis comparativo de rendimiento en cuatro ambientes indicaría que el cultivar *Yaguané INTA* posee una mayor capacidad de producción de materia seca para henificar con relación al cultivar *Carapé INTA* (Cuadros 22 y 23). Ya que, *Yaguané INTA* rindió más que *Carapé INTA* en cada uno de los ambientes, con una diferencia de rendimiento promedio de aproximadamente 550 Kg. de M.S./ha., siendo esta diferencia estadísticamente significativa. Esto no concuerda con los resultados obtenidos por Inglera *et al.* (2006) quienes no detectaron diferencias en el rendimiento de estos cultivares en un estudio de fertilización. El mayor rendimiento de materia seca observado en el cv. *Yaguané INTA* estaría relacionado, como se sugirió anteriormente, con la mayor altura y con la mayor capacidad de rendimiento en grano que caracterizó a este cultivar (Cuadros 2 y 5; Cangiano 1979; Vaz Martins e Ibañez 2003; Channappagoudar *et al.* 2008). Los niveles de rendimiento que presentaron estos cultivares fueron similares a los rendimientos obtenidos en las Grandes Planicies de los Estados Unidos con cultivares desarrollados en ese país en condiciones de secano y bajo riego (Oelke *et al.* 1990; Crop Variety Testing 2004 y 2005, Universidad de Nebraska-Lincoln). Los niveles de producción de materia seca de ambos cultivares estuvieron principalmente afectados por el ambiente en el que se desarrolló el cultivo (Cuadro 23). La gran influencia observada sobre el rendimiento de los cultivares *Carapé INTA* y *Yaguané INTA* por parte de los factores ambientales como el tipo de suelo, la precipitación y las temperaturas ocurridas durante su ciclo de crecimiento es comúnmente señalada en los cultivos agrícolas (Bernardo 2002).

Si bien las diferencias en la precocidad de estos cultivares fue estadísticamente significativa, esta diferencia fue, en promedio, de sólo dos días y medio. Esto no representaría una diferencia agronómica de importancia, dado que el ciclo del cv. *Carapé INTA* y del cv. *Yaguané INTA* no determinaría un uso diferencial de cada cultivar en el planteo de rotaciones.

Sin embargo, como se observó anteriormente, los diferentes genotipos que conforman a ambos cultivares presentan diferencias de precocidad, principalmente en *Yaguané INTA* (Cuadro 7 y Gráfico 5). Este factor permitiría obtener cultivares de diferente ciclo en forma simple, por medio de la selección directa de los genotipos, y rápida, ya que sería una característica altamente heredable (Cuadro 9) y de alta respuesta a la selección (Cuadros 13 y 14). La cantidad de días transcurridos desde la siembra hasta la floración en estos cultivares fue similar a la que presentaron los cultivares comerciales en Estados Unidos (Oelke *et al.* 1990; Lang 2001; Baker 2003; Siles *et al.* 2004) y a algunas *landraces* del sudeste de Asia y África, mientras que la mayoría de los genotipos del Rusia y Europa fueron más precoces (30 a 45 días desde la siembra a floración) (Prasada Rao *et al.* 1987; Sato y Kokubu 1988a; Reddy *et al.* 2006).

En Argentina no existían datos o estudios respecto a los días a floración de los cv. *Carapé INTA* y *Yaguané INTA*. Sólo se realizaron descripciones de estos cultivares con respecto a los días transcurridos hasta la madurez del cultivo (Josifovich y Echeverría 1971; Gorostegui 1971; Terra *et al.* 1999). Esta última característica adquiere importancia cuando se considera a estos cultivares para la producción de semilla (ej.: establecimientos multiplicadores). Sin embargo, para el uso forrajero de la Moha, donde el último estado fenológico en que se recomienda su utilización es en el inicio de panojamiento, sería de mayor utilidad conocer los días a floración de cada cultivar como un mejor indicador del momento de corte adecuado. Esto se fundamentaría en que los caracteres días a floración y días a panojamiento presentan una alta correlación (0.91) (Sato y Kokubu 1988b), mientras que el tiempo transcurrido desde el panojamiento hasta la madurez de las panojas está influenciado por factores ambientales que afectan a la tasa de llenado de grano (agua disponible, temperatura, radiación, etc), pero además, dependerá del número de granos por panoja, lo que está determinado mayormente por el tamaño de esta. Así, la diferencia en el tamaño de panoja de ambos cultivares explicaría que, a pesar de que ambos cultivares florecieron con una diferencia promedio de dos días y medio, el cv. *Carapé INTA* llegue a madurez en 90-110 días, mientras que el cv. *Yaguané INTA* lo hace en 110-120 días (Josifovich y Echeverría 1971).

Del Cuadro 24 surge que el número días transcurridos hasta la floración en ambos cultivares estuvo principalmente influenciado por el ambiente. La variación en la duración del ciclo a floración podría explicarse a través del efecto combinado del fotoperíodo y la temperatura ocurrida en cada ambiente. Se conoce que la Moha responde al acortamiento del fotoperíodo y su respuesta se aceleraría con el aumento de la temperatura (Santelman *et al.* 1963; Schreiber 1965a; Vanden Born 1971). De este modo, la mayor longitud del ciclo observada en ambos cultivares en el ambiente P1 se debería fundamentalmente al efecto del fotoperíodo, ya que casi todo el ciclo de crecimiento en este ambiente transcurrió en condiciones de día largo (emergencia: 22-24 de octubre, floración: 7-10 de enero), situación que habría retrasado la floración. La menor cantidad de días transcurridos hasta floración en los ambientes P2 y CU se explicaría por las condiciones de día corto, luego del solsticio de verano, en que se desarrollaron los cultivares, y porque esta respuesta al fotoperíodo se habría acelerado por las altas temperaturas ocurridas en estos dos ambientes (23.0 y 24.1 °C promedio). La situación intermedia observada en P3 expresaría que, si bien la inducción a la floración ocurrió con días cortos, las relativamente bajas temperaturas (20.1 °C promedio) sumadas a los menores niveles de radiación incidente (7.7 horas de heliofanía efectiva) habrían retrasado el crecimiento y desarrollo de los cultivares en este ambiente.

La mayor proporción de lámina que caracterizó al cultivar *Carapé INTA* en todos los ambientes (Cuadro 22) concuerda con la descripción realizada por Echeverría (1981) quien señaló la mejor relación lámina/tallo de esta cultivar con respecto al cultivar *Yaguané INTA*. Esta diferencia significativa entre los cultivares, además de representar un aspecto distintivo en la estructura de la biomasa forrajera (Ferri y Stritzler 2005), determinaría una diferente adaptación al pastoreo directo y una capacidad diferencial para producir rebrote (Echeverría 1981).

Según Echeverría (1981), la mayor relación lámina/resto (incluye tallo, vaina y panoja inmadura) del cv. *Carapé INTA* se debería, en parte, a que este cultivar posee tallos finos con aproximadamente 12 hojas en 70 cm. de tallo, mientras que el cv. *Yaguané INTA* posee tallos más gruesos con alrededor de 12 hojas en 120 cm. de tallo.

Del Cuadro 25 surge que la relación lámina/resto fue menos afectada por las variaciones macro-ambientales que el rendimiento de materia seca y la precocidad, y la diferencia entre los cultivares fue la segunda fuente importante de variación para este carácter luego de la variación macro-ambiental. Esto indicaría que la proporción de lámina en el forraje producido sería la característica más inherente a los genotipos presentes en cada cultivar. Este trabajo representa el primer estudio de la relación entre peso de las láminas y el peso del resto de los componentes morfológicos en el forraje producido por los cultivares *Carapé INTA* y *Yaguané INTA*. Esta característica, junto con la tasa de producción de nudos, el número de nudos por tallo y la densidad de macollos podrían constituir un criterio de selección útil para el mejoramiento de los cultivares de Moha en sus cualidades forrajeras.

4.2.3. Calidad forrajera de los cultivares

La importancia de las características nutricionales de los cultivares de Moha que se destinarán a henificación radica en su incidencia directa y marcada en la calidad del producto final (rollo, fardo), que definen el consumo voluntario y la respuesta animal. Por ello, en este trabajo se caracterizó por primera vez a los cultivares *Carapé INTA* y *Yaguané INTA* de acuerdo a su valor nutritivo estimado a partir del conocimiento de los niveles de proteína bruta (PB), fibra detergente neutro (FDN) y ácido (FDA) y de la digestibilidad *in vitro* de la materia seca (DIVMS), tanto de la planta entera como de sus componentes morfológicos.

De los cuatro parámetros químicos evaluados, el menos afectado por el ambiente fue la PB y los niveles de esta dependieron relativamente más de los cultivares que en el resto de los parámetros de calidad, donde el ambiente fue responsable de casi toda la variación observada (Cuadro 26). El mayor contenido de PB en planta entera de *Carapé INTA* se explicaría por los mayores niveles de PB que presentaron los componentes morfológicos y a la mayor proporción de lámina (componente más proteico) de este cultivar con respecto al cultivar *Yaguané INTA*. En general, los niveles de PB determinados en ambos cultivares fueron similares a los reportados para la Moha en Argentina.

Así, para el mismo estado fenológico se han citado valores de PB que van desde 8.7% hasta 13.9% (Gaggiotti *et al.* 1996; Bruno *et al.* 1997; Romero 2005; Fernández Mayer *et al.* 2008). Rangos equivalentes en el contenido de proteína bruta presentaron los cultivares de Moha utilizados en Estados Unidos, con valores de entre el 8.3% y el 12.1% (Crampton y Harris 1969; Oelke *et al.* 1990; Weichenthal *et al.* 2003; Cash 2006). La distribución de la PB en las distintas partes de la planta presentó un patrón similar al de otras especies forrajeras de la familia Poaceae, donde las láminas tuvieron contenidos mayores de PB que las vainas y los tallos (Hidalgo *et al.* 1998). En este sentido, cabe destacar que existiría evidencia estadística para afirmar que las láminas de las plantas provenientes del cultivar *Carapé INTA* tienen un mayor contenido de PB que las láminas de las plantas del cultivar *Yaguané INTA*. La diferencia en los niveles de proteína bruta en planta entera de alrededor del 1.5%, en promedio, en favor del cultivar *Carapé INTA* podrían determinar una diferencia cualitativa desde el punto de vista del uso productivo del heno. Así, con los valores promedios de 13% de PB logrados en el cv. *Carapé INTA*, se podría cubrir las demandas de animales de altos requerimientos, mientras que un heno del cv. *Yaguané INTA*, con el que se logran niveles del 11.5% aproximadamente, constituiría un forraje de menor calidad (<12% de PB) y debería destinarse a animales de menores requerimientos (Ustarroz 1995; Fernández Mayer *et al.* 2008).

Los contenidos de FDN y FDA (que representarían a la cantidad de fibra total o pared celular del forraje y a la porción de esa fibra total que es indigerible, respectivamente) estuvieron principalmente afectados por factores ambientales, mientras que no existieron diferencias entre los cultivares *Carapé INTA* y *Yaguané INTA*. Esto concuerda con los resultados obtenidos a partir del análisis de las líneas de ambos cultivares, donde no existió diferencia entre poblaciones para FDN, y aunque la diferencia para FDA resultó estadísticamente significativa, esta fue de sólo 0.9%. Además, se vio que la variabilidad intra-poblacional para estos dos parámetros sería muy limitada, principalmente en *Carapé INTA* (Cuadros 7 y 8a-b). Debido a esto, el potencial para obtener genotipos con menores contenidos de FDN y FDA a partir de los cultivares *Carapé INTA* y *Yaguané INTA* (a través del mejoramiento tradicional) sería muy bajo.

Los niveles de los contenidos de fibras (FDN y FDA) en planta entera de Moha citados en la bibliografía local e internacional son muy variables, con valores de FDN del 53% hasta el 71% en similares estados fenológicos (pre-panojamiento a inicio de panojamiento), de la misma forma, los valores de FDA variaron entre 23% y 43% (Gaggiotti *et al.* 1996; Bruno *et al.* 1997; Romero 2005; Fernández Mayer *et al.* 2008; Crampton y Harris 1969; Oelke *et al.* 1990; Weichenthal *et al.* 2003; Cash 2006). Esta variación se debería a que, tanto el contenido de pared celular como el grado de lignificación están muy influenciado por el grado de madurez o estado fenológico de la Moha, y en menor medida por factores ambientales y nutricionales que afectan al desarrollo de las mismas (Hoffman *et al.* 2007). Los contenidos de fibra en los distintos componentes morfológicos fueron casi idénticos en *Carapé INTA* y *Yaguané INTA*, mientras que en ambos cultivares fue la lámina el componente menos fibroso y lignificado, hecho comúnmente observado en otras especies gramíneas y leguminosas (Frasinelli *et al.* 2002; Hoffman *et al.* 2007).

La importancia de caracterizar a los cultivares *Carapé INTA* y *Yaguané INTA* con respecto a los contenidos de FDN y FDA radica en el papel que juega el heno de Moha en Argentina como fuente primaria de fibra dentro de la alimentación del ganado lechero y de los rumiantes en general. Así, la calidad y cantidad de fibra consumida afectan la capacidad de consumo voluntario, a través del contenido de FDN, y la cantidad de energía que puede aportar el forraje de Moha, donde el contenido de FDA es clave para su estimación (Weiss 1993; Bernard 1999). En este sentido, el presente trabajo representa el primer aporte en el estudio de la calidad y cantidad de la fibra que caracterizan a estos cultivares Moha de Argentina, y de las posibilidades de obtener genotipos con bajos % de FDN y FDA.

Los valores de digestibilidad *in vitro* de la materia seca (DIVMS) del forraje producido por ambos cultivares fueron muy similares y no representaron diferencias estadísticamente significativas. A las mismas conclusiones se arribó a partir del análisis de la DIVMS de las muestras de líneas representativas de ambos cultivares (Cuadro 6). La mayor variación en los niveles de DIVMS fue producto de los efectos ambientales, además esta variación estaría asociada con la variación en los contenidos de FDN y FDA ya que ambos parámetros están altamente correlacionados con la DIVMS (Cuadro 11, Bernard 1999).

Otro factor de variación que debe considerarse en la determinación de la DIVMS y de los otros parámetros químicos analizados es el inherente a los procesos y metodologías en el laboratorio donde se realizaron los análisis químico-biológicos. La mayor digestibilidad de la lámina en ambos cultivares con respecto al resto de la planta (tallo + vaina + panoja inmadura), estaría relacionado al diferente contenido y naturaleza de la lignina que presentan los componentes insolubles de ambas porciones de la planta en la Moha (Boon 1989). Esto se reafirma si se considera que las láminas en ambos cultivares presentaron los menores contenidos de FDA y que este parámetro es el más asociado con la porción lignificada de la pared celular, que a su vez está relacionada negativamente con la digestibilidad de la fibra (Harris 1993; Weiss 1994). Tampoco existirían diferencias entre los cultivares *Carapé INTA* y *Yaguané INTA* con relación en los niveles de DIVMS de los componentes morfológicos.

En este trabajo, las estimaciones de la digestibilidad *in vitro* se realizaron según el método desarrollado por Goering y Van Soest (1970), usando el equipo Daisy^{II} de ANKOM Technology, ya que se pueden realizar las estimaciones de manera más eficiente, rápida y económica en relación al método introducido por Tilley y Terry (1963) (Giraldo *et al.* 2007). Esta técnica permite una estimación relativamente precisa y confiable de la digestibilidad verdadera (Julier *et al.* 1999; Vogel *et al.* 1999; Giraldo *et al.* 2007), que representaría la digestibilidad real del forraje (Van Soest *et al.* 1966). Si bien los valores de DIVMS obtenidos con el sistema ANKOM tienen una alta correlación con los obtenidos con el sistema convencional de Tilley y Terry (1963) (Giraldo *et al.* 2007), estos no son equivalentes ya que ambas técnicas son básicamente diferentes. Debido a esto, y dado que el método *in vitro* de Tilley y Terry se considera el método referente y es usado ampliamente (Giraldo *et al.* 2007), se realizó la transformación de los valores de DIVMS obtenidos en este trabajo con el sistema ANKOM a valores estimados de DIVMS según Tilley y Terry (1963). Esta transformación se realizó para facilitar la comparación e interpretación de los niveles de DIVMS en relación a las estimaciones obtenidas sobre Moha en otros trabajos.

De esta forma, los valores de DIVMS (Tilley y Terry) estimados en planta entera fueron de 67.88% para el cultivar *Carapé INTA* y 68.17% para el cultivar *Yaguané INTA*.

Estos niveles de DIVMS se podrían considerar relativamente altos si se tiene en cuenta que, en general, las gramíneas megatérmicas C4 se caracterizan por tener limitaciones nutricionales asociadas principalmente con su alto contenido de fibra, bajo aporte de proteína y digestibilidad baja (Stobb y Minson, 1980; Pordomingo 2001). Esto haría que los niveles de DIVMS del forraje producido por ambos cultivares se consideren propios de un forraje de buena calidad (Ustarroz 1995) y serían muy adecuados para animales de altos requerimientos (Fernández Mayer *et al.* 2008).

Al igual que lo sucedido con el contenido de fibra (FDN y FDA), los valores de digestibilidad *in vitro* (Tilley y Terry) reportados en la bibliografía para alguno de estos cultivares y para otros cultivares en Estados Unidos, en el mismo estado fenológico, fueron similares aunque presentaron una alta variabilidad. Los valores de DIVMS (Tilley y Terry) citados para la Moha en Argentina van desde el 57.9% hasta el 74.6% (Bruno *et al.* 1984; Ustarroz 1995; Gaggiotti *et al.* 1996; Bruno *et al.* 1997; Romero 2005; Fernández Mayer *et al.* 2008). Se han reportados muy pocos estudios de la DIVMS de la Moha como cultivo forrajero en otras partes del mundo. Algunos cultivares de Moha destinados para el uso forrajero en Estados Unidos presentaron niveles de digestibilidad *in vitro* de entre 57.0% y 63.0% (Weichenthal *et al.* 2003; Vanin 2004).

Para lograr mejorar a los cultivares *Carapé INTA* y *Yaguané INTA* por selección, es fundamental que ambos cultivares presenten una gran variabilidad en estos aspectos que determinan al valor nutritivo del forraje. En este sentido, se observó que la variabilidad disponible en ambos cultivares sería limitada para los parámetros que afectan a la digestibilidad potencial del forraje (PB, FDN, FDA, DIVMS). Otro factor importante a considerar para mejorar la calidad del forraje de Moha a partir de los cultivares *Carapé INTA* y *Yaguané INTA* y aumentar el consumo voluntario es la velocidad de degradación del material fibroso en el rumen.

4.2.4. Adaptabilidad y estabilidad en el rendimiento de materia seca de los cultivares

Las exiguas tareas realizadas en el mejoramiento y desarrollo de nuevas variedades de Moha en Argentina han determinado que los cultivares *Carapé INTA* y *Yaguané INTA* sean actualmente utilizados en diferentes regiones productivas del país, asociadas a un amplio rango de condiciones edáficas y climáticas. Debido a esto, se consideró importante detectar la presencia de interacción genotipo x ambiente, lo que implicaría que las diferencias en el desempeño de ambos cultivares no sean iguales en diferentes ambientes. Este fenómeno podría llevar a interpretaciones erróneas acerca del mérito de alguno de los cultivares cuando son evaluados en un único ambiente. Se debe considerar que en este trabajo se habló de interacción Cultivar x Ambiente y no de interacción Genotipo x Ambiente (GxA), ya que estos cultivares de Moha no concuerdan estrictamente con el término “genotipos”. En el contexto del análisis de interacción GxA, los genotipos refieren a materiales genéticamente homogéneos (ej.: líneas puras, clones, híbridos, etc.) o heterogéneos (ej.: variedades de polinización abierta, etc.), donde cada uno se encuentra varias veces repetido exactamente en distintos ambientes (Kearsey y Pooni 1996; Bernardo 2002). Por el contrario, estos cultivares de Moha son mezclas de genotipos fijados, que responderían de manera diferencial a los distintos ambientes y donde unos genotipos compensarían a otros ante distintas situaciones ambientales (Simmonds y Smartt 1999). No obstante, en este trabajo se estudió al genotipo de cada cultivar conforme a la estructura poblacional que presentan en el mercado, para detectar la presencia de interacción cultivar x ambiente, analizar la estabilidad en el rendimiento de materia seca y las normas de reacción de ambos cultivares ante las variaciones en los ambientes.

El análisis de variancia combinado para el rendimiento de materia seca, la precocidad y la proporción de lámina (Cuadros 23, 24 y 25) mostró la ausencia de interacción cultivar x ambiente estadísticamente significativa ($p > 0.15$), además, esta interacción explicó la mínima proporción de la variabilidad total observada en estos tres caracteres (0.5%-3.6% del total). La ausencia de interacción cultivar x ambiente implicaría que el comportamiento relativo de los cultivares *Yaguané INTA* y *Carapé INTA*, con respecto a estos tres caracteres de interés agronómico, es el mismo en todos los ambientes.

Esto determinaría que se pueda evaluar eficientemente a ambos cultivares mediante sus valores promedios en diferentes ambientes, y además, simplificaría el problema de elegir qué cultivar de Moha es el más adecuado para cada ambiente o región productiva. Por lo tanto se podría concluir que el cultivar *Yaguané INTA* logra mayores rendimientos de materia seca, es de ciclo levemente más largo y presenta menor proporción de lámina que el cultivar *Carapé INTA*, independientemente del ambiente donde se cultive. Lo observado en estos cultivares de Moha se relacionaría con lo mencionado por Harlan (1992) quien sostuvo que los rendimientos medios de estas variedades tradicionales se verían menos afectados por las interacciones GxA que los de las variedades modernas y que su variabilidad genética les proporcionaría seguridad contra posibles riesgos climático o bióticos.

En el presente trabajo se priorizó el análisis de la adaptación y la estabilidad en el rendimiento de materia seca de ambos cultivares, ya que este carácter sería uno de los más importantes a evaluar en este sentido, debido a que la Moha es utilizada principalmente como fuente rápida de materia seca. Además, este carácter estuvo muy influenciado por las variaciones de los ambientes, lo que justificaría el interés en describir la estabilidad y el patrón de reacción de ambos cultivares ante los cambios ambientales con respecto al rendimiento de materia seca.

El análisis de estabilidad aplicado consideró sólo cuatro ambientes, lo que podría considerarse cuestionable. Sin embargo, de acuerdo a Eberhart y Russell (1966), es posible obtener buenas estimaciones de los coeficientes de regresión, aunque el número de ambientes sea limitado, siempre que estos cubran el rango esperado de rendimientos de materia seca. En este caso, los rendimientos de materia seca en los distintos ambientes estuvieron comprendidos entre los niveles que podrían considerarse moderados a bajos (5000 Kg.M.S./ha) y niveles de rendimiento que representarían el potencial de estos cultivares (12500 Kg.M.S./ha). Además, los datos de rendimientos promedios de cada ambiente estuvieron adecuadamente distribuidos a lo largo del rango de rendimientos obtenidos (Gráfico 22).

A partir del rendimiento promedio de los cultivares en cada ambiente (Gráfico 21), se observa la importancia de la variabilidad estacional en la productividad de los cultivares.

Así se observa que, los máximos rendimientos se obtuvieron con la siembra de octubre en Pergamino (P1), mientras que con la siembra de febrero en la misma localidad (P3) se lograron los rendimientos más bajos. Esto implicaría que las diferencias en los factores climáticos tuvieron una mayor importancia en la productividad de los ambientes, donde por ejemplo, las precipitaciones en P2 superaron en un 45% a las de P3 y donde la heliofanía diaria en este último ambiente fue 25% más baja que en P1. Contrariamente, los factores edáficos propios de las localidades (Molisoles en Pergamino y Vertisoles en Concepción del Uruguay) tuvieron un efecto mucho menor sobre la productividad de la Moha. Esto se evidenció en los ambientes P2 y CU donde, a pesar de que presentan suelos de características muy distintas, los factores climáticos fueron casi idénticos (precipitación, temperatura, heliofanía), lo que habría determinado la poca diferencia entre los niveles de rendimiento promedio en ambas localidades.

El análisis de estabilidad, de acuerdo al enfoque de Eberhart y Russell (1966), se basó en la comparación de un cultivar con respecto al otro cultivar a través de la regresión de los rendimientos logrados por cada uno de estos en los diferentes ambientes sobre un índice ambiental, establecido a partir del rendimiento promedio de los cultivares en cada ambiente. La pendiente de la línea de regresión obtenida para cada cultivar se consideró como una medida de la respuesta lineal a los cambios ambientales y las desviaciones de la línea de regresión fueron considerados como una buena medida de la consistencia de esta respuesta. Así, Eberhart y Russell (1966) enfatizaron que son necesarios tanto el componente lineal (b_i) como el componente no-lineal (S_d^2) de la interacción GxA para juzgar la estabilidad de un genotipo. Este modelo particionó la interacción cultivar x ambiente en la porción de la variación debida a la respuesta lineal de los cultivares a los cambios en los índices ambientales (suma de cuadrados de la regresión) y en una porción de variabilidad que no se puede explicar por la regresión sobre el índice ambiental. Para estos autores, un cultivar estable es aquel sensible a los cambios ambientales ($b = 1$) y cuya desviación con respecto al modelo de regresión lineal (S_d^2) es cero. Y un cultivar adaptable será aquel que presente el mayor rendimiento promedio, $b_i = 1.0$ y $S_{di}^2 = 0$.

Del análisis de variancia de la estabilidad (Eberhart y Russell 1966) surge que no hubo diferencias significativas entre las respuestas lineales de ambos cultivares ante los cambios en el índice ambiental. Además, según el criterio utilizado en este trabajo, tanto *Carapé INTA* como *Yaguané INTA* serían cultivares estables en su desempeño a través de todos los ambientes, ya que sus coeficientes de regresión no fueron significativamente diferentes de la unidad ($b_C = b_Y = 1.00$) y los cuadrados medios de las desviaciones de la regresión lineal de cada cultivar no se diferenciaron significativamente de cero ($S_{dC}^2 = S_{dY}^2 = 0$). Dado que el rendimiento promedio de materia seca del cultivar *Yaguané INTA* fue significativamente mayor que el rendimiento del cultivar *Carapé INTA*, se podría considerar que el cultivar *Yaguané INTA* es estable y de buena adaptabilidad a todos los ambientes, mientras que el cultivar *Carapé INTA* sería estable pero de menor adaptación a todos los ambientes, con rendimientos siempre inferiores a los promedios de cada ambiente. Con lo cual *Yaguané INTA* sería la mejor opción como cultivar estable para recomendar en todos los ambientes (Finlay y Wilkinson 1963; Eberhart y Russell 1966). Si bien, ambos coeficientes de regresión fueron estadísticamente iguales a 1, se observa que el cv. *Yaguané INTA* presenta un b levemente mayor a la unidad ($b_Y = 1.02$) y el cv. *Carapé INTA* un b levemente menor ($b_C = 0.98$). Esto sería un indicio de que el cultivar *Yaguané INTA* tendría una mayor sensibilidad a los cambios ambientales y respondería mejor que el cultivar *Carapé INTA* a ambientes de condiciones favorables. Contrariamente, este último cultivar sería menos sensible a las variaciones ambientales y estaría mejor adaptado que *Yaguané INTA* a ambientes con limitaciones o de bajos rendimientos de materia seca. El hecho de que el cultivar más rendidor fuera el que mejor respondió a ambientes favorables concuerda con otros autores, quienes encontraron una correlación positiva entre el rendimiento promedio y el coeficiente de regresión de los genotipos (Eberhart y Russell 1966; Anderson *et al.* 1989; Akçura *et al.* 2005).

Varios autores consideraron al cuadrado medio de las desviaciones de la regresión como el criterio más apropiado para juzgar la estabilidad mientras que b_i sería un indicador del tipo de respuesta de un cultivar a la variación de los ambientes más que una medida de estabilidad (Samuel *et al.* 1970; Gupta *et al.* 1974; Chaudhary *et al.* 1994). En el mismo sentido, Eberhart y Russell (1966) también sugirieron a S_d^2 como una verdadera medida de estabilidad.

Este parámetro de estabilidad fue no-significativo para ambos cultivares, lo cual revela que tanto el cv. *Carapé INTA* como el cv. *Yaguané INTA* responderían en forma estable y predecible a los distintos ambientes. Los altos coeficientes de determinación en ambos cultivares ($R_C^2 = 99.5\%$ y $R_Y^2 = 99.7\%$) confirman no sólo su estabilidad sino que también indican que el desempeño de ambos cultivares sería altamente previsible (Pinthus 1973; Langer *et al.* 1979). Los elevados valores de R^2 además de indicar la elevada previsibilidad de los rendimientos de materia seca de ambos cultivares, demostrarían que los parámetros b_i son verdaderamente representativos de la respuesta de cada cultivar a los diferentes ambientes (Rasul *et al.* 2005).

Finalmente, rendimientos de materia seca de ambos cultivares serían estables y altamente predecibles a través de los ambientes. El cultivar *Yaguané INTA* estaría bien adaptado a todos los ambientes, sería más sensible a los cambios ambientales y estaría mejor adaptado a los ambientes de altos rendimientos en relación al cultivar *Carapé INTA*. A su vez, este último cultivar tendría una baja adaptación a todos los ambientes, tendría una mayor resistencia a la variación de los ambientes y exhibiría una mayor adaptación específica a los ambientes menos favorables o de bajos rendimientos. Los resultados obtenidos con estos cultivares de Moha concuerdan con diferentes experimentos realizados con mezclas físicas de líneas puras de otras especies autóгамas como trigo, cebada y arroz, donde se encontró que las mezclas eran más estables que las líneas que las constituían, mostraban bajos niveles de interacción GxA y una cierta tolerancia a la variabilidad ambiental (poblaciones homeostéticas) (Simmond y Smartt 1999). Lo anterior determinaría que las variedades locales como *Carapé INTA* y *Yaguané INTA*, dentro de su área de adaptación, presenten rendimientos más estables en el tiempo y en el espacio en relación a posibles variedades modernas (Evans 1993).

El presente trabajo constituye la primera caracterización de estos cultivares de Moha difundidos en Argentina de acuerdo a su adaptabilidad y a su estabilidad en el rendimiento de materia seca a través de distintos ambientes. La determinación de la estabilidad y la adaptación relativamente amplia que presentarían estos cultivares (principalmente el cv. *Yaguané INTA*) es un factor fundamental a tener en cuenta para la mejora de estas variedades adaptadas en Argentina.

5. CONCLUSIONES

- Se encontraron diferencias genéticas y morfológicas entre las poblaciones *Carapé* y *Yaguané*. Además, se detectaron distintos morfotipos y diferentes niveles de variabilidad dentro de ambas poblaciones de Moha, en los caracteres morfo-agronómicos.
- La variabilidad de los caracteres de interés agronómico estuvo influenciada en distinto grado por el genotipo en ambas poblaciones y las asociaciones entre estos caracteres fueron diferentes.
- La población *Yaguané* presentó mayor variabilidad genética que la población *Carapé* en todos los caracteres estudiados y exhibió un mayor potencial para el mejoramiento de las características de interés agronómico consideradas.
- Los cultivares *Carapé INTA* y *Yaguané INTA* se diferenciaron agronómicamente en el potencial de producción de materia seca, en la proporción de lámina y en el contenido de proteína bruta, en los diferentes ambientes evaluados.
- El comportamiento agronómico de los cultivares no estuvo afectado por las interacciones cultivar x ambiente. Asimismo, ambos cultivares fueron considerados estables en su rendimiento de materia seca, mientras que *Yaguané INTA* estuvo mejor adaptado a todos los ambientes en relación a *Carapé INTA*.

6. BIBLIOGRAFIA CITADA

- Ahanchede, A., S. Poirier-Hamon, y H. Darmency.** 2004. Why no tetraploid cultivar of foxtail millet?. *Genetic Resources and Crop Evolution*, 51: 227–230.
- Akçura, M., Y. Kaya, y S. Taner.** 2005. Genotype-Environment Interaction and Phenotypic Stability Analysis for Grain Yield of Durum Wheat in the Central Anatolian Region. *Turk J Agric For*, 29: 369-375.
- Allard, R. W.** 1965. Genetic systems associated with colonizing ability in predominantly self-pollinated species. P. 588 *en* H. G. Baker and G. L. Stebbins, eds. *The Genetics of Colonizing Species*. New York: Academic Press.
- Allard, R. W.** 1990. The genetics of host-pathogen coevolution: implications for genetic resource conservation. *J Hered* 81:1–6.
- American Association of Cereal Chemists (AACC).** 1995. *Approved Methods of the American Association of Cereal Chemists*. Ninth Edition. Ed. AACC. St. Paul, Minnesota, USA.
- Anderson, N. F., R. W. Mozingo, y J. C. Wynne.** 1989. Comparison of stability statistics as criteria for cultivar development. *Peanut Sci.* 16: 21-25.
- Ankom Technology.** ANKOM's Procedures for Neutral Detergent Fiber. [http:// www.ankom.com](http://www.ankom.com). (Consultado en 2008).
- Ankom Technology.** ANKOM's Procedures for Acid Detergent Fiber. [http:// www.ankom.com](http://www.ankom.com). (Consultado en 2008).
- Ankom Technology.** ANKOM's Procedures for In Vitro TUE Digestibility. [http:// www.ankom.com](http://www.ankom.com). (Consultado en 2008).
- Athwal, D., y G. Singh.** 1966. Variability in Kangni-1. Adaptation and genotypic and phenotypic variability in four environments. *Indian J. Genet. Plant Breed.* 26(2):142–152.
- Baker, H. G.** 1965. Characteristics and modes of origin of weeds. P. 147–172 *en* H. G. Baker and G. L. Stebbins, eds. *The Genetics of Colonizing Species*. New York: Academic Press.
- Baker, H. G.** 1974. The evolution of weeds. *Annu. Rev. Ecol. Syst.* 5:1– 24.
- Baker, R. D.** 2003. *Millet Production*. Cooperative Extension Service. New Mexico State University. Guide A-414, 6 pp.
- Baltensperger, D. D.** 1996. Foxtail and proso millet. p. 182–190. *En*: J. Janick (ed.). *Progress in new crops*. ASHS Press, Alexandria, VA. pp 182–190.
- Baltensperger, D. D.** 2002. Progress with proso, pearl, and other millets. *En*: J Janick, A Whippley, eds, *Trends in New Crops and New Uses*. ASHS Press, Alexandria, VA, pp 100–103.
- Barrett, S.C. y B. J. Richardson.** 1986. Genetic attributes of invading species. P. 21–33 *en* R. H. Groves and J. J. Burdon, eds. *Ecology of Biological Invasions*. Canberra: Australian Academy of Science.
- Barrett, S.C. y J. S. Shore.** 1989. Isozyme variation in colonizing plants. P. 106–126 *en* D. E. Soltis and P. S. Soltis, eds. *Isozymes in Plant Biology*. Portland, OR: Dioscorides.
- Basford, K. y M. Cooper.** 1998. Genotype x environment interactions and some considerations of their implications for wheat breeding in Australia. *Aust. J. Agric. Res.* 49: 153-74.
- Basheeruddin, M. y K. Sahib.** 2004. Genetic variability and correlation studies in foxtail millet (*Setaria italica*). *Crop Research (Hisar)*, Vol. 28, N° 1/3, p. 94-97.
- Beauvois, P.** 1812. *Essai d'une nouvelle agrostographie; ou nouveaux genres des Graminées*. Paris.
- Becker, W. A.** 1984. *Manual of Quantitative Genetics*. Academic Enterprises, Pullman, Washington, DC.

- Beever, D.E. y F.L. Mould.** 2000. In Forage Evaluation in ruminant nutrition. CABI Publishing, Wallingford, UK., pp. 15-42.
- Benabdelmouna, A., M. Abirached-Darmency, y H. Darmency.** 2001. Phylogenetic and genomic relationships in *Setaria italica* and its close relatives based on the molecular diversity and chromosomal organization of 5S and 18S-5.8S-25S rDNA genes. *Theor Appl Genet* 103: 668–677.
- Berg, T.** 2009. Landraces and folk varieties: a conceptual reappraisal of terminology. *Euphytica* 166:423–430. DOI 10.1007/s10681-008-9829-8.
- Bernard, O.** 1999. Importancia de la calidad del heno. *Oeste Ganadero*, Mendoza, 20-21.
- Bernardo, R.** 2002. *Breeding for Quantitative Traits in Plants*. Stemma Press, Woodbury, Minnesota, pp. 369.
- Bogyo, T. y W. Becker.** 1963. Exact confidence intervals for genetic heritability estimated from paternal half sib correlations. *Biometrics*, 19: 494-496.
- Boon, J.** 1989. An introduction to pyrolysis mass spectrometry of lignocellulosic materials: Case studies in barley straw, corn stems and agropyron. A. Chesson and E.R. Orskov, eds (New York: Elsevier Applied Science), pp. 25–49.
- Bradshaw, A. D.** 1965. Evolutionary significance of phenotypic plasticity in plants. *Adv. Genet.* 13:115–155.
- Bray, F.** 1984. Science and civilization in China. In: Needham J (ed) *Biology and biological technology*. Part II, agriculture, vol 6. Cambridge University Press, Cambridge.
- Briske, D. y J. Richards.** 1994. Physiological responses of individual plants to grazing: Current status and ecological significance. p. 146-176. En: M. Vavra, W.A. Laycock R.D. Pieper (eds.). *Ecological implications of livestock herbivory in the West*. Society of Range Management, Denver, Colorado. USA. p. 146-176.
- Brown, A. H. y D. R. Marshall.** 1981. Evolutionary changes accompanying colonization in plants. pp. 351–363 *en* G.C.E. Scudder and J. L. Reveal, eds. *Evolution Today*.
- Bruno, O., L. Romero, y E. Ustarroz.** 1997. Henos, henolaje empaquetado, silabes, calidad de las reservas y respuesta animal. Invernada bovina en zonas mixtas. *Agro 2 de Córdoba*. Capítulo III: 58-92. INTA, Centro Regional Córdoba, EEA Marcos Juárez.
- Camacho Villa, T. C., N. Maxted, M. A. Scholten y B. V. Ford-Lloyd.** 2005. Defining and identifying crop landraces. *Plant Genetic Resource Characterisation and Use*, 3(3): 373-384.
- Cangiano, C. A.** 1979. Producción y calidad del forraje de Moha de Hungría (*Setaria italica* (L.) Beauv.). INTA-EEA Manfredi.
- Cash, D.** 2006. *Growing Millet in Montana*. Forage Extension Program. Montana State University Extension Service.
- Chalupa, W., D. Galligan, y J. Fergusonson.** 1996. Animal nutrition in the XXI century. *Animal Feed Science and Technology* 58:1-18.
- Channappagoudar, B., S. Hiremath, N. Biradar, R. Koti, y D. Bharamagoudar.** 2008. Physiological Basis of Yield Variation in Foxtail Millet. *Karnataka J. Agric. Sci.*, 20(3): 481–486.
- Chaudhary, H. K., V. P. Gupta, y J. Kumar.** 1994. Stability of seed yield in pea. *Crop Imprv.* 20(1): 84-86.
- Clark, L. G. y R. W. Pohl.** 1996. *Agnes Chase's First Book of Grasses*. 4th ed. London: Smithsonian Institution Press.
- Cochran, W. y G. Cox.** 1976. *Diseños Experimentales*. Editorial Trillas, México, pp. 661.
- Crampton, D. W. y L.E. Harris.** 1969. *Applied Animal Nutrition*. 2ª ed. W. H. Freeman and Co., San Francisco, USA.

- Crow, J. F.** 1986. Basic concepts in population, quantitative and evolutionary genetics. W. H. Freeman, San Francisco.
- Cubero, J. I.** 2003. Introducción a la Mejora Genética Vegetal. 2ª ed. Editorial Mundi-Prensa, Madrid.
- Cui, K., S. Peng, Y. Ying, S. Yu, y C. Xu.** 2004. Molecular dissection of the relationships among tiller number, plant height and heading date in rice. *Plant Prod. Sci.* 7: 309–318.
- Da Costa, J., C. Rava, F. Zimmermann, y L. Melo.** 2008. Yield stability and stability of common bean lines developed by Embrapa. *Pesquisa Agropecuária Tropical*, v. 38, n. 2, p. 141-145.
- Darmency, H., C. Quin, y J. Pernes.** 1987. Breeding foxtail millet (*Setaria italica*) for quantitative traits after interspecific hybridization and polyploidization. *Genome*, 29: 453–456.
- De Boever, J., B. Cottyn, J. Andries, F. Buysse, y J. Vanacker.** 1988. *Animal Feed Science and Technology* 19:247-260.
- Dekaprevich, L. L. y A. S. Kasparian.** 1928. A contribution to the study of foxtail Millet (*Setaria italica* (L.) P.B. subsp. *maxima* Alef.) cultivated in Georgia (western Transcaucasia). *Bull. Appl. Bot. Pl. Breed.* 19: 533-572.
- Dekker, J., B. I. Dekker, H. Hilhorst, y C. Karssen.** 1996. Weedy adaptation in *Setaria* spp.: IV. Changes in the germinative capacity of *S. faberii* embryos with development from anthesis to after abscission. *Am. J. Bot.* 83:979–991.
- Dekker, J.** 2003. The foxtail (*Setaria*) species-group. *Weed Science*, 51:641–656.
- Dembinska, M.** 1976. Wild corn plants gathered in the 9th to 13th centuries in light of paleobotanical materials. *Folia Quat.* 47:97–103.
- Devos, K. M., Z. M. Wang, J. Beales, T. Sasaki, y M. D. Gale.** 1998. Comparative genetic maps of foxtail millet (*Setaria italica*) and rice (*Oryza sativa*). *Theor. Appl. Genet.* 96:63–68.
- de Wet, J. y J. Harlan.** 1975. Weeds and domesticates: evolution in the man-made habitat. *Econ. Bot.* 29:99–107.
- de Wet, J.M., L. L. Oestry-Stidd, y J. I. Cubero.** 1979. Origins and evolution of foxtail millets. *J. Agric. Trop. Bot. Appl.* 26:54–64.
- Doust, A., K. Devos, M. Gadberry, M. Gale, y E. Kellogg.** 2004. Genetic control of branching in foxtail millet. *Proc. Natl Acad. Sci.*, 101:9045–9050.
- Doust, A., E. Kellogg, K. Devos, y J. Bennetzen.** 2009. Foxtail Millet: A Sequence-Driven Grass Model System. *Plant Physiology*, January 2009, Vol. 149, pp. 137–141, www.plantphysiol.org, American Society of Plant Biologists.
- Eberhart, S. A. y W. A. Russell.** 1966. Stability parameters for comparing varieties. *Crop Sci.*, 6:36-40.
- Echeverria, I.** 1981. Cultivo y uso de las Mohas como productores de forraje verde, grano y heno. INTA Pergamino.
- Emery, W.H.P.** 1957. A study of reproduction in *Setaria macrostachya* and its relatives in the southwestern United States and Northern Mexico. *Bull. Torrey Bot. Club* 84:106–121.
- Espitia-Rangel, E., P. Baenziger, y R. Graybosch.** 1999. Agronomic performance and stability of 1A vs. 1AL.1RS genotypes derived from winter wheat 'Nekota'. *Crop Science*, 39, 643-648.
- Evans, L. T., I. F. Wardlaw, y C. N. Williams.** 1964. Environmental control of growth. In Barnard, C. ed. *Grasses and grasslands*. London, Macmillan.
- Evans, L. T.** 1993. *Crop evolution, adaptation and yield*. Cambridge University Press, Cambridge, U.K.
- Fabian, I.** 1938. Beitrage zum Lang- und Kurztagsproblem. *Z. Bot.* 33: 305–357.
- Falconer, D. S.** 1970. Introducción a la Genética Cuantitativa. Compañía Editorial Continental, México, pp. 430.

- Fernández Mayer, A., S. Lagrange, A. Bolletta y M. Tulesi.** 2008. Calidad nutricional de los cultivos de moha y mijo para la obtención de henos o silajes de planta entera. *Producir XXI*, Bs. As., 16(295):24-33.
- Ferri, C. M. y N. P. Stritzler.** 2005. Predicción de la relación lámina/biomasa aérea total en *Panicum coloratum* L. *Revista Argentina de Producción Animal* 25(1): 191-192.
- Finlay, K. y G. Wilkinson.** 1963. The analysis of adaptation in a plant-breeding program. *Aust. J. Agric. Res.* 14:742-752.
- Fisher, R. A.** 1915. Frequency distribution of the values of the correlation coefficient in samples from an indefinitely large population. *Biometrika*, 10, 507-521.
- Fisher, R. A.** 1954. *Statistical Methods for Research Workers*. 12^a ed. Edinburgh: Oliver and Boyd.
- Foxtail Millet Variety Test.** Foxtail millet for forage: 2004 y 2005. University of Nebraska-Lincoln. Nebraska. Extension and Agriculture Research Division. <http://varietytest.unl.edu/MiscellaneousCrops/Foxtail.html>.
- Frasinelli, C. A.** 2002. Relación entre fracciones morfológicas y extrusa esofágica en *Digitaria eriantha*. INTA Anguil. Información. Boletín de Divulgación Técnica N° 79, Cap. 18.
- Fukunaga, K., E. Domon, y M. Kawase.** 1997. Ribosomal DNA variation in foxtail millet, *Setaria italica* (L.) P. Beauv., and a survey of variation from Europe and Asia. *Theor. Appl. Genet.* 95:751-756.
- Fukunaga, K., Z. Wang, K. Kato, y M. Kawase.** 2002a. Geographical variation of nuclear genome RFLPs and genetic differentiation of foxtail millet, *Setaria italica* (L.) P. Beauv. *Genet. Res. Crop Evol.* 49:95-101.
- Fukunaga, K., M. Kawase y K. Kato.** 2002b. Structural variation of waxy gene and differentiation in foxtail millet, *Setaria italica* (L.) P. Beauv. Implication for multiple origins of the waxy phenotype. *Mol. Genet. Genomic* 268: 214-222.
- Fukunaga, K., K. Ichitani, S. Taura, M. Sato, y M. Kawase.** 2005. Ribosomal DNA intergenic spacer sequence in foxtail millet, *Setaria italica* (L.) P. Beauv. and its characterization and application to typing of foxtail millet landraces. *Hereditas* 142: 38-44.
- Gabriel, K. R.** 1971. Biplot display of multivariate matrices with application to principal components analysis. *Biometrika*, 58: 453-467.
- Gaggiotti, M., L. Romero, O. Bruno, E. Comeron, y O. Quaino.** 1996. Tabla de composición química de alimentos: I- Forrajes conservados, II- Forrajes verdes. INTA. Centro Regional Santa Fe. EEA Rafaela.
- Gao, M. J. y J. J. Chen.** 1988. Isozymic studies on the origin of cultivates foxtail millet. *Acta Agronomic Sinica*. 14: 131-136.
- Gill, A., y A. Randhawa.** 1975. [*Setaria italica* (L.) P. Beauv.] Heritable variation and interrelationships in foxtail millet. *Madras Agric. J.* 62(5):253-258.
- Giraldo, L. A., L. A. Gutiérrez, y C. Rúa.** 2007. Comparación de dos técnicas: in vitro e in situ para estimar la digestibilidad verdadera en varios forrajes tropicales. *Rev Col Cienc Pec* 2007; 20: 269-279.
- Goering, M. y P. J. Van Soest.** 1970. Forage fiber analysis (apparatus, reagents, procedures and some applications). *Agricultural Handbook N° 379*. ARS-USDA. Washington, DC.
- Gorostegui, J.** 1971. Variedades vegetales del INTA (cultivares creados e introducidos desde 1958). Colección agropecuaria N°19, p 148-149.
- Gupta, V. P., S. Ramanujam, y S. Kaul.** 1974. Stability analysis in respect of protein sulphur and protein value index of seed and its implication and adaptation of chick pea. *Genetika* 6(2): 247-261.
- Gurunadha Rao, Y., M. Anjanappa, y P. Appa Rao.** 1984. Genetic variability in yield and certain yield components of foxtail millet (*Setaria italica* Beauv.). *Madras Agric. J.* 71(5):332-333.

- Hamrick, J. L. y M. J. Godt.** 1990. Allozyme diversity in plant species. *Plant Population Genetics, Breeding and Genetic Resources*. P 43–63. Sunderland, MA: Sinauer.
- Hanumantharao, G. V. y C. L. Satyamarayana.** 1987. Chorocter association and path analysis of physiological determinants of grain yield in certain millet genotypes. *Andra Agricultural Journal*, 34: 300 -303.
- Harlan, J. R.** 1992. *Crops and man*. American Society of Agronomy and Crop Science Society of America, Madison, Wisconsin.
- Harlan, J. R. y J. M. de Wet.** 1971. Towards a rational taxonomy of cultivated plants. *Taxon* 20: 509-517.
- Harris, B.** 1993. The Importance of Fiber in Feeding Dairy Cattle; Florida Cooperative Extension Service: Circular 594. En: <http://edis.ifas.ufl.edu/DS064>.
- Hazard, L., D. Barker, y S. Easton.** 2001. Morphogenetic adaptation to defoliation and soil fertility in perennial ryegrass. *N.Z. J. Agric. Res.* 44:1–12.
- Hazel, L. N.** 1943. The genetic basis for constructing selection indexes. *Genetics*, 28: 476-490.
- Hegmann, J. y B. Possidente.** 1981. Estimating Genetic Correlations from Inbred Strains. *Behavior Genetics*, Vol. 11, N° 2.
- Helbaek, H.** 1960. The paleobotany of the Near East and Europe. Pages 29–40 in R. J. Braidwood and B. Howe, eds. *Prehistoric Investigations in Iraq Kurdistan*. Chicago: Chicago University Press.
- Hidalgo, L., M. Cauhepe, y A. Erni.** 1998. Digestibilidad de materia seca y contenido de proteína bruta en especies de pastizal de La Pampa Deprimida, Argentina. *Invest. Agr.: Prod. Sanid. Anim.*, Vol. 13 (1, 2 y 3), 165-177.
- Hitchcock, A. S.** 1971. *Manual of the Grasses of the United States*. 2nd ed., Volume 2. New York: Dover Public.
- Hoffman, P., K. Lundberg, L. Bauman, R. Shaver, y F. Contreras-Govea.** 2007. El Efecto de la Madurez en la Digestibilidad del FDN (Fibra Detergente Neutro). *Focus on Forage*, Vol 5: No. 15. University of Wisconsin Board of Regents. www.uwex.edu/ces/crops.
- Hutcheson, K.** 1970. A test for comparing diversities based on the Shannon formula. *J. Theor. Biol.* 29:151-154.
- Ichitani, K., K. Nagao, Y. Narita, K. Fujikawa, M. Samejima, S. Taura, y M. Sato.** 2003a. Genetic analysis of heading characters in foxtail millet (*Setaria italica* (L) P. Beauv.) using the progeny from the cross between the two diverse Straits, Gai 53 and Kuromochi. *Mem. Fac. Agr. Kagoshima Univ.*, 38:17–25.
- Ichitani, K., K. Nagao, Y. Narita, K. Fujikawa, M. Samejima, S. Taura, y M. Sato.** 2003b. Genetic analysis of tillering and other agronomic characters in foxtail millet (*Setaria italica* (L) P. Beauv.) using the progeny from the cross between the two diverse Straits, Gai 53 and Kuromochi. *Mem. Fac. Agr. Kagoshima Univ.*, 38:27–39.
- Inglera, J., M. Brizuela, M. Cid, y J. Castaño.** 2006. Rendimiento total y por fracciones de planta en materia seca de moha de Hungría con dos niveles de fertilización en el sudeste bonaerense. En: 29° Congreso Argentino de Producción Animal, 2006, Mar del Plata, Bs.As. *Rev.Arg. Prod.Anim. Balcarce: AAPA*, 2006. v.26. p.228 – 229.
- Jia, X., Y. Shi., Y. Song, G. Wang, T. Wang, y Y. Li.** 2007. Development of EST-SSR in foxtail millet (*Setaria italica*). *Genet Resour Crop Evol.*, 54:233–236. DOI 10.1007/s10722-006-9139-8.
- Josifovich, J. A. e I. Echeverría.** 1971. Nuevas Mohas de Hungría. Información general N° 79, EERA-INTA Pergamino.
- Julier, B., M. Lila, V. Furstoss, V. Travers, y C. Huyghe.** 1999. Measurement of cell-wall digestibility in lucerne using the filter bag technique. *Animal Feed Science and Technology* 79:239-245.

- Jusuf, M. y J. Pernes.** 1985. Genetic variability of foxtail millet (*Setaria italica* Beauv.) electrophoretic studies of five isozyme systems. *Theor. Appl. Genet.* 71:385–391.
- Kang, M.** 1998. Using genotype-by-environment interaction for crop cultivar development. *Advance in Agronomy.* 62: 199-253.
- Kawase, M., Y. Ochiai y K. Fukunaga.** 1997. Characterization of foxtail millet, *Setaria italica* (L.) P. Beauv. in Pakistan based on intraspecific hybrid pollen sterility. *Breed. Sci.* 47: 45–49.
- Kawase, K. y S. Sakamoto.** 1984. Variation, geographical distribution and genetical analysis of esterase isozymes in foxtail millet, *Setaria italica* (L.) P. Beauv. *Theor. Appl. Genet.* 67:529–533.
- Kawase, K. y S. Sakamoto.** 1987. Geographical distribution of landrace groups classified by hybrid pollen sterility in foxtail millet, *Setaria italica* (L.) P. Beauv. *Japan J. Breed.* 37, 1-9.
- Kearsey, M. J. y H. S. Pooni.** 1996. The genetical analysis of quantitative traits. Chapman & Hall, London, pp. 381.
- Kihara, H. y E. Kishimoto.** 1942. Bastarde Zwischen *Setaria italica* und *S. viridis*. *Bot. Mag. Tokyo* 56:62–67.
- King, L. J.** 1952. Germination and control of the giant foxtail grass. *Contr. Boyce Thompson Inst.* 16:469–487.
- Koch, D. W.** 2001. Foxtail millet: Management for supplemental and emergency forage. University of Wyoming Agricultural Experiment Station Progress Report. B-1122, 3. www.uwyo.edu/ag/ces/pubs2.htm.
- Kokubu, T. y T. Nagakura.** 1981. Variations of Growth-Period of Italian Millet Strains, *Setaria italica* Beauv. And their Responses to Day-Length and Temperature. *Mem. Fac. Agr. Kagoshima Univ.*, 17:53–68.
- Körnicke, F. y H. Werner.** 1885a. *Handbuch des Getreidesbaues.* Vol. 1. Berlin: Verlag von Paul Parey, Berlin.
- Körnicke, F. y H. Werner.** 1885b. *Handbuch des Getreidesbaues.* Vol. 2. Die Sorten und der Anbau des Getreides. Berlin: Verlag von Paul Parey, Berlin.
- Kumar, K. y K. Parvathy Parameswaran.** 1998. Characterisation of storage protein from selected varieties of foxtail millet (*Setaria italica* (L) Beauv). *Journal of the science of food and agriculture*, ISSN 0022-5142, Vol. 77, N° 4, pp. 535-542.
- Lakshmi, S. y P. K. Ranjekar.** 1984. Novel molecular features of millet genomes. *Ind. J. Biochem. Biophys.* 21:299–303.
- Lang, B.** 2001. Millet forage management. Iowa State University. University Extension. Fact Sheet BL-55.
- Langer, I., K. J. Frey, y T. Bailey.** 1979. Association among productivity, production response and stability indexes in oat varieties. *Euphytica* 28: 17-24.
- Larreguy, O. C.** 1982. Catálogo de cultivares creados e introducidos por el INTA de 1970 a 1977. Colección Agropecuaria N° 21, p. 70–72.
- Le Thierry d'Ennequin, M., O. Panaud, B. Toupance, y A. Sarr.** 2000. Assessment of genetic relationships between *Setaria italica* and its wild relative *S. viridis* using AFLP markers. *Theor Appl Genet* 100: 1061–1066.
- Li, C. H., W. K. Pao, y H. W. Li.** 1942. Interspecific crosses in *Setaria*. *J. Heredity* 33:351–355.
- Li, H. W.** 1934. Studies in millet breeding methods. *Bull. Coll. Agr. Honan Univ.* 2:1–22.
- Li, H. W., C. H. Li, y W. K. Pao.** 1945. Cytological and genetical studies of the interspecific cross of the cultivated foxtail millet, *Setaria italica* (L.) Beauv. and the green foxtail millet *S. viridis* L. *J. Am. Soc. Agron.* 37:32–54.
- Li, H. W., C. J. Meng, y T. N. Liu.** 1935. Problems in the breeding of millet (*Setaria italica* (L.) Beauv.). *J. Am. Soc. Agron.* 27:963–970.

- Li, Y., J. Jia, Y. Wang, y S. Wu.** 1998. Intraspecific and interspecific variation in *Setaria* revealed by RAPD analysis. *Genet Res Crop Evol* 45: 279–285.
- Li, Y. y S. Wu.** 1996. Traditional maintenance and multiplication of foxtail millet (*Setaria italica* (L.) P. Beauv.) landraces in China. *Euphytica* 87:33–38.
- Li, Y., S. Wu, Y. Cao y X. Zhang.** 1996. A phenotypic diversity analysis of foxtail millet (*Setaria italica* (L.) P. Beauv.) landraces of Chinese origins. *Genet Res Crop Evol* 43: 377–384.
- Li, Y., Y. S. Cao, y S. Z. Wu.** 1995. Cluster analysis of an Int. collection of foxtail millet (*Setaria italica* (L.) P. Beauv.). *Euphytica* 83, 79–85.
- Li, Z., S. Pinson, M. Marchetti, J. Stansel, y W. Park.** 1995. Characterization of quantitative trait loci (QTLs) in cultivated rice contributing to field resistance to sheath blight (*Rhizoctonia solani*). *Theor. Appl. Genet.*, 91: 382–388.
- Lin, Y. R., K. F. Schertz, y A. H. Paterson.** 1995. Comparative analysis of QTLs affecting plant height and maturity across the Poaceae, in reference to an interspecific sorghum population. *Genetics*. 1995;141:391–411.
- Lincoln, R., G. Boxshall, y P. Clark.** 1998. *A Dictionary of Ecology, Evolution and Systematics*. 2nd ed. Cambridge, Great Britain: Cambridge University Press.
- Linnaeus, C.** 1753. *Species plantarum*. Stockholm.
- Lu, H. y H. Wu.** 1991. Concurrent dynamic model in stability analysis. *Bot. Bull. Academia Sinica*, 32: 23-30.
- Malm, R.N., y K.O. Rachie.** 1971. *Setaria* millets: A review of the world literature. S.B. 513. Univ. of Nebraska, Lincoln.
- Mathers, K. y J. Jinks.** 1982. *Biometrical genetics*. 2^a ed. Chapman and Hall, New York.
- Molinari, J.** 1989. A calibrated index for measurements of evenness. *Oikos*. 56:319-323.
- Neuweiler, E.** 1946. Nachtrage urgeschichtlicher Pflanzen. *Vierteljahrsschr. Naturf. Ges. Zurich* 91:122–236.
- Nieto-Hatem, J.** 1963. Seed Dormancy in *Setaria lutescens*. Ph.D. dissertation. Iowa State University, Ames, IA. 81 p. [Diss. Abstr., Ser. B. 24: 1360–1361.
- Nguyen Van, F. y J. Pernes.** 1985. Genetic diversity of foxtail millet (*Setaria italica*). Pages 113–128 in P. Jacquard, ed. *Genetic Differentiation and Dispersal in Plants*. NATO ASI Series, Volume G5. Berlin: Springer-Verlag.
- Ochiai, Y., M. Kawase y S. Sakamoto.** 1994. Variation and distribution of foxtail millet (*Setaria italica* P. Beauv.) in the mountainous areas of northern Pakistan. *Breedig Science* 44: 413–418.
- Ochiai, Y.** 1996. Variation in Tillering and Geographical Distribution of Foxtail Millet (*Setaria italica* (L.) P. Beauv.). *Breedig Science* 46: 143–148.
- Oelke, E., E. Oplinger, D. Putnam, B. Durgan, J. Doll, y D. Undersander.** 1990. *Millets. Alternative Field Crops Manual*. University of Wisconsin-Extension, Cooperative Extension; University of Minnesota: Center for Alternative Plants & Animal Products and the Minnesota Extension Service. Consultadooen junio de 2008. <<http://www.hort.purdue.edu/newcrop/afcm/millet.html>>.
- Ouyang, Z., R. Mowers, A. Jensen, S. Wang, y S. Zheng.** 1995. Cluster analysis for genotype x environment interaction with unbalanced data. *Crop Sci.* 35: 1300–1305.
- Pallares, I., L. Ferrari, E. Postulka y M. Ritta.** 2004. Identification of cultivars of foxtail millet (*Setaria italica* (L.) Beauv.) from morphological and biochemical traits of their seed. *Seed Science and Technology*, Vol. 32,1: 187-196.
- Patil, M. S. y H. D. Mohankumer.** 1988. Studies on genetic variability for yield and its components in foxtail millet (*Setaria italica*) *Karnataka Journal of Agricultural Sciences*, 2:165-169.
- Pérez López, C.** 2001. *El Sistema Estadístico SAS®*. Pearson Educación, S.A., Madrid.

- Peters, R. A. y H. C. Yokum.** 1961. Progress report on a study of the germination and growth of yellow foxtail (*Setaria glauca* (L.) Beauv.). Proc. Northeast. Weed Cont. Conf. 15:350–355.
- Peters, R. A., J. A. Meade, y P. W. Santelman.** 1963. Life History Studies as Related to Weed Control in the Northeast. 2. Yellow Foxtail and Giant Foxtail. Kingston, RI: University of Rhode Island Agricultural Experiment Station, p. 18.
- Pinthus, J.** 1973. Estimate of genotype value: a proposed method. Euphytica, 22: 121-123.
- Pla, L.** 2006. Biodiversidad: Inferencia basada en el índice de Shannon y la riqueza. INCI, vol.31, no.8, p.583-590. ISSN 0378-1844.
- Pohl, R. W.** 1951. The genus *Setaria* in Iowa. Iowa State J. Sci. 25:501–508.
- Pordomingo, A. J.** 2001. Las reservas forrajeras en la producción animal: el balance de las dietas. EEA-INTA Anguil.
- Prasada Rao, K. E., J. M. J. de Wet, D. E. Brink, y M. H. Mengesha.** 1987. Intraspecific variation and systematics of cultivated *Setaria italica*, foxtail millet (*Poaceae*). Econ. Bot. 41:108–116.
- Prasada Rao, G. P., M. Nagaraja Rao, y M. Anjanappa.** 1985. Genetic variability in setaria. Andhra Agric. J. 32(1):34–56.
- Rangaswami Ayyangar, G. N., T. R. Narayanan, y P. Seshadri Sarma.** 1933. Studies in *Setaria italica* (Beauv.), the Italian millet. Part 1. Anthesis and pollination. Ind.J.Agric. Sci. 3:561-571.
- Rao, Y., M. Anjanappa, y A. Rao.** 1984. Genetic variability in yield and certain yield components of Italian millet (*Setaria italica* Beauv.). Madras Agric. J., 71: 332–333.
- Rasul, S., M. I. Khan, M. M. Javed, e Ikram-ul-Haq.** 2005. Stability and Adaptability of Maize Genotypes in Pakistan. Journal of Applied Sciences Research 1(3): 307-312.
- Rathod, T., R. Parlawar., G. Malthane, y K. Thakur.** 2002. Extent of genetic variability for morphological traits and yield in foxtail millet (*Setaria italica*). New Agriculturist. www.cababstractsplus.org/abstracts/Abstract.aspx?AcNo=19981613905.
- Reddy, V. G., H. D. Upadhyaya, y C. Gowda.** 2006. Characterization of world's foxtail millet germplasm collections for morphological traits. Journal of SAT Agricultural Research 2: 1–3.
- Rice, K. y S. K. Jain.** 1985. Plant population genetics and evolution in disturbed environments. P. 287–303 en S.T.A. Pickett and P. A. White, eds. The Ecology of Natural Disturbance and Patch Dynamics. New York: Academic Press.
- Ricroch, A., M. Mousseau, H. Darmency, y J. Pernes.** 1987. Comparison of triazine-resistant and -susceptible cultivated *Setaria italica*: growth and photosynthetic capacity. Plant Physiol. Biochem. 25:29–34.
- Romero, L.** 2005. No todos los rollos son iguales. Infortambo, Bs. As., 198:92-95.
- Rominger, J.** 1962. Taxonomy of *Setaria* (Gramineae) en North America. Ill. Biol. Monogr. 29.
- Sakamoto, S.** 1987. Origin and dispersal of common millet and foxtail millet. JARQ 21: 84-89.
- Samuel, C.J., J. Hill, E.L. Breese, y A. Davies.** 1970. Assessing and predicting environmental response in *Lolium perenne*. J. Agric. Sci., Camb., 75: 1-9.
- Sandhu, T., B. Arora, y Y. Singh.** 1974. Interrelationships between yield and yield components in foxtail-millet. Indian J. Agric. Sci., 44: 563–566.
- Santleman, P. W., J. A. Meade, y R. A. Peters.** 1963. Growth and development of yellow foxtail and giant foxtail. Weeds 11:139–142.
- Sato, M. y T. Kokubu.** 1988a. Morphological Differences Italian Millet (*Setaria italica* Beauv.) among Seed Collecting Areas. Mem. Fac. Agr. Kagishima Univ., 24:101-109.
- Sato, M. y T. Kokubu.** 1988b. Genetic properties of Italian millet (*Setaria italica* Beauv.) collected by Kagoshima University. Mem. Fac. Agr. Kagoshima Univ., 24:91–100.
- Saxena, S. y A. Singh.** 2006. Revisit to definitions and need for inventorization or registration of landrace, folk, farmers' and traditional varieties. Current Science, Vol. 91, N° 11: 1451–1454.

- Schontz, D. y B. Rether.** 1998. Genetic variability in foxtail millet, *Setaria italica* (L.) P. Beauv.: RFLP using a heterologous rDNA probe. *Plant Breed.* 117: 231–234.
- Schontz, D. y B. Rether.** 1999. Genetic variability in foxtail millet, *Setaria italica* (L.) P. Beauv.: Identification and classification of lines with RAPD markers. *Plant Breed* 118: 190–192.
- Schreiber, M. M.** 1965. Development of giant foxtail under several temperatures and photoperiods. *Weeds* 13:40–43.
- Schreiber, M. M. y L. R. Oliver.** 1971. Two new varieties of *Setaria viridis*. *Weed Sci.* 19:424–427.
- Shannon, C. E. y W. Weaver.** 1949. The mathematical theory of communication. University of Illinois Press. Urbana, IL, EEUU. 144 pp.
- Siles, M., D. Baltensperger, y L. Nelson.** 2001a. [*Setaria italica* (L.) Beauv.] Technique for artificial hybridization of foxtail millet. *Crop Sci.* 41:1408–1412.
- Siles, M., D. Baltensperger, L. Nelson, A. Marcon, y G. Frickel.** 2001b. Registration of five genetic stocks of foxtail millet. *Crop Sci.*, 41:2011–2012.
- Siles, M. M., W. K. Russell, D. D. Baltensperger, L. A. Nelson, B. Johnson, L. D. Van Vleck, S. G. Jensen, y G. Hein.** 2004. Heterosis for Grain Yield and Other Agronomic Traits in Foxtail Millet. *Crop Sci.* 44:1960–1965.
- Simmonds, N. W. y J. Smartt.** 1999. Principles of Crop Improvement. 2^a ed. Blackwell Science.
- Simpson, G. M.** 1990. Seed Dormancy in Grasses. Cambridge, Great Britain: Cambridge University Press. p. 297.
- Singh, G. y D. Athwal.** 1966. Variability in Kangni-2 genotype x environment interaction, heritability and genetic advance. *Indian J. Genet. Plant Breed.* 26(2):153–161.
- Siva Raman, L., V. Gupta, y P. Ranjekar.** 1986. DNA sequence organization in the genomes of three related millet plant species. *Plant Mol. Biol.* 6:375–388.
- Smith, H. F.** 1936. A discriminant function for plant selection. *Ann. Eugen.* 7: 240-250.
- Stapf, O. y C. K. Hubbard.** 1930. *Setaria*. pp. 768–866 *en* Prain, ed. Flora of Tropical Africa. Vol. 9. London.
- Steel, R. y R. Torrie.** 1980. Principles and procedure of statistics. 2nd. Ed. McGraw-Hill. New York. p. 633.
- Stevens, O. A.** 1960. Weed Development Notes. Fargo, ND: North Dakota Agricultural Experiment Station Research Rep. 1. 22 p.
- Stobb, T. y D. Minson.** 1980. Nutrition of ruminants in the tropic. *En: Churh, D. (Ed). Digestive Physiology and Nutrition of Ruminants.* O & B Books. Inc Oregon. pp. 257-277.
- Terra, J. A., G. Scaglia, y F. García Préchac.** 1999. Moha de Hungría: características agronómicas, productivas y nutricionales. *El País Agropecuario, INIA (Uruguay)*, v. 5, no. 58, p. 25-28.
- Till-Bottraud, I., X. Reboud, P. Brabant, M. Lefranc, B. Rherissi, F. Vedel, y H. Darmency.** 1992. Outcrossing and hybridization in wild and cultivated foxtail millets: Consequences for the release of transgenic crops. *Theor. Appl. Genet.* 83:940–946.
- Tilley, J. y R. Terry.** 1963. A two-stage technique for the in vitro digestion of forage crops. *J Br Grass Soc.*, 18:104-111.
- Udapudi, S., S. Hiremath, M. Chetti, y S. Awari.** 1998. Influence of leaf area index and total dry matter on grain yield in fox tail millet genotypes. National Seminar on role of plant physiology and bio-technology in Agriculture and Industry. Hyderabad, pp. 14-16.
- Ustarroz, E.** 1995. Calidad del heno y su influencia en la respuesta animal. Cap. *en* Heno de Calidad, Cuaderno de Actualización Técnica N° 1, INTA PROPEFO, E.E.A Manfredi.
- Vanden Born, W. H.** 1971. Green foxtail: seed dormancy, germination and growth. *Can. J. Plant Sci.* 51:53–59.

- Vanin, W.** 2004. Golden German Millet Production in Saskatchewan. Saskatchewan Agriculture and Food, Canada. <http://www.agr.gov.sk.ca/docs/crops>.
- Vavilov, N. I.** 1926. Studies on the origin of cultivated plants. Inst. Appl. Bot. Plant Breed., Leningrad.
- Van Soest, P. y W. Marcus.** 1964. Method for the determination of cell wall constituents in forages using detergent and the relationship between this fraction and voluntary intake and digestibility. *J. Dairy Sci.* 47:704.
- Van Soest, P., J. Robertson, y B. Lewis.** 1991. Methods of dietary fiber, neutral detergent fiber and non-polysaccharides in relation to animal nutrition. *J Dairy Sci.*, 74:3583-3597.
- Van Soest, P. J., R. H. Wine, L. A. Moore.** 1966. Estimation of the true digestibility of forages by the *in vitro* digestion of cell walls. Proc. 10th Int. Grasslands Congress. Helsinki. Finnish Grassland Association. p. 438-441.
- Vaz Martins, D. y V. Ibañez.** 2003. Moha: Cuándo se debe cortar para heno?. *Revista del Plan Agropecuario, INIA (Uruguay)*, 108: 50–53.
- Vishwanatha, J., K. Mallanna, K. Aradhya, M. Channabyre Gonda, y R. Shanker.** 1981. Genetic variability in a world collection of germplasm of foxtail millet, *Setaria italica* Beauv. *Mysore J. Agric. Sci.* 15:234–238.
- Vogel, K., J. Pedersen, S. Masterson, y J. Toy.** 1999. Evaluation of a filter bag system for NDF, ADF, and IVDMD forage analysis. *Crop Science* 39:276- 279.
- Wang, Z. M., K. M. Devos, C. J. Liu, R. Q. Wang, y M. D. Gale.** 1998. Construction of RFLP-based maps of foxtail millet, *Setaria italica* (L.) P. Beauv. *Theor. Appl. Genet.* 96:31–36.
- Wang, R. L., J. Wendell, y J. Dekker.** 1995a. Weedy adaptation in *Setaria* spp.: I. Isozyme analysis of the genetic diversity and population genetic structure in *S. viridis*. *Am. J. Bot.* 82:308–317.
- Wang, R. L., J. Wendell, y J. Dekker.** 1995b. Weedy adaptation in *Setaria* spp.: II. Genetic diversity and population genetic structure in *S. glauca*, *S. geniculata* and *S. faberii*. *Am. J. Bot.* 82:1031–1039.
- Wanous, M. K.** 1990. Origin, taxonomy and ploidy of the millets and minor cereals. *Plant Varieties and Seeds* 3: 99-112. <http://www.fao.org/agris>.
- Wattiaux, M. A.** 1996. Guía técnica lechera: Nutrición y Alimentación. Babcock Institute. Univ. de Wisconsin. En: <http://babcock.wisc.edu/publications/listing.lasso?locale=es>.
- Weiss, W. P.** 1993. Predicting the energy values of feeds. *J. Dairy Sci.* 76:1802.
- Weiss, W. P.** 1994. In *Forage Quality, Evaluation, and Utilization*. ASA, CSSA and SSSA, Madison, WI, USA., pp. 644-681.
- Weichenthal, B., D. Baltensperger, K. Vogel, S. Masterson, J. Blumenthal, y J. Krall.** 2003. Annual Forages for the Nebraska Panhandle. Cooperative Extension, IANR, Uni of NE., Lincoln. NebGuide G03-1527- A. p.1-4.
- Werth, E.** 1937. Zur Geographie und Geschichte der Hirsen. *Berlin. Angew. Bot.* 19:42–88.
- Williams, J. S.** 1962. The evaluation of a selection index. *Biometrics* 18: 375-393.
- Willweber-Kishimoto, E.** 1962. Interspecific relationships in the genus *Setaria*. *Contrib. Biol. Lab. Kyoto Univ.* 1–41.
- Wolf, D. P., J. G. Coors, K. A. Albrecht, D. J. Undersander, y P. R. Carter.** 1993. Forage quality of maize genotypes selected for extreme fiber concentrations. *Crop Sci.* 33:1353–1359.
- Yoshida, S., J. Forno, J. Cook, y K. Gome.** 1972. Laboratory manual for physiological studies of rice, IARI, Philippines.
- Yuan, A. P., A. B. Hou, F. Y. Zhang y Y. D. Guo.** 2008. Inheritance and effects of the photoperiod sensitivity in foxtail millet (*Setaria italica* P. Beauv). *Hereditas*. Vol. 145, 4: 147 – 153.

7. ANEXOS

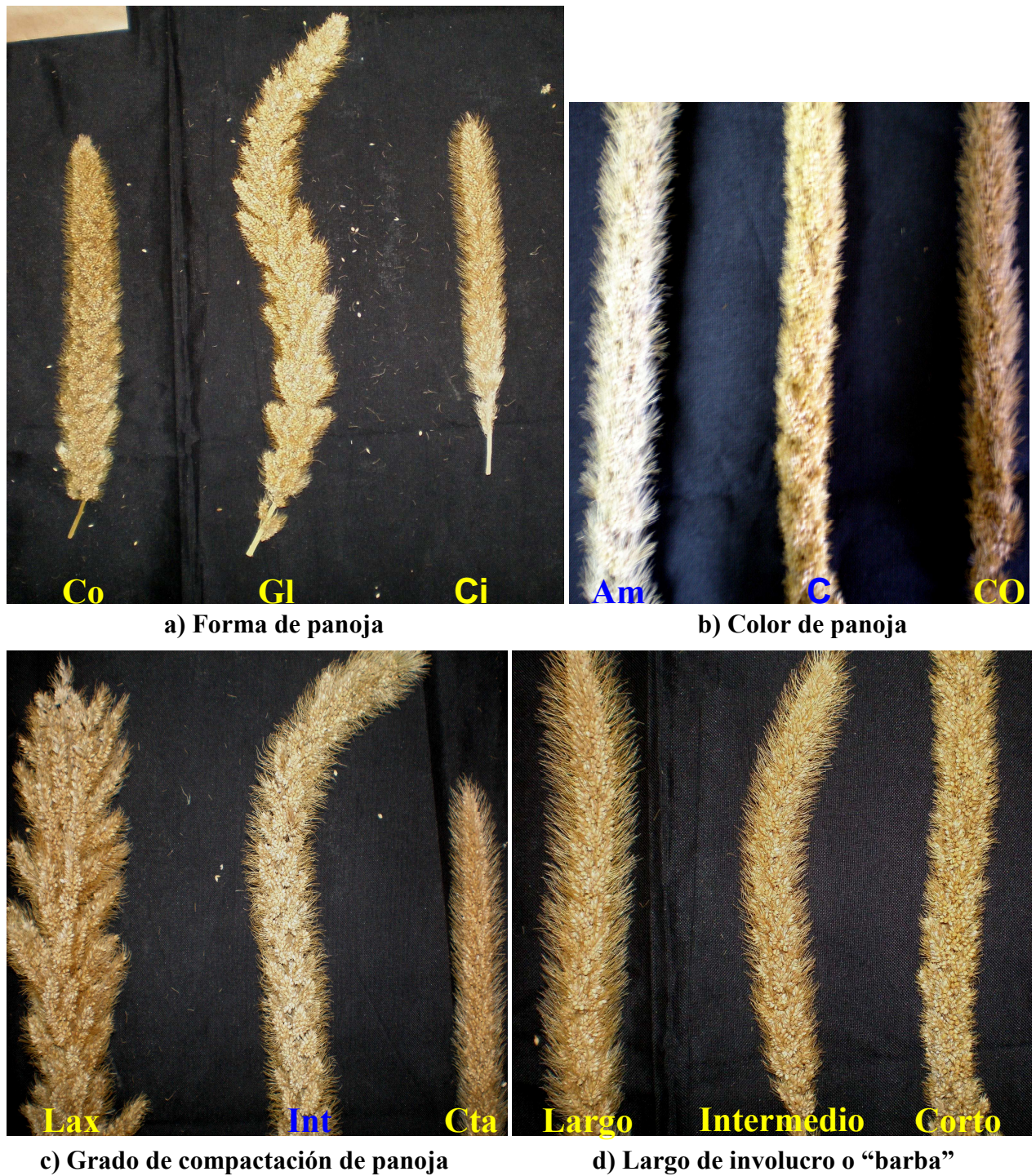
► ANEXO I: *Caracteres cualitativos de panoja*

Figura 5- Caracteres cualitativos de panoja. En 5a) Co=cónica, Gl=globosa y Ci=cilíndrica; en 5b) Am=amarillo, C=castaño y CO=castaño oscuro; 5c) Lax=laxa, Int=semi-compacta y Cta=compacta.

► ANEXO II: Interpretación del resultado del método *forward*

Según el método *forward* de selección de variables, fueron los caracteres largo de panoja, largo de lámina, número de macollos, FDA y altura de planta los que mejor explicaron las diferencias entre *Carapé* y *Yaguané*. De esta forma, se identificó un sub-grupo constituido por las cinco variables que más contribuyeron a separar las dos poblaciones (según el criterio del valor p), y se desestimaron las siete variables restantes debido a su escasa capacidad discriminadora o porque la información que aportan al modelo resultó redundante. El hecho de que el número de variables seleccionadas fuera menor que el número de variables introducidas en el análisis se debe a que algunas variables están altamente correlacionadas entre sí, de modo que algunas variables pueden ser explicadas por las otras y añaden poca información nueva para separar a las poblaciones. Otras variables se excluyeron porque no aportaron suficiente diferenciación en las características morfo-agronómicas de las poblaciones.

Si bien no se cumplieron todos los supuestos estadísticos necesarios para que el algoritmo de selección de variables discriminantes utilizado sea estrictamente válido, los resultados del método fueron concordantes con los datos obtenidos previamente sobre los valores medios, la variabilidad y las correlaciones de cada una de las variables. Intuitivamente, las variables que proporcionan la máxima discriminación entre las poblaciones serían aquellas que presentan las mayores diferencias entre poblaciones y las menores dispersiones dentro de las poblaciones para hacer que las diferencias entre medias sean efectivas para discriminar entre grupos. Además, aquellas variables más se correlacionan con las otras variables, sumado a las dos características antes mencionadas, sintetizarán información útil de otras variables con capacidad discriminadora.

Así, la primera variable seleccionada por el método fue el largo de panoja, siendo este caracter el que presentó las mayores diferencias entre ambas poblaciones (Cuadro 5) y que, además, estuvo altamente correlacionado con la mayoría de los caracteres (Gráfico 13).

La segunda variable discriminante seleccionada (largo de lámina) se destaca por presentar una baja variabilidad dentro de las poblaciones (Cuadro 8), lo que aumenta su potencial para separar a los grupos, aun cuando la diferencia entre medias es menor que en otros caracteres (Cuadro 5).

La capacidad discriminatoria del número de macollos se debe a que es el segundo caracter que presenta la mayor diferencia entre los valores medios de *Carapé* y de *Yaguané* (Cuadro 5) y presenta también una alta correlación con los caracteres que más aportan a la variabilidad de las poblaciones (Gráfico 13).

La selección de la variable FDA como una de las variables más discriminantes se basaría en que existen diferencias significativas entre las poblaciones, a que presenta una baja variabilidad intra-poblacional (Cuadro 8) y además explica una porción de variabilidad entre las poblaciones diferente a los otros cuatro caracteres seleccionados.

La última variable seleccionada para crear la función capaz de distinguir con la mayor precisión posible a los miembros de una u otra población fue la altura de planta, ya que fue la última que cumplió con el criterio de selección (valor de p menor a 0.15). A pesar de que las diferencias entre las poblaciones fueron mayores para los caracteres peso y ancho de panoja y ancho de lámina, la mejor capacidad discriminatoria de la variable altura de planta se explicaría por la menor variabilidad intra-poblacional de este carácter en relación a aquellos tres. Además, el aporte de información nueva por parte de el peso y ancho de panoja y el ancho de lámina sería limitada ya que estos caracteres están altamente correlacionados con el largo de panoja, el largo de lámina y el número de macollos (Gráfico 13), variables ya seleccionadas.