

**UNIVERSIDAD DE LA REPÚBLICA
FACULTAD DE AGRONOMÍA**

**VARIABILIDAD DE LA CALIDAD DEL FORRAJE EN UNA COLECCIÓN DE
Paspalum dilatatum Poir.: COMPOSICIÓN QUÍMICA Y DIGESTIBILIDAD**

por

Gonzalo ELORGA PIANZOLA

**TESIS presentada como uno de
los requisitos para obtener el
título de Ingeniero Agrónomo**

**MONTEVIDEO
URUGUAY
2019**

Tesis aprobada por:

Director:

Ing. Agr. Pablo Speranza

Ing. Agr. Ana Inés Trujillo

Ing. Agr. Mariana Carriquiry

Fecha: 26 de noviembre de 2019

Autor:

Gonzalo Elorga Pianzola

AGRADECIMENTOS

A aquellas personas que de alguna manera colaboraron en la elaboración del trabajo.

TABLA DE CONTENIDO

	Página
PÁGINA DE APROBACIÓN.....	ii
AGRADECIMIENTOS.....	iii
LISTA DE CUADROS E ILUSTRACIONES.....	vi
1. <u>INTRODUCCIÓN</u>.....	1
1.1 OBJETIVOS.....	2
1.1.1 <u>Objetivo general</u>.....	2
1.1.2 <u>Objetivos específicos</u>.....	2
2. <u>REVISIÓN BIBLIOGRÁFICA</u>.....	3
2.1 DEFINICIÓN DE FORRAJES.....	3
2.2 CARACTERIZACIÓN DE LAS PASTURAS.....	3
2.3 ALGUNOS FACTORES QUE AFECTAN LA CALIDAD	6
2.3.1 <u>Anatomía y morfología</u>.....	6
2.3.2 <u>Desarrollo fenológico</u>.....	6
2.3.3 <u>Genética: gramíneas tropicales vs. templadas</u>.....	8
2.3.4 <u>Ambiente</u>.....	10
2.3.5 <u>Manejo</u>.....	13
2.4 CALIDAD DE LAS PASTURAS URUGUAYAS.....	14
2.5 LA ESPECIE: <i>Paspalum dilatatum</i> Poir.....	14
2.5.1 <u>Fortalezas</u>.....	14
2.5.2 <u>Debilidades</u>.....	16
2.5.3 <u>Efectos de su inclusión en dietas pastoriles</u>.....	17
2.6 GENERACIÓN DE VARIABILIDAD EN APOMÍCTICAS.....	18
2.7 VARIABILIDAD GENÉTICA EN <i>Paspalum dilatatum</i> Poir.....	19
2.7.1 <u>El grupo dilatata</u>.....	19
2.7.2 <u>Variabilidad fenotípica en <i>Paspalum dilatatum</i> Poir...</u>.....	21
2.7.3 <u>Variabilidad en la colección actual</u>.....	23
2.8 HIPÓTESIS.....	25
3. <u>MATERIALES Y MÉTODOS</u>.....	26
3.1 ÁREA DE CULTIVO, DISEÑO EXPERIMENTAL Y CORTE.....	26
3.2 MATERIAL VEGETAL.....	26
3.3 PROCESAMIENTO DE LAS MUESTRAS.....	28

3.4 ANÁLISIS ESTADÍSTICO.....	28
4. <u>RESULTADOS</u>	30
4.1 VARIANZA ENTRE GRUPOS GENÉTICOS.....	30
4.2 VARIANZA ENTRE GENOTIPOS.....	32
4.3 VARIANZA ENTRE NIVELES DE PLOIDÍA.....	39
5. <u>DISCUSIÓN</u>	42
5.1 VARIANZA ENTRE GRUPOS GENÉTICOS.....	43
5.2 VARIANZA ENTRE GENOTIPOS.....	43
5.3 VARIANZA ENTRE NIVELES DE PLOIDÍA.....	44
6. <u>CONCLUSIONES</u>	45
7. <u>RESUMEN</u>	47
8. <u>SUMMARY</u>	48
9. <u>BIBLIOGRAFÍA</u>	49
10. <u>ANEXOS</u>	57

LISTA DE CUADROS E ILUSTRACIONES

Figura No.	Página
1. Porcentajes digestibilidad materia seca para gramíneas templadas y tropicales ..9	
2. Distribución espacial de la variabilidad en <i>Paspalum dilatatum</i> Poir.....20	
3. Origen de los genotipos recombinantes de <i>Paspalum dilatatum</i> Poir.....21	

Tabla No.

1. Composición morfológica de gramíneas templadas y tropicales.....9	
2. Incidencia de los factores ambientales en la calidad de las pasturas.....11	
3. Digestibilidad y proteína cruda de pasturas uruguayas.....14	
4. Algunas entidades del grupo Dilatata.....19	
5. Trabajos que analizan variabilidad en <i>Paspalum dilatatum</i> Poir.....23	
6. Genotipos de <i>Paspalum dilatatum</i> Poir. usados en el experimento.....27	
7. Análisis de diferencias en proteína cruda entre grupos.....30	
8. Contenido de proteína cruda para cada grupo.....30	
9. Análisis de diferencias en fibra detergente neutro entre grupos.....31	
10. Contenido de fibra detergente neutro para cada grupo.....31	
11. Análisis de diferencias en digestibilidad de la materia seca entre grupos.....32	
12. Digestibilidad <i>in sacco</i> de la materia seca para cada grupo.....32	
13. Análisis de diferencias en proteína cruda entre genotipos.....32	
14. Contenido de proteína cruda para cada genotipo.....33	
15. Análisis de diferencias en fibra detergente neutro entre genotipos.....34	
16. Contenido de fibra detergente neutro para cada genotipo.....34	
17. Análisis de diferencias en digestibilidad de la materia seca entre genotipos.....35	
18. Digestibilidad <i>in sacco</i> de la materia seca para cada genotipo.....36	
19. Diferencias en digestibilidad de la materia orgánica entre genotipos.....37	
20. Digestibilidad <i>in sacco</i> de la materia orgánica para cada genotipo.....37	
21. Análisis de diferencias en hojiosidad entre genotipos.....38	
22. % de hojiosidad para cada genotipo.....38	
23. Análisis de diferencias en proteína cruda entre niveles de ploidía.....39	
24. Análisis de diferencias en fibra detergente neutro entre niveles de ploidía.....40	
25. Diferencias en digestibilidad de la materia seca entre niveles de ploidía.....40	
26. Análisis de diferencias en hojiosidad entre niveles de ploidía.....41	
27. Diferencias en digestibilidad de la materia orgánica entre niveles de ploidía.....41	

28. Comparación con la bibliografía.....42

1. INTRODUCCIÓN

Una de las técnicas utilizadas para superar la estacionalidad productiva del campo natural es la implantación de mezclas forrajeras. Una mezcla forrajera es una población artificial formada por varias especies con diferentes características tanto morfológicas como fisiológicas. En dichas mezclas el aporte de la gama de especies y cultivares disponibles, se logra a través de distintos niveles de producción, diversos ciclos y distribuciones estacionales de la materia seca producida, así como de distintas calidades de forraje. En todos los casos se trata de cubrir las necesidades en producción de forraje según la época del año y/o los requerimientos animales. Las mezclas forrajeras están compuestas por gramíneas y leguminosas, ya que, estas especies separadas no proveen una buena pastura y, por consiguiente, con las mezclas mixtas ambas se complementan de manera más productiva y rentable.

En las pasturas cultivadas sembradas en Uruguay, constituidas por mezclas de especies de ciclo invernal y estival, la menor producción de forraje se registra en verano. Bajo las condiciones imperantes de Uruguay prosperan especies de clima subtropical como así también de clima templado. Para mejorar la producción de forraje del verano la solución definitiva deberá encontrarse en la utilización de especies nativas de ciclo estival. Las especies de ciclo estival que se utilizan son leguminosas y normalmente no se utiliza ninguna gramínea capaz de aportar forraje en este período. Entre las gramíneas perennes estivales de gran interés para la región, por sus excelentes tasas diarias de crecimiento en los meses calurosos y su reposo invernal, deben citarse: el “pasto miel” (*Paspalum dilatatum* Poir.), el pasto rhodes (*Chloris gayana*), la setaria (*Setaria anceps*), el pasto elefante (*Penisetum purperum*), el pasto llorón (*Eragrostis curvula*) y el agropyro (*Agropyron elongatum*). *Paspalum dilatatum* Poir. es una especie de gran productividad que cubre fácilmente la deficiencia estival de forraje de la mayoría de las mezclas convencionales, ofreciendo una entrega más homogénea a lo largo del año.

Paspalum dilatatum Poir. pertenece a la tribu de las Paníceas, subfamilia de las Panicoideas, familia Poaceae y forma parte del grupo taxonómico informal que incluye todos los biotipos del género *Paspalum*. Dicha especie se encuentra distribuida en las zonas húmedas subtropicales, es nativa de América del Sur, posee como centro de origen la región comprendida por Uruguay, centro este de Argentina y sur de Brasil y de dicho centro se ha dispersado al sureste de Estados Unidos, Australia, Nueva Zelanda, África tropical, Hawái y otras áreas. Su potencial forrajero ha sido ampliamente reconocido en la región y otras partes del mundo donde se la cultiva comercialmente. Dicho potencial radica en que en una pradera sembrada ocupa el nicho térmico existente para las gramíneas C4 contribuyendo a aumentar su producción de forraje, disminuyendo su

nivel de enmalezamiento, mejorando su distribución estacional y aumentando su persistencia y su estabilidad.

Speranza (2005a), usando marcadores moleculares de elevada precisión, reveló como se estructuraba la variabilidad genética en *Paspalum dilatatum* Poir. y enunció que ésta no se distribuía entre accesiones sino principalmente dentro de éstas, ya que, encontró amplios niveles de variabilidad entre y dentro de los grupos de genotipos que integraban cada una de dichas accesiones. Este hallazgo dio origen a una nueva colección de clones de dicha especie, colección que será estudiada en el presente trabajo, que se encuentra en Facultad de Agronomía de la Universidad de la República, en Sayago Montevideo Uruguay. Esta nueva colección se caracterizó desde diferentes puntos de vista, ya que, debido a la ineficiencia de la identificación morfológica de la variabilidad genética, era altamente probable que evaluaciones agronómicas realizadas anteriores a este descubrimiento hayan incluido muy poca de esa variabilidad genética. En este sentido Rodríguez (2010) realizó una caracterización morfológica y Michelini (2010) una caracterización morfofisiológica y en ambos trabajos se encontró variabilidad intraespecífica.

1.1 OBJETIVOS

1.1.1 Objetivo general

Analizar si los niveles de variabilidad genética se asocian con los niveles de variabilidad de características nutricionales.

1.1.2 Objetivos específicos

Examinar la variabilidad en algunos parámetros de calidad forrajera, estimados a través de la composición química y de la digestibilidad, entre y dentro de grupos de genotipos apomícticos alopentaploides híbridos (Grupos A, B, C, FCH Y CHD) y mutantes (Grupo D).

2. REVISIÓN BIBLIOGRÁFICA

2.1 DEFINICIÓN DE FORRAJES

Los forrajes, término muy genérico, comprenden todos aquellos materiales vegetales incluyendo tallos, hojas, semillas, flores que pueden ser consumidos por el animal. Este material puede ser verde o seco, cosechado por el animal o por el hombre (Church, 1984).

Existen diversas clasificaciones de los alimentos según los criterios considerados para su agrupación; la clasificación publicada en las Tablas latinoamericanas de clasificación y composición de alimentos (McDowell et al., 1974) agrupa a los forrajes en tres clases denominadas: Clase 1. Forrajes secos y alimentos toscos, Clase 2. Forrajes frescos y Clase 3. Forrajes ensilados; de acuerdo a esta clasificación, la Clase 2 comprende a pasturas, plantas de praderas y forrajes suministrados verdes, incluyendo todos los forrajes que no han sido cortados y secados. En esta definición, y considerando la particularidad de Uruguay, estarían comprendidas las pasturas naturales como *Paspalum dilatatum* Poir., las pasturas sembradas y los verdeos o cultivos forrajeros.

2.2 CARACTERIZACIÓN DE LAS PASTURAS

Este trabajo no busca caracterizar nutricionalmente a *Paspalum dilatatum* Poir. sino que pretende comparar distintos genotipos de dicha pastura, igualmente los datos obtenidos dan una primera idea del valor nutricional de la especie.

Las pasturas están compuestas por carbohidratos, proteína y compuestos nitrogenados no proteicos, lípidos, minerales y vitaminas; la cantidad y proporción en que se encuentran estos grupos, y la digestibilidad de los mismos, imparten en la pastura una calidad determinada (Piaggio et al., 2002). Los carbohidratos y las proteínas son los componentes mayoritarios y responsables del valor energético y proteico de los forrajes, los lípidos en términos generales están en baja proporción (Piaggio et al., 2002). La composición de la materia seca de todas las pasturas es muy variable y el contenido de humedad es alto y también variable y va de 60-85% (Van Soest, 1994). En condiciones de pastoreo (y considerando animales de producción media) las pasturas aportan todos los nutrientes que el animal necesita, aunque debido a su producción estacional marcada, existen momentos durante el año en que los animales no ven cubiertos sus requerimientos. Pero si las demandas son mayores (animales de alta producción),

algunos componentes de las pasturas se tornan limitantes, ya sea en cantidad como en el balance de los nutrientes aportados (proteínas, carbohidratos solubles, minerales (Cangiano, 1997).

Los carbohidratos en las pasturas representan el 45 – 80 % de la materia seca y constituyen la principal fuente de energía para el rumiante. De acuerdo a su rol en la planta se los clasifica en estructurales y no estructurales; el primer grupo constituye la mayor parte de la pared celular incluyendo hemicelulosas, celulosas y pectinas, y en el segundo grupo están los azúcares simples y complejos que participan en el metabolismo intermediario o son almacenados. El contenido de pared celular que posee un forraje puede ser determinado mediante la fracción fibra detergente neutro a través del sistema de análisis de alimentos que usa detergentes propuesto por Van Soest (1967). Los contenidos de compuestos de reserva y de azúcares libres dependen de las condiciones ambientales imperantes (condiciones que favorecen la fotosíntesis o que favorecen el crecimiento de la planta), como consecuencia, existen importantes variaciones en el contenido de azúcares solubles a lo largo del día y en las distintas estaciones de crecimiento (Van Soest, 1994).

El tenor en proteína cruda es uno de los componentes más variable en las pasturas, los factores que inciden sobre la calidad modifican el contenido de proteína. Las proteínas foliares se concentran principalmente en los cloroplastos, a su vez el 40 % de estas proteínas cloroplásticas son solubles en soluciones tampón y están constituidas en su mayoría por la fracción 1 o ribulosa 1-5 difosfato carboxilasa que cataliza la fijación de carbono (Jarrige et al., 1995). Los constituyentes no proteicos de las pasturas representan de un 20 a un 35 % del nitrógeno total (Church, 1984). Químicamente, el contenido de proteína de los alimentos se calcula a partir del contenido en nitrógeno, que se determina mediante la clásica técnica de Kjeldahl modificada. El análisis proporciona una cifra que incluye el nitrógeno de casi todos los orígenes, excepto los nitritos, nitratos y ciertos compuestos cíclicos nitrogenados cuya determinación requiere técnicas especiales. El cálculo del contenido proteico de los alimentos a partir del contenido de nitrógeno, se basa en dos supuestos: en primer lugar, que todo el nitrógeno de los alimentos se encuentra en las proteínas, lo que es falso, ya que, pueden existir numerosos compuestos nitrogenados no proteicos, y en segundo lugar, que todas las proteínas contienen 160 gramos de nitrógeno por kilogramo, lo que también es falso, ya que, las distintas proteínas de los alimentos tienen distintos contenidos de nitrógeno. En consecuencia, el contenido de nitrógeno de los alimentos se expresa en porcentaje de proteína cruda (McDonald et al., 2006).

La digestibilidad de un alimento, por ejemplo de una pastura, puede definirse, con cierto grado de exactitud, como la cantidad que no se excreta en las heces y que, por

tanto, se considera absorbida por el animal. Puede expresarse como coeficiente o como porcentaje de distintas formas. Por ejemplo, hay que diferenciar la digestibilidad de la materia seca de un alimento de la digestibilidad de la materia orgánica (o de los distintos componentes de la materia orgánica); entre la digestibilidad aparente y la digestibilidad real, y entre la digestibilidad en todo el tracto digestivo y en algunas partes del tracto digestivo. Por otra parte, la digestibilidad puede determinarse directamente en los animales (digestibilidad *in vivo*), o indirectamente, tanto en el laboratorio (*in vitro*) como mediante el empleo de bolsas poliéster (*in sacco*, McDonald et al., 2006).

La calidad de una pastura debe reflejar su capacidad de satisfacer los requerimientos de un animal, para un objetivo de producción particular, y la mejor manera de expresarlo es a través de la respuesta animal obtenida cuando ésta es ofrecida. Resultaría imposible, además de altamente costoso, intentar determinar la calidad de las pasturas a través de determinaciones de respuesta animal, tanto por la infinidad de especies como por las múltiples y complejas interacciones planta-animal-ambiente involucradas en la determinación de una respuesta particular. Esta dificultad condujo a la búsqueda de parámetros que fueran de fácil determinación y presentaran alto valor predictivo de la respuesta animal. A partir de la década del 70 la definición más aceptada de calidad ha sido la realizada por Raymond (1969). Dicha definición expresa que la calidad es función de la cantidad de alimento consumido y la proporción del alimento que se pone a disposición del animal mediante la digestión y el metabolismo de los nutrientes. Para dicho autor la calidad estaría determinada por el consumo, la digestibilidad y la eficiencia de utilización de los nutrientes. En la mayoría de los trabajos ha sido determinada únicamente la digestibilidad debido a la dificultad de realizar determinaciones de consumo y de eficiencia de utilización de los nutrientes. Muchas veces se asume que la digestibilidad está fuertemente asociada al consumo y eficiencia, pero si bien están relacionados, esta afirmación no es siempre verdadera, ya que, el nivel de consumo de pasturas responde a una compleja interacción de factores tanto de la planta como del animal y del ambiente, más aún en condiciones de pastoreo (Piaggio et al., 2002).

A su vez, las determinaciones de digestibilidad resultan muy laboriosas y costosas a la hora de caracterizar la calidad de varias pasturas por lo que se han realizado importantes esfuerzos en desarrollar ecuaciones de predicción de la calidad de éstas a través de relaciones simples entre fracciones químicas y la digestibilidad y/o el consumo voluntario, ya que, los componentes de la calidad están fuertemente determinados por las fracciones químicas. Dentro de estas fracciones, las más utilizadas han sido el contenido de proteína, fibra cruda, celulosa, lignina, fibra detergente neutro, fibra detergente ácido, además de otras fracciones o entidades químicas (Piaggio et al., 2002). La fibra detergente neutro está inversamente correlacionada con el consumo voluntario y

la concentración de lignina con la digestibilidad, mientras que el contenido de proteína cruda está directamente correlacionado con ambos parámetros (Van Soest, 1994).

2.3 ALGUNOS FACTORES QUE AFECTAN LA CALIDAD DE LA PASTURA

2.3.1 Anatomía y morfología

La proporción de las diferentes partes en la biomasa aérea de una planta o comunidad vegetal, expresada en porcentaje o como la relación entre ellas, es la que se define como composición morfológica de una planta o una pastura (lámina, vaina, tallo en gramíneas). La hoja, que cumple una función de síntesis y asimilación de carbohidratos, presenta alta proporción de tejido parenquimatoso localizado en el mesófilo (tejidos comprendidos entre la epidermis del haz y envés de las hojas); esto le imprime características de altos contenidos de nitrógeno y carbohidratos no estructurales y por consiguiente elevada calidad. Los tallos presentan alta proporción de tejido vascular y de tejidos de sostén, y su calidad se considera variable, ya que, depende del contenido de carbohidratos estructurales que presente. Los órganos de reserva de nutrientes (semillas, tubérculos, etc.) constituyen estructuras de supervivencia y tienen alta calidad, mientras que las estructuras de defensa, que implican tejidos lignificados y altos contenidos de cutina, se caracterizan por su baja calidad (Trujillo y Uriarte, 2007).

Desde un punto de vista funcional, es posible diferenciar en una planta tejidos de asimilación y síntesis (tejidos parenquimatosos), tejidos de conducción y transporte de sustancias (tejido vascular: floema y xilema), tejidos de sostén o mecánicos (esclerenquima y colénquima) y tejidos de recubrimiento o protección (epidermis). Estos tejidos son degradados en forma diferencial por los microorganismos del rumen, en primer lugar los tejidos que más rápidamente son degradados son los parenquimatosos (clorofiliano y de reserva) y el floema, le siguen la epidermis y la vaina parenquimática, luego el esclerenquima y por último el tejido vascular lignificado (Hacker, 1981).

2.3.2 Desarrollo fenológico

Desde el punto de vista del desarrollo fenológico de la planta, existen dos estados diferentes en términos de su comportamiento fisiológico y su respuesta al pastoreo: a) el estado vegetativo, que comprende la generación de hojas y macollos o tallos, previo a la iniciación de la inflorescencia, y b) el estado reproductivo, que abarca el período comprendido entre la iniciación de la inflorescencia y su evolución posterior, hasta el

desarrollo de las semillas (Cangiano, 1977). A medida que crecen las plantas, necesitan mayor cantidad de tejido para mantener la estructura, de modo que aumentan la cantidad de carbohidratos estructurales (celulosa y hemicelulosa) y de lignina, al tiempo que desciende el contenido en proteína; por consiguiente, existe una relación inversa entre los contenidos de proteína cruda y fibra bruta en las distintas especies, aunque dicha relación puede superarse por la aplicación de fertilizantes nitrogenados. Además de los cambios en los componentes orgánicos, se producen otros cambios en los componentes minerales o cenizas, ya que, el contenido total de cenizas disminuye al avanzar el desarrollo fenológico (McDonald et al., 2006).

La digestibilidad desciende a medida que las plantas maduran, aunque la relación no es constante, ya que existe un período, durante la primavera, de hasta un mes de duración, en que la digestibilidad de las plantas herbáceas permanece relativamente constante. Este período se ha denominado “plateau”. En algunas especies vegetales, el final de éste período guarda relación con la formación de las inflorescencias, tras lo cual, puede descender bruscamente la digestibilidad. El descenso de la digestibilidad en relación con la fase de crecimiento también se refleja en los valores de energía neta; el bajo valor de energía neta de la hierba madura se debe, no solo a la baja digestibilidad, sino también al alto contenido en celulosa, ya que, la digestión de este polisacárido en el rumen, así como el metabolismo de los productos finales, origina una elevación en el incremento térmico (McDonald et al., 2006).

En relación a las variaciones morfológicas con el desarrollo fenológico, tanto en gramíneas como leguminosas, se produce un aumento en la proporción de tallos; simultáneamente ocurren cambios químicos que resultan en una menor digestibilidad del tallo (aumento en la proporción de pared celular fundamentalmente de los componentes hemicelulosa y lignina) y una reducción de los compuestos nitrogenados y solubles. El efecto de incremento de la proporción de tallos, cuya digestibilidad disminuye, resulta en una disminución de la digestibilidad de la planta entera (Van Soest, 1994). Es pertinente agregar que en las gramíneas tropicales la merma de la digestibilidad, a medida que maduran, se debe principalmente a la disminución de la digestibilidad tanto de la hoja como del tallo y no al aumento que se produce en la proporción de tallo, ya que, la digestibilidad en materia seca de las fracciones hoja y tallo de las gramíneas tropicales es similar (Skerman y Riveros, 1992). En cuanto al porcentaje de proteína cruda de las gramíneas tropicales se puede afirmar que éste disminuye a medida que maduran; esta disminución se debe a un aumento en la proporción del tallo, cuyo porcentaje de proteínas es inferior al de las hojas, y por la disminución del porcentaje de proteína cruda de las fracciones tallo y hoja según envejecen (Skerman y Riveros, 1992).

2.3.3 Genética: gramíneas tropicales vs. templadas

Teniendo en cuenta que las condiciones ambientales para las distintas regiones, tropical, subtropical y templada son diferentes, es posible suponer que las especies de pasturas que se han adaptado a las mismas, pueden diferir en su respuesta a los principales parámetros climáticos. En este sentido, es posible ubicar a las gramíneas en dos grupos: por un lado tropicales y subtropicales y por otro templadas. Los dos grupos de gramíneas difieren ampliamente entre sí en su respuesta a variaciones de luz y temperatura y su diferente comportamiento forrajero se debe fundamentalmente a diferencias en el metabolismo fotosintético, ya que, producen sustancias con 3 o 4 átomos de carbono (plantas C3 y plantas C4), como compuestos intermediarios de la fotosíntesis. La mayoría de las gramíneas tropicales domésticas son plantas C4, mientras que la mayoría de las gramíneas perennes templadas son plantas C3. Las plantas C4 tienden a presentar tasas de crecimiento y producción de materia seca mayores a las C3 (son fotosintéticamente más eficientes que las C3) así como una mayor adaptación a ambientes cálidos y áridos, pero su calidad es menor que las C3 (Carámbula, 1996).

Existen diferencias anatómicas importantes que explican las diferencias en calidad. El tipo de arquitectura (altas y erectas) de muchas especies C4, requiere un mayor porcentaje de tejidos de sostén (esclerenquima); a su vez estas especies presentan, en general, menor proporción de mesófilo (28-47% vs. 53-67%) y mayor proporción de tejido vascular (6-12% vs. 3-9%) que las C3 y poseen vainas parenquimáticas bien desarrolladas (12-33 % vs. 5-20%) con cloroplastos adyacentes al tejido vascular (Jarrige et al., 1995). En plantas C4 un porcentaje importante del área total lo representa la vaina parenquimática kranz que es más lentamente digestible que el clorénquima y el floema (Tivano et al., 1990); esta vaina difiere en su facilidad de degradación entre las distintas especies y cultivares (Akin y Burdick, 1975). La estructura histológica de las gramíneas de tipo C4, caracterizada por elevadas proporciones de haces vasculares, esclerenquima y vainas parenquimáticas de los haces, compromete el valor nutritivo de estas plantas forrajeras (Wilson y Hatfield, 1997). Las células especializadas de la estructura kranz le permite mayor eficiencia metabólica a las gramíneas C4 pero limitan su calidad nutritiva (Wilson y Kennedy, 1996). Las diferencias en composición química de gramíneas templadas y tropicales refleja además de una diferencia anatómica, una diferencia de composición morfológica. Las gramíneas tropicales presentan en promedio menor proporción de láminas, fracción de mayor valor nutritivo, como se visualiza en la Tabla 1.

Tabla 1. Composición morfológica (% de la materia seca) de gramíneas templadas y tropicales

GRAMINEAS	FRACCIÓN MORFOLÓGICA (% materia seca)		
	Lámina	Vaina	Tallo+estolón+inflorescencia
Tropicales	31 a 76	22 a 36	2 a 44
Templadas	58 a 96	5 a 20	0 a 22

Fuente: Jarrige et al. (1995).

En referencia a los valores de digestibilidad, las gramíneas templadas presentan una significativa superioridad con respecto a las tropicales, 68% vs. 55% respectivamente (Hacker, 1981). Al observar el histograma de frecuencia de valores de digestibilidad de gramíneas (Figura 1) se deduce que el rango de digestibilidad está claramente desfasado hacia los valores bajos en las tropicales (Van Soest, 1994). Las especies templadas presentan mayores tasas de digestión y menor resistencia a la ruptura o aprehensión por parte del animal lo cual favorece un mayor nivel de consumo; en este sentido vale agregar que las diferencias anatómica resultan también en diferencias físicas relacionadas a la reducción del tamaño de partícula por masticación (Hacker, 1981).

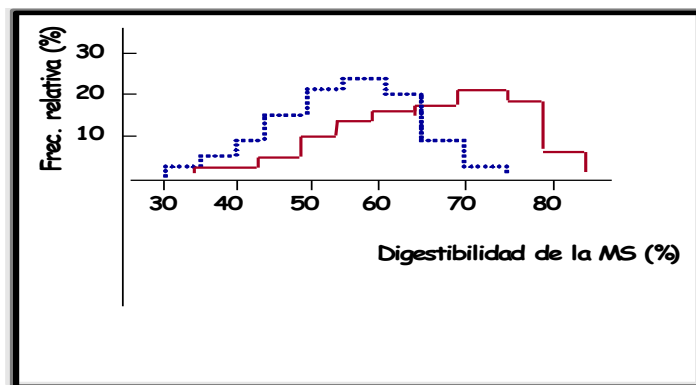


Figura 1. Histogramas de frecuencias relativas de porcentajes de digestibilidad de la materia seca para gramíneas templadas (entera) y tropicales (punteada)

Fuente: Van Soest (1994).

La inferior digestibilidad de las gramíneas tropicales se vincula estrechamente a las altas temperaturas en que se cultivan; la digestibilidad de la materia seca de los rebrotes mensuales de las gramíneas tropicales y de clima templado, cultivadas en diversas temperaturas, presentó una relación negativa con la temperatura media diaria, $r = -0.76$. Estudios realizados en locales con ambiente regulado artificialmente confirman que la digestibilidad disminuye como consecuencia del aumento de la temperatura; también otros estudios encontraron que la digestibilidad *in vivo* de las gramíneas tropicales cultivadas a temperaturas bajas y húmedas fue similar a la que normalmente se observa en las gramíneas de clima templado (Skerman y Riveros, 1992).

En términos generales, las especies templadas tienen mayor calidad que las tropicales, presentando mayores valores de digestibilidad y consumo voluntario, así como mayores tenores de proteína cruda y otros nutrientes como minerales (principalmente fósforo). Comúnmente las gramíneas templadas tienen menor contenido de pared celular (y la composición de esa pared celular presenta menor contenido de lignina y mayor relación celulosa/hemicelulosa) que las gramíneas tropicales (Van Soest, 1994). Las características mencionadas anteriormente de las pasturas afectan notablemente las producciones animales; en el caso de gramíneas tropicales y subtropicales, la limitante mayor es un consumo bajo de energía digestible y en proteínas asociado a la baja digestibilidad (Carámbula, 1996).

2.3.4 Ambiente

Uruguay está ubicado geográficamente en una región que es afectada por masas de aire de distinto origen; esta situación lo expone a cambios bruscos en el estado del tiempo, con registros de temperatura y lluvias sensiblemente alejados al promedio y la importancia de estos parámetros excede a todos los demás factores que afecten el comportamiento de la vegetación (Carámbula, 2002). El estrés ambiental puede ser causado por varios motivos, pero los de mayor incidencia, y en orden de importancia son: la temperatura, el déficit hídrico, la radiación solar, la deficiencia de nutrientes y las enfermedades (Van Soest, 1994).

Las dos estrategias desarrolladas por las plantas con el objetivo de la supervivencia consisten en almacenaje de sustancias de reserva y defensa contra agresiones externas. El almacenaje de sustancias de reserva es esencial para la supervivencia en condiciones adversas así como para usarse de base para el rebrote siguiente a períodos adversos de clima o defoliación (pastoreo o corte). Estas sustancias de reserva son altamente digestibles. Los mecanismos de defensa contra agresiones externas como vientos, enfermedades y pastoreo se realizan mediante la síntesis de

compuestos como lignina, cutina, fenoles, taninos, alcaloides cuya presencia reduce la calidad (Van Soest, 1994).

El resultado de los efectos ambientales está relacionado con el balance entre el efecto en la tasa de fotosíntesis y la tasa de crecimiento de la planta. Si la tasa de fotosíntesis es menos afectada que la tasa de crecimiento, los productos de la fotosíntesis se acumulan como pared celular o como azúcares solubles y aminoácidos para mantener el potencial osmótico. Los factores ambientales que estimulan el crecimiento promueven el uso de las reservas y el desarrollo de la parte aérea (vegetativa). El envejecimiento conduce a la muerte de los tejidos, trasladándose las reservas a los órganos de almacenamiento (tallos, raíces o semillas) dejando como resultado material muerto, con muy alto contenido en pared celular (Trujillo y Uriarte, 2007). En la Tabla 2 se esquematizan los efectos de los factores ambientales más importantes, sobre la calidad de las pasturas.

Tabla 2. Incidencia de los factores ambientales en la calidad de las pasturas

	Temperatura	Luz	Fertilización nitrogenada	Agua	Defoliación
Producción MS	+	+	+	+	-
CHO solubles	-	+	-	-	+
Nitratos	-	-	+	s/d	S/d
Pared celular	+	-	+/-	+	-
Lignina	+	-	+	+	-
Digestión	-	+	+/-	-	+

Fuente: Van Soest et al. (1978).

La falta de agua tiende a retardar el desarrollo de plantas perennes y por lo tanto retrasa la maduración, con el resultado de un ligero aumento en la digestibilidad y una menor producción de materia seca por hectárea. El déficit hídrico resulta en una disminución del agua fuera de las células, aumentando la presión osmótica en los líquidos extracelulares, el ajuste de la presión osmótica de la célula implica disminuir el potencial osmótico lo cual se logra manteniendo mayores niveles de azúcares solubles e iones dentro de las células, por lo cual vías de síntesis de carbohidratos estructurales así como de almacenaje de reservas se ven resentidas. Se da un efecto de reducción de producción de materia seca por unidad de superficie, fundamentalmente en el contenido de pared celular y lignina, con una mayor calidad (Piaggio et al., 2002).

La temperatura es el factor que ejerce mayor influencia en la calidad del forraje. Al aumentar la misma, la digestibilidad disminuye como resultado de la combinación de dos efectos: alta temperatura ambiente resulta en aumento de la lignificación de la pared celular, y además promueve un incremento de la actividad metabólica con elevación de la tasa de crecimiento, lo cual disminuye el pool de metabolitos en el contenido celular. Esta actividad reduce el contenido de nitratos, de proteína, y de carbohidratos solubles del pool metabólico, mientras aumentan los componentes de la pared (Piaggio et al., 2002).

A mayor luz incidente mayor calidad de las pasturas. El efecto de la luz es ejercido directamente en el metabolismo de la planta a través de la fotosíntesis. Luz adicional promueve la acumulación de azúcares y el metabolismo general del nitrógeno. El nitrato absorbido por las plantas requiere energía proveniente de la fotosíntesis para su reducción a amonio y síntesis de aminoácidos. Por esta razón, a mayor luz menor contenido de nitratos en la planta. El contenido de pared celular y lignina también disminuye a mayor luz incidente, por un efecto de dilución provocado por el aumento de azúcares solubles, aminoácidos y ácidos orgánicos, lo que mejora la digestibilidad de la pastura (Piaggio et al., 2002).

La fertilización nitrogenada tiene un efecto positivo sobre la producción de materia seca y el contenido de proteína. Los aminoácidos y las proteínas son sintetizados a partir de los azúcares por lo tanto los carbohidratos solubles disminuyen. Este efecto se acelera a temperaturas altas (Piaggio et al., 2002). Es pertinente aclarar también que la aplicación de fertilizantes nitrogenados a las gramíneas tropicales generalmente no tiene un efecto persistente sobre la digestibilidad de la materia seca (Skerman y Riveros, 1992). En algunos estudios, los fertilizantes nitrogenados aumentaron la digestibilidad de la materia seca en 9 %, mientras que en otros se produjo una disminución de 3 %; no se conocen las causas de estas respuestas diferentes a los fertilizantes nitrogenados pero no parecen ser provocadas por diferencias en rendimiento, proporción de hojas o floración (Skerman y Riveros, 1992).

La defoliación (pérdida física de hojas y tallos) le significa un estrés importante a la planta el cual la obliga a movilizar las reservas para formar nuevas hojas y recomponer la capacidad fotosintética; este proceso frena la lignificación por lo cual es siempre positivo para la digestibilidad de la planta (Piaggio et al., 2002).

2.3.5 Manejo

En un sentido amplio, un adecuado manejo debe considerar la interacción planta-animal-ambiente con el objetivo de alcanzar máximos rendimientos de las pasturas en cantidad y calidad, con la mejor estabilidad y persistencia de las mismas, junto al óptimo de producción animal (Carámbula, 1997). Existen muchos factores de manejo que inciden en la calidad de las pasturas, considerando la interfase planta-animal: i) factores del animal y consumo ya que hay diferencias entre razas vacunas y ovinas en la cantidad y selectividad de las pasturas ingeridas; ii) carga animal pues la dotación o número de animales por hectárea es uno de los factores más importantes en determinar el rendimiento de las pasturas y la productividad animal; las altas cargas animales pueden llevar a la desaparición de las mejores especies pastoriles y a la aparición de alto número de malezas en pasturas naturales (Carámbula, 1996); iii) manejo del pastoreo ya que a través de distintos tipos de manejo (continuo, controlado, rotativo, en franjas), se ejerce un control sobre el área de pastura que condiciona la calidad y el aprovechamiento de la misma; iv) otros factores de manejo que afectan las características de la pastura, si bien no involucran directamente al animal, son el corte para reserva y la quema (Trujillo y Uriarte, 2007).

En relación al manejo del pastoreo vale aclarar que en los sistemas de pastoreo continuo los animales se mantienen durante todo el año en la misma zona. En dichos sistemas, la carga ganadera ideal es aquella que permite mantener un equilibrio perfecto entre el crecimiento del rebrote y el consumo por los animales; en esta situación, los animales se encuentran con un aporte constante de hierba tierna. En la práctica, esta situación ideal raramente se consigue. Si el ritmo de crecimiento supera al ritmo de consumo, la hierba se acumula y madura, lo que reduce la calidad del material ofrecido. No obstante, el aumento de la cantidad de la hierba ofrecida, permite a los animales pastar selectivamente, de modo que pueden compensar, hasta cierto punto, el descenso general de la calidad, seleccionando plantas o partes de las mismas, de mayor calidad que el resto (McDonald et al., 2006). En los sistemas de pastoreo rotacional, los pastos son ocupados durante breves períodos de tiempo con alta carga ganadera y presión de pastoreo; los animales consumen la mayor parte de la hierba ofrecida y, a continuación, los pastos permanecen en descanso durante períodos de tiempo más largos para su recuperación. Así, en esos sistemas de pastoreo rotacional, los animales reciben hierba de una calidad relativamente constante (McDonald et al., 2006).

2.4 CALIDAD DE LAS PASTURAS URUGUAYAS

Para Uruguay, Mieres (2004) recopila datos de digestibilidad y proteína de distintas pasturas. En la Tabla 3 se presentan los datos de mayor digestibilidad con sus respectivos valores de proteína. El autor también aclara que se debe tener en cuenta que las pasturas muestran gran variación en calidad según su etapa de crecimiento, fracción de la planta involucrada (hoja, tallo, fruto), variaciones en las condiciones ambientales (suelo, clima, fertilizaciones), el material genético y el manejo, factores éstos que fueron explicados anteriormente.

Tabla 3. Digestibilidad de la materia orgánica (% DMO) y proteína cruda (% PC) de pasturas uruguayas

PASTURA	% DMO	% PC
Cynodon	46,85	5,21
Paspalum	49,2	11,5*
Sorgo forrajero	58,4	6
Gramíneas invernales	77,28	24,68
Gramíneas estivales	69,21	17,12

**Paspalum dilatatum* Poir. (Ciam et al., 2003)

Fuente: Mieres (2004)

2.5 LA ESPECIE: *Paspalum dilatatum* Poir.

2.5.1 Fortalezas

Paspalum dilatatum Poir. origina forraje durante una larga estación, siendo la primera de las gramíneas estivales en comenzar a producir y la última en entrar en reposo otoñal. Es una cespitosa muy productiva que posee un rápido crecimiento y luego de una sequía cubre el suelo mucho más rápidas que cualquier otra especie (Formoso, 2002). Es apetecible por el ganado hasta emergencia de panoja, mientras prevalecen los estados vegetativos y de alargamiento (Carámbula, 1982).

Ocupa el lugar que colonizan malezas graves para las pasturas, tales como *Cynodon dactylon* (gramilla), aumentando así la persistencia de dicha pastura, en ese sentido es considerada como una especie competidora de las malezas (Formoso, 2002). Cuando está totalmente establecida, compite bien con las malezas de hoja ancha (Skerman y Riveros, 1992). Tejera et al. (2015) compararon una mezcla convencional de *Festuca arundinacea*+*Trifolium repens*+*Lotus corniculatus* con otra mezcla de *Festuca arundinacea*+*Trifolium repens*+*Lotus corniculatus*+*Paspalum dilatatum* Poir. y con otra mezcla de *Festuca arundinacea*+*Trifolium repens*+*Lotus corniculatus*+*Paspalum notatum* y encontraron que al agregar *Paspalum dilatatum* Poir. aumenta la cobertura del suelo en otoño; Además concluyeron que la competencia de *Paspalum notatum* y *Paspalum dilatatum* Poir. con *Festuca arundinacea* fue similar al comparar biomasa pero fue mayor con *Paspalum notatum* al comparar cobertura del suelo, por lo que *Paspalum dilatatum* Poir. sería más apto para agregar a la mezcla convencional, ya que, no compite tanto, como *Paspalum notatum*, con *Festuca arundinacea* y entonces se logra una mayor cobertura del suelo quedando menos espacio libre para que invadan malezas.

Presenta niveles de aclimatación al frío mayores que otras especies C4 (Cavaco et al., 2003). También se adapta a distintas condiciones edáficas y a un amplio rango de humedades, lo que le permite vivir en diferentes tipos de suelos, siendo tolerante a la humedad excesiva y al mismo tiempo resistente a la sequía, esto último debido al volumen importante de raíces que posee y a su profundidad de arraigamiento (Rosengurtt 1943, 1946, 1970).

Sus condiciones de rebrote, desde zonas ubicadas debajo del nivel del suelo, permiten que se le realice defoliaciones intensas y que soporte el pisoteo y el diente de los animales (Carámbula, 2002). Asimismo varios autores concuerdan en que el contenido de reservas en esta especie desempeña en los rebrotes un rol más importante que la superficie foliar remanente; esto significa que bajo condiciones de pastoreo diferido, tanto la morfología de la planta, con respecto a la ubicación de sus puntos de crecimiento, como su fisiología, a través de órganos de reserva, permiten realizar pastoreos severos sin alterar la eficiencia de los rebrotes (Carámbula, 2002). Bennet, citado por Skerman y Riveros (1992) expresa que si no se pastorea a menos de 5 a 7.6 centímetros producirá hasta tres veces el forraje que produce si se pastorea más a ras de tierra. Según Rosengurtt (1943, 1946) es uno de los pastos productivos que demora más en exterminarse en las degradaciones pratenses.

2.5.2 Debilidades

A pesar de sus características favorables como forrajera, esta especie presenta limitantes. Es atacada por una enfermedad causada por la infección fungosa de *Claviceps paspali* Stev. & Hall (cornezuelo). Dicha enfermedad, aparece primeramente como una exudación oscura y pegajosa de las espiguillas, la cual contiene muchas esporas diminutas que propagan la enfermedad a las inflorescencias sanas; en esta etapa se origina, en las espiguillas infectadas, la estructura denominada esclerocio, que reemplaza ovarios y granos, dicho esclerocio en otoño madura y cae al suelo donde permanece en estado latente hasta la primavera siguiente (Skerman y Riveros, 1992). *Claviceps paspali* Stev. & Hall es difundido fundamentalmente por insectos pero también por el viento (D' Espósito y López, 2001). Vale aclarar también que las inflorescencias infectadas por *Claviceps paspali* Stev. & Hall pueden resultar tóxicas para los animales que las consuman debido a los alcaloides piridínicos del esclerocio; los animales intoxicados muestran inicialmente excitación, desconfianza de las personas y tendencia a atacar y más tarde presentan temblores, parecen perder el control muscular, se tambalean y pueden caer (Skerman y Riveros, 1992).

En Uruguay, al postergar en el tiempo la cosecha del semillero de *Paspalum dilatatum* Poir., se pueden encontrar infecciones de *Claviceps paspali* Stev. & Hall que dificulten dicha cosecha, esas infecciones son más frecuentes cuando el año es más húmedo de lo normal (Dartayete et al., 1992), o sea que si bien las semillas maduran escalonadamente a lo largo del ciclo (Carámbula, 1977) hay una tendencia estacional definida en producción y calidad de las mismas, obteniendo mayores rendimientos potenciales y de semillas llenas en primavera y principios de verano, por lo que se recomienda que sea en ese momento la cosecha (García, 1971).

Paspalum dilatatum Poir. produce abundante semillas pero la maduración ocurre desde la punta de los racimos hacia abajo, quienes se desgranar tan pronto maduran, lo que hace que sea una especie de cosecha compleja (Skerman y Riveros, 1992). Cuña et al. (2012) compararon el desarrollo fenológico de la panoja, la curva de caída y la calidad de la semilla de *Paspalum dilatatum* Poir. cultivar Estanzuela “tipo Chirú” y de *Paspalum dilatatum* Poir. subespecie *flavescens* y encontraron que existen diferencias importantes entre estos materiales, que deben considerarse para optimizar la cosecha de semilla. Los datos obtenidos permiten una aproximación a lo que sucede en cada panoja. En Chirú el máximo desgrane ocurrió entre los 270 y 400 grados días desde emergencia de la panoja y en *flavescens* el máximo desgrane ocurrió entorno a los 300-400 grados días desde emergencia de la panoja.

Su semilla se caracteriza por presentar latencia, lo que hace necesaria su escarificación, proceso dificultoso para los productores (Formoso, 2002). Además, como todas las gramíneas perennes, tiene una lenta implantación, en tal sentido se puede decir que luego de la siembra demora varias semanas en germinar, que a los cuatro meses las plantas adquiere vigor y que se presentan fuertes como para ser pastoreadas desde el segundo año (Carámbula, 1982). Glison (2013) encontró variabilidad entre genotipos al evaluar la respuesta germinativa de sus semillas por lo que esta limitante no afecta de igual manera a todos los materiales.

En condiciones de pastoreo es difícil asociarla con las especies templadas comúnmente empleadas, como *Festuca arundinacea*, *Trifolium repens* y *Lotus corniculatus*, pues requiere una alta presión de pastoreo estivo-otoñal poco adecuada para dichas acompañantes (Formoso, 2002). En mezclas forrajeras es lo último que consumen y si se *pasa* directamente lo rechazan; con *Trifolium repens* o *Trifolium pratense* o *Lotus corniculatus* o *Medicago sativa*, al tercer año domina la mezcla y ésta se convierte en un Paspalar (Formoso, 2002).

2.5.3 Efectos de su inclusión en dietas pastoriles

En Uruguay la principal limitante de las mezclas forrajeras convencionales usadas es la baja disponibilidad que poseen para ser pastoreadas debido a su corta duración. Una de las causas de esta corta duración es su enmalezamiento prematuro como describe Costa (2015) y dicho enmalezamiento puede evitarse, aumentando la diversidad de las mezclas, agregando en ellas por ejemplo a la especie en estudio, pues ocupa el lugar que colonizan las malezas. También la corta duración de estas mezclas forrajeras puede deberse a factores climáticos, como la disponibilidad de agua en el suelo en verano, ya que, en años en que la disponibilidad de agua es baja las mezclas tienden a ser sobre-pastoreadas, lo que lleva a disminuir su producción y su persistencia, esto también puede evitarse al incluir en las mezclas a *Paspalum dilatatum* Poir. como reporta Formoso (2010), ya que, al agregar dicha especie la producción de la mezcla en los meses cálidos aumenta 45% y así se evita el sobrepastoreo como describen Acosta et al. (1996).

La investigación en mezclas forrajeras, ha mostrado resultados positivos del aumento de la diversidad en la productividad y otras variables agronómicas (Hector et al. 1999, Loreau et al. 2001, Picasso et al. 2008). Si bien en mezclas que incluyen especies agronómicas altamente productivas se observó que la producción puede ser alta

tanto a altos como bajos niveles de diversidad (Picasso et al., 2008), las mezclas más complejas son capaces de maximizar otras funciones ecosistémicas como ser distribución temporal de la producción, persistencia, resistencia a la invasión de malezas y tolerancia a fluctuaciones ambientales (Sanderson, 2004), logrando mayor sustentabilidad. Se puede concluir entonces que la incorporación de la especie en estudio, a las mezclas forrajeras convencionales usadas en Uruguay disminuye su enmalezamiento y mejora su diversidad, su productividad, su distribución estacional, su persistencia, su adaptación ecológica y su sustentabilidad.

2.6 GENERACIÓN DE VARIABILIDAD EN ESPECIES APOMÍCTICAS

En estas especies el modo frecuente de reproducción es la apomixis pero también, ocasionalmente, pueden reproducirse de manera sexual, ya que poseen sexualidad residual (Asker y Jerling, 1992), recombinándose con individuos emparentados originando de esta manera variabilidad genética, en estos casos se producen clones híbridos nuevos que se fijan por apomixis en las generaciones futuras. Otra de las causas que pueden originar variabilidad genética dentro de cada clon es la acumulación de mutaciones somáticas, cuando un individuo muta y luego se reproduce apomicticamente la variabilidad, al igual que cuando hay reproducción sexual, es fijada en las siguientes generaciones (Speranza, 2005b).

El nivel de variabilidad genético que se da cuando una especie apomíctica facultativa muta y luego sigue reproduce por apomixis es menor que el que se da cuando dicha especie se recombina sexualmente con especies emparentadas y luego sigue reproduciéndose por apomixis. La variabilidad es mayor cuando hay reproducción sexual pues en ese caso hay segregación y recombinación de los caracteres de dos individuos, mientras que cuando hay mutaciones solo interviene un individuo que se diferencia en menor grado; por lo antedicho, cuando dos individuos se cruzan se genera un nuevo clon, mientras que cuando hay mutaciones se origina un mutante, también llamado sub-clon, del mismo clon del cual surge (Speranza, 2005b).

También las especies con reproducción apomíctica están usualmente asociadas a la poliploidía (Savidan 2000, Richards 2003). La poliploidía resulta en la amplificación del contenido genómico haploide completo, más allá de la diploidía (Hancock, 2004). Esto agrega un nuevo nivel de variabilidad genética a través de los efectos nucleotípicos, de incremento de dosis alélica y de incremento de la heterocigosis, resultantes de la variación en la cantidad de ADN genómico (Hancock, 2004).

Según lo expuesto en este punto son varias las fuentes naturales de variabilidad que intervienen en apomíticas lo que amerita, a la hora de estudiar estas especies, explorar con la mayor eficiencia posible, para discriminar cada una de estas fuentes.

2.7 VARIABILIDAD GENÉTICA EN *Paspalum dilatatum* Poir.

2.7.1 El grupo dilatata

El grupo Dilatata posee varias entidades de distinto nivel de ploidía que forman parte de un gran complejo poliploide (Tabla 4, Speranza, 1999). Las relaciones entre estas entidades no son sencillas, por lo que los rangos taxonómicos formalmente reconocidos de las mismas son arbitrarios, entonces Speranza (2005b) decidió referirse a todas ellas como “biotipos”. Se puede afirmar entonces que posee cinco biotipos tetraploides sexuales, entre los cuales se encuentran *Paspalum dilatatum* Poir. subespecie *flavescens* y *Paspalum dilatatum* Poir. “Virasoro”, un biotipo pentaploide apomítico, denominado *Paspalum dilatatum* Poir. subespecie *dilatatum*, y varios otros biotipos apomíticos monoclonales de diferentes niveles de ploidía la mayor parte de los cuales son probablemente derivados del pentaploide (Speranza, 2005b), por ejemplo *Paspalum dilatatum* Poir. cultivar Estanzuela “tipo Chirú”.

Tabla 4. Algunas entidades del grupo Dilatata

BIOTIPOS DE <i>Paspalum dilatatum</i> Poir.	N (x = 10)	FÓRMULA GENÓMICA	AUTOR
Subespecie <i>dilatatum</i>	2n=5x=50	IIJX	Burson (1983)
Subespecie <i>flavescens</i>	2n=4x=40	IIJ	Burson et al. (1973)
"Virasoro"	2n=4x=40	IIJ	Caponio y Quarín (1990)
Cultivar "tipo Chirú"	2n=6x=60	IIJXX	Burson (1991)

Fuente: Speranza (2005a).

En la especie en estudio existe un clon dominante presente en todas las poblaciones analizadas y varios grupos de clones menores que son mayoritariamente producto de hibridaciones entre el clon dominante y clones sexuales compatibles (Figura 3). El clon dominante está representado por numerosas variantes mutacionales de la subespecie *dilatatum* y la variación mutacional, dentro de dicho clon, no presenta estructura geográfica definida, mientras que los grupos de clones menores si poseen una estructuración geográfica definida (Figura 2). Dichos clones menores recombinantes se

encuentran geográficamente estructurados en tres grupos genéticos afines en base al biotipo sexual involucrado en su origen (Figura 2, Speranza, 2005b).

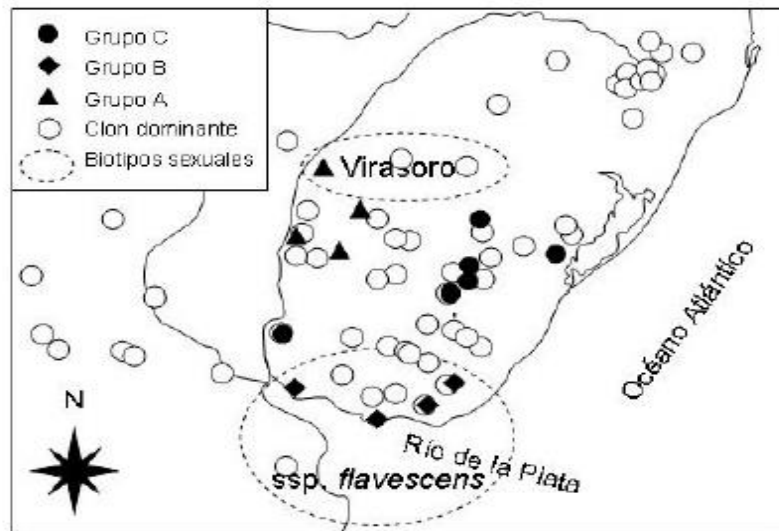


Figura 2. Distribución espacial de la variabilidad en *Paspalum dilatatum* Poir.
Fuente: Speranza et al. (2008).

Los clones menores constituyen hibridaciones inter-biotípicas (Figura 3) motivo por el cual la mayor parte de la diversidad genética de la especie está representada por éstos (variabilidad inter-clonal) (de Wet 1968, Daurelio et al. 2004) y existe menor nivel de diversidad entre los genotipos mutantes del clon dominante (variabilidad intra-clonal) (Speranza, 2005b), según lo explicado en el punto generación de variabilidad en especies apomíticas.

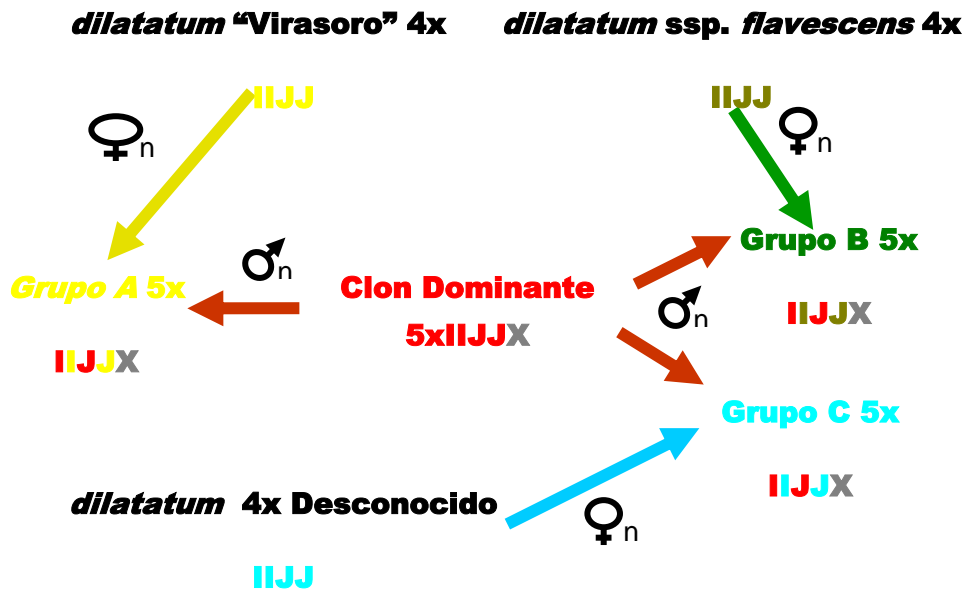


Figura 3. Origen de los genotipos recombinantes pentaploides de *Paspalum dilatatum* Poir.

Fuente: Speranza¹

2.7.2 Variabilidad fenotípica en *Paspalum dilatatum* Poir.

Bashaw y Forbes (1958) encontraron tres grupos citológicos diferenciados en la especie: i- un tipo erecto de anteras amarillas y espiguillas pubescentes con 40 cromosomas de comportamiento meiótico ordinario y modo de reproducción sexual (que corresponde a los biotipos que en el presente experimento se denominan *Paspalum dilatatum* Poir. subespecie *flavescens* y *Paspalum dilatatum* Poir. "Virasoro"); ii- una estirpe semipostrada de anteras purpúreas con 40 cromosomas de comportamiento meiótico extremadamente irregular y reproducción apomítica (que corresponde a *Paspalum dilatatum* var. *pauciciliatum*) y iii- el tipo común de anteras purpúreas y 50 cromosomas de reproducción apomítica (que corresponde al biotipo que en el presente ensayo es denominado *Paspalum dilatatum* Poir. subespecie *dilatatum*).

¹ Speranza, P. 2008. Com. personal.

Millot (1969) realizó la primera exploración en la especie, que supone diferencias genéticas intraespecíficas, basándose en la variabilidad fenotípica. Dicho investigador estudiando curvas de producción de forraje enunció que las poblaciones estaban integradas por individuos de características muy diferentes y que los distintos comportamientos entre poblaciones cercanas respondían a las diversas frecuencias en que se encontraban asociados esos individuos que las formaban. Constató que la diferencia entre los genotipos llamados 1365 y 1367, de una accesión de la zona de la Estanzuela, fue de 5000 kilogramos por hectárea de peso verde; mientras que la diferencia entre los genotipos llamados 1369 y 1387, de accesiones de la zona de Artilleros y de la zona de Conchillas respectivamente, fue de 1625 kilogramos por hectárea de peso verde, dejando demostrado entonces que en ocasiones la diferencia entre genotipos de una accesión es mayor que la diferencia entre genotipos de distintas accesiones.

García et al. (2000, 2001) estudiaron el potencial de mejora en caracteres cuantitativos de la especie tales como el número de semilla por espiga basal y el largo y ancho de lámina de hoja bandera. Analizaron tres poblaciones naturales de distintos sitios del noreste Bonaerense. Cuando comparan entre sí las varianzas para cada carácter, la prueba de F indicó que en más del 95% de los casos no se registraron diferencias significativas dentro de poblaciones ni entre poblaciones. No obstante, el predominio de mayores varianzas entre poblaciones indicaría una tendencia de diferenciación en la composición genética intrapoblacional para cada sitio; además al comparar entre sí las varianzas para cada carácter, entre el conjunto total de genotipos (varianza «entre genotipos»), se comprueba una mayor proporción de diferencias que la obtenida dentro y entre poblaciones.

Orbea (1982), Formoso y Allegri (1983), Cicardini (1984), Tivano et al. (1990), Venuto et al. (2003), Nuciari y Alonso (2003), analizaron la variabilidad intraespecífica de la calidad forrajera en *Paspalum dilatatum* Poir. Según Speranza¹ es altamente probable que estos trabajos incluyan mayormente a genotipos pertenecientes al clon dominante y no incluyan a genotipos pertenecientes a los grupos menores, debido a la inevitable ineficiencia de la identificación morfológica de la variabilidad genética de la especie en estudio, pues fue descrita luego de que se realizaran dichos trabajos; esta afirmación es confirmada por los resultados que surgen de estos análisis, ya que, en la mayoría de ellos no se encuentra variabilidad (Tabla 5).

Tabla 5. Trabajos que analizan la variabilidad intraespecífica de la calidad forrajera en *Paspalum dilatatum* Poir.

País	Autor	Materiales	* Indicadores	Diferencias
Estados Unidos	Venuto et al. (2003)	4 biotipos	FDN PC Dig <i>in vitro</i>	Si No No
Argentina	Orbea (1982)	8 ecotipos	Dig <i>in vitro</i> Ms PB	No No
Argentina	Tivano et al. (1990)	7 líneas	% vaina kranz	No
Argentina	Nuciari y Alonso (2003)	6 clones	% tejidos	Si
Argentina	Cicardini (1984)	8 ecotipos	Dig <i>in vitro</i> Ms Dig <i>in vitro</i> Mo PC	Si Si Si
Uruguay	Formoso y Allegri (1983)	4 cultivares	Dig <i>in vitro</i> Ms	No
Uruguay	Benech (1975)	2 biotipos	Dig <i>in vitro</i> Ms	No

*** Indicadores:**

FDN= % de fibra detergente neutro

PC= % de proteína cruda

PB=% de proteína bruta

Dig *in vitro*= % de digestibilidad *in vitro*

Dig *in vitro* Ms= % de digestibilidad *in vitro* de la materia seca

Dig *in vitro* Mo=% de digestibilidad *in vitro* de la materia orgánica

% vaina Kranz=% de vaina parenquimática Kranz

% tejidos= % de tejidos lentamente digeribles e indigeribles en láminas y vainas

2.7.3 Variabilidad en la colección actual

En base al conocimiento actual de la distribución de la variabilidad en *Paspalum dilatatum* Poir., en la Facultad de Agronomía se confeccionó una nueva colección siguiendo los criterios descritos por Speranza (2005b). Esta colección fue evaluada desde varios puntos de vista y mostró contener niveles de variabilidad muy altos.

Rodríguez (2010) realizó una caracterización morfológica entre grupos de genotipos pentaploides diferenciados genéticamente y encontró variabilidad fenotípica;

halló que dicha variabilidad estaba distribuida entre y dentro de los grupos genéticos, siendo la variabilidad intergrupala mayor a la intragrupal, y observó entre dichos grupos un solapamiento parcial.

Michelini (2010) realizó una caracterización morfofisiológica a través de la cuantificación de las variables filocrón y tasa de elongación foliar. Al analizar la distribución de la variabilidad fenotípica para los distintos grupos genéticos dentro del citotipo pentaploide encontró que las diferencias de filocrón y tasa de elongación foliar entre los genotipos de los distintos grupos genéticos fueron significativas y mayores que para los genotipos dentro de dichos grupos genéticos, halló que la variabilidad para estas características estuvo mayormente distribuida entre grupos genéticos que dentro de estos. También al analizar la distribución de la variabilidad fenotípica para los distintos niveles de ploidía encontró que la variabilidad genética para filocrón y tasa de elongación foliar estuvo distribuida entre los niveles de ploidía en mayor medida que dentro de estos, pero las diferencias no fueron estadísticamente significativas; además halló que los valores de filocrón fueron mayores a medida que el nivel de ploidía aumentó de 4x a 6x, pero no existió el mismo patrón de variación para tasa de elongación foliar en relación a aumentos en el nivel de ploidía.

Quintans (2013) encontró variabilidad fenotípica al estudiar producción, estacionalidad y calidad del forraje de planta entera. Encontró variabilidad entre y dentro de grupos genéticos al estudiar producción de materia seca y relación lámina tallo y encontró variabilidad entre genotipos al estudiar estacionalidad, evolución de la relación lámina tallo, % materia seca, evolución del % de materia seca, % fibra detergente neutro y % fibra detergente ácido.

Vale destacar aquí que los resultados de Rodríguez (2010), Michelini (2010), Quintans (2013) son coincidentes, ya que, la variabilidad fenotípica encontrada por ellos se debe en parte a los grupos genéticos.

Glison (2013) evaluó la respuesta germinativa de semillas, de tres momentos de cosecha (otoño 2011, verano 2012 y otoño 2012), de dieciséis genotipos, a tres tratamientos de pre-imbibición (a 5 y 20 °C, y sin pre-imbibición) y tres tipos de almacenamiento (0, 3 y 6 meses) y encontró variabilidad entre genotipos. Además sometió semillas de siete genotipos a escarificación ácida y extracción de la lema para estudiar la respuesta germinativa, la imbibición y la sensibilidad al ABA, considerando dos tipos de almacenamiento (1 y 5 meses) como factor que modifica el nivel de dormición y también encontró variabilidad entre genotipos.

2.8 HIPÓTESIS

Dada la existencia de altos niveles de variabilidad genética en la especie es probable que exista variabilidad en características nutricionales.

3. MATERIALES Y MÉTODOS

3.1 ÁREA DE CULTIVO, DISEÑO EXPERIMENTAL Y CORTE

Se instaló a campo una colección de plantas aisladas, a una distancia de 0,6 metros entre plantas y 0,9 metros entre hileras, en el área experimental de Facultad de Agronomía de la Universidad de la República, en Sayago Montevideo Uruguay (34°50' Latitud Sur, 56°13' Longitud Oeste). Dicha colección fue individualizada en genotipos genéticamente distintos y representó el nivel de variabilidad genética existente en la especie. El diseño experimental fue de bloques generalizados con dos bloques y dos repeticiones por genotipo por bloque. El 5 de enero se hizo un corte de las plantas con tijera de mano, dejando un remanente de 10 cm. al solo hecho de obtener un rebrote homogéneo, el forraje cosechado aquí fue desechado. Además se limpiaron las plantas quitándoseles los restos senescentes y las malezas. Luego se dejó acumular forraje y a los 90 días se removió lo producido dejando un remanente de 10 cm., dicho forraje fue el que se utilizó para el estudio. Los genotipos se cortaron cuando estaban en pleno estado reproductivo (forraje diferido), pues se necesitaba mucha cantidad de materia seca por planta para poder realizar los análisis correspondientes, ya que, se contaba solo con 4 individuos por genotipo, además, se cortaron en ese momento para lograr que dichos genotipos estuvieran en igual fase de crecimiento pues unos eran más precoces que otros.

3.2 MATERIAL VEGETAL

El ensayo contenía 24 genotipos (9 recombinantes naturales, 6 recombinantes artificiales, 6 variantes mutacionales del clon dominante, 1 de *Paspalum dilatatum* Poir. subespecie *flavescens* denominado 72, 1 de *Paspalum dilatatum* Poir. “Virasoro” denominado V y el testigo). Los 6 genotipos que representaban variantes mutacionales del clon dominante (sub-clones) y los 15 genotipos recombinantes (clones naturales y artificiales) eran alopentaploides apomícticos. Se tomó como testigo al genotipo de *Paspalum dilatatum* Poir. cultivar Estanzuela “tipo Chirú”, denominado Ch4, pues era el cultivar de la especie que estaba registrado en Uruguay.

Del total de genotipos recombinantes artificiales usados la mitad pertenecía a un grupo genético denominado FCh que resultó de cruzar la subespecie *flavescens* como progenitor femenino con el cultivar Estanzuela “tipo Chirú” como progenitor masculino, dichos genotipos eran hijos de igual padre por lo que su grado de parentesco fue de medios hermanos. La otra mitad de genotipos artificiales usados pertenecía a un grupo

de recombinantes denominado ChD que resultó de cruzar una de las variantes mutacionales del clon dominante llamada CoM, como progenitor masculino, y una de las líneas endocriadas del cultivar Estanzuela “tipo Chirú” llamada 6912, como progenitor femenino, dichos genotipos fueron hijos de igual padre y madre por lo que su grado de parentesco fue de hermanos enteros.

Tabla 6. Genotipos de *Paspalum dilatatum* Poir. usados en el experimento

GRUPOS GENÉTICOS	GENOTIPOS
Grupo D (variantes mutacionales del clon dominante)	33-2 111 58-2 Dil 47 42b 59c
Grupo B (recombinantes naturales)	67 59 ^a 73-7
Grupo FCh (recombinantes artificiales)	Pf1s*Ch4.10 Pf1*Ch4.6 Pf3s*Ch4.1
Grupo A (recombinantes naturales)	108 113 Dil 62-8
Grupo C (recombinantes naturales)	44 33-7 Dil 44-1
Grupo ChD (recombinantes artificiales)	6912*CoM.19 6912*CoM.23 6912*CoM.5

3.3 PROCESAMIENTO DE LAS MUESTRAS

La calidad forrajera de la planta entera está altamente afectada por la arquitectura de la planta y su ciclo fenológico, los cuales pueden ser a su vez modificados por el manejo. En este trabajo se planteó analizar la variabilidad de la calidad nutricional solamente de la fracción láminas verdes para evaluar el potencial de la colección independientemente de estos factores. En este sentido luego de la cosecha de forraje se separaron los componentes estructurales de cada planta en tres grupos, por un lado restos secos, por otro tallos y vainas y por otro lámina verde. Para ello, en la mayoría de los casos, se debió realizar un pool con el contenido total de las muestras molidas de iguales genotipos del mismo bloque, ya que, se necesitaba una cantidad mínima de materia seca para realizar los análisis como ya fue expresado anteriormente. La separación de los componentes estructurales de cada planta sirvió además para comparar la hojosidad de los distintos genotipos, dicho parámetro fue estimado como % en peso seco que representaba la lámina verde en el total de la planta (Anexo 1). Se determinó el % de proteína cruda y el % de fibra detergente neutro de las muestras originales antes de ser incubadas en los capones (Anexo 2).

Se midió la digestibilidad *in sacco* de la materia seca en 4 ovinos (capones) con fístula ruminal (Anexo 3). Las bolsas que se incubaron eran de poliéster y tenían una porosidad de 50 μ m y una superficie efectiva de 210 cm². En dichas bolsas se colocaron 1.5 g de material vegetal molido. La molienda del material vegetal se realizó en molino forrajero con malla de 2 mm. El tiempo de incubación de las bolsas en los capones fue de 48 hs. Los capones tenían una asignación de forraje de 3 % del peso vivo por día de heno de alfalfa de calidad media y el agua de bebida se dispuso a voluntad. Se determinaron además las cenizas de las muestras antes y después de la incubación para así determinar la digestibilidad *in sacco* de la materia orgánica en esos 4 capones con fístula ruminal (Anexo 3).

3.4 ANÁLISIS ESTADÍSTICO

El análisis se realizó a través del paquete estadístico SAS; se hicieron ANAVA y analizaron las diferencias, para los distintos parámetros evaluados, entre: a) el total de genotipos (Anexos 4, 5, 6, 7 y 8); b) entre grupos genéticos (Anexos 9, 10 y 11), al comparar grupos genéticos se analizó por un lado grupo contra grupo y por otro

genotipos dentro de grupos para constatar cuál de estos factores tuvo mayor incidencia en las diferencias; y c) entre niveles de ploidía (Anexos 4, 5, 6, 7 y 8), para comparar por niveles de ploidía fueron agrupados los genotipos por sus respectivos niveles para así poder identificar si este factor tuvo incidencia en los resultados.

4. RESULTADOS

4.1 VARIANZA ENTRE GRUPOS GENÉTICOS

En proteína cruda, a pesar que el rango de variabilidad entre grupos no es muy amplio (11-14%) (Tabla 8), se diferencia el grupo FCh que posee menor contenido proteico que el resto, dicha diferencia se debe principalmente a la variabilidad existente entre grupos pero también a diferencias internas entre los genotipos de cada grupo (Tabla 7).

Tabla 7. Análisis de diferencias en proteína cruda de lámina verde entre grupos

Fuente de var.	Gr. de lib.	SC Tipo III	CM	Valor de F	Pr > F
GRUPO	5	0,0025629	0,000512	8,35	0,0003
Genot.(GRUPO)	15	0,0039226	0,0002615	4,26	0,0022

Tabla 8. Contenido de proteína cruda de lámina verde para cada grupo

Grupo	% medio PC	*
FCh	0,11	a
ChD	0,13	b
D	0,13	b
B	0,13	b
C	0,13	b
A	0,14	b

*Los valores seguidos por iguales letras no son significativamente diferentes entre sí.

En fibra detergente neutro, a pesar que el rango de variabilidad entre grupos tampoco es muy amplio (61-65%) (Tabla 10), se diferencia también el grupo FCh que tiene mayor contenido que el resto, esta variabilidad se debe principalmente a diferencias entre grupos pero también a diferencias internas entre los genotipos de cada grupo (Tabla 9). Tanto en fibra detergente neutro como en proteína cruda las diferencias internas, entre los genotipos de cada grupo, son menos significativas que las diferencias entre grupos (Tablas 9 y 7).

Tabla 9. Análisis de diferencias en fibra detergente neutro de lámina verde entre grupos

Fuente de var.	Gr. de lib.	SC Tipo I	CM	Valor de F	Pr > F
GRUPO	5	0,004831	0,0009663	7,05	0,0007
Genot.(GRUPO)	15	0,006879	0,0004586	3,35	0,0073

Tabla 10. Contenido de fibra detergente neutro de lámina verde para cada grupo

Grupo	% medio FDN	*
A	0,61	a
C	0,61	a
B	0,62	a
ChD	0,62	a
D	0,63	a
FCh	0,65	b

*Los valores seguidos por iguales letras no son significativamente diferentes entre sí.

En digestibilidad *in sacco* de la materia seca al comparar grupos se puede ver un amplio rango de variabilidad (49-58%) (Tabla 10), lo que se traduce en diferencias significativas y el factor que explica dichas diferencias es la variabilidad entre grupos, ya que, a diferencia de proteína cruda y de fibra detergente neutro, aquí la variabilidad interna en los grupos no es significativa (Tabla 11). Los grupos C, B y ChD poseen mayor digestibilidad que el resto (Tabla 12), y los genotipos que se destacan en dichos grupos son 33-7, 73-7 y 6912xCoM.19 respectivamente (Tabla 18). El grupo de menor contenido proteico y mayor contenido de fibra detergente neutro debería ser el de menor digestibilidad, según las correlaciones indicadas en la bibliografía, sin embargo, aquí esto no ocurre, ya que, el grupo FCh es el que tuvo menor contenido de nitrógeno (Tabla 8), y el más fibroso (Tabla 10), pero no está entre los menos digestibles (Tabla 12), por lo que algún otro factor debió influir en este resultado.

Tabla 11. Análisis de diferencias en digestibilidad *in sacco* de la materia seca de lámina verde entre grupos

Fuente de var.	Gr. de lib.	SC Tipo III	CM	Valor de F	Pr > F
GRUPO	5	0,177283	0,0354566	7,78	<,0001
Genot.(GRUPO)	15	0,068952	0,0045968	1,01	0,4496

Tabla 12. Digestibilidad *in sacco* de la materia seca de lámina verde para cada grupo

Grupo	% medio Dig.	*
A	0,49	a
D	0,51	a b
FCh	0,55	b c
ChD	0,57	c
B	0,57	c
C	0,58	c

*Los valores seguidos por iguales letras no son significativamente diferentes entre sí.

4.2 VARIANZA ENTRE GENOTIPOS

En proteína cruda, a pesar que el rango de variabilidad entre genotipos no es muy amplio (10,5-15%) (Tabla 14), se observan diferencias significativas (Tabla 13). Se destaca el genotipo 73-7 que es el de mayor contenido proteico (Tabla 14), dicho contenido se asocia, como ya fue señalado, a una mayor digestibilidad.

Tabla 13. Análisis de diferencias en proteína cruda de lámina verde entre genotipos

Fuente de var.	Gr. de lib.	SC Tipo III	CM	Valor de F	Pr > F
Genotipos	23	0.0068844	0.000299	5.52	0.0001

Tabla 14. Contenido de proteína cruda de lámina verde para cada genotipo

Genotipo	Grupo	Ploidía	% medio PC	*
Pf1xCh4.6	FCh	5x	0,105	a
Testigo	Ch	6x	0,110	a b
Pf1sxCh4.10	FCh	5x	0,110	a b
59 ^a	B	5x	0,115	a b c
Dil 44-1	C	5x	0,115	a b c
33-2	D	5x	0,115	a b c
42b	D	5x	0,115	a b c
Pf3sxCh4.1	FCh	5x	0,115	a b c
V	V	4x	0,115	a b c
59C	D	5x	0,120	a b c d
72	F	4x	0,120	a b c d
108	A	5x	0,125	a b c d
67	B	5x	0,125	a b c d
6912xCoM.19	ChD	5x	0,125	a b c d
6912xCoM.23	ChD	5x	0,125	a b c d
6912xCoM.5	ChD	5x	0,125	a b c d
58-2	D	5x	0,130	a b c d
Dil 47	D	5x	0,135	a b c d
Dil 62-8	A	5x	0,140	b c d
44	C	5x	0,140	b c d
111	D	5x	0,140	b c d
113	A	5x	0,148	c d
33-7	C	5x	0,148	c d
73-7	B	5x	0,150	d

*Los valores seguidos por iguales letras no son significativamente diferentes entre sí.

En fibra detergente neutro el rango de variabilidad entre genotipos no es muy amplio (60-67%) (Tabla 16), igualmente hay diferencias significativas (Tabla 15), ya que, el genotipo Pf3sxCh4.1 es más fibroso que el resto (Tabla 16).

Tabla 15. Análisis de diferencias en fibra detergente neutro de lámina verde entre genotipos

Fuente de var.	Gr. de lib.	SC Tipo III	CM	Valor de F	Pr > F
Genotipos	23	0.0125879	0.0005473	4.41	0.0005

Tabla 16. Contenido de fibra detergente neutro de lámina verde para cada genotipo

Genotipo	Grupo	Ploidía	% medio FDN	*
Dil 62-8	A	5x	0,597	a
73-7	B	5x	0,599	a
33-7	C	5x	0,602	a
33-2	D	5x	0,603	a
6912xCoM.19	ChD	5x	0,608	a
V	V	4x	0,610	a
6912xCoM.23	ChD	5x	0,612	a
Dil 44-1	C	5x	0,615	a
Dil 47	D	5x	0,615	a
113	A	5x	0,615	a
67	B	5x	0,617	a
108	A	5x	0,621	a b
111	D	5x	0,628	a b
44	C	5x	0,628	a b
59C	D	5x	0,632	a b
Testigo	Ch	6x	0,634	a b
Pf1sxCh4.10	FCh	5x	0,634	a b
42b	D	5x	0,635	a b
72	F	4x	0,635	a b
6912xCoM.5	ChD	5x	0,635	a b
59 ^a	B	5x	0,637	a b
Pf1xCh4.6	FCh	5x	0,638	a b
58-2	D	5x	0,641	a b
Pf3sxCh4.1	FCh	5x	0,666	b

*Los valores seguidos por iguales letras no son significativamente diferentes entre sí.

En digestibilidad *in sacco* de la materia seca existe un amplio rango de variabilidad entre genotipos (47-63%) (Tabla 18), lo que se traduce en diferencias

significativas (Tabla 17). Entre los de mayor digestibilidad, como era de esperar acorde a los resultados presentados anteriormente, se encuentra 73-7 lo que se asocia a su alto contenido de proteína y a su bajo contenido de fibra detergente neutro. 73-7 forma parte del grupo B conjuntamente con los genotipos 67 y 59A; pero que 73-7 sea de alta digestibilidad no significa que estos otros 2 genotipos del grupo B también lo sean, pues, si bien, como se expresa en el punto 5.1 de este trabajo, las agrupaciones según características genética y según calidad pastoril básicamente coinciden, los genotipos no fueron agrupados por digestibilidad, y eso es lo que aquí queda al descubierto, ya que, a pesar que 67 y 59A se encuentran entre los de menor contenido de fibra detergente neutro (Tabla 16), no poseen los mejores porcentajes de proteína (Tabla 14), y por ese motivo no se destacan en digestibilidad (Tabla 18). Entonces, la heterogeneidad interna del grupo B, en cuanto a su contenido proteico, hace que las digestibilidades de los genotipos que lo integran sean distintas, estas diferencias internas en proteína son descritas en la Tabla 7. Es decir que, si bien en parámetros de calidad las diferencias internas en los grupos no superan a las diferencias entre grupos (Tablas 7, 9 y 11), puede suceder que dentro de alguno de estos grupos haya genotipos de distinta calidad.

Existe heterogeneidad intragrupo también en el contenido proteico de los genotipos del grupo D, ya que, el genotipo 111 supera a los otros cinco genotipos que componen a dicho grupo (Tabla 14); además se observa heterogeneidad interna entre los genotipos del grupo C y del grupo A pues todos poseen distinto contenido proteico (Tabla 14). Asimismo existe heterogeneidad interna en el grupo FCh, ya que, el contenido de fibra detergente neutro del genotipo Pf3sxCh4.1 es mayor al de los otros genotipos del grupo (Tabla 16), dichas diferencias internas en fibra detergente neutro son descritas en la Tabla 9.

Tabla 17. Análisis de diferencias en digestibilidad *in sacco* de la materia seca de lámina verde entre genotipos

Fuente de var.	Gr. de lib.	SC Tipo III	CM	Valor de F	Pr > F
Genotipos	23	0.3683678	0.0160159	3.65	<.0001

Tabla 18. Digestibilidad *in sacco* de la materia seca de lámina verde para cada genotipo

Genotipo	Grupo	Ploidía	% medio Dig.	*
33-2	D	5x	0,473	a
Dil 62-8	A	5x	0,476	a
Testigo	Ch	6x	0,478	a
113	A	5x	0,488	a b
42b	D	5x	0,499	a b
58-2	D	5x	0,500	a b
111	D	5x	0,515	a b c
108	A	5x	0,516	a b c
V	V	4x	0,526	a b c
Pf1xCh4.6	FCh	5x	0,529	a b c
59C	D	5x	0,538	a b c
67	B	5x	0,543	a b c
Dil 47	D	5x	0,543	a b c
6912xCoM.5	ChD	5x	0,550	a b c
Pf3sxCh4.1	FCh	5x	0,556	a b c
44	C	5x	0,566	a b c
59 ^a	B	5x	0,571	a b c
Pf1sxCh4.10	FCh	5x	0,574	a b c
6912xCoM.23	ChD	5x	0,575	a b c
6912xCoM.19	ChD	5x	0,576	a b c
Dil 44-1	C	5x	0,578	a b c
33-7	C	5x	0,602	a b c
73-7	B	5x	0,604	b c
72	F	4x	0,630	c

*Los valores seguidos por iguales letras no son significativamente diferentes entre sí.

Los valores de digestibilidad de la materia orgánica siguen la misma distribución que los de digestibilidad de la materia seca (Tablas 20 y 18). En digestibilidad *in sacco* de la materia orgánica se observan diferencias significativas al comparar el total de genotipos usados en el experimento (Tabla 18), y además se puede ver un amplio rango de variabilidad entre ellos (50-67%, Tabla 20).

Tabla 19. Análisis de diferencias en digestibilidad *in sacco* de la materia orgánica de lámina verde entre genotipos

Fuente de var.	Gr. de lib.	SC Tipo III	CM	Valor de F	Pr > F
Genotipos	23	0,4319910	0,018782	3,71	<.0001

Tabla 20. Digestibilidad *in sacco* de la materia orgánica de lámina verde para cada genotipo

Genotipo	Grupo	Ploidía	% medio Dig.	*
33-2	D	5x	0,496	a
Testigo	Ch	6x	0,505	a
Dil 62-8	A	5x	0,506	a b
58-2	D	5x	0,520	a b
113	A	5x	0,528	a b
42b	D	5x	0,533	a b
111	D	5x	0,545	a b c
108	A	5x	0,546	a b c
Pf1xCh4.6	FCh	5x	0,561	a b c
59C	D	5x	0,573	a b c
V	V	4x	0,575	a b c
67	B	5x	0,576	a b c
Dil 47	D	5x	0,576	a b c
6912xCoM.5	ChD	5x	0,588	a b c
Pf3sxCh4.1	FCh	5x	0,593	a b c
59 ^a	B	5x	0,599	a b c
44	C	5x	0,609	a b c
6912xCoM.19	ChD	5x	0,613	a b c
Dil 44-1	C	5x	0,614	a b c
Pf1sxCh4.10	FCh	5x	0,615	a b c
6912xCoM.23	ChD	5x	0,616	a b c
33-7	C	5x	0,635	a b c
73-7	B	5x	0,638	b c
72	F	4x	0,671	c

*Los valores seguidos por iguales letras no son significativamente diferentes entre sí.

Para la hojiosidad del experimento se observan diferencias significativas al comparar el total de genotipos (Tabla 21), y existe un amplio rango de variabilidad entre

ellos (8-28%, Tabla 22); solo cuatro superan al testigo, entre los que se encuentran un genotipo producto de la hibridación de la subespecie *flavescens* con el testigo y otro producto de la hibridación del clon dominante también con el testigo (Tabla 22). Es decir que algunos híbridos de “Chirú” resultaron ser los de mayor hojicidad, lo que era predecible, ya que, “Chirú” fue producto de la selección de un biotipo muy hojoso denominado Molles Grande. También se destacan en hojicidad los dos tetraploides usados en el experimento y no tuvo un buen desempeño en este sentido 73-7 (Tabla 22).

Tabla 21. Análisis de diferencias en hojicidad entre genotipos

Fuente de var.	Gr. de lib.	SC Tipo III	CM	Valor de F	Pr > F
Genotipos	23	0,2350738	0,010220	6,03	<.0001

Tabla 22. % de hojicidad para cada genotipo

Genotipo	Grupo	Ploidía	% medio hoj.	*
Dil 44-1	C	5x	0,078	a
59 ^a	B	5x	0,080	a b
42b	D	5x	0,083	a b
Dil 62-8	A	5x	0,085	a b
111	D	5x	0,095	a b c
59C	D	5x	0,105	a b c
73-7	B	5x	0,108	a b c
67	B	5x	0,108	a b c
44	C	5x	0,113	a b c
33-7	C	5x	0,113	a b c
33-2	D	5x	0,115	a b c
108	A	5x	0,123	a b c
113	A	5x	0,125	a b c
58-2	D	5x	0,130	a b c
Pf1sxCh4.10	FCh	5x	0,133	a b c
Dil 47	D	5x	0,135	a b c
Pf3sxCh4.1	FCh	5x	0,148	a b c d
6912xCoM.19	ChD	5x	0,155	a b c d
Testigo	Ch	6x	0,173	a b c d
6912xCoM.23	ChD	5x	0,173	a b c d
V	V	4x	0,190	b c d
6912xCoM.5	ChD	5x	0,200	c d

72	F	4x	0,258	d
Pf1xCh4.6	FCh	5x	0,275	d

*Los valores seguidos por iguales letras no son significativamente diferentes entre sí.

4.3 VARIANZA ENTRE NIVELES DE PLOIDÍA

Si en este punto se detectara que las diferencias entre genotipos se asocian al nivel de ploidía no se podría hacer mejoramiento, en un futuro, pues si así fuera se debería cambiar el tamaño de los mismos, lo que es inviable en un programa de mejoramiento; en cambio, si se detectara que las diferencias se asocian a factores genéticos “más profundos” sí se podrá hacer mejoramiento seleccionando los genotipos de mejor calidad.

Si bien existen diferencias en proteína entre tetraploides y el resto de los genotipos y también entre el genotipo hexaploide y los pentaploides (Tabla 23), el hexaploide se encuentra entre los que poseen menor contenido proteico resultando ser su contenido menor que el de algunos pentaploides y menor que el de los tetraploides, así como también el contenido de proteína de los tetraploides resultó ser igual al de algunos pentaploides (Tabla 15), es decir que el contenido proteico no aumenta al aumentar el nivel de ploidía; aquí el genotipo de mayor nivel de ploidía posee menor contenido de proteína que los genotipos de menor nivel de ploidía (Tabla 14). No se puede afirmar entonces que el nivel de ploidía esté relacionado al contenido de proteína, ya que, en grupos de iguales contenidos proteicos se encuentran tetraploides y pentaploides o hexaploides y pentaploides (Tabla 14).

Tabla 23. Análisis de diferencias en proteína cruda de lámina verde entre niveles de ploidía

Fuente de var.	Estimador	Error estándar	Valor de t	Pr > t
4x vs. RESTO	0.1918181	0.0849487	2.26	0.0347
5x vs. 6x	0.1093181	0.0523744	2.09	0.0492

No se observan diferencias en fibra detergente neutro entre genotipos tetraploides y el resto de los genotipos ni entre pentaploides y hexaploides (Tabla 25), esto significa que el nivel de ploidía no está asociado a diferencias en contenido de dicho parámetro.

Tabla 24. Análisis de diferencias en fibra detergente neutro de lámina verde entre niveles de ploidía

Fuente de var.	Estimador	Error estándar	Valor de t	Pr > t
4x vs. RESTO	0.0145521	0.1282895	0.11	0.9107
5x vs. 6x	0.0247271	0.0788183	0.31	0.7567

Existen diferencias en digestibilidad *in sacco* de la materia seca entre genotipos tetraploides y el resto de los genotipos y no se observan diferencias entre pentaploides y hexaploides (Tabla 25). Entre los tetraploides usados en el experimento se encuentra el de la subespecie *flavescens* quien, como ya fue señalado, resultó ser el de mayor digestibilidad, lo que hace que se dé la antedicha diferencia, ya que, el otro genotipo tetraploide usado en el experimento, de la subespecie “Virasoro”, se ubicó, conjuntamente con algunos genotipos pentaploides, en rangos de menor digestibilidad (Tabla 18); por esto no se puede afirmar que los tetraploides sean más digestibles que los pentaploides, por otro lado el genotipo hexaploide se ubicó entre los genotipos de menor digestibilidad conjuntamente con algunos pentaploides (Tabla 18), por lo tanto las diferencias en digestibilidad son también aquí causadas por otros factores genéticos distintos al nivel de ploidía.

Tabla 25. Análisis de diferencias en digestibilidad *in sacco* de la materia seca de lámina verde entre niveles de ploidía

Fuente de var.	Estimador	Error estándar	Valor de t	Pr > t
4x vs. RESTO	-0.8712581	0.3799014	-2.29	0.0230
5x vs. 6x	-0.1390706	0.2204993	-0.63	0.5290

En hojicidad existen diferencias entre genotipos tetraploides y el resto de los genotipos y entre pentaploides y hexaploides (Tabla 26). Dichas diferencias ocurren pues por un lado, como ya fue señalado, los tetraploides se encuentran entre los que poseen mayor hojicidad (Tabla 22), y por otro la hojicidad promedio de los pentaploides (0,128, Anexo 12) es menor que la del testigo hexaploide (0,173, Tabla 22). Igualmente no se puede afirmar que el nivel de ploidía se relacione con la hojicidad, ya que, uno de los genotipos tetraploides posee igual hojicidad que otro

pentaploide (Tabla 22) y el hexaploide se encuentra en un grupo con igual hojosisidad que otros pentaploides (Tabla 22).

Tabla 26. Análisis de diferencias en hojosisidad entre niveles de ploidía

Fuente de var.	Estimador	Error estándar	Valor de t	Pr > t
4x vs. RESTO	-2,08	0,3595749	-5,78	<.0001
5x vs. 6x	-1,002	0,2051614	-4,89	<.0001

Al comparar niveles de ploidía se puede ver que la digestibilidad *in sacco* de la materia orgánica sigue la misma distribución que la digestibilidad *in sacco* de la materia seca (Tablas 27 y 25) aunque las diferencias son más significativas en el primer parámetro mencionado; en este sentido en digestibilidad *in sacco* de la materia orgánica existen diferencias entre genotipos tetraploides y el resto de los genotipos y no se observan diferencias entre pentaploides y hexaploides (Tabla 27).

Tabla 27. Análisis de diferencias en digestibilidad *in sacco* de la materia orgánica de lámina verde entre niveles de ploidía

Fuente de var.	Estimador	Error estándar	Valor de t	Pr > t
4x vs. RESTO	-1,126923	0,407990	-2,76	0,0063
5x vs. 6x	-0,185048	0,236802	-0,78	0,4356

5. DISCUSIÓN

Al comparar los datos obtenidos en el presente experimento con los publicados en trabajos encontrados en la bibliografía se constata que los primeros caen dentro de los rangos citados por los segundos (Tabla 28); aunque debe quedar claro que las condiciones ambientales y metodológicas, de los ensayos de la bibliografía, fueron diferentes entre sí y además estas mostraron también diferencias con las del presente trabajo, ya que, los ambientes, los estados de desarrollo fenológico, en que se hicieron los cortes, y las estructuras vegetales que incluyeron los análisis fueron diferentes. Además, como ya fue aclarado, los experimentos encontrados en la bibliografía trabajaron con digestibilidad *in vitro*, donde se coloca la muestra en líquido ruminal, en el laboratorio, sin que haya remoción de nutrientes, y en el presente ensayo se trabajó con digestibilidad *in sacco*, donde se colocan las muestras en los animales y hay remoción de nutrientes. Es pertinente aclarar que en el presente trabajo se midió la digestibilidad parcialmente, ya que, solo se determinó a nivel ruminal; lo que se obtuvo fue un parámetro que sirvió para comparar genotipos que fueron sometidos a iguales procesos; dicho parámetro no estimó la calidad pues quien lo hace es la digestibilidad medida en todo el tracto digestivo y dicho parámetro no fue calculada en esta instancia. Para la comparación de rangos fueron elegidos aquellos trabajos de la bibliografía que presentaron los valores más extremos y del presente experimento se usaron los datos obtenidos en el análisis de genotipos, pues este último tuvo mayor rango de variabilidad que el análisis de grupos. No se encontraron trabajos que estudiaron hojiosidad en *Paspalum dilatatum* Poir. y fueron encontrados escasos trabajos que estudiaron digestibilidad de la materia orgánica en dicha especie por lo que en este punto no se comparan esos parámetros.

Tabla 28. Comparación entre los rangos obtenidos en el presente ensayo y los citados en la bibliografía

Indicador	Rangos Ensayo	Rangos Bibliografía	Autor
Proteína cruda (%)	11 a 15	4 a 7 13 a 25	Quagliotti y Ríos (1988) Orbea (1982)
Fibra detergente neutro (%)	60 a 67	69 a 72 52 a 66	Venuto et al. (2003) Quagliotti y Ríos (1988)
Digestibilidad materia seca (%)	47 a 63	37 a 54 71 a 72	Useglio y Von der Pahlen (1982) Venuto et al. (2003)

5.1 VARIANZA ENTRE GRUPOS GENÉTICOS

En el análisis estadístico de proteína, fibra y digestibilidad, las diferencias fueron explicadas fundamentalmente por el factor grupos y no tanto por el factor genotipos dentro de grupos (Tablas 7, 9 y 11), ya que, si bien, en los dos primeros parámetros mencionados hay diferencias internas éstas son menos significativas que las diferencias entre grupos y además éstas son comunes en todos los grupos; entonces, se puede afirmar que la división actual de la colección, según características genéticas, coincide con lo que podría ser la división de la colección para los parámetros de calidad mencionados anteriormente.

5.2 VARIANZA ENTRE GENOTIPOS

La heterogeneidad interna, entre los genotipos de cada grupo, hace suponer que lo más correcto sea estudiar, en trabajos futuros, a cada uno de estos grupos por separado. Además, cada grupo tiene distinto ciclo y distintos requerimientos, lo que hace pensar que estudiarlos en iguales condiciones no es del todo correcto, ya que, al realizar un corte, en la misma fecha, cada uno estará en un determinado estado de madurez lo que se asocia a determinada calidad forrajera; el presente experimento, en el que se cortaron los genotipos en un mismo momento, igualmente nos permite tener una primera aproximación al valor nutritivo de la especie. También es bueno dejar en claro que si los cortes hubieran sido realizados en estado vegetativo seguramente los contenidos de fibra detergente neutro hubieran sido menores a los obtenidos en el presente estudio y los contenidos de proteína, las digestibilidades y las diferencias entre genotipos de cada grupo seguramente hubieran sido mayores.

Como fue señalado en la bibliografía el grupo B resulta de la hibridación natural de la subespecie *flavescens* con genotipos del clon dominante pero, por lo expuesto anteriormente en relación a los integrantes de este grupo, no se puede afirmar que los genotipos híbridos con la subespecie *flavescens* sean siempre de alta digestibilidad; si se puede afirmar que la subespecie *flavescens* posee el genotipo con mayor valor de digestibilidad del experimento (Tabla 18), coincidiendo así con Nuciari y Alonso (2003) quienes concluyen que, en general, la subespecie *flavescens* posee menor porcentaje de tejidos lentamente digeribles e indigeribles que la subespecie *dilatatum*.

Vale destacar que entre los genotipos que poseen mayor contenido proteico y menor contenido de fibra detergente neutro se encuentra 73-7 y que dicha composición química lo posiciona entre los de mayor digestibilidad. 73-7 podría ser incluido en

futuros experimentos, ya que, quizás sea un buen complemento para las praderas de Uruguay en verano y otoño, donde los problemas son cuantitativos y cualitativos respectivamente. En relación al verano habría que hacer un estudio para comprobar si 73-7, además de ubicarse entre los genotipos de mejor calidad, tiene una buena producción estival de forraje, ya que, podría no ser así pues *flavescens*, que es el progenitor femenino de 73-7, es un genotipo que produce más en primavera y no tanto en verano (es más primaveral). Con respecto al otoño, como ya fue citado, las pasturas otoñales necesitan más fibra y no tanta proteína por lo que habría que definir los rangos que son más adecuados para este cometido y seleccionar a partir de ahí, o sea que según el objetivo será el genotipo de la especie que se puede usar; entonces, no se descarta la selección de algún otro genotipo distinto a 73-7, con menor contenido proteico, más fibroso y no tan digestible, para futuros estudios. Estudios estos que deberán realizarse a distintos plazos; a corto plazo, para comprobar características cualitativas y cuantitativas de él o los genotipos seleccionados y si dichas características fueran realmente las que las pasturas necesitan debería analizarse la posible domesticación, a mediano plazo, y si realmente fuera domesticable debería, a largo plazo, reproducirse y venderse su semilla lo que daría lugar a un flujo económico que podría ser destinado a nuevas investigaciones de *Paspalum dilatatum* Poir. en Uruguay, país éste que ha demostrado, producto del cambio climático actual, cierta tendencia hacia un clima subtropical que favorece el desarrollo de la especie en estudio.

5.3 VARIANZA ENTRE NIVELES DE PLOIDÍA

Teniendo en cuenta que los genotipos tetraploides se reproducen sexualmente, mientras el resto de los genotipos se reproducen apomicticamente, y que los tetraploides no poseen al genomio X, en su constitución genómica, mientras el resto de los poliploides si lo poseen, es que se puede afirmar que la forma de reproducción y la presencia del genomio X no tienen relación con las diferencias en proteína cruda, ni en fibra detergente neutro, ni en digestibilidad en la especie, ya que, en ocasiones, en dichos parámetros los genotipos con distintos niveles de ploidía y distinta forma de reproducción pueden ser estadísticamente iguales.

6. CONCLUSIONES

1) El diseño de la colección en estudio hizo posible la exploración de la variabilidad fenotípica de la especie y permitió validar la hipótesis planteada, ya que, se logró constatar que existe variabilidad en características nutricionales.

2) Se dio cumplimiento a los objetivos del trabajo pues se confirmó que la variabilidad genética se traduce efectivamente en variabilidad de características nutricionales y que existen diferencias entre y dentro de los grupos de genotipos.

3) La división actual de la colección, que agrupa genotipos según características genéticas, coincide con lo que podría ser la división de la colección fenotípica para los parámetros de calidad analizados, ya que, las diferencias para éstos fueron explicadas fundamentalmente por el factor grupos y no tanto por el factor genotipos dentro de grupos, es decir que las diferencias fenotípicas entre los genotipos de los distintos grupos fueron mayores que las diferencias fenotípicas entre los genotipos dentro de dichos grupos genéticos y por lo tanto la variabilidad fenotípica estuvo mayormente distribuida entre grupos que dentro de estos.

4) Si bien fueron encontradas diferencias para características nutricionales entre grupos genéticos la heterogeneidad entre los genotipos que componen a cada grupo, la cual provoca que dentro de éstos existan genotipos de distinta calidad, hace que sea imposible recomendar a un grupo particular. Se puede afirmar entonces que cada grupo tiene sus propias características y por eso deben ser estudiados separadamente.

5) Es posible destacar algún genotipo, que tuvo mejor desempeño que los demás en calidad pastoril, en este sentido se destaca 73-7 quien se ubicó entre los de menor contenido de fibra detergente neutro y entre los de mayor contenido proteico, composición química ésta que lo posicionó entre los de mayor digestibilidad.

6) El nivel de ploidía y la forma de reproducción no tuvieron incidencia en las diferencias en la calidad nutritiva encontradas en la especie.

7) Los resultados, para características nutricionales, indican que existe un gran reservorio de variabilidad genética, no explorado en la especie, determinado

principalmente por el genotipo, lo que alimenta la posibilidad de obtener germoplasma mejorado para dichas características.

8) La distribución geográfica de los genotipos y el efecto de los distintos biotipos parentales, sobre la variabilidad en caracteres nutricionales, permiten diseñar futuras estrategias de mejoramiento, prospección y conservación dirigidas a abarcar los genotipos más relevantes para cada necesidad.

9) La variabilidad puede ser explotada a través de la prospección de las poblaciones naturales o la producción de híbridos artificiales.

7. RESUMEN

Paspalum dilatatum Poir. es una gramínea apomíctica perenne cuya distribución geográfica nativa abarca toda la zona de pampas húmedas y campos del Cono Sur. La especie combina un ciclo estival con una buena calidad de forraje y tolerancia al invierno, algo poco frecuente en gramíneas C4, por lo que ha sido objeto de prolongados esfuerzos de domesticación. A pesar de esto, no ha sido adoptada como forrajera y existe sólo un mercado marginal de semillas a nivel mundial. Si bien la literatura sobre sus características biológicas y genéticas es muy abundante no existían, hasta el momento, evaluaciones generales de variabilidad intraespecífica a ningún nivel. Un análisis realizado con marcadores moleculares reveló que está constituida por un único clon dominante, presente en todas las poblaciones analizadas, y varios clones menores, estos últimos representan la mayor parte de la variabilidad y se encuentran geográficamente estructurados por grupos genéticamente afines. En Sayago (Montevideo, Uruguay) se instalaron ensayos de plantas aisladas con la mayor parte de los clones identificados; éstos se caracterizaron desde el punto de vista nutricional y se detectaron altos niveles de variabilidad para las características analizadas. Los resultados indican que la especie contiene un gran reservorio de variabilidad genética, potencialmente relevante desde el punto de vista agronómico, aún no explorada.

Palabras clave: *Paspalum dilatatum* Poir.; Forrajeras; Calidad; Recursos genéticos; Variabilidad.

8. SUMMARY

Paspalum dilatatum Poir. is a perennial apomictic grass which can be found geographically distributed in all the of humid pampas and fields zone of the South Cone. The species combines a warm-season cycle with a good quality of forage and tolerance to winter, something not frequent in C4 grasses, this is the reason why it has been object of prolonged domestication efforts. In spite of this, it has not been adopted as fodder and it exists only a marginal market of seeds at world-wide level. Although literature on its biological and genetic features is very abundant, there are not any general evaluations of intraspecific variability at any level up to now. An analysis made with molecular markers revealed that it is constituted by an only dominant clone and several minor ones. The former are present in all the populations analysed, the latter represent the main part of the variability and are geographically structured by groups genetically affine. Tests of most of the isolated plants with the identified clones took place in Sayago (Montevideo, Uruguay); they were characterized from a nutritional point of view, and high levels of variability for the analyzed characteristics were detected. The results showed that the species contained great reservoir of genetic variability, potentially relevant from an agronomic point of view, not yet explored.

Keywords: *Paspalum dilatatum* Poir.; Forage; Quality; Genetic resources; Variability.

9. BIBLIOGRAFÍA

1. Acosta, G.; Deregibus, V. A.; Hammar Aldatz, R. 1996. Inclusión de pasto miel (*Paspalum dilatatum* Poir.) en pasturas, efecto sobre el valor nutritivo. *Revista Argentina de Producción Animal*. 16 (2): 157-167.
2. _____.; Moauro, P.; Ayala Torales, A.; Deregibus, V. A. 1997a. Características estructurales de pasto miel sobre el valor nutritivo y el consumo de bovinos en pastoreo. *Revista Argentina de Producción Animal*. 1: 153-154.
3. _____.; Deregibus, V. A. 1997b. Fertilización nitrogenada en pasto miel: producción de forraje, valor nutritivo y características estructurales. *Revista Argentina de Producción Animal*. 1: 150-151.
4. _____. 2003. Efecto del pasto miel sobre la producción y calidad nutritiva de la pastura. *Revista Argentina de Producción Animal*. 23(3-4): 136-143.
5. Akin, D. E.; Burdick, D. 1975. Percentage of tissue types in tropical and temperate grass leaf blades and degradation of tissues by rumen microorganisms. *Crop Science*. 15: 661-668.
6. Asker, S. E.; Jerling, L. 1992. *Apomixis in plants*. Boca Ratón, FL, CRC. 298 p.
7. Astigarraga, L. 2004. Pasturas y producción otoño invernal en un tambo CREA: informe técnico. (en línea). Montevideo, Facultad de Agronomía. 69 p. Consultado 15 nov. 2014. Disponible en <http://www.fucrea.org/userfiles/informacion/items/1195.pdf>
8. Balloux, F.; Lehmann, L.; De Meeûs, T. 2003. The population genetics of clonal and partially clonal diploids. *Genetics*. 164: 1635-1644.
9. Bashaw, E. C.; Forbes, J. R. I. 1958. Chromosome numbers and microsporogenesis in dallisgrass *Paspalum dilatatum* Poir. *Agronomy Journal*. 50 (8): 441-445.
10. Benech, E. 1975. Estudio sobre calidad del forraje en 2 biotipos de *Paspalum dilatatum* Poir. Tesis Ing. Agr. Montevideo, Uruguay. Universidad de la República. Facultad de Agronomía. 85 p

11. Burson, B. L.; Lee, H. S.; Bennett, H. W. 1973. Genome relations between tetraploid *Paspalum dilatatum* and four diploid *Paspalum* species. *Crop Science*. 13: 739 -743.
12. Cangiano, A. 1997. Producción animal en pastoreo. Balcarce, INTA. 145 p.
13. Carámbula, M. 1977. Producción y manejo de pasturas sembradas. Montevideo, Uruguay, Hemisferio Sur. 464 p.
14. _____. 1982. *Paspalum dilatatum*, características agronómicas y su rol en las pasturas. *Revista Argentina de Producción Animal*. 2 (1): 68-84.
15. _____. 1996. Pasturas naturales mejoradas. Montevideo, Uruguay, Hemisferio Sur. 524 p.
16. _____. 2002. Pasturas y forrajes: potenciales y alternativas para producir forraje. Montevideo, Uruguay, Hemisferio Sur. v. 1, 357 p.
17. Cavaco, A. M.; Bernardes Da Silva, A.; Arrabaca, M. L. 2003. Effects of long-term chilling on growth and photosynthesis of the C₄ gramineae *Paspalum dilatatum*. *Physiologia Plantarum*. 119: 87-96.
18. Church, D. C. 1984. Alimentos y alimentación del ganado. Montevideo, Uruguay, Hemisferio Sur. 405 p.
19. Cian, M.; Fraguío, M.; Herrera, D.; Mistrorigo, D. 2003. Implantación de *Paspalum dilatatum* en el Norte de Entre Ríos. E.A. San Luis, La Paz, Argentina. *Revista Argentina de Producción Animal*. 23 (3-4): 147-153.
20. Cicardini, E. 1984. Curvas de producción y calidad del forraje de ocho ecotipos de pasto miel. INTA Balcarce. *Revista Argentina de Producción Animal*. 4 (4): 411-421.
21. Costa, N. 2015. Efecto de la incorporación de dos gramíneas perennes estivales en mezclas forrajeras convencionales. Tesis Ing. Agr. Montevideo, Uruguay. Universidad de la República. Facultad de Agronomía. 47 p.
22. Cuña, M.; Muguruza, M.; Rocha, F. 2012. Determinación del desarrollo fenológico de la panoja, curva de caída y calidad de semilla en *Paspalum dilatatum* cv. chirú y *Paspalum dilatatum* ssp. *flavescens*. Tesis Ing. Agr. Montevideo, Uruguay. Universidad de la República. Facultad 107 p.

23. Dartayete, D.; Huertas, M.; Pígola, P.; 1992. Producción de semilla en nuevos materiales apomícticos de *Paspalum dilatatum* Poir. Tesis Ing. Agr. Montevideo, Uruguay. Universidad de la República. Facultad de Agronomía. 127 p.
24. Daurelio, L. D.; Espinoza, F.; Quarín, C. L.; Pessino, S. C. 2004. Genetic diversity in sexual diploid and apomictic tetraploid populations of *Paspalum notatum* situated in sympatry or allopatry. *Plant Systematics and Evolution*. 244 (3): 189-199.
25. De Wet, J. M. J. 1968. Diploid-tetraploid-haploid cycles and the origin of variability in *Dichantium* agamospecies. *Evolution*. 22: 394-397.
26. D` Espósito, R.; López, C. 2001. Características biológicas de *Claviceps paspali* Stev. & Hall. *Boletín Micológico*. 16: 1-8.
27. Formoso, F.; Allegri, M. 1983. Producción de forraje, digestibilidad y proteína de gramíneas subtropicales en suelos arenosos y rastrojos de arroz en la región noreste de Uruguay. *Investigaciones Agropecuarias*. 4 (1): 38-45.
28. _____. 2002. Importancia de *Paspalum dilatatum* en Uruguay. *Revista Argentina de Producción Animal*. 23 (3-4): 134-136.
29. _____. 2010. Manejo de mezclas forrajeras y leguminosas puras. Producción y calidad del forraje. Efectos de estrés ambiental e interferencia de gramilla (*Cynodon dactylon*, (L) PERS.). Montevideo, INIA. 302 p. (Serie Técnica no. 188).
30. García, J. 1971. Influencia de factores ambientales sobre el rendimiento y calidad de semilla de tres biotipos de *Paspalum dilatatum* Poir. Tesis Ing. Agr. Montevideo, Uruguay. Universidad de la República. Facultad de Agronomía. 121 p.
31. García, M. V.; Arturi, M. J.; Ansín, O. E. 2001. Potencial de mejora en caracteres cuantitativos de *Paspalum dilatatum* Poir. en poblaciones del noreste bonaerense. *Revista de Facultad de Agronomía (La Plata)*. 104 (2): 105-111.
32. Glison, N. A. 2013. Variabilidad en el comportamiento germinativo y en la dormición por cubiertas entre diferentes genotipos de *Paspalum dilatatum* Poir. Tesis Magister en Ciencias Agrarias, Opción Ciencias Vegetales. Montevideo, Uruguay. Universidad de la República. Facultad de Agronomía. 85 p.

33. Hagopián, C.; Moreni, A. 2015. Evaluación de la inclusión de gramíneas estivales perennes en praderas permanentes sobre la producción y composición de leche de vacas Holando en verano. Tesis Ing. Agr. Montevideo, Uruguay. Universidad de la República. Facultad de Agronomía. 55 p.
34. Hancock, J. F. 2004. Polyploidy and gene duplication. In: Hancock, J. F. ed. Plant evolution and the origin of crop species. Wallingford, CABI. pp. 77-99.
35. Hector, A.; Schmid, B.; Beierkuhnlein, C.; Caldeira, M. C.; Diemer, M.; Dimitrakopoulos, P.; Finn, J.; Freitas, H.; Giller, P. S.; Good, J.; Harris, R.; H'ogberg, P.; Huss- Danell, K.; Joshi, J.; Jumpponen, A.; K'Orner, C.; Leadley, M.; Loreau, M.; Minns, A.; Mulder, C. P. H.; O'Donovan, G.; Otway, S. J.; Pereira, J. S.; Prinz, A.; Read, D. J.; Scherer-Lorenzen, M.; Schulze, E.; Siamantziouras, A.S.; Spehn, E. M.; Terry, A. C.; Troumbis, A.Y.; Woodward, F. I.; Yachi, S.; Lawton, J. H. 1999. Plant diversity and productivity experiments in European grasslands. *Crop Science*. 286:1123-1127.
36. Hidalgo, L. G.; Cauhepe, M. A.; Erni, A. N. 1998. Digestibilidad de la materia seca y contenido de proteína bruta en especies de pastizal de la Pampa Deprimida, Argentina. *Investigación Agraria: Producción y Sanidad Animales*. 13 (1-2-3): 165-177.
37. International Symposium on Nutritional Limits to Animal Production from Pasturers (1981, St. Lucia, Queensland, AU). 1981. Proceedings. Slough, UK, CAB. 536 p.
38. Jarrige, R. ; Ruckebush, C. ; Demarquilly, M.; Farce, H. ; Journet, M. 1995. *Nutrition des ruminants domestiques*. Paris, INRA. 921 p.
39. Loreau, M.; Naeem, S.; Inchausti, P.; Bengtsson, J.; Grime, J. P.; Hector, A. 2001. Biodiversity and ecosystem functioning; current knowledge and future challenges. *Crop Science*. 294:804–808.
40. McDonald, P.; Edwards, R. A.; Greenhalgh, J. F. D.; Morgan, C. A. 2006. *Nutrición animal*. 6ª. ed. Zaragoza, Acribia. 587 p.
41. Mcdowell, L.; Conrad, J.; Harris, L. 1974. *Tablas de composición de alimentos de América Latina*. Gainesville, FL, Universidad de Florida. 94 p.
42. Machado, R. 1998. Selección de ecotipos de *Brachiaria* spp. bajo condiciones de pastoreo sin fertilización. *Pastos y Forrajes*. 21 (4): 303-313.

43. Maddaloni, J.; Josifovich, J. A. 1989. Evaluación de calidad de pasto miel (*Paspalum dilatatum* Poir.) en pastoreo. INTA Pergamino. Resultados Comprobados no. 69. 4 p.
44. Marichal, M. de J.; Trujillo, A. I.; Carriquiry, M. 2001. Curso teórico-práctico de nutrición animal. Montevideo, Uruguay, Facultad de Agronomía. 75 p.
45. Michelini, D. F. 2010. Caracterización morfogenética de *Paspalum dilatatum* Poir. Tesis Ing. Agr. Montevideo, Uruguay. Universidad de la República. Facultad de Agronomía. 107 p.
46. Mieres, J. 2004. Guía para la alimentación de rumiantes. Montevideo, INIA. 93 p. (Serie Técnica no. 142).
47. Millot, J. C. 1969. Mejoramiento de gramíneas forrajeras. In: Reunión Técnica Producción y Conservación de Forraje (5º., 1969, Colonia). Trabajos presentados. Colonia, Ministerio de Ganadería y Agricultura. Centro de Investigaciones Agrícolas Alberto Boerger. pp. 101-110.
48. Nuciari, M. C.; Alonso, S. I. 2003. Porcentaje de tejidos foliares en subespecies de *Paspalum dilatatum* Poir. Boletín de la Sociedad Argentina de Botánica. 38 (Supl): 292.
49. Olivera, Y.; Machado, R. 2004. Evaluación de especies del género *Brachiaria* en suelos ácidos e infértiles durante la época de mínimas precipitaciones. Pastos y Forrajes. 27 (3): 225-233.
50. Orbea, J. 1982. Curvas de producción y calidad del forraje del pasto miel. INTA Balcarce. Informe para Extensión no. 179. 6 p.
51. Piaggio, L.; Curbelo, A.; Corso, C. 2003. Valor nutritivo de forrajes y reservas. Pastoreo. In: Curso a Distancia para Profesionales sobre Nutrición de Rumiantes (1º., 2003, Montevideo). Trabajos presentados. Montevideo, Uruguay, Facultad de Veterinaria. pp. 1-81.
52. Picasso, V. D.; Brummer, E. C.; Liebman, M.; Dixon, P. M.; Wilsey, B. J. 2008. Crop species diversity affects productivity and weed suppression in perennial polycultures under two management strategies. Crop Science. 48: 331-342.
53. Pizarro, E. 2002. Potencial forrajero del género *Paspalum*. Pasturas Tropicales. 22 (1): 38-46.

54. Quaglioti, R.; Ríos, G. 1988. Evaluación del rendimiento y calidad de 4 especies nativas bajo 2 sistemas de corte. Tesis Ing. Agr. Montevideo, Uruguay. Universidad de la República. Facultad de Agronomía. 102 p.
55. Quintans, I. 2013. Determinación de la producción, estacionalidad y calidad de forraje en una colección de pasto miel (*Paspalum dilatatum* Poir.) Tesis Ing. Agr. Montevideo, Uruguay. Universidad de la República. Facultad de Agronomía. 124 p.
56. Ribotta, A. N.; Griffa, S.; López Colomba, E.; Grunberg, K.; Biderbost, E. 2005. Determinación del contenido proteínico en materiales seleccionados de *Cenchrus ciliaris* L., *Chloris gayana* K. y *Panicum coloratum* L. Pastos y Forrajes. 28 (3): 241-246.
57. Richards, A. J. 2003. Apomixis in flowering plants: an overview. Philosophical Transaction of the Royal Society of London. 358 (1434): 1085-1093.
58. Rodríguez, O. 2010. Caracterización morfológica de clones recombinantes de *Paspalum dilatatum* Poir. Tesis Ing. Agr. Montevideo, Uruguay. Universidad de la República. Facultad de Agronomía. 81 p.
59. Rosengurtt, B. 1943. Estudios sobre praderas naturales: 3a. contribución. Montevideo, Uruguay, Barreiro y Ramos. 157 p.
60. _____. 1946. Estudios sobre praderas naturales del Uruguay: 5a. contribución. Montevideo, Uruguay, Rosgal. 473 p.
61. _____.; Arrillaga De Maffei, B.; Izaguirre De Artucio, P. 1970. Gramíneas uruguayas. Montevideo, Uruguay, Universidad de la República, Departamento de Publicaciones. 491 p.
62. Sanderson, M. A.; Skinner, R. H.; Barker, D. J.; Edwards, G. R.; Tracy, B. F.; Wedin, D. A. 2004. Plant species diversity and management of temperate forage and grazing land ecosystems. Crop Science. 44: 1132–1144.
63. Savidan, Y. 2000. Apomixis; genetics and breeding. Plant Breeding Reviews.18: 13-86.
64. Seguí, E.; Machado, H.; Blanco, F. 1992. Selección de híbridos en *Panicum máximum* Jacq. superiores en términos de materia seca y calidad a los progenitores. Pastos y Forrajes. 15 (2): 103-108.

65. _____.; Blanco, F.; Machado, H.; Fernández, E. 1994. Selección de cultivares de *Panicum maximum* Jacq. con características forrajeras y alto índice de calidad. Pastos y Forrajes. 17 (2): 117-122.
66. Skerman, P. J.; Riveros, F. 1992. Gramíneas tropicales. Roma, Italia, FAO. 489 p. (Colección FAO. Producción y protección vegetal no. 23).
67. Speranza, P. 1999. Análisis genómico por hibridación ADN:ADN en especies del grupo Dilatata (*Paspalum*, Gramineae) usando ADN genómico como sonda. Tesis Magíster en Ciencias Biológicas. Montevideo, Uruguay. Universidad de la República. Facultad de Agronomía. 63 p.
68. _____. 2005a. Los desafíos de la exploración de los recursos genéticos en plantas apomíticas; lecciones del caso de *Paspalum dilatatum*. Agrociencia (Montevideo). 9 (1-2): 73-76.
69. _____. 2005b. Evolutionary patterns in the Dilatata group (*Paspalum*, Poaceae); a polyploid/agamic complex. PhD. Thesis. Gainesville, Florida, USA. University of Florida. 107 p.
70. _____.; Michelini, D.; Pezzani, F.; Rodríguez, O.; Elorga, G.; Viega, L.; Trujillo, A. I. 2008. Distribución geográfica de la variabilidad morfológica y fisiológica en pasto miel (*Paspalum dilatatum* Poir.). In: Reunión del Grupo Técnico en Forrajeras del Cono Sur; Grupo Campos (22^a., 2008, Montevideo). Trabajos presentados. Montevideo, Facultad de Agronomía. pp. 155-157.
71. _____. 2009. Introducción y domesticación de gramíneas forrajeras estivales perennes nativas. Montevideo, INIA. 42 p. (FPTA no. 177)
72. Tejera, M.; Speranza, P.; Astigarraga, L.; Picasso, V. 2016. Forage biomass, soil cover, stability and competition in perennial grass; legume pastures with different *Paspalum* species. Grass and Forage Science. 71 (4): 575-583.
73. Terra, R. 1973. Evaluación de mezclas forrajeras con inclusión de *Paspalum dilatatum*. Tesis Ing. Agr. Montevideo, Uruguay. Universidad de la República. Facultad de Agronomía. 86 p.
74. Tivano, J. C.; Vegetti, A. C.; Brollo, M. E. 1990. Utilización de los caracteres histofoliales en la evaluación de la calidad forrajera de 7 líneas de *Paspalum dilatatum* Poir. Revista Argentina de Producción Animal. 10 (1): 13-17.

75. Trujillo, A. I.; Uriarte, G. 2007. Valor nutritivo de las pasturas. (en línea). Montevideo, Facultad de Agronomía. 19 p. Consultado 12 set. 2009. Disponible en http://prodanimal.fagro.edu.uy/cursos/ALIMENTOS%20RUMIANTES/Trujillo Uriarte.VALOR_NUTRITIVO_PASTURAS.pdf
76. Useglio, E.; Von Der Pahlen, A. 1982. Evaluación de poblaciones de pasto miel. INTA Pergamino. Información Parcial no. 109. 5 p.
77. Van Soest, P. J. 1994. Nutritional ecology of the ruminant. 2nd. ed. Ithaca, NY, Cornell University. 476 p.
78. Venuto, B. C.; Burson, B. L.; Hussey, M. A.; Redfearn, D. D.; Wyatt, W. E.; Brown, L. P. 2003. Forage yield, nutritive value, and grazing tolerance of Dallisgrass biotypes. *Crop Science*. 43: 295-301.
79. Wilson, J. R.; Kennedy, P. M. 1996. Plant and animal constraints to voluntary feed intake associated with fibre characteristics and particle breakdown and passage in ruminants. *Australian Journal Agricultural Research*. 47: 199-225.
80. _____; Hatfield, R. D. 1997. Structural and chemical change of cell wall types during stem development; consequences for fibre degradation by rumen microflora. *Australian Journal of Agricultural Research*. 48: 165-

10. ANEXOS

Anexo 1. Datos de porcentaje de hojosisidad

Genotipo	Bloque	Hojosisidad (%)
108	I	10,27
108	I	11,53
108	II	15,21
108	II	11,81
113	I	12,27
113	I	,
113	II	10,37
113	II	14,63
Dil 62-8	I	9,24
Dil 62-8	I	6,05
Dil 62-8	II	11,01
Dil 62-8	II	7,51
59 ^a	I	5,73
59 ^a	I	11,05
59 ^a	II	4,12
59 ^a	II	11,39
73-7	I	13,31
73-7	I	12,00
73-7	II	9,50
73-7	II	8,18
67	I	5,82
67	I	13,27
67	II	9,70
67	II	14,38
44	I	4,62
44	I	12,51
44	II	13,70
44	II	12,72
33-7	I	9,38
33-7	I	10,20

33-7	II	11,39
33-7	II	14,61
Dil 44-1	I	8,57
Dil 44-1	I	4,82
Dil 44-1	II	9,04
Dil 44-1	II	7,70
Ch4	I	13,95
Ch4	I	16,20
Ch4	II	19,71
Ch4	II	19,01
33-2	I	8,27
33-2	I	11,59
33-2	II	15,46
33-2	II	11,30
111	I	7,07
111	I	15,32
111	II	5,99
111	II	10,30
42b	I	6,22
42b	I	10,43
42b	II	10,85
42b	II	6,31
58-2	I	6,53
58-2	I	17,27
58-2	II	14,19
58-2	II	14,50
59C	I	9,05
59C	I	9,49
59C	II	13,78
59C	II	10,22
Dil 47	I	9,97
Dil 47	I	8,55
Dil 47	II	12,14
Dil 47	II	22,84
72	I	42,32
72	I	15,52
72	II	19,36
72	II	,
Pf1sxCh4,10	I	13,69
Pf1sxCh4,10	I	17,60

Pf1sxCh4,10	II	14,13
Pf1sxCh4,10	II	7,11
Pf1xCh4.6	I	29,15
Pf1xCh4.6	I	31,28
Pf1xCh4.6	II	23,55
Pf1xCh4.6	II	26,33
Pf3sxCh4.1	I	10,63
Pf3sxCh4.1	I	15,38
Pf3sxCh4.1	II	13,73
Pf3sxCh4.1	II	19,43
V	I	18,13
V	I	16,01
V	II	22,53
V	II	19,29
6912xCoM.19	I	20,00
6912xCoM.19	I	14,91
6912xCoM.19	II	13,21
6912xCoM.19	II	14,29
6912xCoM.23	I	13,24
6912xCoM.23	I	21,03
6912xCoM.23	II	19,75
6912xCoM.23	II	14,66
6912xCoM.5	I	23,35
6912xCoM.5	I	21,90
6912xCoM.5	II	17,37
6912xCoM.5	II	18,41

Anexo 2. Datos de porcentaje de fibra detergente neutro y de proteína cruda

Genotipo	Bloque	FDN (%)	PC (%)
108	I	62,38	12,39
108	II	61,86	13,19
113	I	,	,
113	II	61,67	14,99
Dil 62-8	I	60,46	13,58
Dil 62-8	II	58,99	13,73
59 ^a	I	62,69	11,25
59 ^a	II	64,67	12,06
73-7	I	60,1	14,91
73-7	II	59,61	14,94
67	I	61,29	12,78
67	II	62,07	12,26
44	I	62,38	14,04
44	II	63,15	14,11
33-7	I	60,51	,
33-7	II	59,85	15,02
Dil 44-1	I	61,27	10,53
Dil 44-1	II	61,7	11,94
Ch4	I	63,35	11,81
Ch4	I	62,26	12,41
Ch4	II	64,23	10,02
Ch4	II	63,58	10,1
33-2	I	60,29	12,54
33-2	II	60,23	10,44
111	I	62,22	12,75
111	II	63,29	14,76
42b	I	62,61	10,7
42b	II	64,33	12,28
58-2	I	61,93	12,63
58-2	II	66,35	12,67
59C	I	63,74	12,38
59C	II	62,7	12,37
Dil 47	I	61,47	14,02
Dil 47	II	61,57	13,1
72	I	63,68	11,88
72	II	63,4	12,37
Pf1sxCh4,10	I	62,03	10,69

Pf1sxCh4,10	II	64,86	10,65
Pf1xCh4.6	I	65,33	10,49
Pf1xCh4.6	I	62,24	10,64
Pf1xCh4.6	II	67,01	10,04
Pf1xCh4.6	II	68,94	10,5
Pf3sxCh4.1	I	65,52	12,52
Pf3sxCh4.1	II	65,02	12,68
V	I	60,36	11,31
V	II	61,58	12,38
6912xCoM.19	I	61,6	11,6
6912xCoM.19	II	59,97	13,26
6912xCoM.23	I	60,99	11,88
6912xCoM.23	II	61,32	13,1
6912xCoM.5	I	63,22	11,79
6912xCoM.5	II	63,86	12,93

Anexo 3. Datos de porcentaje de digestibilidad de la materia seca y de la materia orgánica

Genotipo	Bloque	Digest. M org. (%)	Digest. Ms. (%)
108	I	59,06	55,64
108	I	51,53	48,71
108	I	47,11	44,57
108	I	39,82	37,85
108	II	52,79	49,90
108	II	64,94	61,04
108	II	52,58	49,74
108	II	67,85	63,72
113	I	48,71	44,98
113	I	42,26	39,11
113	I	55,17	51,01
113	I	51,21	47,29
113	II	64,50	59,75
113	II	68,53	63,42
113	II	29,81	27,57
113	II	61,66	57,07
Dil 62-8	I	43,05	40,74
Dil 62-8	I	59,30	55,72
Dil 62-8	I	55,76	52,43
Dil 62-8	I	39,88	37,83
Dil 62-8	II	52,95	49,84
Dil 62-8	II	63,83	59,77
Dil 62-8	II	44,92	42,35
Dil 62-8	II	44,91	42,36
59 ^a	I	54,88	52,31
59 ^a	I	58,39	55,70
59 ^a	I	62,77	59,82
59 ^a	I	50,64	48,34
59 ^a	II	57,63	55,02
59 ^a	II	70,97	67,50
59 ^a	II	53,98	51,58
59 ^a	II	69,02	65,78
73-7	I	65,23	61,94
73-7	I	67,88	64,33
73-7	I	31,62	30,72
73-7	I	65,60	62,28
73-7	II	65,17	61,76

73-7	II	71,04	67,35
73-7	II	70,94	67,23
73-7	II	71,95	68,20
67	I	60,18	56,70
67	I	66,26	62,18
67	I	53,85	50,67
67	I	53,56	50,37
67	II	31,55	30,09
67	II	70,20	65,90
67	II	51,39	48,50
67	II	73,55	68,87
44	I	60,86	56,77
44	I	64,09	59,69
44	I	63,58	59,27
44	I	69,72	65,01
44	II	50,89	47,50
44	II	66,82	62,15
44	II	51,53	47,90
44	II	58,49	54,36
33-7	I	69,73	65,82
33-7	I	76,19	71,82
33-7	II	39,64	37,75
33-7	II	66,29	62,68
33-7	II	58,14	55,09
33-7	II	72,67	68,67
Dil 44-1	I	64,27	60,36
Dil 44-1	I	56,26	52,80
Dil 44-1	I	48,86	45,95
Dil 44-1	I	55,94	52,51
Dil 44-1	II	57,22	53,70
Dil 44-1	II	70,52	66,16
Dil 44-1	II	65,67	61,55
Dil 44-1	II	72,10	67,65
Ch4	I	55,31	52,19
Ch4	I	52,43	49,69
Ch4	I	51,44	48,72
Ch4	I	55,71	52,58
Ch4	I	51,91	49,11
Ch4	I	41,57	39,50
Ch4	I	53,59	50,71
Ch4	I	54,72	51,73

Ch4	II	45,02	42,78
Ch4	II	51,76	48,94
Ch4	II	51,70	48,98
Ch4	II	53,71	50,87
Ch4	II	47,49	44,96
Ch4	II	59,70	56,28
Ch4	II	28,99	27,89
Ch4	II	51,60	48,91
33-2	I	50,45	48,21
33-2	I	52,42	50,01
33-2	I	52,55	50,17
33-2	I	54,53	51,96
33-2	II	34,50	33,57
33-2	II	52,64	50,22
33-2	II	40,51	39,08
33-2	II	57,88	55,03
111	I	51,75	49,03
111	I	51,98	49,29
111	I	58,58	55,35
111	I	56,31	53,30
111	II	45,09	42,84
111	II	59,33	56,03
111	II	51,25	48,64
111	II	61,77	58,27
42b	I	48,89	46,01
42b	I	54,89	51,53
42b	I	35,91	33,74
42b	I	51,20	48,15
42b	II	45,54	42,83
42b	II	67,60	63,43
42b	II	48,76	45,78
42b	II	71,74	67,24
58-2	I	49,28	47,20
58-2	I	59,40	56,50
58-2	I	45,40	43,58
58-2	I	58,35	55,68
58-2	II	40,16	38,72
58-2	II	59,37	56,57
58-2	II	46,14	44,20
58-2	II	59,58	56,74
59C	I	53,16	49,90

59C	I	58,42	54,87
59C	I	49,40	46,38
59C	I	52,01	48,90
59C	II	57,02	53,49
59C	II	69,54	65,21
59C	II	49,68	46,69
59C	II	69,43	65,03
Dil 47	I	51,04	48,09
Dil 47	I	56,70	53,33
Dil 47	I	54,50	51,30
Dil 47	I	56,15	52,72
Dil 47	II	60,32	56,71
Dil 47	II	67,46	63,42
Dil 47	II	41,36	39,04
Dil 47	II	74,43	70,04
72	I	70,22	65,92
72	I	72,50	68,11
72	I	59,19	55,57
72	I	63,85	59,86
72	II	54,19	50,84
72	II	80,38	75,32
72	II	69,58	65,22
72	II	67,48	63,29
Pf1sxCh4,10	I	41,30	38,42
Pf1sxCh4,10	I	55,20	51,45
Pf1sxCh4,10	I	65,94	61,50
Pf1sxCh4,10	I	61,36	57,34
Pf1sxCh4,10	II	66,00	61,61
Pf1sxCh4,10	II	75,25	70,35
Pf1sxCh4,10	II	49,99	46,57
Pf1sxCh4,10	II	77,75	72,77
Pf1xCh4.6	I	51,97	48,88
Pf1xCh4.6	I	57,94	54,60
Pf1xCh4.6	I	55,43	52,14
Pf1xCh4.6	I	56,19	52,87
Pf1xCh4.6	I	61,91	58,31
Pf1xCh4.6	I	60,32	56,80
Pf1xCh4.6	I	53,00	49,91
Pf1xCh4.6	I	56,00	52,68
Pf1xCh4.6	II	51,67	48,66
Pf1xCh4.6	II	68,29	64,10

Pf1xCh4.6	II	45,71	43,10
Pf1xCh4.6	II	65,65	61,79
Pf1xCh4.6	II	28,25	26,80
Pf1xCh4.6	II	68,82	64,64
Pf1xCh4.6	II	55,80	52,57
Pf1xCh4.6	II	59,93	56,46
Pf3sxCh4.1	I	60,54	56,80
Pf3sxCh4.1	I	61,88	57,91
Pf3sxCh4.1	I	51,69	48,51
Pf3sxCh4.1	I	58,49	54,77
Pf3sxCh4.1	II	58,46	54,88
Pf3sxCh4.1	II	68,22	63,85
Pf3sxCh4.1	II	46,29	43,41
Pf3sxCh4.1	II	68,88	64,40
V	I	46,87	42,98
V	I	61,04	55,86
V	I	62,99	57,77
V	I	59,38	54,33
V	II	50,70	46,28
V	II	65,44	60,02
V	II	48,88	44,73
V	II	64,77	59,40
6912xCoM.19	I	57,17	53,82
6912xCoM.19	I	65,84	61,87
6912xCoM.19	I	62,49	58,77
6912xCoM.19	I	62,50	58,70
6912xCoM.19	II	61,58	57,83
6912xCoM.19	II	61,93	58,25
6912xCoM.19	II	50,82	47,98
6912xCoM.19	II	67,09	63,04
6912xCoM.23	I	60,01	56,09
6912xCoM.23	I	58,73	54,88
6912xCoM.23	I	56,55	52,82
6912xCoM.23	I	67,88	63,20
6912xCoM.23	II	58,83	54,99
6912xCoM.23	II	67,28	62,65
6912xCoM.23	II	51,00	47,58
6912xCoM.23	II	71,92	67,11
6912xCoM.5	I	60,19	56,27
6912xCoM.5	I	66,53	62,26
6912xCoM.5	I	54,29	50,84

6912xCoM.5	I	55,84	52,16
6912xCoM.5	II	52,04	48,76
6912xCoM.5	II	71,42	66,74
6912xCoM.5	II	39,21	36,75
6912xCoM.5	II	71,08	66,48

Anexo 4. Análisis genotípico y por nivel de ploidía de porcentaje de digestibilidad de la materia seca

Información de nivel de clase

Clase	Niveles	Valores
Genotipo	24	1 2 3 4 5 6 7 8 9 10 11 12 13 14 15 16 17 18 19 20 21 22 23 24
BLOQUE	2	I II
CAPON	4	3 4 5 6

Número de observaciones leídas 206

Número de observaciones usadas 206

Fuente	DF	Suma de cuadrados	Cuadrado de la media	F-Valor	Pr > F
Modelo	26	0.93941532	0.03613136	8.24	<.0001
Error	179	0.78482352	0.00438449		
Total correcto	205	1.72423883			

R-cuadrado	Coef. Var.	Raíz MSE	DIG Media
0.544829	12.29972	0.066215	0.538350

Fuente	DF	Tipo I SS	Cuadrado de la media	F-Valor	Pr > F
BLOQUE	1	0.02066802	0.02066802	4.71	0.0312
Genotipo	23	0.36836781	0.01601599	3.65	<.0001
CAPON(BLOQUE)	2	0.55037949	0.27518974	62.76	<.0001

Fuente	DF	Tipo III SS	Cuadrado de la media	F-Valor	Pr > F
BLOQUE	1	0.01814075	0.01814075	4.14	0.0434
Genotipo	23	0.36836781	0.01601599	3.65	<.0001
CAPON(BLOQUE)	2	0.55037949	0.27518974	62.76	<.0001

Fuente **Tipo III Cuadrado de media esperado**
BLOQUE **Var.(Error) + 51.333 Var.(CAPON(BLO)) + 102.67 Var.(BLO)**
Genotipo **Var.(Error) + 8.5564 Var.(CLON)**
CAPON (BLO) **Var.(Error) + 51.5 Var.(CAPON(BLO))**

Medias de cuadrados mínimos
Ajuste para comparaciones múltiples: Tukey-Kramer

Genotipo	Media
33-2	0,4725
Dil 62-8	0,47625
Ch4	0,47813
113	0,4875
42b	0,49875
58-2	0,5
111	0,515
108	0,51625
V	0,52625
Pf1xCh4.6	0,52875
59C	0,5375
67	0,5425
Dil 47	0,5425
6912xCoM.5	0,55
Pf3sxCh4.1	0,55625
44	0,56625
59 ^a	0,57125
Pf1sxCh4.10	0,57375
6912xCoM.23	0,575
6912xCoM.19	0,57625
Dil 44-1	0,5775
33-7	0,60187
73-7	0,60375
72	0,63

Pf1xCh4,6	1	1	1	1	1	1	1	0,9985
59C	1	1	1	1	1	1	1	1
67	1	1	1	1	1	1	1	1
Dil 47	1	1	1	1	1	1	1	1
6912XcoM,5	1	1	1	1	1	1	1	1
Pf3sxCh4,1	1	1	1	1	1	1	1	1
44	0,9998	1	1	1	1	1	1	1
59A	0,9985	1	1	1	1	1	1	1
Pf1sxCh4,10	0,9967	1	1	1	1	1	1	1
6912xCoM,23	0,9953	1	1	1	1	1	1	1
6912xCoM,19	0,9933	1	1	1	1	1	1	1
Dil 44-1	0,9906	0,9999	1	1	1	1	1	1
33-7	0,8078	0,9815	0,993	0,993	0,999	0,9999	1	1
73-7	0,586	0,942	0,975	0,975	0,9948	0,9991	1	1
72	0,0818	0,449	0,565	0,565	0,7346	0,8508	0,961	0,9842

i/j	Pf1sxCh4,10	6912xCoM,23	6912xCoM,19	Dil 44-1	33-7	73-7	72
33-2	0,2711	0,2497	0,2294	0,2102	0,064	0,02	0,001
Dil 62-8	0,3418	0,3172	0,2936	0,2711	0,087	0,03	0,002
Ch4	0,1403	0,1251	0,1112	0,0985	0,026	0	<.0001
113	0,5942	0,5649	0,5356	0,5064	0,199	0,09	0,006
42b	0,8302	0,8083	0,7849	0,7604	0,386	0,21	0,021
58-2	0,8508	0,8302	0,8083	0,7849	0,411	0,23	0,024
111	0,9842	0,9798	0,9745	0,9682	0,727	0,54	0,097
108	0,9878	0,9842	0,9798	0,9745	0,751	0,56	0,107
V	0,9991	0,9987	0,9981	0,9973	0,904	0,78	0,229
Pf1xCh4,6	0,9967	0,9953	0,9933	0,9906	0,808	0,59	0,082
59C	1	1	1	0,9999	0,982	0,94	0,449
67	1	1	1	1	0,993	0,97	0,565
Dil 47	1	1	1	1	0,993	0,97	0,565
6912xCoM,5	1	1	1	1	0,999	0,99	0,735
Pf3sxCh4,1	1	1	1	1	1	1	0,851
44	1	1	1	1	1	1	0,961
59^a	1	1	1	1	1	1	0,984
Pf1sxCh4,10	1	1	1	1	1	1	0,991
6912xCoM,23	1	1	1	1	1	1	0,993
6912xCoM,19	1	1	1	1	1	1	0,995
Dil 44-1	1	1	1	1	1	1	0,996
33-7	1	1	1	1	1	1	1
73-7	1	1	1	1	1	1	1
72	0,9907	0,993	0,9948	0,9962	1	1	1

Parámetro	Estimador	Error estándar	Valor t	Pr > t
4X vs. RESTO	-0.87125812	0.37990148	-2.29	0.0230
5X vs. 6X	-0.13907062	0.22049934	-0.63	0.5290

Anexo 5. Análisis genotípico y por nivel de ploidía de porcentaje de fibra detergente neutro

Información de nivel de clase

Clase	Niveles	Valores
Genotipo	24	1 2 3 4 5 6 7 8 9 10 11 12 13 14 15 16 17 18 19 20 21 22 23 24
BLOQUE	2	1 2

Número de observaciones leídas 48
 Número de observaciones usadas 47

NOTA: variables in each group are consistent with respect to the presence or absence of missing values.

Fuente	DF	Suma cuadrados	Cuadrado de la media	F-Valor	Pr > F
Modelo	24	0.01267046	0.00052794	4.25	0.0006
Error	22	0.00273223	0.00012419		
Total correcto	46	0.01540269			

R-cuadrado Coef. Var. Raíz MSE FDN Media
 0.822613 1.787765 0.011144 0.623357

Fuente	DF	Tipo I SS	Cuadrado de la media	F-Valor	Pr > F
BLOQUE	1	0.00008247	0.00008247	0.66	0.4239
Genotipo	23	0.01258799	0.00054730	4.41	0.0005

Fuente	DF	Tipo III SS	Cuadrado de la media	F-Valor	Pr > F
BLOQUE	1	0.00010320	0.00010320	0.83	0.3719
Genotipo	23	0.01258799	0.00054730	4.41	0.0005

Fuente	Tipo III Cuadrado de media esperado
BLOQUE	Var.(Error) + 23 Var.(BLOQUE)
Genotipo	Var.(Error) + 1.9565 Var.(CLON)

Medias de cuadrados mínimos
Ajuste para comparaciones múltiples: Tukey-Kramer

Genotipo	Media
Dil 62-8	0,59725
73-7	0,59855
33-7	0,6018
33-2	0,6026
6912xCoM.19	0,60785
V	0,6097
6912xCoM.23	0,61155
Dil 44-1	0,61485
Dil 47	0,6152
113	0,61520217
67	0,6168
108	0,6212
111	0,62755
44	0,62765
59C	0,6322
Ch4	0,63355
Pf1sxCh4.10	0,63445
42b	0,6347
72	0,6354
6912xCoM.5	0,6354
59 ^a	0,6368
Pf1xCh4.6	0,63785
58-2	0,6414
Pf3sxCh4.1	0,66625

111	0,9999	1	1	1	1	1	1	1
44	0,9999	1	1	1	1	1	1	1
59C	0,9936	0,9996	0,9981	1	1	1	1	1
Ch4	0,9852	0,9988	0,9946	0,9999	1	1	1	1
Pf1sxCh4,10	0,976	0,9977	0,9902	0,9998	1	1	1	1
42b	0,9728	0,9973	0,9886	0,9997	1	1	1	1
72	0,9622	0,9959	0,983	0,9993	1	1	1	1
6912xCoM,5	0,9622	0,9959	0,983	0,9993	1	1	1	1
59^a	0,933	0,991	0,9655	0,9977	1	1	1	1
Pf1xCh4,6	0,9032	0,9851	0,9458	0,995	1	1	1	1
58-2	0,7546	0,9417	0,8299	0,9622	0,9995	0,9996	1	1
Pf3sxCh4,1	0,0188	0,111	0,0256	0,0581	0,1726	0,1753	0,3406	0,4046

i/j	Pf1sxCh4,10	42b	72	6912xCoM,5	59^a	Pf1xCh4,6	58-2	Pf3sxCh41
Dil 62-8	0,2177	0,2096	0,1882	0,1882	0,1505	0,1266	0,0684	0,0005
73-7	0,2638	0,2544	0,2295	0,2295	0,1852	0,1567	0,0861	0,0007
33-7	0,4071	0,3947	0,3612	0,3612	0,2995	0,2581	0,1493	0,0013
33-2	0,4478	0,4349	0,3996	0,3996	0,3339	0,2893	0,1698	0,0016
6912xCoM,19	0,7341	0,7211	0,6836	0,6836	0,6062	0,5477	0,3636	0,0044
V	0,8233	0,8122	0,7793	0,7793	0,7078	0,6507	0,4557	0,0064
6912xCoM,23	0,895	0,8865	0,8607	0,8607	0,8007	0,7495	0,5561	0,0092
Dil 44-1	0,9714	0,9678	0,956	0,956	0,9238	0,8917	0,7367	0,0176
Dil 47	0,976	0,9728	0,9622	0,9622	0,933	0,9032	0,7546	0,0188
113	0,9977	0,9973	0,9959	0,9959	0,991	0,9851	0,9417	0,111
67	0,9902	0,9886	0,983	0,983	0,9655	0,9458	0,8299	0,0256
108	0,9998	0,9997	0,9993	0,9993	0,9977	0,995	0,9622	0,0581
111	1	1	1	1	1	1	0,9995	0,1726
44	1	1	1	1	1	1	0,9996	0,1753
59C	1	1	1	1	1	1	1	0,3406
Ch4	1	1	1	1	1	1	1	0,4046
Pf1sxCh4,10	1	1	1	1	1	1	1	0,4504
42b	1	1	1	1	1	1	1	0,4636
72	1	1	1	1	1	1	1	0,5011
6912xCoM,5	1	1	1	1	1	1	1	0,5011
59^a	1	1	1	1	1	1	1	0,5783
Pf1xCh4,6	1	1	1	1	1	1	1	0,6369
58-2	1	1	1	1	1	1	1	0,8189
Pf3sxCh4,1	0,4504	0,4636	0,5011	0,5011	0,5783	0,6369	0,8189	1

Parámetro	Estimador	Error estándar	Valor t	Pr > t
4X vs. RESTO	0.01455217	0.12828953	0.11	0.9107
5X vs. 6X	0.02472717	0.07881830	0.31	0.7567

Anexo 6. Análisis genotípico y por nivel de ploidía de porcentaje de proteína cruda

Información de nivel de clase

Clase	Niveles	Valores
Genotipo	24	1 2 3 4 5 6 7 8 9 10 11 12 13 14 15 16 17 18 19 20 21 22 23 24
BLOQUE	2	1 2

Número de observaciones leídas 48

Número de observaciones usadas 46

NOTA: variables in each group are consistent with respect to the presence or absence of missing values.

Fuente	DF	Suma cuadrados	Cuadrado la media	F-Valor	Pr > F
Modelo	24	0.00720267	0.00030011	5.53	<.0001
Error	21	0.00113864	0.00005422		
Total correcto	45	0.00834130			

R-cuadrado	Coef. Var.	Raíz MSE	PC Media
0.863494	5.911342	0.007363	0.124565

Fuente	DF	Tipo I SS	Cuadrado de la media	F-Valor	Pr > F
BLOQUE	1	0.00031820	0.00031820	5.87	0.0245
Genotipo	23	0.00688447	0.00029932	5.52	0.0001

Fuente	DF	Tipo III SS	Cuadrado de la media	F-Valor	Pr > F
BLOQUE	1	0.00011136	0.00011136	2.05	0.1665
Genotipo	23	0.00688447	0.00029932	5.52	0.0001

Fuente **Tipo III Cuadrado de media esperado**
BLOQUE **Var.(Error) + 22 Var.(BLOQUE)**
Genotipo **Var.(Error) + 1.913 Var.(CLON)**

Medias de cuadrados mínimos
Ajuste para comparaciones múltiples: Tukey-Kramer

Genotipo	Media
Pf1xCh4.6	0,105
Ch4	0,11
Pf1sxCh4.10	0,11
59 ^a	0,115
Dil 44-1	0,115
33-2	0,115
42b	0,115
Pf3sxCh4.1	0,115
V	0,115
59C	0,12
72	0,12
108	0,125
67	0,125
6912xCoM.19	0,125
6912xCoM.23	0,125
6912xCoM.5	0,125
58-2	0,13
Dil 47	0,135
Dil 62-8	0,14
44	0,14
111	0,14
113	0,148
33-7	0,148
73-7	0,15

Medias de cuadrados mínimos para el efecto CLON
Pr > |t| para H0: MediaLS(i)=MediaLSn(j)

i/j	Pf1xCh4.6	Ch4	Pf1sxCh4.10	59^a	Dil 44-1	33-2	42b	Pf3sxCh4.1
Pf1xCh4.6	1	1	1	0,9984	0,9984	0,998	0,998	0,9984
Ch4	1	1	1	1	1	1	1	1
Pf1sxCh4.10	1	1	1	1	1	1	1	1
59^a	0,9984	1	1	1	1	1	1	1
Dil 44-1	0,9984	1	1	1	1	1	1	1
33-2	0,9984	1	1	1	1	1	1	1
42b	0,9984	1	1	1	1	1	1	1
Pf3sxCh4.1	0,9984	1	1	1	1	1	1	1
V	0,9984	1	1	1	1	1	1	1
59C	0,9002	0,9984	0,9984	1	1	1	1	1
72	0,9002	0,9984	0,9984	1	1	1	1	1
108	0,5339	0,9002	0,9002	0,9984	0,9984	0,998	0,998	0,9984
67	0,5339	0,9002	0,9002	0,9984	0,9984	0,998	0,998	0,9984
6912xCoM.19	0,5339	0,9002	0,9002	0,9984	0,9984	0,998	0,998	0,9984
6912xCoM.23	0,5339	0,9002	0,9002	0,9984	0,9984	0,998	0,998	0,9984
6912xCoM.5	0,5339	0,9002	0,9002	0,9984	0,9984	0,998	0,998	0,9984
58-2	0,2011	0,5339	0,5339	0,9002	0,9002	0,9	0,9	0,9002
Dil 47	0,057	0,2011	0,2011	0,5339	0,5339	0,534	0,534	0,5339
Dil 62-8	0,014	0,057	0,057	0,2011	0,2011	0,201	0,201	0,2011
44	0,014	0,057	0,057	0,2011	0,2011	0,201	0,201	0,2011
111	0,014	0,057	0,057	0,2011	0,2011	0,201	0,201	0,2011
113	0,0133	0,0419	0,0419	0,1222	0,1222	0,122	0,122	0,1222
33-7	0,0133	0,0419	0,0419	0,1222	0,1222	0,122	0,122	0,1222
73-7	0,0008	0,0033	0,0033	0,014	0,014	0,014	0,014	0,014

i/j	V	59C	72	108	67	6912xCoM.19	6912xCoM.23	6912xCoM.5
Pf1xCh4.6	1	0,9	0,9	0,53	0,5339	0,5339	0,5339	0,5339
Ch4	1	1	1	0,9	0,9002	0,9002	0,9002	0,9002
Pf1sxCh4.10	1	1	1	0,9	0,9002	0,9002	0,9002	0,9002
59^a	1	1	1	1	0,9984	0,9984	0,9984	0,9984
Dil 44-1	1	1	1	1	0,9984	0,9984	0,9984	0,9984
33-2	1	1	1	1	0,9984	0,9984	0,9984	0,9984
42b	1	1	1	1	0,9984	0,9984	0,9984	0,9984
Pf3sxCh4.1	1	1	1	1	0,9984	0,9984	0,9984	0,9984
V	1	1	1	1	0,9984	0,9984	0,9984	0,9984
59C	1	1	1	1	1	1	1	1
72	1	1	1	1	1	1	1	1
108	1	1	1	1	1	1	1	1
67	1	1	1	1	1	1	1	1
6912xCoM.19	1	1	1	1	1	1	1	1
6912xCoM.23	1	1	1	1	1	1	1	1
6912xCoM.5	1	1	1	1	1	1	1	1
58-2	0,9	1	1	1	1	1	1	1
Dil 47	0,53	0,9	0,9	1	0,9984	0,9984	0,9984	0,9984
Dil 62-8	0,2	0,53	0,53	0,9	0,9002	0,9002	0,9002	0,9002
44	0,2	0,53	0,53	0,9	0,9002	0,9002	0,9002	0,9002
111	0,2	0,53	0,53	0,9	0,9002	0,9002	0,9002	0,9002
113	0,12	0,31	0,31	0,62	0,6198	0,6198	0,6198	0,6198
33-7	0,12	0,31	0,31	0,62	0,6198	0,6198	0,6198	0,6198
73-7	0,01	0,06	0,06	0,2	0,2011	0,2011	0,2011	0,2011

Parámetro	Estimador	Error estándar	Valor t	Pr > t
4X vs. RESTO	0.19181818	0.08494877	2.26	0.0347
5X vs. 6X	0.10931818	0.05237441	2.09	0.0492

Anexo 7. Análisis genotípico y por nivel de ploidía de porcentaje de digestibilidad de la materia orgánica

Información de nivel de clase

Clase	Niveles	Valores
Genotipo	24 1 2 3 4 5 6 16 17 18 19 7 8 9 10 11 12 13 14 15 16 17 18 19 20 21 22 23 24	
BLOQUE	2	I II
CAPON	4	3 4 5 6

Número de observaciones 206

Fuente	GL	Suma cuadrados	Cuadrados de la media	F-Valor	Pr>F
Modelo	26	1,106311	0,04255	8,41	<.0001
Error	179	0,90517	0,00506		
Tot corre.	205	2,01148			

R cuadrado Coef. Var. Raíz MSE Dig. M org media
 0,549998 12,4249 0,071111 0,57233

Fuente	GL	SC Tipo I	CM	F-Valor	Pr>F
BLOQUE	1	0,02382	0,0238	4,71	0,031
Genotipo	23	0,43199	0,0187	3,71	<.0001
CAP (BLOQ)	2	0,65049	0,3252	64,32	<.0001

Fuente	GL	SC Tipo III	CM	F-Valor	Pr>F
BLOQUE	1	0,021138	0,02114	4,18	0,042
Genotipo	23	0,431991	0,01878	3,71	<.0001
CAP (BLO)	2	0,650494	0,32525	64,32	<.0001

Fuente Tipo III cuadrado de media esperado
 BLOQUE Var.(Error)+51,333Var.(CAPON(BLOQ))+102,67Var.(BLOQ)
 Genotipo Var.(Error)+8,5564Var.(CLON)
 CAP.(BLOQ) Var.(Error)+51,5Var.(CAPON(BLOQUE))

Media de cuadrados mínimos
Ajuste para comparaciones múltiples: Tukey-Kramer

Genotipo	Media
33-2	0,49625
Ch4	0,505
Dil 62-8	0,50625
58-2	0,52
113	0,5275
42b	0,5325
111	0,545
108	0,54625
Pf1xCh4.6	0,560625
59C	0,5725
V	0,575
67	0,57625
Dil 47	0,57625
6912xCoM.5	0,5875
Pf3sxCh4.1	0,5925
59 ^a	0,59875
44	0,60875
6912xCoM.19	0,6125
Dil 44-1	0,61375
Pf1sxCh4.10	0,615
6912xCoM.23	0,61625
33-7	0,6349513
73-7	0,6375
72	0,67125

Medias de cuadrados mínimos para el efecto Clon
Pr >| t| para Ho: LSMean(i)=LSMean(j)

i/j	33-2	Ch4	Dil 62-8	58-2	113	42b	111	108
33-2	0,9996	1	1	0,8906	1	1	1	0,9993
Ch4	0,9998	1	1	0,8687	1	1	1	0,9997
Dil 62-8	1	1	0,597	1	1	1	1	1
58-2	1	1	1	0,9986	1	1	1	1
113	1	1	0,9412	1	1	1	1	1
42b	1	1	1	1	1	1	1	1
111	0,9996	0,9998	1	1	1	1	1	1
108	0,9993	0,9997	0,9986	1	1	1	1	1

Pf1xCh4.6	0,9125	0,8586	0,9851	0,9998	1	1	1	1
59C	0,8906	0,8687	0,9724	0,9986	0,9999	1	1	1
V	0,8574	0,8257	0,959	0,9973	0,9997	1	1	1
67	0,8388	0,8017	0,9507	0,9964	0,9996	0,9999	1	1
Dil 47	0,8388	0,8017	0,9507	0,9964	0,9996	0,9999	1	1
6912xCoM.5	0,6241	0,5366	0,8189	0,9662	0,9915	0,9973	1	1
Pf3sxCh4.1	0,5151	0,4138	0,7281	0,9305	0,9777	0,9915	0,9997	0,9998
59A	0,3843	0,2791	0,597	0,8574	0,9412	0,9724	0,9981	0,9986
44	0,2139	0,1282	0,3843	0,6773	0,8189	0,8906	0,9822	0,9859
6912xCoM.19	0,1658	0,0918	0,3136	0,597	0,7523	0,8388	0,9662	0,9724
Dil 44-1	0,959	0,1517	0,2918	1	0,7281	0,5697	0,8189	0,9662
Pf1sxCh4.10	0,1386	0,0726	0,2709	0,5424	0,703	0,7978	0,9507	0,959
6912xCoM.23	0,1263	0,0643	0,2509	0,5151	0,6773	0,7756	0,9412	0,9507
33-7	0,0652	0,0343	0,1356	0,3123	0,4479	0,5476	0,7854	0,8056
73-7	0,0201	0,006	0,0506	0,1517	0,2509	0,3364	0,597	0,6241
72	0,0005	<0,001	0,0016	0,0073	0,0157	0,0255	0,0773	0,0856

i/j	Pf1xCh4.6	59C	V	67	Dil 47	6912xCoM.5	Pf3sxCh4.1	59A
33-2	0,9125	0,8388	0,8574	0,8388	1	0,6241	0,5151	0,3843
Ch4	0,8586	0,8017	0,8257	0,8017	1	0,5366	0,4138	0,2791
Dil 62-8	0,9851	0,9724	0,959	0,3843	0,9507	0,8189	0,7281	0,0506
58-2	0,9998	0,9964	0,9973	0,9964	1	0,9662	0,9305	0,8574
113	1	0,9999	0,9997	0,8189	0,9996	0,9915	0,9777	0,2509
42b	1	0,9999	1	0,9999	1	0,9973	0,9915	0,9724
111	1	1	1	1	1	1	0,9997	0,9981
108	1	1	1	0,9859	1	1	0,9998	0,6241
Pf1xCh4.6	1	1	0,9917	1	1	1	1	0,9999
59C	1	1	1	1	1	1	1	1
V	1	1	1	1	1	1	1	1
67	1	1	1	1	1	1	1	1
Dil 47	1	1	1	1	1	1	1	1
6912xCoM.5	1	1	1	1	1	1	1	1
Pf3sxCh4.1	1	1	1	1	1	1	1	1
59A	0,9999	1	1	1	1	1	1	1
44	0,9969	1	1	1	1	1	1	1
6912xCoM.19	0,9917	1	1	1	1	1	1	1
Dil 44-1	0,9888	1	1	1	1	1	1	1
Pf1sxCh4.10	1	1	1	1	1	1	1	1
6912xCoM.23	0,9805	0,9999	1	1	1	1	1	1
33-7	0,8741	0,9948	0,997	0,9978	0,9978	0,9999	1	1
73-7	0,6769	0,9777	0,9859	1	0,989	0,9993	0,9999	1
72	0,8574	0,4614	0,9935	0,5424	0,5424	1	0,5151	0,9305

i/j	44	6912xCoM.19	Dil 44-1	Pf1sxCh4.10	6912xCoM.23	33-7	73-7	72
33-2	0,2139	0,1658	0,1517	0,1386	0,1263	0,0652	0,02	0,0005
Ch4	0,1282	0,0918	0,0817	0,0726	0,0643	0,0343	0,006	<.0001
Dil 62-8	0,1356	0,3136	0,2918	0,2709	0,2509	1	0,9507	0,0016
58-2	0,6773	0,597	0,5697	0,5424	0,5151	0,3123	0,1517	0,0073
113	0,4479	0,7523	0,7281	0,703	0,6773	1	0,9996	0,0157
42b	0,8906	0,8388	0,8189	0,7978	0,7756	0,5476	0,3364	0,0255
111	0,9822	0,9662	0,959	0,9507	0,9412	0,7854	0,597	0,0773
108	0,8056	0,9724	0,9662	0,959	0,9507	1	1	0,0856
Pf1sxCh4.6	0,9969	0,9805	0,9888	0,9851	1	0,8741	0,6769	0,0683
59C	1	1	1	1	0,9999	0,9948	0,9777	0,4614
V	1	1	1	1	1	0,997	0,9859	0,5151
67	0,9978	1	1	1	1	1	0,989	0,5424
Dil 47	1	1	1	1	1	0,9978	0,989	0,5424
6912xCoM.5	1	1	1	1	1	0,9999	0,9993	0,7756
Pf3sxCh4.1	1	1	1	1	1	1	0,9999	0,8574
59 ^a	1	1	1	1	1	1	1	0,9305
44	1	1	1	1	1	1	1	0,9859
6912xCoM.19	1	1	1	1	1	1	1	0,9935
Dil 44-1	1	1	0,0817	1	1	1	1	0,9951
Pf1sxCh4.10	1	1	1	0,9851	1	1	1	0,9964
6912xCoM.23	1	1	1	1	1	1	1	0,9973
33-7	1	1	1	1	1	1	1	1
73-7	1	1	1	1	1	1	0,989	1
72	0,9859	0,9973	0,9951	0,0683	0,7756	1	1	0,9964

		Error			
Fuente	Estimador	estándar	Valor t	Pr > t	
4x vs. REST	-1,1269	0,407991	-2,76	0,0063	
5x vs. 6x	-0,185	0,236803	-0,78	0,4356	

Anexo 8. Análisis genotípico y por nivel de ploidía de porcentaje de hojicidad

Información de nivel de clase

Clase	Niveles	Valores
Genot.	24	1 2 3 4 5 6 7 8 9 10 11 12 13 14 15 16 17 18 19 20 21 22 23 24
BLO.	2	I II

Número de observaciones 94

Fuente	GL	Suma cuadrados	Cuadrados de la media	F-Valor	Pr>F
Modelo	24	0,236	0,0098207	5,79	<.0001
Error	69	0,117	0,0016949		
Tot. Corre.	93		0,3526436		

R cuadrado 0,668374 **Coef. Var. 30,257** **Raíz MSE 0,041** **Dig. M org media 0,136064**

Fuente	GL	SC Tipo I	CM	F-Valor	Pr>F
BLOQUE	1	0,0006	0,000624	0,37	0,546
GENOTIPO	23	0,235	0,010220	6,03	<.0001

Fuente	GL	SC Tipo III	CM	F-Valor	Pr>F
BLOQUE	1	0,001	0,0013125	0,77	0,3819
GENOTIPO	23	0,235	0,0102206	6,03	<.0001

Fuente **Tipo III cuadrado de media esperado**
BLOQUE **Var. (Error)+46,667Var. (BLOQUE)**
GENOTIPO **Var. (Error)+3,9149Var. (MATERIAL)**

44	0,9999	1	1	1	1	1	1	1	1
33-7	0,9999	1	1	1	1	1	1	1	1
33-2	0,9997	0,9999	1	1	1	1	1	1	1
108	0,9964	1	0,9993	0,9984	1	1	1	1	1
113	0,9977	1	0,9995	0,9989	1	1	1	1	1
58-2	0,977	0,9867	0,9928	0,9964	0,9999	1	1	1	1
Pf1sxCh4.10	0,9625	0,977	0,9867	0,9928	0,9997	1	1	1	1
Dil 47	0,9422	0,9625	0,977	0,9867	0,9993	1	1	1	1
Pf3sxCh4.1	0,7372	0,7913	0,8396	0,881	0,977	0,9984	0,9993	0,9993	0,9993
6912xCoM.19	0,5543	0,6171	0,6787	0,7372	0,9152	0,9867	0,9928	0,9928	0,9928
Ch4	0,1889	0,2275	0,9984	0,3201	0,2713	0,9997	0,8396	0,8396	0,8396
6912xCoM.23	0,1889	0,2275	0,2713	0,3201	0,5543	0,7913	0,8396	0,8396	0,8396
V	0.0402	0,0513	0,0651	0,0819	0,1889	0,3737	0,4312	0,4312	0,4312
6912xCoM.5	0.0142	0.0186	0.0242	0.0313	0,0819	0,1889	0,2275	0,2275	0,2275
72	<.0001	<.0001	0.0001	0.0001	0.0005	0.0016	0.0021	0.0021	0.0021
Pf1xCh4.6	<.0001	<.0001	<.0001	<.0001	<.0001	<.0001	<.0001	<.0001	<.0001

i/j	44	33-7	33-2	108	113	58-2	Pf1sxCh4.10	Dil 47	Pf3sxCh4.1
Dil 44-1	0,9999	0,9999	1	0,9964	0,9977	1	0,9625	1	0,7372
59^a	1		0,9999	0,9984	0,9989	0,9867	0,977	0,9625	0,7913
42b	1	1	1	0,9993	0,9995	1	0,9867	1	0,8396
Dil 62-8	1		1	0,9997	0,9998	0,9964	0,9928	0,9867	0,881
111	1	1	1	1	1	1	0,9997	1	0,977
59C	1	1	1	1	1	1	1	1	0,9984
73-7	1		1	1	1	1	1	1	0,9993
67	1		1	1	1	1	1	1	0,9993
44	1		1	1	1	1	1	1	0,9999
33-7	1		1	1	1	1	1	1	0,9999
33-2	1	1	1	1	1	1	1	1	1
108	1		1	1	0,9997	1	1	1	1
113	1		1	1	0,9998	1	1	1	1
58-2	1	1	1	1	1	1	1	1	1
Pf1sxCh4.10	1	1	1	1	1	1	0.0014	1	0,9422
Dil 47	1	1	1	1	1	1	1	1	1
Pf3sxCh4.1	0,9999	0,9999	1	1	1	1	1	1	0,9984
6912xCoM.19	0,9984	0,9984	0,9993	1	1	1	1	1	1
Ch4	0,9152	0,9152	0,5543	0,9867	0,9971	0,7913	0,9993	1	1
6912xCoM.23	0,9152	0,9152	0,9422	0,9867	0,9971	0,9984	0,9993	0,9997	1
V	0,5543	0,5543	0,6171	0,7913	0,9089	0,9152	0,9422	0,9625	0,9984
6912xCoM.5	0,3201	0,3201	0,3737	0,5543	0,7429	0,7372	0,7913	0,8396	0,977
72	0.0036	0.0036	0.0048	0.0105	0.0298	0.0222	1	0.0357	0,8762
Pf1xCh4.6	0.0001	0.0001	0.0001	0.0004	0.0021	0.001	0.0014	0.0019	0,3737

i/j	6912xCoM.19	Ch4	6912xCoM.23	V	6912xCoM.5	72	Pf1xCh4.6
Dil 44-1	0,5543	0,9997	0,1889	0,0402	0,0142	<.0001	<.0001
59A	0,6171	0,2275	0,2275	0,0513	0,0186	<.0001	<.0001
42b	0,6787	0,2713	0,2713	0,0651	0,0242	0,0001	<.0001
Dil 62-8	0,7372	0,3201	0,3201	0,0819	0,0313	0,0001	<.0001
111	0,9152	0,5543	0,5543	0,1889	0,0819	0,0005	<.0001
59C	0,9867	0,7913	0,7913	0,3737	0,1889	0,0016	<.0001
73-7	0,9928	0,8396	0,8396	0,4312	0,2275	0,0021	<.0001
67	0,9928	0,8396	0,8396	0,4312	0,2275	0,0021	<.0001
44	0,9984	0,9152	0,9152	0,5543	0,3201	0,0036	0,0001
33-7	0,9984	0,9152	0,9152	0,5543	0,3201	0,0036	0,0001
33-2	0,9993	0,9422	0,9422	0,6171	0,3737	0,0048	0,0001
108	1	0,9867	0,9867	0,7913	0,5543	0,0105	0,0004
113	1	0,9971	0,9971	0,9089	0,7429	0,0298	0,0021
58-2	1	0,9984	0,9984	0,9152	0,7372	0,0222	0,001
Pf1sxCh4.10	0,9993	0,9993	0,7913	1	1	0,0282	1
Dil 47	1	0,9997	0,9997	0,9625	0,8396	0,0357	0,0019
Pf3sxCh4.1	1	1	0,977	1	1	0,1056	0,0081
6912xCoM.19	1	1	0,9964	0,9999	1	0,1862	0,0186
Ch4	1	0,9422	1	1	1	0,5167	0,1022
6912xCoM.23	1	1	1	1	1	0,5167	0,1022
V	1	1	1	0,9999	1	0,8762	0,3737
6912xCoM.5	0,9964	1	1	1	1	0,9715	0,6171
72	0,5167	0,5167	0,9715	0,1862	1	0,0282	0,1056
Pf1xCh4.6	0,1022	0,1022	0,6171	0,0186	1	1	0,0081

Fuente	Estimador	Error estándar	Valor t	Pr > t
4x vs. Rest	-2,08	0,36	-5,78	<.0001
5x vs. 6x	-1,003	0,20	-4,89	<.0001

Anexo 9. Análisis de porcentaje de digestibilidad de la materia seca en grupos pentaploides

Información de nivel de clase

Clase	Niveles	Valores
Genotipo	21	1 2 3 4 5 6 7 8 9 11 12 13 14 15 16 18 19 20 22 23 24
GRUPO	6	Chd A B C D Fch
BLOQUE	2	I II
CAPON	4	3 4 5 6

Número de observaciones leídas 174
 Número de observaciones usadas 174

Fuente	DF	Suma de cuadrados	Cuadrado de la media	F-Valor	Pr > F
Modelo	23	0.77563865	0.03372342	7.40	<.0001
Error	150	0.68375216	0.00455835		
Total correcto	173	1.45939080			

R-cuadrado 0.531481 Coef. Var. 12.49756 Raíz MSE 0.067516 DIG Media 0.540230

Fuente	DF	Tipo I SS	Cuadrado de la media	F-Valor	Pr > F
BLOQUE	1	0.02986776	0.02986776	6.55	0.0115
GRUPO	5	0.17172583	0.03434517	7.53	<.0001
Genotipo (GRUPO)	15	0.06895299	0.00459687	1.01	0.4496
CAPON(BLOQUE)	2	0.50509207	0.25254604	55.40	<.0001

Fuente	DF	Tipo III SS	Cuadrado de la media	F-Valor	Pr > F
BLOQUE	1	0.02666827	0.02666827	5.85	0.0168
GRUPO	5	0.17728312	0.03545662	7.78	<.0001
Genotipo (GRUPO)	15	0.06895299	0.00459687	1.01	0.4496
CAPON(BLOQUE)	2	0.50509207	0.25254604	55.40	<.0001

Fuente	Tipo III Cuadrado de media esperado
BLOQ	Var.(Error) + 43.333 Var.(CAP(BLOQ)) + 86.667 Var.(BLOQ)
GRUPO	Var.(Error) + 8.1242 Var.(CLON(GRUP)) + Q(GRUP)
Genotipo (GRUPO)	Var.(Error) + 8.1685 Var.(CLON(GRUPO))
CAPON(BLOQUE)	Var.(Error) + 43.5 Var.(CAPON(BLOQUE))

Medias de cuadrados mínimos
Ajuste para comparaciones múltiples: Tukey-Kramer

Grupo	Media
A	0,49333333
D	0,51104167
Fch	0,55291667
Chd	0,56708333
B	0,5725
C	0,58153846

Medias de cuadrados mínimos para el efecto GRUPO
Pr > |t| para H0: MediaLS(i)=MediaLSn(j)

i/j	A	D	Fch	Chd	B	C
A		0,9003	0,0209	0,003	0,0011	0,0003
D	0,9003		0,0961	0,0141	0,0049	0,0012
Fch	0,0209	0,0961		0,9738	0,9002	0,672
Chd	0,003	0,0141	0,9738		0,9998	0,979
B	0,0011	0,0049	0,9002	0,9998		0,9976
C	0,0003	0,0012	0,672	0,979	0,9976	

Tests de hipótesis usando el MS Tipo III para GENOTIPO(GRUPO) como un término de error

Fuente	DF	Tipo III SS	Cuadrado de la media	F-Valor	Pr > F
GRUPO	5	0.17728312	0.03545662	7.71	0.0009

Anexo 10. Análisis de porcentaje de fibra detergente neutro en grupos pentaploides

Información de nivel de clase

Clase	Niveles	Valores
Genotipo	21	1 2 3 4 5 6 7 8 9 11 12 13 14 15 16 18 19 20 22 23 24
GRUPO	6	Chd A B C D Fch
BLOQUE	2	1 2

Número de observaciones leídas 42
 Número de observaciones usadas 41

NOTA: variables in each group are consistent with respect to the presence or absence of missing values.

Fuente	DF	Suma de cuadrados	Cuadrado de la media	F-Valor	Pr > F
Modelo	21	0.01180549	0.00056217	4.10	0.0015
Error	19	0.00260297	0.00013700		
Total correcto	40	0.01440846			

R-cuadrado 0.819344
 Coef. Var. 1.878937
 Raíz MSE 0.011705
 FDN Media 0.622939

Fuente	DF	Tipo I SS	Cuadrado de la media	F-Valor	Pr > F
BLOQUE	1	0.00009369	0.00009369	0.68	0.4185
GRUPO	5	0.00483189	0.00096638	7.05	0.0007
Genotipo (GRUPO)	15	0.00687990	0.00045866	3.35	0.0073

Fuente	DF	Tipo III SS	Cuadrado de la media	F-Valor	Pr > F
BLOQUE	1	0.00011628	0.00011628	0.85	0.3684
GRUPO	5	0.00466019	0.00093204	6.80	0.0009
Genotipo (GRUPO)	15	0.00687990	0.00045866	3.35	0.0073

Fuente Tipo III Cuadrado de media esperado
 BLOQUE Var.(Error) + 20 Var.(BLOQUE)

GRUPO $\text{Var.}(\text{Error}) + 1.9077 \text{ Var.}(\text{CLON}(\text{GRUP})) + Q(\text{GRUP})$
Genotipo (GRUP) $\text{Var.}(\text{Error}) + 1.9451 \text{ Var.}(\text{CLON}(\text{GRUPO}))$

Medias de cuadrados mínimos
Ajuste para comparaciones múltiples: Tukey-Kramer

Grupo	Media
A	0,61114833
C	0,61476667
B	0,61738333
Chd	0,61826667
D	0,62560833
Fch	0,64618333

Medias de cuadrados mínimos para el efecto GRUPO
Pr > |t| para H0: MediaLS(i)=MediaLSn(j)

i/j	A	C	B	Chd	D	Fch
A		0,9958	0,9535	0,9213	0,2721	0,0016
C	0,9958		0,9987	0,9948	0,4584	0,0021
B	0,9535	0,9987		10,000	0,7235	0,0048
Chd	0,9213	0,9948	10,000		0,8049	0,0064
D	0,2721	0,4584	0,7235	0,8049		0,024
Fch	0,0016	0,0021	0,0048	0,0064	0,024	

Tests de hipótesis usando el MS Tipo III para GENOTIPO(GRUPO) como un término de error

Fuente	DF	Tipo III SS	Cuadrado de la media	F-Valor	Pr > F
GRUPO	5	0.00466019	0.00093204	2.03	0.1320

Anexo 11. Análisis de porcentaje de proteína bruta en grupos pentaploides

Información de nivel de clase

Clase	Niveles	Valores
Genotipo	21	1 2 3 4 5 6 7 8 9 11 12 13 14 15 16 18 19 20 22 23 24
GRUPO	6	Chd A B C D Fch
BLOQUE	2	1 2

Número de observaciones leídas 42
 Número de observaciones usadas 40

NOTA: variables in each group are consistent with respect to the presence or absence of missing values.

Fuente	DF	Suma de cuadrados	Cuadrado de la media	F-Valor	Pr > F
Modelo	21	0.00645474	0.00030737	5.01	0.0005
Error	18	0.00110526	0.00006140		
Total correcto	39	0.00756000			

R-cuadrado Coef. Var. Raíz MSE PC Media
 0.853801 6.219079 0.007836 0.126000

Fuente	DF	Tipo I SS	Cuadrado de la media	F-Valor	Pr > F
BLOQUE	1	0.00029233	0.00029233	4.76	0.0426
GRUPO	5	0.00223974	0.00044795	7.30	0.0007
Genotipo(GRUP)	15	0.00392267	0.00026151	4.26	0.0022

Fuente	DF	Tipo III SS	Cuadrado de la media	F-Valor	Pr > F
BLOQUE	1	0.00009474	0.00009474	1.54	0.2301
GRUPO	5	0.00256299	0.00051260	8.35	0.0003
Genotipo (GRUPO)	15	0.00392267	0.00026151	4.26	0.0022

Fuente	Tipo III Cuadrado de media esperado
BLOQUE	Var.(Error) + 19 Var.(BLOQUE)
GRUPO	Var.(Error) + 1.8167 Var.(CLON(GRUP)) + Q(GRUP)
Genotipo (GRUPO)	Var.(Error) + 1.8901 Var.(CLON(GRUPO))

Medias de cuadrados mínimos
Ajuste para comparaciones múltiples: Tukey-Kramer

Grupo	Media
Fch	0,11
Chd	0,125
D	0,12583333
B	0,13
C	0,13447368
A	0,13780702

Medias de cuadrados mínimos para el efecto GRUPO
Pr > |t| para H0: MediaLS(i)=MediaLSn(j)

i/j	Fch	Chd	D	B	C	A
Fch		0,038	0,0085	0,0038	0,0011	0,0003
Chd	0,038		0,9999	0,8729	0,416	0,1451
D	0,0085	0,9999		0,8894	0,3874	0,1128
B	0,0038	0,8729	0,8894		0,9383	0,6138
C	0,0011	0,416	0,3874	0,9383		0,9864
A	0,0003	0,1451	0,1128	0,6138	0,9864	

Tests de hipótesis usando el MS Tipo III para GENOTIPO (GRUPO) como un término de error

Fuente	DF	Tipo III SS	Cuadrado de la media	F-Valor	Pr > F
GRUPO	5	0.00256299	0.00051260	1.96	0.1436

Anexo 12. Porcentaje de hojosis promedio de los genotipos pentaploides

Genotipos pentaploides	% Hojosis promedio
Dil 44-1	0,078
59 ^a	0,08
42b	0,083
Dil 62-8	0,085
111	0,095
59C	0,105
73-7	0,108
67	0,108
44	0,113
33-7	0,113
33-2	0,115
108	0,123
113	0,125
58-2	0,13
Pf1sxCh4.10	0,133
Dil 47	0,135
Pf3sxCh4.1	0,148
6912xCoM.19	0,155
6912xCoM.23	0,173
6912xCoM.5	0,2
Pf1xCh4.6	0,275
Promedio General	0,128