

UNIVERSIDAD AUTÓNOMA AGRARIA "ANTONIO NARRO"

DIVISIÓN DE AGRONOMIA



Características Cualitativas y Cuantitativas de 130 Líneas Endogámicas
Recombinantes F_{2:7}, de Sorgo para Grano (*Sorghum bicolor* L. Moench) y de sus
Dos Progenitores (Sureño y RTx430)

Por:

JOSÉ LUIS SÁNCHEZ LÓPEZ

TESIS.

**Presentada como Requisito Parcial para Obtener
el Título de:**

INGENIERO AGRÓNOMO EN PRODUCCIÓN

Buenavista, Saltillo, Coahuila, México.
Noviembre, 2007.

UNIVERSIDAD AUTÓNOMA AGRARIA
"ANTONIO NARRO"

DIVISIÓN DE AGRONOMÍA

Características Cualitativas y Cuantitativas de 130 Líneas Endogámicas
Recombinantes F_{2:7}, de Sorgo para Grano (*Sorghum bicolor* L. Moench) y de sus
Dos Progenitores (Sureño y RTx430)

Por:

JOSÉ LUIS SÁNCHEZ LÓPEZ

Que se Somete a Consideración del H. Jurado Examinador como Requisito Parcial
para Obtener el Título de:

INGENIERO AGRÓNOMO EN PRODUCCIÓN

A P R O B A D A:

M.C. Armando Rodríguez García.
Presidente del Jurado

Dr. Raúl Rodríguez Herrera
1er. Vocal

Dr. Víctor Zamora Villa
2do. Vocal

Dr. Cristóbal N. Aguilar Gonzáles
3er. Vocal

Coordinador de la División de Agronomía:

Dr. Mario Ernesto Vázquez Badillo

Buenavista, Saltillo, Coahuila, México.
Noviembre, 2007.

UNIVERSIDAD AUTÓNOMA AGRARIA
"ANTONIO NARRO"

DIVISIÓN DE AGRONOMÍA

Características Cualitativas y Cuantitativas de 130 Líneas Endogámicas
Recombinantes F_{2:7}, de Sorgo para Grano (*Sorghum bicolor* L. Moench) y de sus
Dos Progenitores (Sureño y RTx430)

Presentada Por:

JOSÉ LUIS SÁNCHEZ LÓPEZ

Que se Somete a Consideración del H. Jurado Examinador como Requisito Parcial
para Obtener el Título de:

INGENIERO AGRÓNOMO EN PRODUCCIÓN

Comité de Asesores:

A P R O B A D O

Director Interno:

Director Externo:

M.C. Armando Rodríguez García
Presidente del Jurado

Dr. Raúl Rodríguez Herrera
1er. Vocal

Dr. Víctor Zamora Villa
2do. Vocal

Dr. Cristóbal N. Aguilar Gonzáles
3er. Vocal

Coordinador de la División de Agronomía:

Dr. Mario Ernesto Vázquez Badillo

Buenavista, Saltillo, Coahuila, México.
Noviembre, 2007.

DEDICATORIA.

A DIOS: Quien me dio la fe, la esperanza y la tranquilidad espiritual que necesite a lo largo de toda mi carrera para poder cumplir mi meta.

A MIS PADRES: Por su amor, su comprensión, su cariño, sus consejos y su apoyo tanto moral, espiritual y económico que siempre me han brindado, y que sin ellos no hubiese logrado la meta que me propuse.

Cipriana López Fernández.

Luis Sánchez Fernández.

A MIS ABUELOS: Que siempre me han brindado su amor, su ternura, sus consejos y su cariño.

Catalina Fernández Sosa (+)

Antonio López Fernández (+)

María Fernández Franco

Álvaro Sánchez Espinosa (+)

A MI (S) HERMANO (AS) Y ESPOSA (OS): Que siempre me dieron su cariño, consejos y apoyo que me sirvieron de aliciente en los momentos difíciles de mi carrera.

Marco Antonio Sánchez López

Leticia Alejandra Sánchez López

Claudia Cecilia Sánchez López

Marina Sánchez López

Angélica Gómez Ortega

Rafael Ramírez Vargas

Marcos Lozano Pérez

Pedro Pablo Quiñones

A MI HERMANA: Que siempre me apoya con sus consejos, su cariño, su alegría y su comprensión.

Lorena Sánchez López

A MIS SOBRINAS (OS): Que son la alegría de toda la familia y que siempre me han apoyado

Bianca Itzel Sánchez Gómez

Kenia Enid Sánchez Gómez

Andrea Yaretzy Sánchez Gómez

Marco Alexis Sánchez Gómez

Ailin Karime Ramírez Sánchez

Héctor Alan Ramírez Sánchez

AGRADECIMIENTO

A la “UNIVERSID AUTONOMA AGRARIA ANTONIO NARRO”: Por haberme recibido en sus instalaciones y brindarme todos y cada uno de los servicios que presta, ya que sin ello no hubiese lograr mis objetivos.

AI DEPARTAMENTO DE FITOMEJORAMIENTO: Del cual me causa un enorme orgullo haber pertenecido durante toda mi carrera y al cual agradezco todo su apoyo brindado durante toda mi carrera.

A LOS PROFESORES: Que con su enseñanza, conocimientos y consejos me ayudaron a ser una mejor persona.

AI M.C. ARMANDO RODRIGUEZ GARCÍA: por su apoyo, su tiempo y los conocimientos que me brindo para la elaboración y revisión de este trabajo tanto de la parte práctica como de la teórica.

AI Dr. RAÚL RODRIGUEZ HERRERA: Por la confianza, amistad y el apoyo que me brindo en la revisión, corrección y sugerencias del presente trabajo, así como por haber participado como sinodal.

AI Dr. VÍCTOR ZAMORA VILLA: Por su participación como sinodal en la revisión y corrección de este trabajo.

AI Dr. CRISTÓBAL NOE AGUILAR GONZÁLES: Por su colaboración como sinodal en la revisión de este trabajo.

A TODAS y cada una de las personas que de manera directa o indirectamente me apoyaron para la elaboración de este trabajo y en el transcurso de toda mi carrera.

“Gracias”

ÍNDICE DE CONTENIDO

Tema	Página
DEDICATORIA.....	4
AGRADECIMIENTO.....	5
ÍNDICE DE CONTENIDO.....	6
ÍNDICE DE CUADROS.....	9
ÍNDICE DE FIGURAS.....	10
RESUMEN.....	12
INTRODUCCIÓN.....	14
OBJETIVOS.....	16
HIPÓTESIS.....	16
REVISION DE LITERATURA.....	17
ANTECEDENTES.....	17
TAXONOMIA.....	19
DESCRIPCIÓN BOTÁNICA.....	19
Sistema Radicular.....	19
Tallos.....	20
Hojas.....	20
Flores.....	20
Grano.....	21
CICLO VEGETATIVO.....	21
ETAPAS FENOLÓGICAS DEL CULTIVO.....	21
Fase Vegetativa.....	22
Fase Reproductiva.....	22
Fase de Maduración.....	23
REQUERIMIENTOS ECOLÓGICOS Y EDÁFICOS.....	23
Temperatura.....	23
Humedad.....	24
Altitud.....	24
Latitud.....	24
Fotoperíodo.....	24
Suelo.....	25
Siembra.....	25
Época de Siembra.....	25
Cosecha.....	26
Época de Cosecha.....	26
IMPORTANCIA DEL SORGO EN EL MUNDO.....	27
IMPORTANCIA DEL SORGO EN MÉXICO.....	29
Principales Estados Productores de Sorgo en México.....	29

Superficie Sembrada	30
Superficie Cosechada.....	31
Producción Obtenida	32
Rendimiento.....	32
Valor de la Producción.....	33
MEJORAMIENTO GENÉTICO	34
HERENCIA POLIGÉNICA.....	36
SEGREGACIÓN	37
ACCIÓN GÉNICA.....	38
MARCADORES MOLECULARES.....	41
USOS DE LOS MARCADORES MOLECULARES	41
CARACTERÍSTICAS DE LOS MARCADORES MOLECULARES.....	42
Isoenzimas.....	43
RFLP.....	44
VNTRs	45
Minisatélites	45
PCR	46
Microsatélites.....	46
AFLP.....	47
MARCADORES MORFOLÓGICOS.....	48
MAPEO GENÉTICO	49
MATERIALES Y MÉTODOS	53
ÁREA DE ESTUDIO.....	53
MATERIAL GENÉTICO.....	53
SIEMBRA	54
LABORES CULTURALES.....	54
VARIABLES CUANTITATIVAS EVALUADAS	54
Altura de Planta	54
Numero de Hojas	54
Ángulo de la Hoja.....	55
Diámetro del Tallo.....	55
Ancho de la Hoja.....	55
Dulzura.....	55
Excursión.	55
Largo (LHB) y Ancho de la Hoja Bandera (AHB)	55
Numero de Nudos.....	55
Longitud de Panoja	56
Área Foliar de la Hoja Bandera.....	56
Peso de 100 Semillas.	56
Espacio Color.....	56
VARIABLES CUALITATIVAS EVALUADAS.....	56
Forma de la Hoja:	57
Parecido:.....	57
Tamaño de la Vaina:.....	57
Color de la Hoja:	57
Forma de la Semilla:	57

Ápice en la Semilla:	57
ANÁLISIS ESTADÍSTICO	57
RESULTADOS Y DISCUSIÓN	61
VARIABLES CUANTITATIVAS.....	61
Altura de Planta	61
Numero de Hojas	63
Angulo de la Hoja.....	64
Diámetro del Tallo.....	66
Ancho de la Hoja.....	67
Dulzura de Tallo.....	68
Excursión	69
Largo Hoja Bandera.....	70
Ancho Hoja Bandera.....	71
Área Foliar de la Hoja Bandera.....	72
Numero de Nudos.....	73
Longitud de Panoja	74
Peso de 100 Semillas	76
Espacio Color.....	77
Cluster Análisis	78
VARIABLES CUALITATIVAS.....	81
CONCLUSIONES	82
LITERATURA CITADA.....	83
APÉNDICE.....	89

ÍNDICE DE CUADROS

Cuadro	Página
Cuadro 2.1: Época de Siembra para los Estados mas Productores de Sorgo en México.....	26
Cuadro 2.2: Fechas de Cosecha de Sorgo en México	27
Cuadro 2.3: Principales Estados Productores de Sorgo en México por Ciclo....	30
Cuadro 2.4: Estados más Productores de Sorgo (2001- 2006).....	30
Cuadro 4.1: Media (μ), Desviación Estándar, Rango, Valor mas Bajo y mas Alto, Numero de Líneas Arriba y Abajo de la Media para todas las Características Evaluadas.	61
Cuadro 4.2: Comparación por el Método de Parcelas Apareadas de cada una de las Variables Evaluadas.....	63
Cuadro 4.3: Nivel de Significancia en la Prueba de Kolmogorov-Smirnov (KS) para Determinar el Ajuste a una Distribución Normal.	63
Cuadro 4.4: Grupos que se Obtuvieron del Cluster Análisis.....	80
Cuadro 4.5: Comparación de la χ^2 Calculada y la χ^2 Tabulada (0.05) con su Respectivo Nivel de Significancia para las Variables Cualitativas, para la Segregación 3:1.....	81
Cuadro 4.6: Comparación de la χ^2 Calculada y la χ^2 Tabulada (0.05) con su Respectivo Nivel de Significancia para las Variables Cualitativas, para la Segregación 1:1.....	81
Cuadro A1: Genealogía de las 130 Líneas Endogámica Recombinantes (LER) $F_{2:7}$ y sus Progenitores.	90
Cuadro A2: Valores Medios de cada una de las Variables Evaluadas para los Cinco Grupos.	91

ÍNDICE DE FIGURAS

Figura	Página
Figura 2.1: Producción, Consumo, Importación y Exportación de Sorgo en el Mundial.....	28
Figura 2.2: Superficie Sembrada de Sorgo en México (2001-2006)	31
Figura 2.3: Superficie Cosechada de Sorgo en México (2001-2006).....	31
Figura 2.4: Producción Obtenida de Sorgo en México (2001-2006)	32
Figura 2.5: Rendimiento Obtenido de Sorgo en México (2001-2006)	33
Figura 2.6: Valor de la Producción de Sorgo en México (2001-2006).....	33
Figura 3.1: Invernadero No. 5 de la UAAAN en el cual se realizo el Trabajo de Investigación.	53
Figura 4.1: Distribución Normal y Medias para la Variable Altura de Planta	62
Figura 4.2: Distribución y Medias para la Variable Numero de Hojas.	64
Figura 4.3: Distribución y Medias para la Variable Ángulo de Hoja.....	65
Figura 4.4: Distribución Normal y Medias para la Variable Diámetro de Tallo.	66
Figura 4.5: Distribución Normal y Medias para la Variable Ancho de Hoja.	67
Figura 4.6: Distribución Normal y Medias para la Variable Dulzura de Tallo.	68
Figura 4.7: Distribución Normal y Medias para la Variable Excursión.....	69
Figura 4.8: Distribución y Medias para la Variable Largo de Hoja Bandera.	70
Figura 4.9: Distribución Normal y Medias para la Variable Ancho de Hoja Bandera.	72
Figura 4.10: Distribución Normal y Medias para la Variable Área Foliar de la Hoja Bandera.	73
Figura 4.11: Distribución y Medias para la Variable Numero de Nudos.	74

Figura 4.12: Distribución y Medias para la Variable Longitud de Panoja.	75
Figura 4.13: Distribución Normal y Medias para la Variable Peso de 100 Semillas.	76
Figura 4.14: Distribución Normal y Medias para la Variable Espacio Color.	77
Figura 4.15: Dendograma para las Variables Cuantitativas.	79
Figura A3: Dendograma de las 130 Líneas Endogamicas Recombinantes y sus Progenitores.	92

RESUMEN

En nuestro país el cultivo de sorgo para grano es de gran importancia ya que ocupa el tercer lugar después del maíz y el frijol. Tamaulipas ocupa el primer lugar en superficie sembrada y la región del bajo, el primer lugar en rendimiento por unidad de superficie. Es un cultivo con una amplia adaptabilidad y de fácil manejo ya que la mayoría de las labores culturales se realizan de manera mecánica. El sorgo ha venido ganando importancia en el consumo humano con la utilización de sorgos con grano blanco, los cuales pueden ser utilizados en la elaboración de harinas y otros productos. El mejoramiento genético del sorgo ha permitido introducir líneas y variedades con las características agronómicas que los productores de este cultivo requieren, para esto se requiere conocer los tipos de herencia, segregación y acción génica de los genes para poder llevar a cabo de forma más eficiente la mejora genética. En la actualidad se utilizan los marcadores moleculares como una herramienta más en la mejora de este cultivo, ya que permiten identificar y seleccionar materiales de una población de sorgo, en un periodo de tiempo mas corto, que el que, se requiere a través del mejoramiento tradicional.

Con el objetivo de observar el comportamiento cuantitativo y cualitativo de 130 líneas endogámicas recombinantes (LER), además de clasificarlas fenotípicamente con la ayuda del análisis de clúster y realizar estudios preliminares de la segregación genética de las diferentes variables cualitativas consideradas. De acuerdo a los objetivos planteados anteriormente se realizó el presente trabajo. La investigación se llevo a cabo en el invernadero No. 5 de la Universidad Autónoma Agraria Antonio Narro. El material genético fueron 130 líneas endogámicas recombinantes (LER) de sorgo grano (*Sorghum bicolor* L. Moench) y de sus dos progenitores (Sureño y RTX430). Las variables cualitativas evaluadas fueron: forma de la hoja, parecido, tamaño de la vaina, color de la hoja, forma de la semilla y ápice en la semilla, las variables cuantitativas evaluadas son: altura de planta, numero de hojas, ángulo de la hoja, diámetro del tallo, ancho de la hoja, dulzura de tallo, excursión, largo hoja bandera, ancho hoja bandera, área foliar de la hoja bandera, numero de nudos, longitud de panoja, peso de 100 semillas y espacio color.

Después de analizar cada una de las variables se encontró que la mayoría de las LER presentan una distribución normal con la excepción de numero de hojas, ángulo de la

hoja, largo de hoja bandera, numero de nudos y longitud de panoja, se observó además una segregación transgresiva en cada una de las variables cuantitativas y una acción génica de aditividad en la mayoría de ellas, con excepción de las variables ancho de la hoja, dulzura, largo de hoja bandera, longitud de panoja, peso de 100 semillas y área foliar de la hoja bandera en las cuales se observa dominancia incompleta. En diámetro de tallo y número de nudos se observó sobredominancia. Después de analizar las variables cuantitativas con el programa JMP5, se logro obtener una clasificación fenotípica (clúster), a partir de la cual se integraron cinco grupos con las diferentes LER, considerando inicialmente todas las variables, pero con un mayor énfasis en la altura de planta, excursión y área foliar de la hoja bandera. En el primer grupo se concentraron las líneas mas parecidas al progenitor RTx430, en el grupo dos las mas parecidas a Sureño, en el grupo cuatro se observa una mezcla entre Sureño y RTx430, en el grupo tres se ubican las líneas superiores a Sureño y finalmente en el grupo cinco las LER superiores a RTx430. Para las variables cualitativas se encontró que la segregación se comporta como la que se obtiene en una cruce de prueba, presentando una segregación 1:1.

INTRODUCCIÓN

El sorgo grano (*Sorghum bicolor* L. Moench) es el principal cereal de importancia en muchas partes del mundo por su resistencia a sequía y altas temperaturas. En México la importancia del sorgo como parte integrante de un sistema de producción, radica en la utilización como grano y forraje para alimento animal y actualmente también comienza a ganar terreno en la alimentación humana (FAO, 1995). A pesar de que México cuenta con importantes zonas productoras de sorgo (Noreste; Tamaulipas, Bajío; Guanajuato, Michoacán y Jalisco, Noroeste, Sinaloa), y que se siembra en ambos ciclos del año agrícola, los problemas de infraestructura, así como los de comercialización provocan que se siga importando elevados volúmenes de sorgo proveniente de otros países. Si bien esto es necesario para complementar la demanda, hoy es conveniente meditar sobre los pros y contras que tendría alcanzar la autosuficiencia o seguir dependiendo del exterior (ASERCA, 1997).

En la actualidad los agricultores enfrentan muchos problemas para la producción de sorgo, desde factores climáticos hasta la falta de variedades adecuadas para las diferentes condiciones agroecológicas de México, además se requiere que dichas variedades presenten cierta resistencia a plagas y/o enfermedades.

Para poder facilitar la formación y el ingreso de nuevas variedades al mercado en el menor tiempo posible se pretende encontrar las características morfológicas y fisiológicas mas sobresalientes que puedan ser incorporadas en los materiales mejorados, ya sea a través del mejoramiento clásico o bien, con el uso de técnicas biotecnológicas modernas.

Desde sus comienzos, el objetivo del mejoramiento vegetal ha sido seleccionar genotipos superiores a partir del reconocimiento de fenotipos superiores. El grado de éxito en este proceso depende de I) El control genético de la característica, es decir el número de genes que la codifican y controlan (herencia monogénica o poligénica) y las relaciones interalélicas (dominancia o aditividad), II) El grado de influencia ambiental que se mide normalmente a través del parámetro de heredabilidad (Echenique *et al.* 2004)

La principal diferencia que existe entre los caracteres cualitativos y los cuantitativos, se basa en el número de genes que contribuyen a la variabilidad fenotípica y el grado de modificación del fenotipo por medio de factores ambientales. Los caracteres cuantitativos pueden ser codificados por muchos genes (quizá de 10 a 100 o más), contribuyendo al fenotipo con una pequeña cantidad cada uno, que sus efectos individuales no pueden ser detectados por los métodos mendelianos. Los genes de esta naturaleza son denominados poligenes, loci de caracteres cuantitativos o QTLs (*Mapeo de Locus Cuantitativos*) (Ramírez, 2003).

Cummings, (1999), mencionó que la herencia poligénica es un tipo de modificación de la herencia mendeliana que se caracteriza por la interacción génica o la acción de genes múltiples sobre un carácter. Por ejemplo: color en los granos de trigo.

La identificación de genotipos deseables en fases iniciales del desarrollo de la planta, abre la posibilidad de acelerar el proceso de selección y recombinación de los individuos deseados, reduciendo el tiempo para la obtención de nuevas variedades, como en el caso del trigo, en el que los programas de mejoramiento tradicional, utilizando marcadores morfológicos, tarda un promedio de veinte años en obtener nuevas variedades mejoradas. Con el auxilio de los marcadores moleculares se ha reducido a un promedio de siete a diez años la obtención de nuevas variedades (Agbiotech, 1998).

Tomando en cuenta todo lo anterior, los objetivos del presente trabajo fueron.

OBJETIVOS

- ✓ Observar el comportamiento cualitativo de 130 líneas endogámicas recombinantes (LER) de Sorgo grano.
- ✓ Analizar el comportamiento cuantitativo de 130 LER de sorgo grano, utilizando medidas de tendencia central y dispersión.
- ✓ Clasificar fenotípicamente 130 LER de sorgo utilizando características cuantitativas
- ✓ Realizar estudios preliminares de la segregación genética de diferentes variables cualitativas consideradas en las 130 LER de sorgo.

HIPÓTESIS

- ✓ Basándose en las características cuantitativas de Sorgo se pueden agrupar y clasificar las diferentes LER.
- ✓ Existen LER de Sorgo con características cualitativas semejantes.
- ✓ Las características cuantitativas estudiadas en las 130 LER presentan una distribución normal.
- ✓ Las diferentes variables cualitativas consideradas presentan segregación mendeliana.

REVISION DE LITERATURA

Antecedentes

El sorgo grano (*Sorghum bicolor* L. Moench) es un cereal originario de la India y la zona central de África. De hecho en estas regiones y también en China, es un alimento básico de la dieta de millones de personas. Sin embargo, los países desarrollados no incluyen el sorgo en su alimentación sino que lo emplean como forraje para el alimento del ganado. El sorgo (*Sorghum bicolor* L. Moench) se conoce con varios nombres: mijo grande y maíz de Guinea en África occidental, kafir en África austral, duro en el Sudán, mtama en África oriental, jowar en la India y kaoliang en China (FAO, 1995).

Los primeros informes muestran que el sorgo existió en la India en el siglo 1 D.c. Esculturas que lo describen se hallaron en ruinas Asirias de 700 años A.c. Sin embargo, el sorgo quizás sea originario de África Central -Etiopía o Sudán-, pues es allí donde se encuentra la mayor diversidad de tipos. Esta diversidad disminuye hacia el norte de África y Asia. Existen sin embargo, ciertas evidencias de que surgió en forma independiente tanto en África como en la India

(www.agrobit.com/Info_tecnica/agricultura/sorgo/AG_000009sg.htm).

La mitad del sorgo que se produce anualmente en el mundo, (30 millones de toneladas), se destinan directamente al consumo humano. En USA, solo el 7% del sorgo cosechado se destina para el consumo humano en forma de harinas o alcohol (<http://www.agromail.net/agro/t5.html>)

Aunque el sorgo llegó a América Latina a través del comercio de esclavos y traído por navegantes de la ruta de comercio Europa-África-América Latina en el siglo XVI, el cultivo no cobro importancia sino hasta el siglo actual. Algo similar ocurrió con el sorgo en Australia. Ya para 1900 el sorgo granífero había sido establecido en Las Grandes Planicies y en el estado de California en EUA. Poco después, nuevos híbridos y líneas progenitoras fueron desarrollados y se empezó la distribución de semilla híbrida en 1956,

llegando a México y Argentina en 1957. Desde entonces, la producción de sorgo para grano ha sido muy importante en América Latina (FAO, 1995).

El sorgo se introdujo a México en la década de los 50's por la oficina de estudios especiales de la fundación ROCKEFELER con 150 variedades de polinización libre de los Estados Unidos de Norte América, tratando de aprovechar las características que posee, como es su manejo relativamente fácil y sobre todo su resistencia a la deficiencia de agua comparada con otras especies cultivadas. Sin embargo, existen reportes que comprueban que este cultivo ya se sembraba en México a finales del siglo XIX (Robles, 1990).

El sorgo en México empezó a adquirir importancia aproximadamente en el año de 1958, en la zona norte de Tamaulipas (Río Bravo), al iniciarse el desplazamiento del cultivo del algodón en aquella región y es uno de los cultivos que día con día va adquiriendo cada vez más importancia y se ha visto que puede ser un complemento o puede sustituir al maíz en la mayoría de los usos que éste tiene, como forraje y grano para la alimentación humana, de animales y en el uso industrial. Al introducirse el sorgo en México se introdujo también su tecnología originando con esto que en la actualidad el mercado de semillas certificadas dependa casi en su totalidad de compañías extranjeras, en México, de la totalidad de la semilla que se utiliza para la siembra, el 90-95% lo constituye compañías extranjeras y el 5-10% restante de dependencias del gobierno como (INIFAP, Fundación Produce) (Robles, 1990).

El sorgo es uno de los principales granos en México su importancia radica en que nutre de materia prima a la industria generadora de alimentos balanceados para animales la cual a su vez permite que el mercado alimentario disponga de proteínas de origen animal, forma parte de una amplia cadena en la que se involucran una diversidad de agentes que van desde los productores, pasando por las industrias hasta llegar a los consumidores (Claridades Agropecuarias, 1997).

Las virtudes que ofrece el sorgo para su cultivo son: mayor precocidad y resistencia a la sequía, debido a que la planta tiene la capacidad de suspender su crecimiento cuando le falta agua, renovando nuevamente su ciclo de crecimiento con la primera lluvia, mientras que el maíz, en estas condiciones, se muere. Otros aspectos positivos que le han dado importancia, es que puede utilizarse de la misma manera que el

maíz, ya que la composición es semejante, e incluso más rica en proteína, la harina que se puede extraer es de sabor agradable de fácil digestión y muy semejante a la del trigo. En algunos países del mundo, cocido toma un aspecto agradable, constituyendo así un alimento semejante al arroz por su parte, las desventajas que ofrece, es que la cosecha está más expuesta a los daños que le causan los pájaros (ASERCA, 1997).

Taxonomía

Reino:	Vegetal
División:	Trachaeophyta
Subdivisión:	Pteropsidae
Clase:	Angiospermae
Subclase:	Monocotiledoneae
Grupo:	Glumiflora
Orden:	Graminales
Familia:	Graminae
Subfamilia:	Panicoideas
Tribu:	Andropogoneae
Género:	<i>Sorghum</i>
Especie:	<i>bicolor</i>

Descripción Botánica

El sorgo pertenece a la familia de las gramíneas. Las especies son el *Sorghum bicolor* y el *Andropogum sorghum sudanensis*. El sorgo tiene una altura de 1 a 2m. Tiene inflorescencias en panojas y semillas de 3mm esféricas y oblongas, de color negro, rojizo y amarillento. Tiene un sistema radicular que puede llegar en terrenos permeables a 2m de profundidad. Las flores tienen estambres y pistilos, pero se han encontrado en Sudán sorgos dioicos (www.infoagro.com).

Sistema Radicular

Las raíces del sorgo son adventicias, fibrosas y desarrollan numerosas raíces laterales. La profusa ramificación y amplia distribución del sistema radicular es una de las

razones por las cuales el sorgo es tan resistente a la falta de agua. La planta puede permanecer latente durante largos periodos de sequía sin que las partes florales en desarrollo mueran, pudiendo además continuar nuevamente el crecimiento una vez que las condiciones vuelvan a ser favorables (Robles, 1990).

Tallos

Estos son cilíndricos, erectos, sólidos y pueden crecer a una altura de 0.60m. a 3.50m. estando divididos longitudinalmente en canutos (entrenudos) cuyas uniones las forman los nudos y de los cuales emergen las hojas. Cada uno está provisto de una yema lateral. La longitud de los entrenudos o canutos determinan la altura de la planta, por lo que algunas variedades enanas dobles, enanas y altas, de la misma precocidad y en el mismo estado de madurez, tendrán el mismo número de hojas, nudos y entrenudos, siendo la diferencia de altura debida a la mayor longitud de los entrenudos en algunas variedades pero menor en otras (Robles, 1990).

Hojas

Las hojas aparecen alternas sobre el tallo, las vainas florales son largas y en las variedades enanas se encuentran superpuestas, todas las variedades varían en el tamaño de sus hojas, pero todas ellas las poseen algo más pequeñas que las de maíz. Las hojas del sorgo se doblan durante periodos de sequía, características que reduce la transpiración, contribuye a tan peculiar resistencia de la especie a la sequía (Robles, 1990).

Flores

La inflorescencia del sorgo se denomina con el nombre de panícula, ésta es compacta o semicompacta en algunas variedades como los milos, hegaris, kafirs, etcétera, y abiertas en otras como los Shallus, sorgos escoberos, el pasto Sudán, algunos sorgos forrajeros, etcétera. Las florecillas son de dos clases sésiles y pediceladas, las últimas son por lo general estaminadas. Cada florecilla sésil contiene un ovario, el cual después de la fecundación se desarrolla para formar una semilla (Robles, 1990).

El sorgo generalmente se autofecunda: sin embargo, no existe ningún obstáculo para la fecundación cruzada, pues cuando dos variedades diferentes se encuentran en parcelas contiguas puede estimarse el cruzamiento en un 5% o más según las variedades. El polen aparece inmediatamente después de la dehiscencia y retiene su viabilidad por menos de una hora. Los estigmas, por el contrario, permanecen receptivos por varios días (Robles, 1990).

Grano

Los granos de sorgo, en número de 25000 a 60000 por Kg. Son pequeños en comparación con aquellos de maíz, los cuales se encuentran en número de 4000 a 8000 por Kg. El color de la semilla, puede ser blanco, rojo, amarillo o café y proviene de capas de células que envuelven al pericarpio. La mayor parte del cariósido (fruto de las gramíneas) es endospermo, el cual se compone de almidón casi en su totalidad (Robles, 1990).

Ciclo Vegetativo

Es el número de días que una planta necesita para llegar a la cosecha a partir del momento de la siembra, pasando por un determinado número de etapas fenológicas. El ciclo de este cultivo es de 90 a 140 días desde la siembra hasta la madurez fisiológica según sea la variedad y las condiciones ambientales de la región (Robles, 1990).

Etapas Fenológicas del Cultivo

El desarrollo de una planta está influenciado por varios factores meteorológicos de los cuales los más importantes son las temperaturas del aire y del suelo y la duración de la luz del día (fotoperíodo). El comienzo y fin de las fases sirven como un medio para juzgar la rapidez del desarrollo de estas plantas. Con base en los datos de observaciones fenológicas precisas, recopiladas durante muchos años, es posible definir las regularidades en el crecimiento de una planta en relación con su medio ambiente, así como sus requerimientos con respecto a los factores meteorológicos (www.fca.unl.edu.ar/Clima/07-Fenologia.pdf).

Fase Vegetativa

Germinación y Desarrollo de la Planta: Cuando una semilla se coloca en un suelo húmedo, absorbe el agua y se hincha. La germinación ocurre rápidamente si el suelo es caliente (20° C o mas). Cuando la semilla se hincha el tegumento se rompe y emerge un pequeño coleóptilo y una raíz primaria (radícula). El coleóptilo crece y aparecen mas raíces primarias que emergen de la superficie del suelo. La planta joven empieza a crecer añadiendo más hojas y el coleóptilo permanece como un tejido en la base de la planta. El mesocotilo crece durante este periodo y se forma un nido en la base del coleóptilo justo debajo de la línea del suelo. La plántula joven utiliza durante este periodo el alimento almacenado en el endospermo al tiempo que las raíces secundarias comienzan a desarrollarse el mesocotilo comienza a morir y el sistema radicular mayor se desarrolla de las raíces secundarias o adventicias. (Capton, 1990).

Fase Reproductiva

Desarrollo de la Inflorescencia y Polinización: La iniciación floral se forma de 30 a 40 días después de la germinación esta se encuentra de 15 a 30cm. por encima de la superficie del suelo cuando las plantas tienen de 50 a 70cm. de altura. La iniciación floral marca el final del crecimiento vegetativo debida a la actividad meristemática. La formación de la yema floral sigue el periodo mas largo del crecimiento de la planta de sorgo el cual consiste en gran parte en alargamiento de las células. Durante el periodo de alargamiento celular rápido, la iniciación floral se transforma en una inflorescencia. Alrededor de 6 a 10 días antes de la floración se forma la bota como una prominencia en el tejido de la hoja bandera, esto sucede alrededor de los 55 días de la germinación. El sorgo florea normalmente entre los 55 y 70 días en climas templados, pero su floración puede variar entre 30 y más de 100 días. La panícula de sorgo comienza a florecer en la punta y florea sucesivamente hacia abajo en un periodo de 4 a 5 días (Duthil. 1976).

Al tiempo de la floración las glumas se abren y las tres anteras se liberan, mientras que surgen los dos estigmas, cada uno sobre un estilo rígido. La floración ocurre normalmente poco después de la salida del sol. La dehiscencia de las anteras ocurre cuando están secas y el polen se esparce en el aire. El cultivo del sorgo es básicamente de polinización cerrada; esto quiere decir que el polen de una panícula fertiliza la mayoría de los óvulos en la misma panícula. El polen vuela hacia los estigmas, donde germina; el

tubo polínico, con dos núcleos, crece hacia abajo a través del estilo para fertilizar el óvulo y formar el núcleo $2n$ y el endospermo $3n$ (Robles, 1990).

Fase de Maduración

El óvulo comienza a formarse como una esfera verde claro, casi de color crema; después de 10 días empieza a crecer y se vuelve de un verde más oscuro. Toma alrededor de 30 días para que las semillas alcancen el peso seco máximo. Durante este desarrollo la semilla pasa por 3 estadios (Frankel, 1984).

- Lechoso
- Masoso suave
- Masoso duro

Las semillas comienzan a cambiar de color verde al color que tendrán en la madurez. Las semillas contienen alrededor de un 30% de humedad a la madurez fisiológica; se secan entre 10 - 15% durante los siguientes 10 a 25 días. Durante este periodo pierden hasta el 10% de su peso seco. La semilla esta lista para cosecharse en cualquier tiempo después de la madurez fisiológica; sin embargo una semilla con un porcentaje arriba del 12% de humedad debe ser secada antes de almacenarse (Frankel, 1984).

Requerimientos Ecológicos y Edáficos

Como es un cultivo que se siembra en diversos países del mundo, es una especie que se adapta a condiciones ecológicas y edáficas muy diversas, es susceptible de aprovecharse económicamente en siembras comerciales en diversas regiones agrícolas con las siguientes condiciones (Robles, 1990).

Temperatura

Por ser una especie de origen tropical, el sorgo requiere temperaturas altas para su desarrollo normal, siendo por lo tanto más sensible a las bajas temperaturas que otros cultivos. Para una buena germinación, el suelo a 5 cm. de profundidad, debe tener una temperatura no inferior a los 18°C . Si el suelo estuviese más frío, entre 15 y 16°C , tendría una emergencia lenta y desuniforme, con plántulas débiles y rojizas. Durante la floración

requiere una mínima de 16°C, pues por debajo de este nivel se puede producir esterilidad de las espiguillas y afectar la viabilidad del grano de polen (Jiménez, 1989).

Humedad

Los sorgos se cultivan ampliamente en las zonas tropicales y templadas, pueden desarrollarse en regiones muy áridas. Su mayor capacidad para tolerar la sequía, alcalinidad y las sales, que la mayor parte de las plantas cultivadas, hace de los sorgos un grupo valioso en zonas de escasa humedad o de poca precipitación, es propio cultivar el sorgo en las áreas donde la lluvia es insuficiente para el cultivo del maíz, como en aquellas que tengan una distribución de 400 a 600mm de precipitación media anual (Hughes, 1984).

Altitud

Por sus altas exigencias de temperatura, raramente se le cultiva más allá de los 1800m de altura. Se cultiva favorablemente de 0 a 1000msnm. En México se ha cultivado con éxito a 2200msnm. En el valle de Toluca que tiene una altitud de 2600msnm se han hecho pruebas con resultados satisfactorios (Robles, 1990).

Latitud

El sorgo se puede cultivar entre las latitudes de 45° latitud norte y 35° latitud sur; en el área comprendida entre estas latitudes donde se puede cultivar el sorgo con mayores rendimientos, debido a que más al norte o más al sur las temperaturas son más bajas (Robles, 1990).

Fotoperíodo

El sorgo se caracteriza por ser de un fotoperíodo corto, lo cual quiere decir que la maduración de la planta se adelanta cuando el periodo luminoso es corto y el oscuro largo. Sin embargo existe diferencias en cuanto a la sensibilidad a la longitud del fotoperíodo; por ejemplo, algunas variedades botánicas como los sorgos escobero (var. Technicum) son poco sensitivas, en tanto que las variedades Hegari y Milo son sumamente sensitivas (Hughes, 1984).

Suelo

Puede cultivarse en una diversidad de suelos pero será mejor en los terrenos ligeros, profundos y ricos en nutrientes los de aluvión son buenos. Los suelos arcillosos, aunque pueden proporcionar buenos rendimientos, tienen el inconveniente de que la sequía hace daños en el sistema radicular al agrietarse el terreno por lo que hay que recurrir al agua de riego en los casos extremos. Se ha encontrado que este cultivo puede sembrarse en terrenos con ciertas proporciones de sales solubles que limita la producción de otros cultivos (Robles, 1990).

Siembra

En la siembra de sorgo granífero se utilizan todos los sistemas de siembra, desde el convencional hasta la labranza cero. Entre ambos extremos existen distintas labores y combinaciones, que se adaptan a cada región en particular, según tipo de suelo, clima y secuencia de cultivos realizados (manual sorgo Cargill).

- a) A chorrillo.
- b) La siembra convencional.
- c) En hileras con sembradoras de arroz.
- d) Siembra con labranza reducida.

Época de Siembra

Las condiciones climatológicas de la región determinan la época de siembra de los cultivos, sin embargo en algunos centros experimentales del INIFAP han determinado las fechas más convenientes para siembra de esta gramínea (Robles, 1990).

Cuadro 2.1: Época de Siembra para los Estados mas Productores de Sorgo en México.

Región	Ciclo	Fecha
TAMAULIPAS (región norte)	Primavera	11 feb. al 18 de Mar.
	Verano	No aconsejable después por presentar se problemas de plagas (mosca de la panoja)
GUANAJUATO	Primavera	1° al 15 Abr.(Para híbridos tardíos)
	Verano	1° al 25 de Jun. (Al momento del Temp.)
MICHOACÁN	Primavera	1° de Mayo al 10 Mayo Sorgo de temporal.
	Verano	
JALISCO	Primavera	De Abril a principios de Mayo
	Verano	
COAHUILA	Primavera	15 Marzo al 15 de Abril
	Verano	15 de Junio al 15 de Julio
SINALOA	Primavera	15 de Enero al 28 de Febrero
	Verano	

Fuente: Tomado del Libro Producción de Granos y Forrajes (Robles, 1990)

Cosecha

Esta labor se debe realizar cuando el grano tenga de 14 a 18% de humedad, lo que ocurre entre los 105 y 120 días a partir de la fecha de siembra, en función del ciclo vegetativo del híbrido o variedad sembrada. Para ello, se debe bajar el nivel de humedad al 14%. Si se lo deja secar en pié, mientras la humedad baja del 20 al 14%, se producen pérdidas por diversas causas (manual sorgo Cargill). La cosecha se realiza de diferentes formas dependiendo de la región y el tipo de productor, por ejemplo:

- De forma manual.
- De forma mecánica.

Época de Cosecha

Alrededor de 30 días después de la floración, el grano de sorgo alcanza su madurez fisiológica y forma una capa negra (abscisión) que corta el movimiento de nutrientes y agua de la planta al grano (Robles, 1990).

En este estado el grano tiene entre un 30 y 35 % de humedad y continúa perdiéndola durante los 25 a 30 días subsiguientes, hasta alcanzar una humedad del 20 al 23%, nivel que permite iniciar la cosecha, pero no almacenar el grano. Algunas de las fechas de cosecha de algunas regiones del país son las siguientes:

Cuadro 2.2: Fechas de Cosecha de Sorgo en México

Lugar	Época	Fecha de Cosecha
Valle del Yaqui, del Mayo y de Guaymas	Siembra de primavera	15 de julio a 15 de agosto
	Siembra de verano	Todo diciembre
Costa de Hermosillo	Siembra de primavera	Todo julio
	Siembra de verano	Todo noviembre
Región de Caborca	Siembra de verano	1° de septiembre al 15 de octubre
Carrizo	Siembra de primavera	1° de junio al 31 de julio
	Siembra de verano	15 de noviembre al 15 de diciembre

Fuente: Tomado del Libro Producción de Granos y Forrajes (Robles, 1990)

Importancia del Sorgo en el Mundo

A nivel mundial se pueden distinguir cuatro principales países productores: Estados Unidos, India, Nigeria y China, los que en conjunto aportan 65% de la producción mundial (Claridades Agropecuarias, 1997).

La producción mundial de sorgo 2002/03 fue de aproximadamente 54.80 millones de toneladas, cifra que representa una baja de más de 2.29 millones de toneladas respecto a 2001/02 debido al decremento en la cosecha de Estados Unidos. La producción de Estados Unidos tubo una caída de 25%; la de México se incremento de 350 mil toneladas a 6.85 millones; y la de Australia en casi 500 mil a 2.2 millones de toneladas. China registra un alza aproximada de 100 mil toneladas a 2.2 millones de toneladas. Las exportaciones mundiales se tienen en 6.46 millones de toneladas, 540 mil toneladas por debajo del ciclo anterior ante la menor oferta exportable en Estados Unidos y las menores importaciones de México (Figura 2.1) (www.infoaserca.gob.mx/fichas/ficha06-GranosForrajeros.pdf).

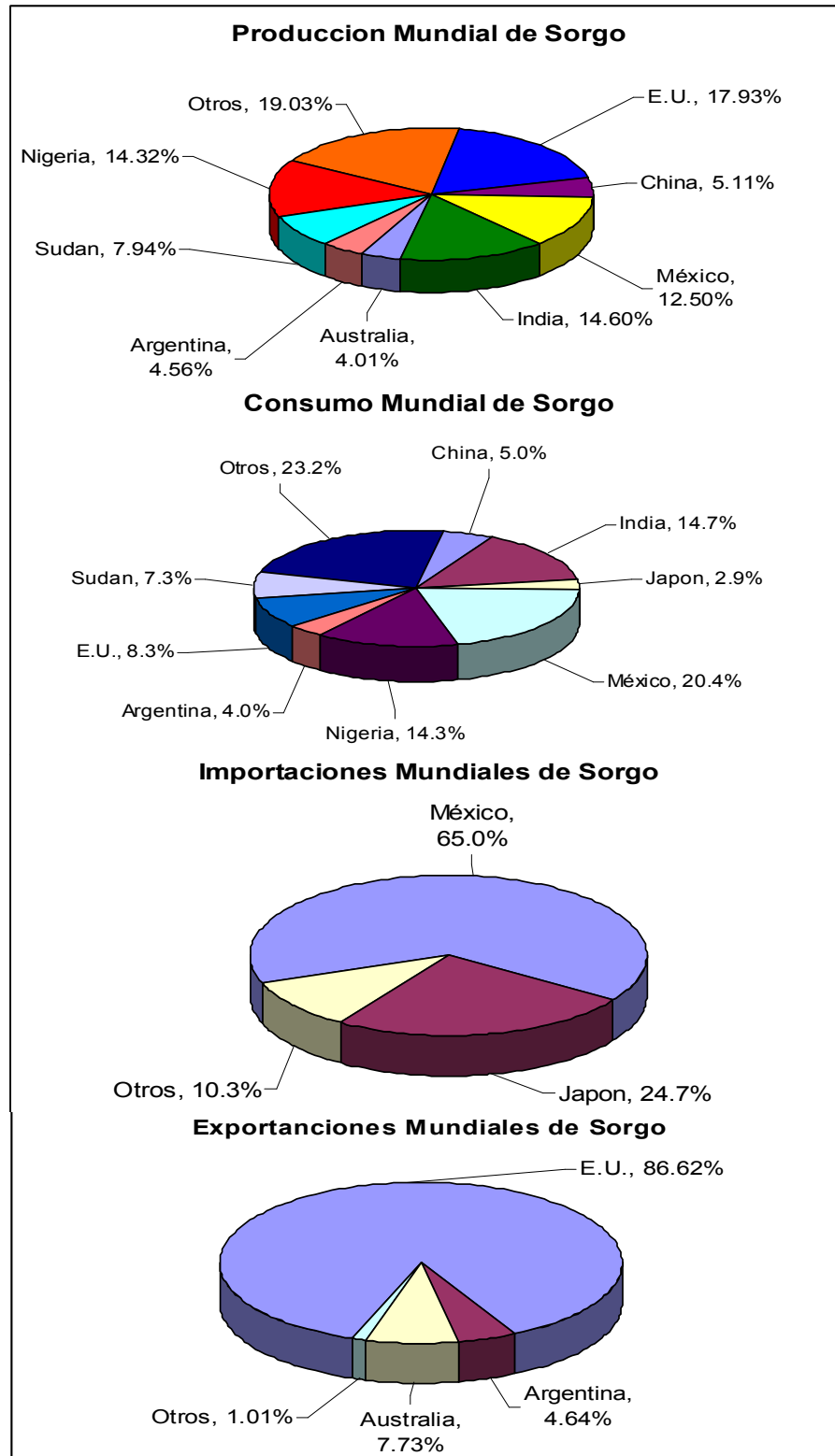


Figura 2.1: Producción, Consumo, Importación y Exportación de Sorgo en el Mundial.
Tomado de: Aserca con datos del USDA, Octubre 2002.

Importancia del Sorgo en México.

El sorgo es uno de los principales granos en México su importancia radica en que nutre de materia prima a la industria generadora de alimentos balanceados para animales la cual a su vez permite que el mercado alimentario disponga de proteínas de origen animal, forma parte de una amplia cadena en la que se involucran una diversidad de agentes que van desde los productores pasando por las industrias hasta llegar a los consumidores (Claridades Agropecuarias, 1997).

Los rendimientos que se obtienen en México son muy variables, sin embargo, se tiene un promedio nacional de 2.5 ton por ha; una de las zonas que alcanza los mejores rendimientos es el Bajío (Guanajuato, Michoacán y Jalisco) con 10 ton de grano por ha (Jiménez, 1989). La producción de sorgo en México, compite por el uso del suelo básicamente con el maíz por lo que los productores deben tener en cuenta las ventajas y desventajas que técnicamente ofrecen ambos granos. Su participación en la agricultura es de gran importancia pues ocupa el segundo lugar en cuanto a producción obtenida de los diez principales granos básicos, después del maíz y el tercer lugar en cuanto a superficie sembrada después del maíz y el frijol (Robles, 1983).

El sorgo grano ha sido considerado como un sustituto del maíz, ya que es utilizado en la preparación de alimentos balanceados, como alimento directo para aves, cerdos y bovinos, fuente de materia prima para la obtención de harina (almidón) y aceites, así como también en el aprovechamiento del rastrojo (esquilmo) para alimento de bovinos y equinos en menores proporciones (Cuberos, 1983). La preferencia hacia el sorgo, en relación con otros cultivos, se debe principalmente por su amplia tolerancia a condiciones de baja humedad del suelo y porque es redituable aun en condiciones poco favorables; es un cultivo mecanizado desde la siembra a cosecha, y pueden establecerse variedades o híbridos de doble propósito, lo que mejora las posibilidades de ingreso para el productor (INIFAP-CIRNO, 2003).

Principales Estados Productores de Sorgo en México

La producción nacional de sorgo presenta una alta concentración geográfica de temporal, no obstante que es un cultivo que prácticamente se siembra en todo el país. En

términos de ubicación geográfica, alrededor del 85 % de las cosechas anuales se obtienen de cinco entidades federativas en orden de importancia es posible distinguir tres zona; El Estado de Tamaulipas, Zona del Noreste (el principal productor nacional), Guanajuato, Michoacán, y Jalisco, Zona del Bajío, y Sinaloa Zona del Noroeste (ASERCA, 1997). Como puede observarse en el (Cuadro 2.3), la producción nacional de sorgo grano, es más relevante en el ciclo P-V ya que en este ultimo año la participación es de 80.42 % de la cosecha total, y en el ciclo O-I solo se reporta la participación del estado de Tamaulipas con un 80.02%, representando el 90% de la producción nacional de ese ciclo.

Cuadro 2.3: Principales Estados Productores de Sorgo en México por Ciclo.

Ciclo	P - V	2006/2006	O - I	2006/2007
Estado	Miles de Ton.	%	Miles de Ton.	%
Tamaulipas	326 439	10.19	1 704 564	80.02
Guanajuato	1 126 032	35.13	80	0.00
Sinaloa	379 743	11.85	27 515	1.21
Michoacán	534 081	16.66	15 899	0.75
Jalisco	211 138	6.59	5 373	0.25
Total Nac.	3 205 088	100.00	2 130 125	100.00

Fuente: Servicios de Información Agroalimentaria y Pesquera (SIAP), con información de las delegaciones de la SAGARPA en los Estados. Datos al 28 de Febrero del 2007.

En el cuadro 2.4 se pueden apreciar los datos referentes a la producción nacional donde el Estado de Tamaulipas aparece como el primer productor a nivel nacional, Sinaloa, Guanajuato, Michoacán y Jalisco aportan el 83.05% de la superficie sembrada siendo 1 millón 647 mil 479 has., 80% de la cosechada y 80% de la producción total del país que es de 3 millones 214 mil 805 toneladas.

Cuadro 2.4: Estados más Productores de Sorgo (2001- 2006)

Estado	2001	2002	2003	2004	2005	2006
Tamaulipas	2 127 417	2 811 264	2 709 254	2 880 488	2 162 215	2 031 003
Guanajuato	1 615 337	1 567 528	1 629 431	1 616 254	1 205 979	1 126 112
Michoacán	852 677	627 481	683 224	569 776	401 721	549 980
Sinaloa	482 676	314 201	353 688	423 891	492 942	407 258
Jalisco	466 622	346 811	355 202	301 554	206 312	213 503

Fuente: Anuario Estadístico por Entidad Federativa de la SAGARPA.

Superficie Sembrada

La superficie sembrada de sorgo ha tenido un comportamiento irregular en los últimos seis años observando que en el año 2001 tuvo un alcance de 2 212 777miles de

hectáreas sembradas y en el ultimo año la superficie disminuyo a 1 347 480miles de hectáreas. La superficie sembrada (figura 2.2) a tenido un rango de diferencia de 865 297 miles de hectáreas sembradas del 2001 al 2006, este comportamiento se ha venido mostrando en los seis años.

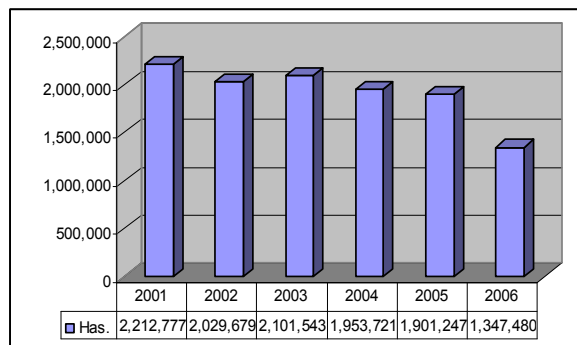


Figura 2.2: Superficie Sembrada de Sorgo en México (2001-2006)

Fuente: (SÍAP) de la SAGARPA. Con datos del SIACON.

Superficie Cosechada

La superficie que se cosecha de grano depende principalmente de la superficie sembrada y de la interacción de los diferentes factores que se hayan presentado en el cultivo durante sus etapas fenológicas; como lo son la superficie que se encuentra expuesta al siniestro ambiental, (inundaciones, huracanes, granizadas, etc.) y las condiciones de manejo del cultivo en todas sus etapas fonológicas. Al igual que la superficie sembrada, la cosechada ha tenido un comportamiento paralelo y en menor proporción, en la figura 2.3 se muestra que la superficie cosechada presento una caída 140 077 mil hectáreas en el 2004, comparada con la del año de 2002, que en los últimos seis años, 2003 ha sido el año de mayor superficie cosechada.

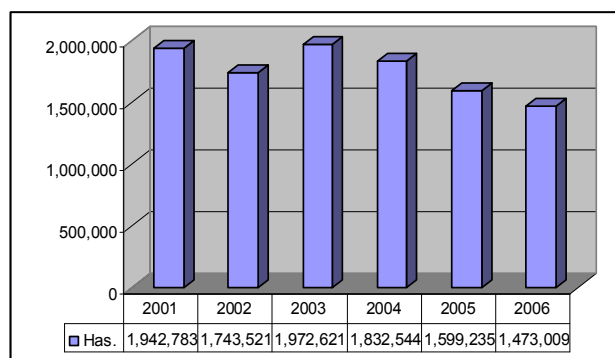


Figura 2.3: Superficie Cosechada de Sorgo en México (2001-2006)

Fuente: (SÍAP) de la SAGARPA. Con datos del SIACON.

Producción Obtenida

En México la producción obtenida de sorgo sigue siendo insuficiente por las altas demandas de la industria generadora de alimentos balanceados, en el año 2002 el rango de producción fue negativo en 1,360.6 miles de toneladas, esto a causa de la superficie cosechada y la interacción de otros factores en los sistemas de producción lo que obligo que del mercado exterior se introduzcan altas cantidades de sorgo. La cual repercute en la economía del país con grandes fugas de divisas, es una situación alarmante no solo por la cantidad de sorgo introducido sino porque los costos por tonelada se incrementan anualmente.

En la figura 2.4 se puede observar el comportamiento de la producción en los últimos seis años, notándose que en el año 2004 existió un aumento en la producción pero en el 2006 vuelve a disminuir considerablemente.

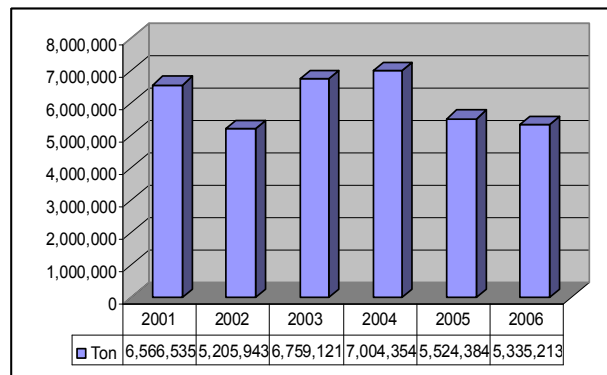


Figura 2.4: Producción Obtenida de Sorgo en México (2001-2006)

Fuente: (SÍAP) de la SAGARPA. Con datos del SIACON.

Rendimiento

Los bajos rendimientos de la producción nacional han ocasionado una continua dependencia del exterior y por ende dificultades en la producción interna al estar sujeta a los mayores precios internacionales; por tal motivo, elevar los rendimientos en el campo es importante como medida para aumentar el ingreso de los productores y combatir el atraso que sufre el agro mexicano, así como el de disminuir la dependencia del exterior (Robles, 1990).

El rendimiento depende de muchos factores (fisiológicos, genéticos, climáticos, etc.) de los últimos seis años el rendimiento en el año 2004 presento un aumento pero los años siguientes se presenta una disminución muy considerable aunque mas marcada en el 2006 con un descenso de 0.87 T/H. como se muestra en la figura 2.5.

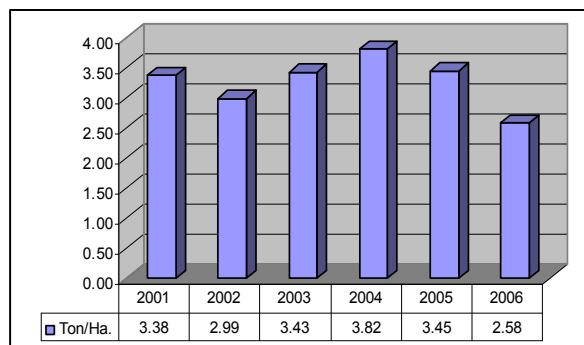


Figura 2.5: Rendimiento Obtenido de Sorgo en México (2001-2006)

Fuente: (SÍAP) de la SAGARPA. Con datos del SIACON.

Valor de la Producción

El sorgo a pesar de su importancia como materia prima en la alimentación animal, y la alta demanda que presenta, los precios por tonelada de grano siguen siendo constantes, los diferentes mercados tanto externos como internos mantienen una banda de flotación en el precio por tonelada de sorgo (Jiménez, 1989). El valor de la producción (figura 2.6) durante los últimos seis años, ha variado considerablemente en el año 2004 se presenta el valor mas alto con \$9 308 132 y en el ultimo año se presenta el valor mas bajo con \$6 527 689, existe un diferencial de \$2 780 443 entre estos dos años. Esto se debe a la cantidad de grano cosechada, a la oferta y la demanda, al precio internacional, entre otros factores.

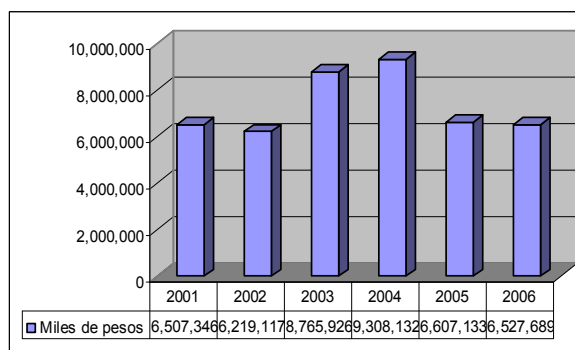


Figura 2.6: Valor de la Producción de Sorgo en México (2001-2006)

Fuente: (SÍAP) de la SAGARPA. Con datos del SIACON.

Mejoramiento genético

El mejoramiento genético de plantas ha incrementado la producción y calidad de los productos vegetales, a la vez que ha provocado uniformidad en los cultivos y disminución de la variabilidad genética de éstos, por lo que al sembrar una sola variedad o diferentes variedades relacionadas entre sí, se corren grandes riesgos en la producción, debido a la reducida base genética del cultivo, ya que pueden presentarse plagas o enfermedades con resultados desastrosos (Pecina, *et al.*, 1995).

El desarrollo de materiales que mantengan un alto nivel de rendimiento y contenido nutricional en una diversidad de ambientes, constituye una de las metas más importantes en la mayoría de los programas de mejoramiento. Por ello el sorgo cuya capacidad, tanto morfológica como fisiológica de adaptación, es superior a otras especies, despertando el interés de los investigadores, quienes realizan estudios tendientes a encontrar en este cultivo mejores rendimientos y técnicas de producción, resistencia a enfermedades y plagas, además de ser económicamente accesible a toda la población, especialmente a los de bajos recursos (Herrera, 2002).

Los métodos convencionales de fitomejoramiento han ofrecido a los fitomejoradores grandes progresos en el desarrollo de las variedades mejoradas; sin embargo, sólo una limitada proporción de la variabilidad genética disponible en el sorgo, ha sido explotada. Los adelantos en el mejoramiento de maíz, basados en la teoría de la genética cuantitativa, han ayudado a entender el uso de las metodologías avanzadas en el mejoramiento de población, utilizando en mayor grado la variabilidad genética (Valencia y D'Croz-Mason, 2006).

Los programas de mejoramiento de plantas autógamas se han basado en la recombinación de progenitores sobresalientes para obtener, mediante la selección en generaciones segregantes y la evaluación y selección de líneas, mejores individuos que se convertirán en padres de la siguiente progenie (Jensen, 1970). Esta metodología puede concebirse como un esquema de selección recurrente (Eslick, 1977; McProud, 1979), que en ocasiones requiere mucho tiempo para lograr un ciclo de selección. Por ejemplo, McProud (1979) indica que en Dakota del Norte (U.S.A.), Holanda y Japón se requieren entre 7 a 11 años por ciclo de selección en cebada (*Hordeum vulgare* L);

Skovman *et al.*, (1992) presentan el esquema de cruzamientos para la obtención de la línea Kauz de trigo (que posteriormente dio origen a la variedad Bacanora T88, recomendada para el noroeste de México), en el que se aprecia que se realizaron siete ciclos de selección en aproximadamente 35 años; por su parte, Villaseñor *et al.* (1989) invirtieron ocho años para obtener la línea que dio origen a la variedad temporalera M87 (Villaseñor, *et al.*, 2002).

Díaz, (2007) menciona los siguientes Métodos de mejoramiento que pueden ser utilizados en cultivos autógamos:

- A) Métodos Sencillos: Bulk - Selección Masal
- B) Método Genealógico
- C) Métodos Acelerados: SSD y DH
- D) Retrocruzamiento

Sin embargo Cuberos (2003), menciona también los siguientes métodos de mejoramiento:

- A) Selección Individual: planta a línea o parcela.
- B) Selección Estratificada.
- C) Selección masal con cruzamientos: cruzamientos compuestos.

Una serie de técnicas moleculares de gran desarrollo en los últimos veinte años permiten conocer la información genética que los organismos portan. Funcionan como señaladores de diferentes regiones del genoma y se los conoce en forma genérica como marcadores moleculares. Son ampliamente utilizados en genética humana, vegetal, animal y microbiana. Permiten evidenciar variaciones (polimorfismos) en la secuencia del ADN entre dos individuos, modifiquen éstas o no su fenotipo (Picca *et al.*, 2005).

En relación a los vegetales, los marcadores son de utilidad en estudios evolutivos y de genética poblacional, manejo de bancos de germoplasma, identificación, protección legal de germoplasma, mapeo, selección asistida por marcadores y clonado de genes (Picca *et al.*, 2004). El rápido avance de la biología molecular ha permitido generar y usar información de marcadores moleculares para mapear loci cuyos alelos afectan caracteres

cuantitativos (a estos loci generalmente se les denota por el acrónimo QTLs). En el mejoramiento genético uno de los principales objetivos es identificar marcadores estrechamente ligados a los QTLs que puedan usarse para el mejoramiento de la característica deseada. Este ligamiento es indispensable para cualquier método de selección basado en marcadores. Además, es importante estimar la contribución que al valor genotípico de la característica puedan hacer los QTLs ligados al marcador (Romero *et. al.*, 2004).

Herencia Poligénica

Klus & Cummings, (1999), mencionó que la herencia poligénica es un tipo de modificación de la herencia mendeliana que se caracteriza por la interacción génica o la acción de genes múltiples sobre un carácter. Por ejemplo: color en los granos de trigo.

La herencia poligénica es el conjunto responsable de muchos caracteres que parecen sencillos desde la superficie. Muchos caracteres como el peso, forma, altura, color y metabolismo son gobernados por el efecto acumulativo de muchos genes. La herencia poligénica no se expresa en absoluto como caracteres discretos, como en el caso de los caracteres mendelianos. En vez de ello los caracteres poligénicos se reconocen por expresarse como graduaciones de pequeñas diferencias (una variación continua). El resultado forma una curva con un valor medio en el pico y valores extremos en ambas direcciones (Raisman, *et. al.*, 2005). La herencia poligénica se distingue por:

1. Cuantificarse midiendo más que contando
2. Dos o más pares de genes contribuyen al fenotipo
3. La expresión fenotípica abarca un gran rango

Mather (1941) llamó poligenes a los genes de acción cuantitativa caracterizados por: (Ramírez, *et. al.*, 2003).

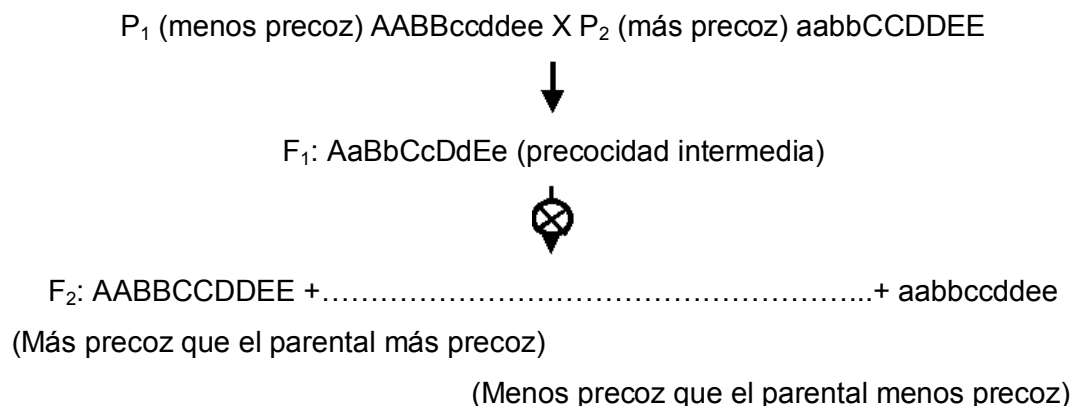
- Existencia de gran número de loci para cada carácter cuantitativo.
- En comparación con la variación ambiental o al menos con la total, el efecto de la sustitución alélica en un locus es muy pequeño.

- Los efectos fenotípicos son semejantes y sustituibles, por lo que varios genotipos pueden conducir a un mismo fenotipo.
- La influencia ambiental en la expresión fenotípica es muy acusada.
- En las poblaciones naturales es muy frecuente la heterocigosis en los loci poligénicos.
- Existencia de acción pleiotrópica por la que los poligenes actúan también como modificadores o incluso supresores de la acción de otros genes.
- Existencia de ligamiento detectable de los poligenes entre sí y con genes mendelianos cualitativos.

Segregación

Nilsson-Ehle (1908), trabajando con trigo, y utilizando "precocidad" y "resistencia al frío". Realizó cruzamientos entre parentales que diferían en su precocidad (menos precoz x más precoz), y observó lo que él llamó segregaciones transgresivas. En la F_2 de estos cruzamientos aparecían individuos más precoces que el parental más precoz y más tardíos que el parental más tardío. Análogamente ocurría con la resistencia al frío. Estos resultados le llevaron a la conclusión de que los caracteres "precocidad" y resistencia al frío" estaban determinados por muchos genes, que llamó factores múltiples, polímeros o acumulativos, cuyos efectos individuales son equivalentes y pequeños y cuya expresión fenotípica final para cada carácter considerado es la suma de los efectos individuales (Ramírez, *et. al.*, 2003).

Cruzamiento:



Donde los genes representados con mayúsculas (sin indicar por ello relación de dominancia) producen efectos equivalentes y sumables, y los representados con minúsculas también producen efectos aditivos equivalentes entre sí, aunque de menor cuantía. Por ello, si valoramos de una manera totalmente arbitraria los alelos con mayúsculas con un valor de precocidad de 2 y las minúsculas como 1., los parentales del cruzamiento indicado darían valores de 14 y 16 unidades de precocidad, respectivamente; la F_1 valdría 15 y en la F_2 aparecerían formas extremas con valores de 20 y 10 (Ramírez, *et. al.*, 2003).

Cuberos (2003), menciona que si cruzamos dos padres muy similares fenotípicamente: AAbb y aaBB, ambos de rendimiento = 2, en la F_2 obtenemos los siguientes genotipos 0, 1, 2, 3 y 4, puesto que el híbrido es AaBb y suponemos independencia entre ambos loci; es decir, se obtienen individuos de rendimiento 4 y 3, así como otros con 1 y 0. Así pues, se sobrepasan los límites de los parentales, lo que le faculta al mejorador poder obtener individuos con expresiones más convenientes o deseables del carácter e inexistentes con anterioridad. A este tipo de herencia se le llama herencia transgresiva, siendo de enorme utilidad en el mejoramiento.

Acción Génica

Los alelos pueden interactuar unos con otros de formas muy diversas para producir variabilidad en su expresión fenotípica. Lo siguiente puede ayudarnos a comprender varios modos de acción genética (Ramírez, *et. al.*, 2003).

1. Acción génica aditiva. Los alelos actúan de manera aditiva cuando el valor del heterocigótico es intermedio entre los dos homocigóticos.
2. Dominancia parcial o incompleta, el heterocigótico es casi igual a uno de los homocigóticos.
3. Dominancia completa, tanto el heterocigótico como uno de los homocigóticos producen fenotipos idénticos.
4. Sobredominancia, el heterocigótico supera a cualquiera de los homocigóticos.

Stansfield, (1971) menciona que los alelos pueden interactuar unos con otros de diferentes maneras para producir variabilidad en su expresión fenotípica los modelos siguientes pueden ayudarnos para entender diversos modos de acción génica:

1) Con ausencia de dominancia, es decir, genes aditivos, se supone que cada alelo A^1 no contribuye al fenotipo (alelo nulo), mientras que cada alelo A^2 contribuye con una unidad al fenotipo (alelo activo).



2) Con dominancia parcial o incompleta, el heterocigoto tiene casi el mismo valor que el homocigoto A^2A^2 .



3) Con dominancia completa, se producen fenotipos idénticos por el heterocigoto y el homocigoto A^2 .



4) En la sobredominancia el heterocigoto tiene mayor valor que cualquiera de los genotipos homocigotos.



Gardner, (1988) menciona que los genes complementarios son genes que tienen un efecto similar sobre el fenotipo cuando son presentes separadamente pero que al encontrarse juntos, interactúan. Cuando dos de estos genes son complementarios para un efecto dominante en la F_2 , producen una proporción 9:7 cuando son complementarios para un efecto recesivo, producen en la F_2 una proporción 15:1.

Una vez redescubiertas las leyes de Mendel se observó que hacer cruzamientos de individuos líneas puras, en la F_2 aparecían proporciones fenotípicas distintas de las clásicas 3:1, 1:2:1 ó 9:3:3:1, e incluso aparecían nuevos fenotipos distintos a los parentales o F_1 , Estos resultados se deben principalmente a la interacción o epistasis entre genes ubicados en distintos loci. Entre las interacciones génicas más importantes se encuentran las epistasis, que ocurren cuando un gen (gen epistático) suprime o

enmascara la expresión de otro gen ubicado en otro locus (gen hipostático). Si el gen epistático es dominante el fenómeno se denomina epistasis dominante y si el gen es recesivo la interacción se denomina epistasis recesiva. En la siguiente tabla se muestran las principales interacciones génicas (Gebauer, *et. al.*, 2007).

Puertas (1999), menciona que es un tipo de interacción funcional entre genes diferentes (no alélicos), es cuando un alelo o genotipo en un locus "enmascara" o inhibe la expresión de un no alelo o genotipo que se localiza en otro locus. A cualquier gen que enmascara la expresión de otro gen no alélico, se le conoce como epistático. La epistasis es la interacción entre genes diferentes (no alelos) y la dominancia es la interacción entre alelos diferentes del mismo gen.

1. Epistasis Recesiva es cuando un gen en estado homocigótico recesivo eclipsa la expresión de otros genes. Ejemplo: En roedores el C estimula formación de pigmento en el cuerpo. El homocigoto (cc) produce albinismo. El gen N produce pigmento negro y su alelo recesivo (nn) produce el pigmento marrón en presencia del gen C. El gen c en estado homocigótico (cc) es epistático a los genes N y n, por lo cual ccNN, ccNn, ccnn, son albinos. La epistasis de un recesivo produce proporciones fenotípicas en la F₂ de 9:3:4.

2. Epistasis Recesiva y Dominante es cuando un gen recesivo es epistático a otro dominante, que a la vez es epistático al gen que es dominante del recesivo.

3. Epistasis Dominante es cuando el gen en estado dominante eclipsa epistáticamente a sus no alelos.

4. Epistasis Recesiva Duplicada o también llamado genes complementarios con epistasis: es cuando los genes dominantes se complementan para dar una característica determinada. Los genes recesivos en estado homocigótico son epistáticos al gen dominante no alelo.

5. Epistasis Dominante Duplicada es el caso en que cualquiera de dos genes dominantes interactuando es epistático a los recesivos correspondientes. Cualquiera de los genes dominantes produce el mismo fenotipo sin efectos acumulativos.

6. Epistasia con Efectos Acumulativos en este tipo de herencia cada gen dominante es causante de la producción de un componente de una sustancia final.

Marcadores Moleculares

Los marcadores moleculares son una herramienta útil para analizar directamente el ADN, sin la influencia del ambiente u otros factores (Andrade *et al.*, 2005). Para que un carácter sea considerado un marcador genético debe mostrar una variación experimentalmente detectable entre los individuos de la población y un modo de herencia predecible según las leyes de Mendel. Esta variación puede ser considerada a diferentes niveles biológicos, desde cambios fenotípicos heredables significativos hasta la variación de un solo nucleótido. Un marcador ideal debe ser: altamente polimórfico o variable dentro y entre especies, de herencia mendeliana no epistática (sin interacción entre genes), insensible a los efectos ambientales, codominante, de rápida identificación y simple análisis y de posible detección en los estadios tempranos del desarrollo de la planta (Picca *et al.*, 2004).

La importancia de los marcadores radica en que ofrecen la posibilidad de estudiar poblaciones de organismos y seleccionar aquellos que presentan rasgos de interés para el hombre. En ocasiones, el uso de marcadores permite seleccionar los individuos aun antes de que expresen el rasgo de interés. Gracias al empleo de marcadores ha sido posible mejorar muchas especies que son la base de la alimentación del mundo. Hay dos tipos principales de marcadores: los marcadores morfológicos y los marcadores moleculares (Solís y Andrade, 2005).

Usos de los Marcadores Moleculares

Los marcadores moleculares se han utilizado o se pueden utilizar en los siguientes aspectos de la mejora genética de plantas (Nuez y Carrillo, 2000).

- Estimación de distancias genéticas entre poblaciones, variedades, líneas puras e híbridos.
- La clasificación taxonómica de ecotipos o muestras que acceden a los Bancos de Germoplasma como un complemento de los datos morfológicos.

- La asignación de líneas puras a grupos heteróticos con objeto de predecir el valor de los híbridos resultantes del cruce.
- Identificación y distinción de variedades, líneas puras e híbridos para proteger los derechos del obtentor vegetal.
- Los marcadores de DNA permiten una distinción más precisa de genotipos que los "descriptores" morfológicos requeridos hoy día.
- Establecimiento de relaciones de parentesco o "pedigree" entre líneas o variedades para realizar estudios genéticos.
- Localización e identificación de genes cualitativos o mayores y también de genes con efectos pequeños afectando a caracteres cuantitativos (los así llamados QTLs).

Características de los Marcadores Moleculares

Los atributos ideales de un gen marcador (Nuez y Carrillo, 2000). Son:

- Fácil para hacer la determinación.
- Fácilmente distinguible.
- Fácil acceso económico
- Que sea reproducible.
- Ocurrencia frecuente en el genoma.
- Que el marcador sea neutral
- Que este cerca del gen que interesa en el genoma.
- Polimorfismo
- Herencia mendeliana y no epistasis
- Insensibilidad a la influencia y efectos ambientales
- Ausencia de efectos en el desarrollo de la planta, es decir comportamiento como un gen neutro
- Facilidad en la expresión, y simplicidad en la identificación y análisis
- Co-dominancia
- Posibilidad de detección en las primeras fases de desarrollo de la planta.

Los isoenzimas y los RFLPs son los que más se acercan a estos atributos ideales. Los isoenzimas tienen el inconveniente de que son afectadas por el medio ambiente y su número es limitado, y por tanto no tienen una presencia suficientemente densa en todas

las regiones del genoma. Los RFLPs son unos buenos marcadores moleculares permitiendo una densidad de mapeo alta en todo el genoma. Sin embargo, tienen el inconveniente de que su análisis en el laboratorio es actualmente costoso y frecuentemente necesitan isótopos radiactivos para su resolución, aún cuando los costos están reduciéndose progresivamente y nuevas técnicas limpias de fluorescencia pueden sustituir a los isótopos radiactivos. Los RAPDs son muy fáciles de analizar (después de la extracción del DNA solo necesitan de 4-6hrs para amplificación y separación electroforética) y al igual que los RFLPs pueden cubrir densamente el genoma, tienen sin embargo el inconveniente de que no poseen el atributo de co-dominancia, por lo que no es posible distinguir el genotipo homocigótico dominante del heterocigótico. Esta distinción es imprescindible para realizar la separación de individuos en la generación F2. Estos marcadores han permitido el confeccionar mapas de ligamiento de alta densidad en el genoma. Existen hoy mapas de ligamiento con marcadores moleculares muy completos en varios cultivos como son el tomate, maíz, trigo, cebada, soja, almendro, *Brassica*, etc. Estos marcadores con un efecto neutro o al menos no adverso en la planta pueden ser una ayuda valiosa en la selección (Nuez y Carrillo, 2000).

Isoenzimas

Se definen como diferentes formas moleculares de una enzima, que poseen una actividad catalítica común, es decir actúan sobre el mismo sustrato. Ciertos cambios en el ADN que codifica estas enzimas (mutaciones) pueden resultar en cambios en la composición de aminoácidos, originando proteínas con la misma actividad biológica pero con diferente carga neta y por tanto con diferentes velocidades de migración en un campo eléctrico. Estas diferencias determinan patrones característicos de migración electroforética de las formas iso-enzimáticas (Becerra *et al.*, 2000)

Estos marcadores tienen la ventaja de que la técnica es relativamente barata, accesible y no destructiva debido a que utiliza pequeñas cantidades de material. Además, el control genético de la mayoría de las isoenzimas es bien conocido, por lo que es posible realizar inferencias genéticas a partir de los patrones de bandas observados en los geles. Por otro lado, las isoenzimas tienen base genética codominante (es decir, que en un individuo diploide es posible visualizar la expresión de ambos alelos); son selectivamente neutrales y están libres de efectos deletéreos (cuando los alelos tienen efectos negativos que imposibilitan la reproducción del genotipo que los posee), efectos

pleiotrópicos (cuando un gen controla la expresión de más de un carácter en un individuo) y/o epistáticos (dominancia de un gen sobre otro) (Solís y Andrade, 2005).

Las isoenzimas han tenido un rol prominente en estudios de poblaciones vegetales para determinar variabilidad y estructura genética, sistemática y biología evolutiva así como en descripción de germoplasma e identificación de variedades. Su utilización ha sido muy limitada debido a ciertas desventajas: 1) presentan problemas técnicos; 2) no permiten cubrir todo el genoma, pues sólo representan una estrecha fracción del contenido genético; 3) únicamente detectan la variación de los genes que codifican para la expresión de una característica del individuo; 4) se dificulta la precisión de los datos obtenidos debido al polimorfismo en el tejido de las isoenzimas (por ejemplo, el polimorfismo detectado en una hoja no es el mismo que el que se obtiene usando la semilla del mismo individuo); 5) el número de marcadores iso-enzimáticos disponibles. En general es menor a 50 y 6) por su reducido polimorfismo. También tienen polimorfismo ontogenético, lo cual implica que los resultados obtenidos serán muy diferentes al trabajar con material vegetal proveniente de un árbol joven y de otro adulto; además, las isoenzimas son específicas para determinados sustratos (Solís y Andrade, 2005). No obstante, estos loci representan importantes marcas de referencia para relacionar mapas obtenidos a partir de distintos marcadores de ADN (Picca *et al.*, 2004).

RFLP

Polimorfismo de longitud de fragmentos de restricción de ADN. Este tipo de estudio involucra la detección de un segmento específico (marcador molecular) en el ADN de estudio por hibridación con un fragmento marcado radiactivamente de secuencia complementaria al marcador (sonda). La variabilidad genética presente en el marcador molecular se observa como diferencias en la secuencia del ADN genómico debidas a duplicaciones, deleciones, inserciones, etc. que modifican la distancia entre pares de sitios de restricción y generan fragmentos polimórficos (de diferentes tamaños). Los fragmentos cortados por la enzima de restricción se separan por su tamaño mediante electroforesis y se transfieren a una membrana donde son hibridados con la sonda. Para visualizar los polimorfismos se expone la membrana a una placa radiográfica. La ventaja de los RFLPs radica en que son altamente reproducibles, codominantes y multialélicos. A su vez cuentan con la desventaja de ser muy laboriosos, difíciles de automatizar,

requieren de infraestructura adecuada para mantener las sondas, trabajar con radiactivos, lo que los hace relativamente caros (Picca *et al.*, 2004).

VNTRs

Existen dos tipos de VNTRs los llamados Minisatélites y los Microsatélites (SSR = Secuencias únicas repetidas o STR = Repetidos en Tandem simples). Estos marcadores difieren en el tamaño del motivo que se repite (entre 15 y 100 pb en los minisatélites o entre 1 y 4 pb en los microsatélites). Los VNTRs se encuentran presentes en todos los genomas de los animales y plantas, aunque son menos frecuentes en los microorganismos (Araneda, 2004).

Minisatélites

Estos marcadores fueron los primeros VNTR estudiados, en ellos el motivo repetido no siempre es idéntico y su uso fue inicialmente para pruebas de paternidad por huellas de DNA. Esta es una metodología multilocus, es decir se detectan muchos loci que poseen el minisatélite a la vez, pero no se sabe en qué región del genoma se encuentran. Las bandas reveladas por esta técnica tienen un patrón de herencia mendeliana, pues en promedio la mitad de las bandas son derivadas de cada progenitor. Al igual que el RFLP los Minisatélites han perdido popularidad respecto de los Microsatélites debido a las dificultades técnicas en desarrollarlos (Araneda, 2004).

Los minisatélites contienen de 9 a 100 pares de bases. El número de repeticiones es variable pero en general es menor a 1000. La diferencia básica entre RFLP y VNTR reside en el tipo de sonda utilizada. En la técnica de VNTR las sondas están constituidas por secuencias homólogas a las secuencias repetidas de los minisatélites, por lo tanto todos los locus hipervariables son detectados simultáneamente, mientras que en RFLP, las sondas son homólogas a secuencias únicas del genoma, detectando así uno o pocos loci cada vez. De esta manera, en el autoradiograma al contrario del patrón simple de bandas obtenido por RFLP (una banda para genotipos homocigotos o dos bandas para genotipos heterocigotos), para minisatélites se obtiene un perfil complejo de bandas múltiples. Una ventaja de los VNTR, es que además de explorar el polimorfismo en la longitud de los fragmentos de restricción en cada locus hipervariables, utilizan también el polimorfismo en el número y distribución de estos loci a lo largo del genoma, posibilitando

así la visualización simultánea de diversas regiones del mismo. Las limitaciones para esta técnica, son las mismas descritas para RFLP. Los minisatélites también pueden ser detectados mediante la amplificación por PCR de los segmentos conteniendo diferente número de repeticiones, utilizando (primers) o iniciadores, que flanqueen dichos segmentos (Picca *et al.*, 2004).

PCR

Reacción en cadena de la polimerasa de ADN es una técnica se basa en la síntesis enzimática de millones de copias de un segmento específico de ADN en presencia de una polimerasa de ADN termoestable. Para ello se utilizan dos oligonucleótidos llamados (iniciadores) o (primers). El segmento de ADN a amplificar esta compuesto por dos hebras (a y b), la secuencia de uno de los oligonucleótidos hibrida en uno de los extremos del segmento y es complementaria a la hebra a, el segundo oligonucleótido hibrida en el otro extremo del segmento y es complementario a la hebra b. Para que exista amplificación del fragmento es imprescindible que ambos oligonucleótidos hibriden en secuencias complementarias presentes en las hebras del ADN en estudio. La presencia de mutaciones en el sitio de hibridación de cualquiera de los oligonucleótidos impide la amplificación del fragmento (Picca *et al.*, 2004). Esta técnica se basa en la utilización de un único oligonucleótido de 8-12bp que hibrida al azar con el ADN en estudio. Para que se genere un fragmento RAPD es necesario que las dos hebras del ADN en estudio presenten sitios de hibridación con el oligonucleótido en orientaciones opuestas suficientemente cercanas (menos de 3000bp) como para permitir la amplificación. La secuencia del oligonucleótido es aleatoria al igual que los sitios de hibridación, por lo que la secuencia amplificada es desconocida. El polimorfismo que se observa entre distintos individuos consiste en la presencia o ausencia de fragmentos de ADN amplificado (Picca *et al.*, 2004).

Microsatélites

Son regiones genómicas hipervariables constituidas por repeticiones en tandem de unos pocos pares de bases (1 a 4) flanqueadas por secuencias de copia única. Este tipo de marcadores son más polimórficos que los minisatélites y poseen la ventaja que pueden ser analizados por PCR. La base genética del polimorfismo detectado en microsatélites se basa en la variabilidad del número de repeticiones en tandem y consecuentemente del

tamaño del microsatélite amplificado en individuos de una especie. En la amplificación por PCR de los microsatélites, los marcadores utilizados se ubican en las regiones genómicas que rodean el microsatélite propiamente dicho. Por lo tanto, estos marcadores son especie-específicos puesto que las secuencias flanqueantes varían de una especie a otra. Actualmente, el análisis de los microsatélites se puede realizar en un secuenciador automático marcado uno de los iniciadores con un fluoróforo que emite una coloración específica lo cual permite identificar los alelos del microsatélite con exactitud. Los marcadores microsatélites muestran un patrón de herencia codominante, es decir siempre se puede identificar los individuos heterocigotos (Araneda, 2004). Por el alto polimorfismo que presentan por locus (multialelismo) se los considera los marcadores ideales para el mejoramiento en especies autóгамas como el trigo (Isaza-Henao, 2003).

AFLP

Puede considerarse como una combinación de RFLP y RAPDs. Esta técnica consiste en esencia de cuatro etapas: 1) el ADN genómico es cortado con enzimas de restricción (generalmente una de corte raro y otra de corte frecuente). 2) adaptadores de ADN de doble cadena se adhieren en forma específica a los extremos de los fragmentos obtenidos en el paso anterior, generando así el molde para la amplificación del ADN. 3) una fracción de los fragmentos obtenidos es amplificada selectivamente por la acción de iniciadores específicos que fueron diseñados para reconocer la secuencia de los adaptadores ligados en el segundo paso, el sitio de la enzima de restricción, más una a tres bases selectivas al azar agregadas en el extremo 3'. El uso de bases selectivas al azar permite la amplificación de sólo un grupo de fragmentos de restricción (aquellos en que coincide la secuencia del adaptador + sitio de restricción + bases selectivas). 4) análisis de la sub-población de fragmentos amplificados mediante su desnaturalización por electroforesis en geles de alta resolución (poliacrilamida) y visualización por autorradiografía o por tinción con nitrato de plata. Su implementación en laboratorio requiere de una infraestructura y presupuesto similar a los microsatélites. Estos marcadores presentan un alto poder de detección de la variabilidad genética, ya que se explora simultáneamente el polimorfismo de ausencia/presencia de sitios de restricción (como los RFLP) y la ocurrencia o no de amplificación a partir de secuencias arbitrarias (como los RAPDs). Otra ventaja de los AFLPs es el número de fragmentos (marcadores) resueltos por electroforesis que oscila entre 30 - 50 contra los 4 – 10 de RAPDs (Picca *et al.*, 2004).

Para una utilización más eficiente en programas de mejoramiento de marcadores RFLPs, RAPDs y AFLPs existe la posibilidad de transformarlos en marcadores PCR alelo-específicos, que son económicos, robustos y de sencilla implementación en cualquier laboratorio (Isaza-Henao, 2003).

Marcadores Morfológicos

La posibilidad de usar marcadores morfológicos como una ayuda en la selección de caracteres cualitativos y cuantitativos en plantas fue sugerida por Sax hace ya más de 70 años. A lo largo de la historia de la mejora de plantas, se han hecho intentos para seleccionar caracteres con utilidad agronómica utilizando marcadores morfológicos (denominados también alelos mutantes en contraposición al alelo normal). De hecho, se han observado asociaciones entre los caracteres seleccionados y determinados marcadores morfológicos. Por ejemplo entre el mayor rendimiento del grano del trigo y la menor talla de las plantas, y también entre el mayor rendimiento de híbridos de maíz y el ángulo más agudo de inserción de las hojas en el tallo, etc. Por tanto la selección con base en marcadores morfológicos ha sido utilizada de forma muy limitada en la mejora genética de plantas (Moreno-González, 1993).

Son características fenotípicas de fácil identificación visual tales como forma, color, tamaño o altura. Muchos de ellos se convierten en importantes «descriptores», a la hora de inscribir nuevas variedades. Por ejemplo, alrededor de 50 caracteres de plántula, tallo, hoja, espiga, espiguilla y cariósido se utilizan para inscribir e identificar variedades de trigo (Picca *et al.*, 2004).

Los marcadores morfológicos fueron el primer tipo de marcadores que el hombre utilizó. Se consideran marcadores morfológicos a los caracteres de un individuo que se expresan en un ambiente específico y que el hombre identifica con un objetivo determinado. Por ejemplo, en los árboles de pino podemos usar como marcadores morfológicos el peso o tamaño de las semillas, pues se ha visto que dicha característica se asocia en la mayoría de las poblaciones con la supervivencia, el crecimiento y la reproducción (Solís y Andrade, 2005).

Este tipo de marcadores son muy utilizados para estimar la variación morfológica existente en una población. Sin embargo, hay varias limitaciones para su uso, de las que la principal es precisamente que se basan en las características morfológicas o expresadas en el individuo (fenotipo), las cuales pudieran ser influidas por el ambiente en que se desarrollan, además de que generalmente sólo se pueden identificar y medir en individuos completos o adultos (Solís y Andrade, 2005). Las principales limitaciones de los marcadores morfológicos se encuentran en:

- 1) Número reducido de marcadores disponibles en cada población.
- 2) bajo nivel de polimorfismo.
- 3) Pueden producir alteraciones fenotípicas que dificultan el desarrollo de la planta.
- 4) Varios se hallan bajo control poligénico.
- 5) Dominancia.
- 6) Muchos de ellos se expresan en estadio de planta adulta, lo cual prolonga los tiempos de evaluación en los programas de mejoramiento.

No obstante, los marcadores morfológicos permanecen como caracteres útiles en la identificación de materiales dado que representan un conjunto de genes que pueden ser evaluados con métodos sencillos y a bajo costo (Picca *et al.*, 2004).

Mapeo Genético

Un mapa genético de ligamiento es una representación de la situación de los genes en un cromosoma, cromosomas o de un fragmento cromosómico determinado. La localización relativa de los genes se establece calculando las frecuencias de recombinación entre ellos. En los mapas genéticos pueden incluirse, además de genes, marcadores moleculares de ADN, centrómeros y otras estructuras (es.wikipedia.org). Un mapa genético de una especie animal o vegetal muestra la distribución linear de un grupo de genes y marcadores en cada uno de los cromosomas que constituyen el genoma de un organismo. Este mapa esta basado en el concepto clásico de ligamiento: si dos o más genes o marcadores están físicamente cercanos sobre el mismo cromosoma, sus alelos se heredan usualmente juntos a través de la meiosis. Las proporciones en que estos genes segregan en una población se apartan de las esperadas bajo la ley de Mendel de segregación independiente. La mayor parte de los gametos contendrán las mismas

combinaciones alélicas que los padres; sólo aquellos meiocitos que experimenten un intercambio entre cromátides no hermanas o crossover generarán gametos con combinaciones alélicas diferentes de las parentales (recombinantes). El fundamento del mapeo genético reside en la relación directa entre la frecuencia de recombinación y la distancia física entre los loci. Es así como determinando la frecuencia de recombinación entre dos genes, uno puede estimar la distancia de mapa entre los mismos, siendo la unidad de mapeo equivalente a una frecuencia de recombinación del 1%. Usualmente esta distancia se expresa en centimorgan (cM). La relación entre frecuencia de recombinación y distancia física es distorsionada por factores tales como la distribución no al azar de los entrecruzamientos, las diferencias entre organismos, la presencia de (hot spots) o sitios de alta frecuencia de recombinación y la evidencia de control genético de la recombinación. No obstante, el uso de la intensidad de ligamiento como estimador de la distancia genética genera un modelo de la disposición lineal de genes y marcadores de gran utilidad en múltiples áreas del estudio genómico (Picca *et al.*, 2004).

Hay que recordar que el grado de recombinación genética (r), también conocido como fracción de recombinación, es la proporción de gametos recombinantes, nr sobre el total de gametos.

$$r = nr / n$$

Para tres loci, ABC, ligados en ese orden, las fracciones de recombinación entre los tres se relacionan a través de la siguiente expresión: $r_{AC} = r_{AB} + r_{BC} - 2C$ donde $2r_{AB} r_{BC}$ representa la frecuencia esperada de entrecruzamientos dobles y C , el coeficiente de coincidencia, una medida de la independencia con la que ocurren quiasmas (entrecruzamientos) en regiones cercanas. La fracción de recombinación no es aditiva a lo largo del cromosoma y la desviación respecto de la aditividad aumenta con la distancia entre los loci. De este modo se han desarrollado «funciones» de mapa tales como Haldane o Kosambi que tornan aditiva la fracción de recombinación.

Función de Haldane: $m = -0.5 \ln(1-2r)$, donde m representa unidades de mapa genético. Si un marcador resulta estar genéticamente ligado a un gen que controla un carácter de interés agronómico, la selección de este marcador resulta en la selección indirecta del gen de interés. Este hecho constituye el fundamento del proceso denominado selección asistida por marcadores moleculares, aplicado en el mejoramiento

genético vegetal y animal. La eficiencia del proceso de selección indirecta basado en la cosegregación del marcador y del gen, es una función de distancia, expresada como la probabilidad de recombinación genética entre el marcador y el gen; por lo tanto, cuanto más próximos estén el marcador y el gen en cuestión, más eficiente será la selección (Picca *et al.*, 2004).

Este análisis puede aplicarse tanto en caracteres cualitativos como cuantitativos. La diferencia entre un carácter cuantitativo y uno cualitativo se basa en la magnificación del efecto de sustitución de un alelo por otro en un determinado locus (Falconer, 1988). Si el efecto de la sustitución alélica sobre la variación fenotípica total del carácter es pequeño, se considera el carácter como cuantitativo o QTL (quantitative trait loci). Si el efecto de la sustitución de un alelo por otro es grande en relación con la variación fenotípica total, el carácter es cualitativo (genes de herencia simple). En general, la mayoría de los caracteres de importancia económica y/o agronómica, principalmente aquellos relacionados con la productividad, poseen herencia cuantitativa o fenotipos complejos. Para incorporar un carácter de interés agronómico en un mapa genético es necesario cumplir con una serie de premisas:

1. Desarrollar una población segregante para el carácter agronómico en cuestión.
2. Caracterizar la población segregante utilizando marcadores moleculares polimórficos (con diferencias en la secuencia de ADN entre los parentales). Para construir un mapa mínimo es deseable disponer de al menos cuatro marcadores moleculares por cada cromosoma del genoma en estudio. Cuanto mayor sea el número de marcadores incorporados al mapa, mayor será su resolución y la probabilidad de identificar algún marcador ligado al carácter agronómico de interés.
3. Evaluar fenotípicamente el carácter agronómico, sobre los individuos de la población segregante. Este punto es crucial, ya que si la evaluación del carácter en la población de mapeo no es clara, es imposible incorporarlo al mapa genético.
4. Identificar marcadores ligados al carácter agronómico (cosegregación entre fenotipo del carácter y fenotipo del marcador). Para esta instancia, al igual que para la construcción del mapa genético, se pueden utilizar herramientas informáticas específicas tales como los programas Mapmaker, MapmakerQTL, Genemap, etcétera.

Cuanto mayor sea la distancia genética entre los parentales que darán origen a la población de mapeo, mayor será la probabilidad de detectar marcadores polimórficos, que es un punto crítico para identificar marcadores ligados al carácter en estudio (Picca *et al.*, 2004). En el contexto del mejoramiento vegetal los mapas genéticos posibilitan:

- La cobertura y análisis de genomas completos
- La descomposición de caracteres genéticos complejos (QTL) en componentes mendelianos
- La localización de regiones genómicas que controlan caracteres de importancia agronómica
- La cuantificación del efecto de estas regiones en la característica estudiada
- La canalización de esta información en programas de mejoramiento

La construcción de un mapa genético genera información básica sobre la estructura y organización de un genoma tal como reordenamientos cromosómicos (inversiones, translocaciones, duplicaciones) e identificación de regiones con alta densidad de genes. Por otro lado un mapa genético constituye el punto de partida para proyectos de clonado posicional de genes.

MATERIALES Y MÉTODOS

Área de Estudio.

El material vegetal para la presente investigación se sembró en el invernadero No.5 de la Universidad Autónoma Agraria “Antonio Narro”, la cual se encuentra ubicada en Buenavista, Saltillo, Coahuila, México, en las siguientes coordenadas geográficas, 25° 22′ latitud N y 101° 03′ longitud W y a 1,723msnm.



Figura 3.1: Invernadero No. 5 de la UAAAN en el cual se realizo el Trabajo de Investigación.

Material Genético

El material genético utilizado en la presente investigación, consistió de dos progenitores (Sureño y RTx430) con 5 repeticiones cada uno y 130 líneas endogámicas recombinantes $F_{2:7}$ descendientes de la cruce entre ambos progenitores (Cuadro A1), los cuales son muy contrastantes entre si, por lo que la descendía de la cruce presento una gran segregación para muchas características. Dichas líneas fueron derivadas por el método de descendencia de una sola semilla.

Sureño es una variedad de doble propósito (grano y forraje) con moderada resistencia al moho de grano, foto-insensitiva, color de planta canela y de glumas canela, la semilla de sureño presenta un pericarpio traslucido.

RTx430 es una línea endogámica triple enana, con color de planta púrpura, ampliamente adaptada, con excelente habilidad combinatoria y es un restaurador de la fertilidad, común en muchos híbridos de sorgo comerciales. Altamente susceptible al moho de grano, y a muchas enfermedades foliares, el grano es blanco con endospermo amarillo.

Siembra

La siembra se realizó el día 24 de febrero de 2006, en una cama de invernadero, la cual previamente fue preparada con tierra de bosque, La semilla de cada línea se sembró en pequeños surcos de forma manual, depositándose de dos a cinco semillas a chorrillo en cada surco, tratando de que se desarrollaran al menos de tres a cuatro plantas por línea. La siembra se realizó en seco y posteriormente se aplicó un primer riego.

Labores culturales

Los riegos se aplicaron de acuerdo a las necesidades hídricas de las plantas, tratando de evitar condiciones de estrés, no se realizó ninguna fertilización, la maleza se controló de forma manual, manteniendo al cultivo libre de competencia, y tratando de evitar hospedar plagas y enfermedades.

Variables Cuantitativas Evaluadas

Altura de planta

Esta variable se tomó cuando la planta se encontraba en la etapa de madurez fisiológica, midiéndose en centímetros desde la superficie del suelo hasta la punta de la panoja en dos plantas de cada línea.

Numero de Hojas

Se contaron cada una de las hojas que tenían dos plantas de cada línea, desde el suelo hasta la hoja bandera.

Ángulo de la Hoja

Se midió en grados usando un transportador en la quinta hoja de cada una de las líneas, y representa el ángulo que forma la hoja con respecto al tallo.

Diámetro del Tallo

Se midió en milímetros utilizando un vernier o pie de rey considerando para esta medición, la base del tallo de dos plantas de cada línea.

Ancho de la Hoja

Se midió en centímetros utilizando una regla, este dato se tomo en la parte mas ancha de la quinta hoja de cada línea, midiéndose dos plantas por línea.

Dulzura

Se midió utilizando un Refractómetro el cual mide los grados Brix que representan una medida de disolución de sólidos, para lo anterior se utilizo el tallo de dos plantas de cada línea.

Excursión.

Se midió en centímetros y fue desde la unión de la lámina de la hoja bandera con el tallo, hasta la base de la panoja, en dos plantas de cada línea.

Largo (LHB) y Ancho de la Hoja Bandera (AHB)

Se midió en centímetros tomando lo largo y ancho de la hoja bandera, usando una cinta métrica en dos plantas de cada línea.

Numero de Nudos

Se contó cada uno de los nudos que presentaban los tallos de dos plantas de cada una de las líneas.

Longitud de Panoja.

Se midió la longitud en centímetros desde la base de esta, hasta su ápice en dos plantas de todos los genotipos.

Área Foliar de la Hoja Bandera

Se determino utilizando el método reportado por Carrillo y Ruiz (2004). Los datos de largo por ancho de la hoja bandera, multiplicado por 0.75.

$$Af = LHB \times AHB \times 0.75$$

Donde :

Af = Área foliar

LHB = Largo de la Hoja Bandera

AHB = Ancho de la Hoja Bandera

0.75 = Constante

Peso de 100 Semillas.

Se contaron y pesaron al azar 100 semillas por cada línea en la balanza analítica.

Espacio Color.

Para esta variable se cortó la hoja de la planta, se partió en cuadritos de 2x2 cm. Y se llevo a medir en un colorímetro, se tomaron tres valores de cada LER (L, a y b). Una vez obtenidos esos tres valores se utilizo la siguiente formula:

$$CIE = L \times a \times b$$

Variables Cualitativas Evaluadas

Después de un análisis comparativo entre las dos líneas progenitoras y el haber determinado en cuales características son contrastantes, se decidió evaluar en las 130 líneas restantes las siguientes variables cualitativas, utilizando el método de presencia (1) o ausencia (0):

Forma de la Hoja:

Se tomo en cuenta si la hoja estaba erecta o se encontraba doblada ya que para el progenitor RTx430 la hoja se presenta erecta (ausencia) y en el caso de Sureño la hoja esta doblada (presencia)

Parecido:

Se tomo el parecido hacia uno de los dos progenitores (sureño o RTx430) ya que existían rasgos que a simple vista se podían detectar en la descendencia.

Tamaño de la Vaina:

Se tomo si presentaban vaina grande como en el caso de sureño (presencia) o por el contrario la vaina chica como en RTx430 (ausencia)

Color de la Hoja:

Se tomo como referencia a los progenitores y se vio un verde oscuro para RTx430 (ausencia) y un verde claro para Sureño (presencia)

Forma de la Semilla:

Se observo la forma de la semilla y se encontraron semillas ovaladas en el caso de Sureño (presencia) y redondas para RTx430 (ausencia)

Ápice en la Semilla:

Se observó la presencia o la ausencia de un ápice en la semilla ya que no todas lo presentaban, las semillas de RTx430 no presentaban esta característica por el contrario de las de Sureño si presentaban el ápice.

Análisis Estadístico

Para cada una de las variables cuantitativas evaluadas se estimo: la media (de todas las líneas endogámicas recombinantes y de los progenitores) también se realizó la

Prueba de Bondad de Ajuste de Kolmogorov-Smirnov para comprobar si se ajustaban a una distribución normal:

Media: Es el Promedio de los datos de cada variable.

$$\bar{\chi} = \frac{\sum \chi}{n}$$

Donde :

$$\bar{\chi} = \text{Media}$$

$$\sum \chi = \text{Suma de los Datos}$$

$$n = \text{numero de datos}$$

Rango: Es la diferencia entre el valor mas alto observado menos el valor mas bajo observado.

$$\text{Rango} = \text{Valor más Alto} - \text{Valor más Bajo}$$

Desviación estándar: Es una medida (cuadrática) que informa de la media de distancias que tienen los datos respecto de su media aritmética, expresada en las mismas unidades que la variable.

$$S^2 = \sqrt{\left[\frac{\sum (\chi - \bar{\chi})^2}{(n-1)} \right]}$$

Donde :

$$S^2 = \text{Desviación Estandar}$$

$$\chi = \text{Datos}$$

$$\bar{\chi} = \text{Media}$$

$$n = \text{Numero de Datos}$$

Además se tomaron los números de datos arriba de la media, numero de datos abajo de la media, distribución normal, frecuencia, y se elaboró un clúster análisis por el método de Ward utilizando todas las variables cuantitativas con el software estadístico JMP5, además se realizo un análisis de parcelas apareadas (Snedecor y Cochran, 1980) para determinar la significancia de las 10 líneas con los valores mas altos y las 10 líneas con los valores mas bajo y contra cada uno de los progenitores. El método utilizado fue el siguiente:

1er. Paso: se separaron las 10 LER con los valores mas bajos, las 10 LER con los valores mas altos, así como cada uno de los progenitores.

2do. Paso: se compararon las 10 LER con valores mas bajos contra los 5 valores de uno de los progenitores dependiendo cual tenia los valores mas bajos, lo mismo se realizo con las 10 LER de valores mas altos pero con su progenitor de valores mas altos.

3er. Paso: se realizo una suma de las 10 LER y de los 5 valores del progenitor.

4to. Paso: mediante las siguientes formulas se logro obtener el valor de $t_{calculada}$.

χ = Valor de LER o el Progenitor

n = numero de datos

$$\sum \chi = \chi_1 + \chi_2 + \dots + \chi_n$$

$$\bar{\chi} = \sum \chi / n$$

$$\sum \chi^2 = \chi_1^2 + \chi_2^2 + \dots + \chi_n^2$$

$$(\sum \chi)^2 / n = (\chi_1 + \chi_2 + \dots + \chi_n)^2 / n$$

$$\sum \chi^2 = (\chi_1 - \bar{\chi})^2 + (\chi_2 - \bar{\chi})^2 + \dots + (\chi_n - \bar{\chi})^2$$

$$df = n - 1$$

$$pooled\ s^2 = \frac{\sum \chi^2_{LER} + \sum \chi^2_{Progenitor}}{df_{LER} + df_{Progenitor}}$$

$$s_{\bar{\chi}_1 - \bar{\chi}_2} = \sqrt{s^2 [(n_1 + n_2) / (n_1 n_2)]}$$

$$t_{calculada} = (df_{LER} + df_{Progenitor}) / s_{\bar{\chi}_1 - \bar{\chi}_2}$$

(Snedecor y Cochran, 1980)

5to. Paso: una vez obtenida la $t_{calculada}$ se compara con la distribución de t en tablas

Para las variables cualitativas se realizo la prueba de χ^2 (Stansfield, 1971) para comprobar si fue una segregación 3:1 o 1:1. Para esta prueba se utiliza la siguiente formula:

$$\chi^2_n = \frac{(O - E)^2}{E}$$

Esta es la formula original pero en este trabajo se utilizo la corrección de Yates. Ya que consideramos que era una muestra pequeña.

Esta es la formula corregida por Yates.

$$\chi^2_n = \frac{(O - E)^2 - \frac{1}{2}}{E}$$

Donde :

O = Valores Observados

E = Valores Esperados

Una vez obtenidos los valores de χ^2 se suman $\chi^2_1 + \dots + \chi^2_n = \chi^2_{\text{Calculada}}$. Esta se compara con la χ^2_{Tabulada} o de tabla.

RESULTADOS Y DISCUSIÓN

Variables Cuantitativas

Los resultados incluyen, la media (μ), datos arriba y debajo de la media, el rango y la desviación estándar, de cada una de las variables evaluadas (Cuadro 4.1). Las cuales se discutirán en forma individual a continuación.

Cuadro 4.1: Media (μ), Desviación Estándar, Rango, Valor mas Bajo y mas Alto, Numero de Líneas Arriba y Abajo de la Media para todas las Características Evaluadas.

Variable	Media (μ)	Desv. Stand.	Rango	Valor Mas Bajo	Valor Mas Alto	Arriba μ	Abajo μ
Altura de Planta	1.23	0.315	1.29	0.65	1.94	64	76
Numero de Hojas	9.31	0.962	4.00	7.00	11	60	80
Angulo de la Hoja	24.83	8.441	45.00	10.00	55	79	61
Diámetro del Tallo	12.20	1.888	11.10	6.60	17.7	66	74
Ancho de Hoja	5.51	0.931	4.40	3.40	7.8	63	77
Dulzura de Tallo	9.84	2.505	13.00	2.00	15	69	71
Excursión	13.17	7.838	36.00	0.00	36	74	66
Largo Hoja Bandera	41.34	9.155	43.00	24.00	67	67	73
Ancho Hoja Bandera	5.13	0.977	5.20	3.30	8.5	67	73
Numero de Nudos	6.91	1.128	7.00	4.00	11	88	52
Longitud de Panoja	21.93	3.117	15.50	15.00	30.5	55	85
Peso de 100 Semillas	3.5932	0.5506	3.7709	0.9580	4.7289	64	76
Área Foliar HB	168.27	61.984	292.4	59.4	351.8	62	78
Espacio color	-1672.82	1100.08	7977.34	-4505.36	3471.98	72	68

Altura de Planta

En el Cuadro 4.1, se observa que el valor más alto para esta característica fue de 1.94m y el valor mas bajo fue de 0.65m con un rango de 1.29m y una media general para esta variable de 1.23m. El valor de la desviación estándar fue 0.315m, este valor indica que la gran mayoría de las Líneas Endogámicas Recombinantes (LER) tienen una altura entre $1.23m \pm 0.315m$ El promedio general fue intermedio entre los dos progenitores. Por otro lado se encontraron 64 líneas con una altura superior a la media y 76 debajo de la media, esto es un indicador de que la altura de planta esta conferida por genes aditivos Ramírez, *et. al.*, (2003), mencionan que los alelos actúan de manera aditiva cuando el valor del heterocigótico es intermedio entre los dos homocigóticos. En la Figura 4.1, se

aprecia que los valores para altura de planta se ajustan a una distribución normal de acuerdo con la prueba Kolmogorov-Smirnov (K-S) (Cuadro 4.3). La altura promedio de los progenitores fue 0.86m para RTx430 y 1.49m para Sureño. Así mismo se puede apreciar que algunas LER, presentaron mayor altura que el progenitor mas alto y otras presentaron una menor altura que el progenitor mas bajo, de acuerdo a lo anterior, Cuberos (2003), menciona que si se sobrepasan los limites de los parentales, a este tipo de herencia se le llama segregación transgresiva la cual fue observada en todas las variables consideradas en el presente trabajo.

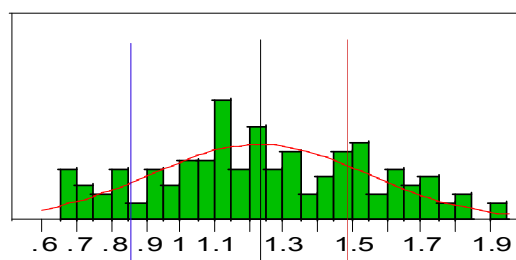


Figura 4.1: Distribución Normal y Medias para la Variable Altura de Planta

Media Sureño	1.49
Media General	1.23
Media RTX430	0.86

En la comparación por el método de parcelas apareadas de las 10 líneas más altas contra el progenitor de mayor altura y de las 10 líneas más bajas contra el progenitor de baja altura (Cuadro 4.2) se encontró una diferencia altamente significativa ($P < 0.01$) Esto sugiere que hay complementariedad de genes para esta característica tanto para mayor como para menor altura. Puertas, (1999), menciona que la complementariedad de genes es cuando los genes dominantes se complementan para dar una característica determinada los genes recesivos en estado homocigótico son epistáticos al gen dominante no alelico, lo cual fue observado en la mayoría de las variables consideradas para el presente trabajo.

Olmos, (1989) menciona que la altura de planta de este cultivo es de importancia dentro de los sorgos productores de grano y forraje, de tal manera que las plantas de porte intermedio o bajo facilitan la cosecha mecánica y sobre todo permiten aumentar la densidad de población por unidad de área y por consecuencia directa aumenta el rendimiento y las plantas de porte alto producen mayor cantidad de forraje.

Cuadro 4.2: Comparación por el Método de Parcelas Apareadas de cada una de las Variables Evaluadas.

Variable	Media Progen.	Prom. 10 + Bajas	Nivel Sign.	Media Progen.	Prom. 10 + Altas	Nivel Sign.
Altura de Planta	0.86 (R)	0.68	* *	1.49 (S)	1.79	* *
Numero de Hojas	8.40 (R)	7.40	* *	10.20 (S)	11	* *
Angulo de la Hoja	19.60 (R)	10.20	*	28.00 (S)	44	* *
Diámetro del Tallo	12.08 (S)	8.57	* *	12.14 (R)	15.7	* *
Ancho de Hoja	5.18 (R)	3.97	* *	5.60 (S)	7.4	* *
Dulzura de Tallo	7.88 (R)	4.80	* *	10.24 (S)	14.1	* *
Excursión	9.50 (R)	0.00	* *	15.40 (S)	27.2	* *
Largo Hoja Bandera	27.33 (R)	27.60	*	45.20 (S)	60.4	* *
Ancho Hoja Bandera	4.00 (R)	3.43	* *	6.14 (S)	7.1	* *
Numero de Nudos	7.00 (S)	4.90	* *	7.40 (R)	9	* *
Longitud de Panoja	17.50 (S)	16.03	* *	24.00 (R)	27.5	* *
Peso de 100 Semillas	3.4967 (R)	2.46	*	3.7746 (S)	4.5633	* *
Área Foliar	148.6 (R)	80.52	NS	208 (S)	307.92	NS
Espacio color	-2030.47 (R)	-3779.52	NS	-905.58 (S)	310.93	NS

* = Significativo, * * = Alta Significancia, NS = No Significativo, (R) = Progenitor RTx430, y (S) = Progenitor Sureño

Cuadro 4.3: Nivel de Significancia en la Prueba de Kolmogorov-Smirnov (KS) para Determinar el Ajuste a una Distribución Normal.

Variable	Valor d calculada	Valor p	Conclusión
Altura de Planta	0.06032	p > 0.20	Se ajusta
Numero de Hojas	0.20201	p < 0.01	No se ajusta
Angulo de la Hoja	0.12720	p < 0.01	No se ajusta
Diámetro del Tallo	0.05343	p > 0.20	Se ajusta
Ancho de Hoja	0.08807	p > 0.20	Se ajusta
Dulzura de Tallo	0.06259	p > 0.20	Se ajusta
Excursión	0.07142	p > 0.20	Se ajusta
Largo Hoja Bandera	0.09653	p < 0.01	No se ajusta
Ancho Hoja Bandera	0.08867	p > 0.20	Se ajusta
Numero de Nudos	0.16258	p < 0.01	No se ajusta
Longitud de Panoja	0.11949	p < 0.01	No se ajusta
Peso de 100 Semillas	0.06863	p > 0.20	Se ajusta
Área Foliar	0.07102	p > 0.20	Se ajusta
Espacio color	0.05031	p > 0.20	Se ajusta

Numero de Hojas

Los resultados para esta variable se presentan en el Cuadro 4.1 donde se observa que el mayor número para esta característica fue de 11 hojas y el menor fue de 7, con un rango de 4, y una media general para esta variable de 9.31 hojas, el valor de la desviación estándar fue de 0.962. Este valor indica que la gran mayoría de las LER tienen un numero de hojas entre 9.31 hojas $\pm$ 0.962. Por otro lado se encontró que 60 LER presentan un número de hojas arriba de la media general y 80 abajo de la media. El promedio general

de las LER se sitúo en la mitad del rango entre los dos progenitores, esto es un indicador de que el numero de hojas esta conferido por genes aditivos (Cuberos, 2003). En la Figura 4.2 se aprecia que de acuerdo con la prueba de K-S (Cuadro 4.3) los valores para el número de hojas no se distribuyen de forma normal, El numero de hojas promedio de los progenitores fue 8.4 hojas para RTx430 y 10.2 para Sureño. Así mismo se pudo apreciar segregación transgresiva (Ramírez, *et. al.*, 2003), para esta característica dado que algunas líneas presentaron mayor numero de hojas que el progenitor con el mayor numero de hojas y otra parte tiene menor numero de hojas que el progenitor con el menor numero de hojas.

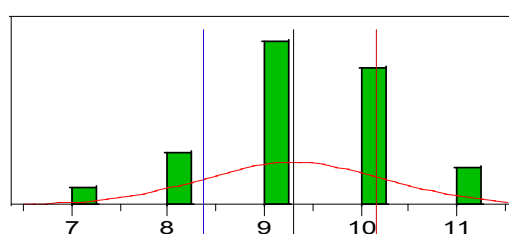


Figura 4.2: Distribución y Medias para la Variable Numero de Hojas.

Media Sureño	10.20
Media General	9.31
Media RTX430	8.40

En la comparación por el método de parcelas apareadas de las 10 líneas con menor numero de hojas contra el progenitor de menor numero de hojas y de las 10 líneas con mayor numero de hojas contra el progenitor de mayor numero de hojas (Cuadro 4.2) se encontró diferencia altamente significativa ($P < 0.01$) Esto sugiere que hay complementariedad de genes para esta característica (Puertas, 1999).

Loya (1986), menciona que el numero de hojas se le puede considerar en materiales que son rendidores en condiciones de temporal, ya que aquellos que poseen menor número de hojas tendrán consecuentemente menos área foliar lo que traerá como consecuencia una menor transpiración y de esta forma la planta, tendrá una mayor eficiencia en el uso del agua.

Angulo de la Hoja

En relación con esta variable en el Cuadro 4.1 se observa que el valor mas alto para esta característica fue 55° y el valor mas bajo fue de 10° , con un rango de 45° , y una

media general para esta variable de 24.83° , el valor de la desviación estándar fue de 8.441° . Este valor indica que la gran mayoría de las LER tienen un ángulo entre $24.83^\circ \pm 8.441^\circ$. Por otro lado se encontró 79 Líneas con un ángulo arriba de la media general y 61 abajo de la media. El promedio general de las LER se situó a la mitad del rango de los dos progenitores. Esto es un indicador de que el ángulo de la hoja esta conferido por genes aditivos (Cuberos, 2003). En la Figura 4.3 se aprecia que los valores para el ángulo de hoja no se comportan como una distribución normal. Esto fue comprobado con la prueba de K-S (Cuadro 4.3). El promedio de los progenitores fue 19.6° para RTX430 y 28° para Sureño. Así mismo se pudo apreciar segregación transgresiva (Ramírez, *et. al.*, 2003) para esta característica dado que algunas líneas presentaron mayor ángulo que el progenitor con el mayor ángulo y otra parte tiene menor ángulo que el progenitor con el menor ángulo de hojas.

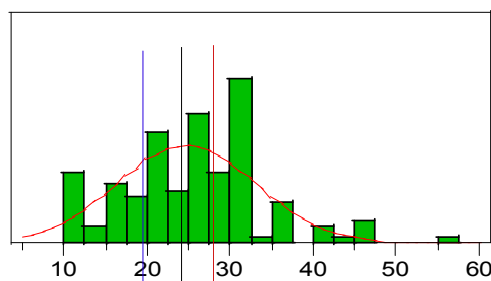


Figura 4.3: Distribución y Medias para la Variable Ángulo de Hoja.

Media Sureño	28.00
Media General	24.83
Media RTX430	19.60

En la comparación por el método de parcelas apareadas (Cuadro 4.2) de las 10 líneas con menor ángulo de hoja contra el progenitor de menor ángulo se encontró diferencia significativa ($P \leq 0.01$) y de las 10 líneas con mayor ángulo de hoja contra el progenitor de mayor ángulo se encontró diferencia altamente significativa ($P < 0.01$) Esto sugiere que hay complementariedad de genes para esta característica (Puertas, 1999).

Cayón (1992), menciona que el ángulo de inserción de las hojas sobre el tallo es muy importante en la producción de cultivos, ya que de él depende la exposición de las láminas foliares a los rayos del sol y la distribución más uniforme de la luz a través del dosel vegetal, determinando que la actividad fotosintética sea más eficiente en los estratos medios e inferiores de la planta.

Diámetro del Tallo

En el Cuadro 4.1 se observa que el valor más alto para esta característica fue 17.7mm y el valor mas bajo fue de 6.6mm con un rango de 11.1mm y una media general para esta variable de 12.2mm El valor de la desviación estándar fue 1.888mm este valor indica que la gran mayoría de las Líneas Endogámicas Recombinantes (LER) tienen un diámetro de tallo entre $12.2\text{mm} \pm 1.888\text{mm}$ Por otro lado se encontró que 66 líneas con un diámetro de tallo superior a la media y 74 abajo de la media. El promedio general de las LER fue superior al promedio del progenitor RTx430, esto es un indicador de que el diámetro de tallo esta conferida por genes de sobredominancia, Ramírez, *et. al.*, (2003) menciona que la sobredominancia es cuando el heterocigótico supera a cualquiera de los homocigóticos. En la Figura 4.4 se aprecia que los valores para diámetro de tallo de acuerdo a la prueba de K-S (Cuadro 4.3) asemejan una distribución normal. El diámetro promedio de los progenitores fue 12.14mm para RTx430 y 12.08mm para Sureño. Así mismo se puede apreciar segregación transgresiva (Cuberos, 2003), para esta característica dado que algunas LER presentaron mayor grosor que el progenitor mas ancho y otras presentaron menor grosor que el progenitor menos ancho.

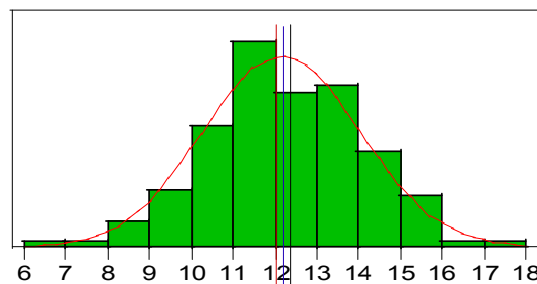


Figura 4.4: Distribución Normal y Medias para la Variable Diámetro de Tallo.

Media Sureño	12.08
Media General	12.20
Media RTX430	12.14

En la comparación por el método de parcelas apareadas de las 10 líneas de mayor diámetro contra el progenitor de mayor diámetro y de las 10 líneas de menor diámetro contra el progenitor de menor diámetro de tallo (Cuadro 4.2) se encontró una diferencia altamente significativa ($P < 0.01$) Esto sugiere que hay complementariedad de genes para esta característica (Puertas. 1999),

Esterri, *et. al.*, (2005) mencionan que el diámetro del tallo del cultivo de sorgo tiene una gran importancia como fuente alternativa de carbono cuando la fotosíntesis durante el período de llenado de grano es inhibida por algún tipo de estrés.

Ancho de la Hoja

En el Cuadro 4.1 se observa que el valor más alto para esta característica fue 7.8cm y el valor mas bajo fue de 3.4cm con un rango de 4.4cm. y una media general para esta variable de 5.51cm El valor de la desviación estándar fue 0.931cm este valor indica que la gran mayoría de las Líneas Endogámicas Recombinantes (LER) tienen un ancho de hoja entre $5.51\text{cm} \pm 0.931\text{cm}$ Por otro lado se encontró 63 líneas con un ancho de hoja superior a la media y 77 abajo de la media. El promedio general de las LER fue mas cercano al promedio del progenitor Sureño, esto es un indicador de que el ancho de hoja esta conferida por genes de dominancia incompleta Ramírez, *et. al.*, (2003) menciona que la dominancia parcial o incompleta es cuando el heterocigótico es casi igual a uno de los homocigóticos. En la Figura 4.5 se aprecia que los valores para ancho de hoja asemejan una distribución normal de acuerdo a la prueba de K-S (Cuadro 4.3). El ancho promedio de los progenitores fue 5.18cm para RTx430 y 5.6cm para Sureño. Así mismo se puede apreciar segregación transgresiva (Cuberos, 2003), para esta característica dado que algunas LER presentaron mayor ancho que el progenitor mas ancho y otras presentaron menor ancho que el progenitor menos ancho.

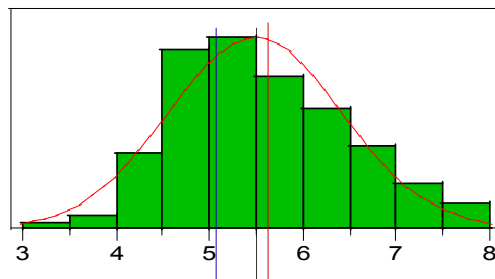


Figura 4.5: Distribución Normal y Medias para la Variable Ancho de Hoja.

Media Sureño	5.60
Media General	5.51
Media RTX430	5.18

En la comparación por el método de parcelas apareadas de las 10 líneas de mayor ancho contra el progenitor de mayor ancho y de las 10 líneas de menor ancho contra el progenitor de menor ancho de hoja (Cuadro 4.2) se encontró una diferencia altamente

significativa ($P < 0.01$) Esto sugiere que hay complementariedad de genes (Puertas, 1999), para esta característica.

Dulzura de Tallo

Esta variable presentó como el valor mas alto 15°Brix y el valor mas bajo 2°Brix, con un rango de 13°Brix y una media general para esta variable de 9.84°Brix. El valor de la desviación estándar fue 2.505°Brix, esto indica que la mayoría de las líneas endogámicas recombinantes tienen una dulzura entre 9.84°Brix $\pm$ 2.505°Brix. Por otro lado se encontró 69 líneas con una dulzura superior a la media y 71 debajo de la media. El promedio general de las LER se situó mas cercano al promedio de Sureño, esto es una indicación de que la dulzura de tallo esta conferida por genes de dominancia incompleta (Ramírez, *et. al.*, 2003). En la figura 4.6 se aprecia que los valores para dulzura de tallo asemejan una distribución normal después de realizar la prueba de K-S (Cuadro 4.3) se comprobó que si se ajusta a una distribución normal. La dulzura promedio para los progenitores fue 7.8°Brix para RTx430 y 10.2°Brix para Sureño. Así mismo se pudo observar segregación transgresiva (Cuberos, 2003) para esta característica dado que algunas líneas presentaron mayor dulzura que el progenitor mas dulce y otras presentaron menor dulzura que el progenitor menos dulce.

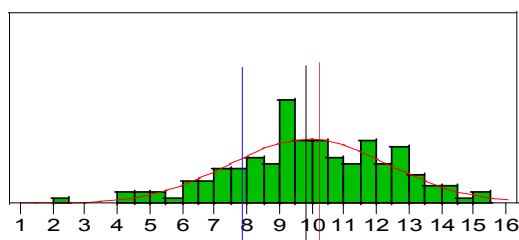


Figura 4.6: Distribución Normal y Medias para la Variable Dulzura de Tallo.

Media Sureño	10.24
Media General	9.84
Media RTX430	7.88

En la comparación por el método de parcelas apareadas de las 10 líneas de mayor dulzura contra el progenitor de mayor dulzura y de las 10 líneas de menor dulzura contra el progenitor de menor dulzura de tallo (Cuadro 4.2) se encontró una diferencia altamente significativa ($P < 0.01$) Esto sugiere que hay complementariedad de genes (Puertas, 1999), para esta característica.

Romero, *et. al.*, (2001) mencionan que los sorgos forrajeros y especialmente los híbridos azucarados presentan muy buenas características para ser utilizados para silaje: alta producción de materia seca (MS), aceptable calidad y muy buena conservación debido al alto contenido de azúcar que poseen en el tallo. En la actualidad también están siendo utilizados para la producción de etanol.

Excursión

En el Cuadro 4.1, se observa que el valor más alto para esta característica fue 36cm y el valor mas bajo fue de 0cm con un rango de 36cm y una media general para esta variable de 13.17cm El valor de la desviación estándar fue 7.838cm este valor indica que la gran mayoría de las Líneas Endogámicas Recombinantes (LER) tienen una excursión entre $13.17\text{cm} \pm 7.838\text{cm}$ Por otro lado se encontró 74 líneas con una excursión superior a la media y 66 abajo de la media. El promedio general de las LER se sitúo intermedio entre los promedios de los dos progenitores, esto es un indicador de que la excursión esta conferida por genes aditivos (Ramírez, *et. al.*, 2003). En la Figura 4.7 se aprecia que los valores para excursión asemejan una distribución normal de acuerdo con la prueba de K-S (Cuadro 4.3) con la cual se comprobó esto. El promedio de los progenitores fue 9.5cm para RTx430 y 15.4cm para Sureño. Así mismo se puede apreciar segregación transgresiva (Ramírez, *et. al.*, 2003) para esta característica dado que algunas LER presentaron mayor excursión que el progenitor con mayor excursión y otras presentaron menor excursión que el progenitor con menor excursión.

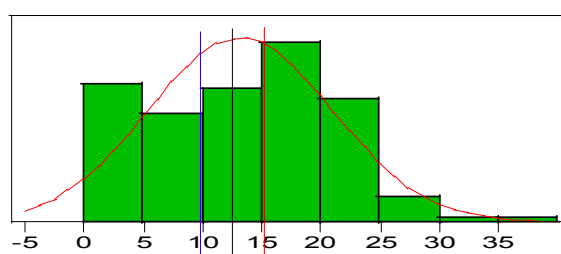


Figura 4.7: Distribución Normal y Medias para la Variable Excursión.

Media Sureño	15.40
Media General	13.17
Media RTX430	9.50

En la comparación por el método de parcelas apareadas de las 10 líneas de mayor excursión contra el progenitor de mayor excursión y de las 10 líneas de menor excursión contra el progenitor de menor excursión (Cuadro 4.2) se encontró una diferencia

altamente significativa ($P < 0.01$) Esto sugiere que hay complementariedad de genes (Puertas, 1999), para esta característica.

Loya (1986), menciona que es una característica de mucha importancia para muchos agricultores ya que aparte de preferir un híbrido rendidor también lo requieren que muestre una excersión para que sus cosechas salgan libres de impurezas.

Largo Hoja Bandera

En el Cuadro 4.1, se observa que el valor más alto para esta característica fue 67cm y el valor mas bajo fue de 24cm con un rango de 43cm y una media general para esta variable de 41.3cm El valor de la desviación estándar fue 9.155cm este valor indica que la gran mayoría de las Líneas Endogámicas Recombinantes (LER) tienen un largo de la hoja bandera entre $41.3\text{cm} \pm 9.155\text{cm}$ Por otro lado se encontró 67 líneas con un largo superior a la media y 73 abajo de la media. El promedio general de las LER se sitúo mas cercano al promedio del progenitor Sureño, esto es un indicador de que lo largo de la hoja bandera esta conferido por genes de dominancia incompleta (Ramírez, *et. al.*, 2003). En la Figura 4.8 se aprecia que los valores para largo de hoja bandera no se comportan como una distribución normal. Así como en la prueba de K-S (Cuadro 4.3) encontramos que no se ajusta. El promedio de los progenitores fue 27.33cm para RTx430 y 45.2cm para Sureño. Así mismo se puede apreciar segregación transgresiva (Ramírez, *et. al.*, 2003) para esta característica dado que algunas LER presentaron mayor longitud que el progenitor con mayor largo de hoja bandera y otras presentaron menor longitud que el progenitor con menor largo de hoja bandera.

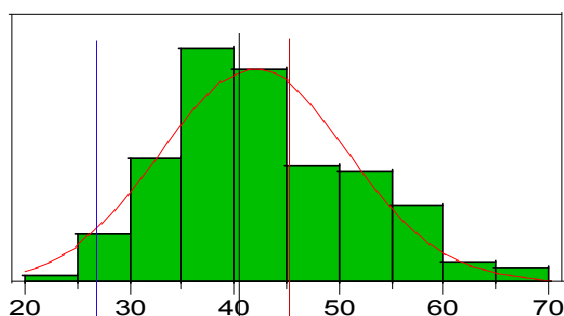


Figura 4.8: Distribución y Medias para la Variable Largo de Hoja Bandera.

—	Media Sureño	45.20
—	Media General	41.34
—	Media RTX430	27.33

En la comparación por el método de parcelas apareadas (Cuadro 2) de las 10 líneas con menor largo de hoja bandera contra el progenitor de menor largo se encontró diferencia significativa ($P \leq 0.01$) y de las 10 líneas con mayor largo de hoja bandera contra el progenitor de mayor largo de hoja bandera se encontró diferencia altamente significativa ($P < 0.01$) Esto sugiere que hay complementariedad de genes (Puertas, 1999), para esta característica.

Montgomery, (1911) encontró la relación largo de la hoja x máximo ancho de la hoja x 0,75 como un método preciso para determinar área foliar en maíz, y la cual ha sido ampliamente utilizada en este cultivo.

Ancho Hoja Bandera

En el Cuadro 4.1, se observa que el valor más alto para esta característica fue 8.5cm y el valor mas bajo fue de 3.3cm con un rango de 5.2cm y una media general para esta variable de 5.13cm El valor de la desviación estándar fue 0.977cm este valor indica que la gran mayoría de las Líneas Endogámicas Recombinantes (LER) tienen un ancho de la hoja bandera entre $5.13\text{cm} \pm 0.977\text{cm}$ Por otro lado se encontró 67 líneas con un ancho superior a la media y 73 abajo de la media. El promedio general de las LER se situó intermedio entre los valores de los dos progenitores, esto es un indicador de que el ancho de la hoja bandera esta conferido por genes aditivos (Ramírez, *et. al.*, 2003). En la Figura 4.9 se aprecia que los valores para ancho de hoja bandera asemejan una distribución normal para comprobar esto se realizo la prueba de K-S (Cuadro 4.3). El promedio de los progenitores fue 4.0cm para RTx430 y 6.1cm para Sureño. Así mismo se puede apreciar segregación transgresiva (Cuberos, 2003) para esta característica dado que algunas LER presentaron mayor ancho que el progenitor con mayor ancho de hoja bandera y otras presentaron menor ancho que el progenitor con menor ancho de hoja bandera.

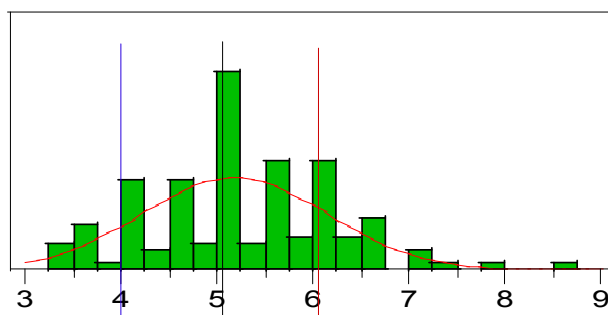


Figura 4.9: Distribución Normal y Medias para la Variable Ancho de Hoja Bandera.

Media Sureño	6.14
Media General	5.13
Media RTX430	4.00

En la comparación por el método de parcelas apareadas de las 10 líneas de mayor ancho contra el progenitor de mayor ancho de hoja bandera y de las 10 líneas de menor ancho contra el progenitor de menor ancho de hoja bandera (Cuadro 4.2) se encontró una diferencia altamente significativa ($P < 0.01$) Esto sugiere que hay complementariedad de genes (Puertas, 1999), para esta característica.

Al igual que la variable antes mencionada esta es un componente mas del área foliar de la hoja bandera por lo cual su importancia radica en el aprovechamiento de la energía solar.

Área Foliar de la Hoja Bandera

Los resultados para esta variable se presentan en el Cuadro 4.1. Donde se observa que el valor mas alto para esta característica fue 351.8cm^2 y el menor fue de 59.4cm^2 con un rango de 292.4cm^2 y una media general para esta variable de 168.3cm^2 el valor de la desviación estándar fue de 61.984cm^2 Este valor indica que la gran mayoría de las LER tienen un área foliar en la hoja bandera entre $168.3\text{cm}^2 \pm 61.984\text{cm}^2$ Por otro lado se encontró 62 líneas con un área foliar arriba de la media general y 78 abajo de la media. El promedio general de las LER se situó más cercano al valor de progenitor RTx430, esto es un indicador de que el área foliar de la hoja bandera esta conferido por genes de dominancia incompleta (Ramírez, *et. al.*, 2003). En la Figura 4.10 se aprecia que los valores para el área foliar asemejan una distribución normal para esto realizamos la prueba de K-S (Cuadro 4.3) y encontramos que si se ajusta a una distribución normal. El promedio de los progenitores fue 148.6cm^2 para RTx430 y 208.0cm^2 para Sureño. Así

mismo se pudo apreciar segregación transgresiva (Ramírez, *et. al.*, 2003) para esta característica dado que algunas líneas presentaron mayor área foliar que el progenitor con el mayor área foliar y otra parte tiene menor área foliar que el progenitor con el menor área foliar en la hoja bandera

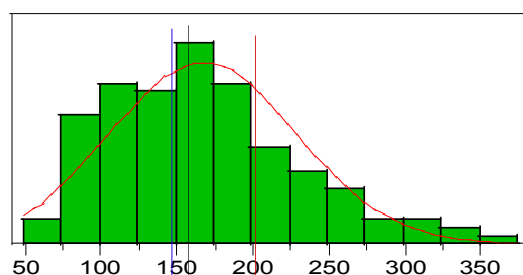


Figura 4.10: Distribución Normal y Medias para la Variable Área Foliar de la Hoja Bandera.

Media Sureño	208.0
Media General	168.3
Media RTX430	148.6

En la comparación por el método de parcelas apareadas de las 10 líneas de mayor área foliar contra el progenitor de mayor área foliar en la hoja bandera y de las 10 líneas de menor área foliar contra el progenitor de menor área foliar en la hoja bandera (Cuadro 4.2) no se encontró diferencia significativa ($P \geq 0.01$) Esto sugiere que no hay complementariedad de genes (Puertas, 1999), para esta característica.

Solórzano, (1976) menciona que la determinación de área foliar reviste gran importancia, ya que es una medida necesaria para el cómputo de la intensidad de asimilación de las plantas, parámetro de gran relevancia cuando se efectúa el análisis de crecimiento de un cultivo.

En cereales como el trigo, cebada y avena, la fotosíntesis de la hoja bandera tiene un papel primordial en el rendimiento de grano, pues es la principal fuente de fotosintatos durante la etapa de llenado de grano (Blum, 1985).

Numero de Nudos

En el Cuadro 4.1, se observa que el valor más alto para esta característica fue 11 y el valor mas bajo fue de 4 con un rango de 7 y una media general para esta variable de 6.91 nudos. El valor de la desviación estándar fue 1.128 este valor indica que la gran

mayoría de las Líneas Endogámicas Recombinantes (LER) tienen un número de nudos entre 6.91 ± 1.128 . Por otro lado se encontró 88 líneas con un número de nudos superior a la media y 52 abajo de la media. El promedio general de las LER se situó fuera del rango de los dos progenitores, esto es un indicador de que el número de nudos está conferido por genes con sobredominancia (Ramírez, *et. al.*, 2003). En la Figura 4.11 se aprecia que los valores para número de nudos no asemejan una distribución normal. Después de realizar la prueba de K-S se encontró que efectivamente no se comporta de forma normal. El promedio de los progenitores fue 7.4 para RTx430 y 7 para Sureño. Así mismo se puede apreciar segregación transgresiva (Cuberos, 2003) para esta característica dado que algunas LER presentaron mayor número de nudos que el progenitor con mayor número de nudos y otras presentaron menor número de nudos que el progenitor con menor número de nudos.

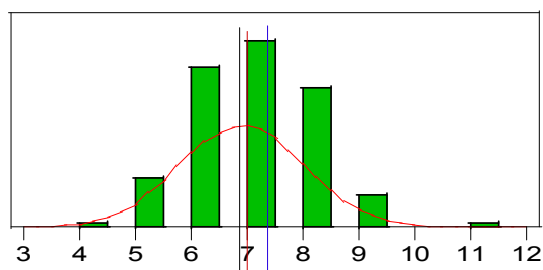


Figura 4.11: Distribución y Medias para la Variable Número de Nudos.

	Media Sureño	7.00
	Media General	6.91
	Media RTx430	7.40

En la comparación por el método de parcelas apareadas de las 10 líneas de mayor número de nudos contra el progenitor de mayor número de nudos y de las 10 líneas de menor número de nudos contra el progenitor de menor número de nudos (Cuadro 4.2) se encontró una diferencia altamente significativa ($P < 0.01$). Esto sugiere que hay complementariedad de genes (Puertas, 1999), para esta característica.

Longitud de Panoja

Esta variable presentó como el valor más alto 30.5cm y el valor más bajo 15.0cm con un rango de 15.5cm y una media general para esta variable de 21.93cm. El valor de la desviación estándar fue 3.117cm, esto indica que la mayoría de las líneas endogámicas recombinantes tienen una longitud de panoja entre $21.93\text{cm} \pm 3.117\text{cm}$. Para la

producción de grano se desearía que la panoja fuera grande ya que así se podría aumentar el rendimiento por planta. Por otro lado se encontró 55 líneas con una longitud de panoja superior a la media y 85 abajo de la media. El promedio general de las LER se situó mas cercano al promedio del progenitor RTx430, esto es un indicador de que la longitud de panoja esta conferida por genes de dominancia incompleta (Ramírez, *et. al.*, 2003). En la Figura 4.12 se aprecia que los valores para longitud de panoja no asemejan una distribución normal, una vez realizada la prueba de K-S se comprobó que esta variable no tiene una distribución normal. El promedio para los progenitores fue 24.0cm para RTx430 y 17.5cm para Sureño. Así mismo se pudo observar segregación transgresiva (Ramírez, *et. al.*, 2003) para esta característica dado que algunas líneas presentaron mayor longitud de panoja que el progenitor con mayor longitud y otras presentaron menor longitud que el progenitor con menos longitud de panoja.

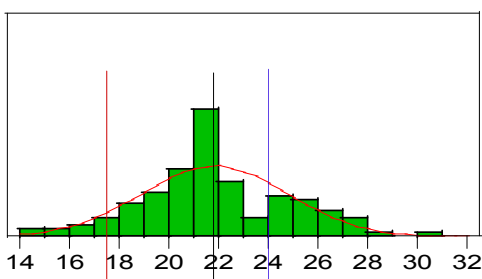


Figura 4.12: Distribución y Medias para la Variable Longitud de Panoja.

	Media Sureño	17.50
	Media General	21.93
	Media RTX430	24.00

En la comparación por el método de parcelas apareadas de las 10 líneas de mayor longitud de panoja contra el progenitor de mayor longitud de panoja y de las 10 líneas de menor longitud de panoja contra el progenitor de menor longitud de panoja (Cuadro 4.2) se encontró una diferencia altamente significativa ($P < 0.01$) Esto sugiere que hay complementariedad de genes (Puertas, 1999), para esta característica.

Flores, (1989), evaluó componentes de rendimiento encontrando que la longitud de panoja de los genotipos varía de acuerdo con el ambiente de prueba. Estos resultados son similares a los obtenidos por Márquez, (1988) de la interacción genotipo ambiente, el cual menciona que es comportamiento diferencial que exhiben los genotipos cuando se les somete a diferentes ambientes.

Peso de 100 Semillas

En el Cuadro 4.1, se observa que el valor más alto para esta característica fue 4.7289g y el valor mas bajo fue de 0.9580g con un rango de 3.7709g y una media general para esta variable de 3.5932g El valor de la desviación estándar fue 0.5505g este valor indica que la gran mayoría de las Líneas Endogámicas Recombinantes (LER) tienen un peso entre $3.5932g \pm 0.5505g$ Por otro lado se encontró 64 líneas con un peso de 100 semillas superior a la media y 76 abajo de la media. El promedio general de las LER se sitúo mas cercano al promedio del progenitor RTx430, esto es un indicador de que el peso esta conferido por genes con dominancia incompleta (Ramírez, *et. al.*, 2003). En la Figura 4.13 se aprecia que los valores para peso de 100 semillas asemejan una distribución normal realizamos la prueba de K-S (Cuadro 4.3) donde encontramos que si se ajusta a una distribución normal. El peso promedio de los progenitores fue 3.4967g para RTx430 y 3.7745g para Sureño. Así mismo se puede apreciar segregación transgresiva (Cuberos, 2003) para esta característica dado que algunas LER presentaron mayor peso de 100 semillas que el progenitor con mayor peso y otras presentaron menor peso que el progenitor con menor peso de 100 semillas.

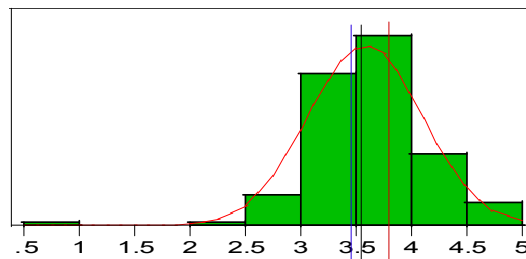


Figura 4.13: Distribución Normal y Medias para la Variable Peso de 100 Semillas.

Media Sureño	3.7746
Media General	3.5932
Media RTX430	3.4967

En la comparación por el método de parcelas apareadas (Cuadro 4.2) de las 10 líneas con menor peso contra el progenitor de menor peso en 100 semillas se encontró diferencia significativa ($P \leq 0.01$) y de las 10 líneas con mayor peso en 100 semillas contra el progenitor de mayor peso en 100 semillas se encontró diferencia altamente significativa ($P < 0.01$) Esto sugiere que hay complementariedad de genes (Puertas, 1999), para esta característica.

Castaños, (1983) menciona que el peso de la semilla es importante, ya que si se tiene un peso mayor, el grano será mas grande y por lo tanto mas grande su endospermo y tendrá mas reservas para una mayor germinación de dichos materiales. Loya, (1986), indica que la variable peso de 1000 granos es un componente importante para la estimación de rendimiento ya que entre mayor peso tenga la semilla, el rendimiento incrementa, a un que también va a depender de otros factores, (Elizarraraz, 2003).

Espacio Color

En el cuadro 4.1, se observa que el valor más alto para esta característica fue 3471.98 y el valor mas bajo fue de -4505.36 con un rango de 7977.34 y una media general para esta variable de -1672.82. El valor de la desviación estándar fue 1100.08 este valor indica que la gran mayoría de las Líneas Endogámicas Recombinantes (LER) tienen un espacio color entre -1672.82 ± 1100.08 . Por otro lado se encontró 72 líneas con un espacio color superior a la media y 68 abajo de la media. El promedio general de las LER se situó intermedio entre el promedio de los dos progenitores, esto es un indicador de que el espacio color esta conferido por genes aditivos (Ramírez, *et. al.*, 2003). En la figura 4.14 se aprecia que los valores para espacio color asemejan una distribución normal una vez realizada la prueba de K-S se determino que si se ajusta a una distribución normal. El color promedio de los progenitores fue -2030.47 para RTx430 y -905.68 para Sureño. Así mismo se puede apreciar segregación transgresiva (Ramírez, *et. al.*, 2003) para esta característica dado que algunas LER presentaron mayor espacio color que el progenitor con mayor espacio color y otras presentaron menor espacio color que el progenitor con menor espacio color.

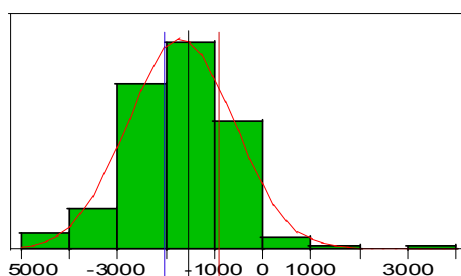


Figura 4.14: Distribución Normal y Medias para la Variable Espacio Color.

Acotación		
	Media Sureño	-905.58
	Media General	-1672.83
	Media RTX430	-2030.47

En la comparación por el método de parcelas apareadas (Cuadro 4.2) de las 10 líneas con menor valor de espacio color contra el progenitor de menor espacio color no se encontró diferencia significativa ($P \geq 0.01$) y de las 10 líneas con mayor espacio color contra el progenitor de mayor valor no se encontró diferencia significativa ($P \geq 0.01$) Esto sugiere que no hay complementariedad de genes (Puertas, 1999), para esta característica.

Cluster Análisis

Después de analizar los datos con el software JMP5 se obtuvo el dendograma que aparece en la Figura 4.15., la cual es compleja y difícil de interpretar, sin embargo el Programa permitió detectar tres grupos base de los cuales se originan los demás de la siguiente forma: grupo 1) se divide para dar origen al grupo 5; el grupo 2) no se modifica y el grupo 3) da origen al grupo 4. De esta manera se retuvieron cinco grupos estadísticamente diferentes.

Después de analizar el dendograma (Figura A2), se caracterizaron los cinco grupos que se retuvieron (Cuadro 4.4), del análisis de ésta información se puede decir que los tres primeros grupos se formaron en función de las variables altura y excursión. En los grupos 4 y 5 además de la participación de las variables antes mencionadas, se considera que la variable área foliar de la hoja bandera fue determinante para originar estos grupos (Cuadro A3). Una descripción preliminar de los grupos formados se enuncia enseguida:

Grupo 1: Se conformó con líneas que se parecen en la mayoría de las variables al progenitor RTx430, en este grupo se encuentran las LER con la altura más bajas y con una excursión relativamente mas corta.

Grupo 2: Sus integrantes se asemejan más al progenitor Sureño, tienen alturas similares a éste y presentan una excursión con valores aproximadamente iguales.

Grupo 3: En este grupo se presentan las LER con valores superiores al progenitor Sureño, en las variables altura y excursión.

Grupo 4: En este se encuentran líneas con características intermedias de los progenitores Rtx430 y Sureño, éstas tienen alturas arriba de la media general pero sin superar al progenitor Sureño y debajo de la media, sin sobrepasar al RTx430, respecto a la excersión se observa un comportamiento similar al de la altura. Para la formación de este grupo se considera determinante la influencia de la variable área foliar de la hoja bandera, encontrando materiales con una área entre la media y el progenitor Sureño, de igual forma en RTx430.

Grupo 5: En este grupo las LER presenta valores inferiores al progenitor RTx430, en las variables altura, excersión y dulzura.

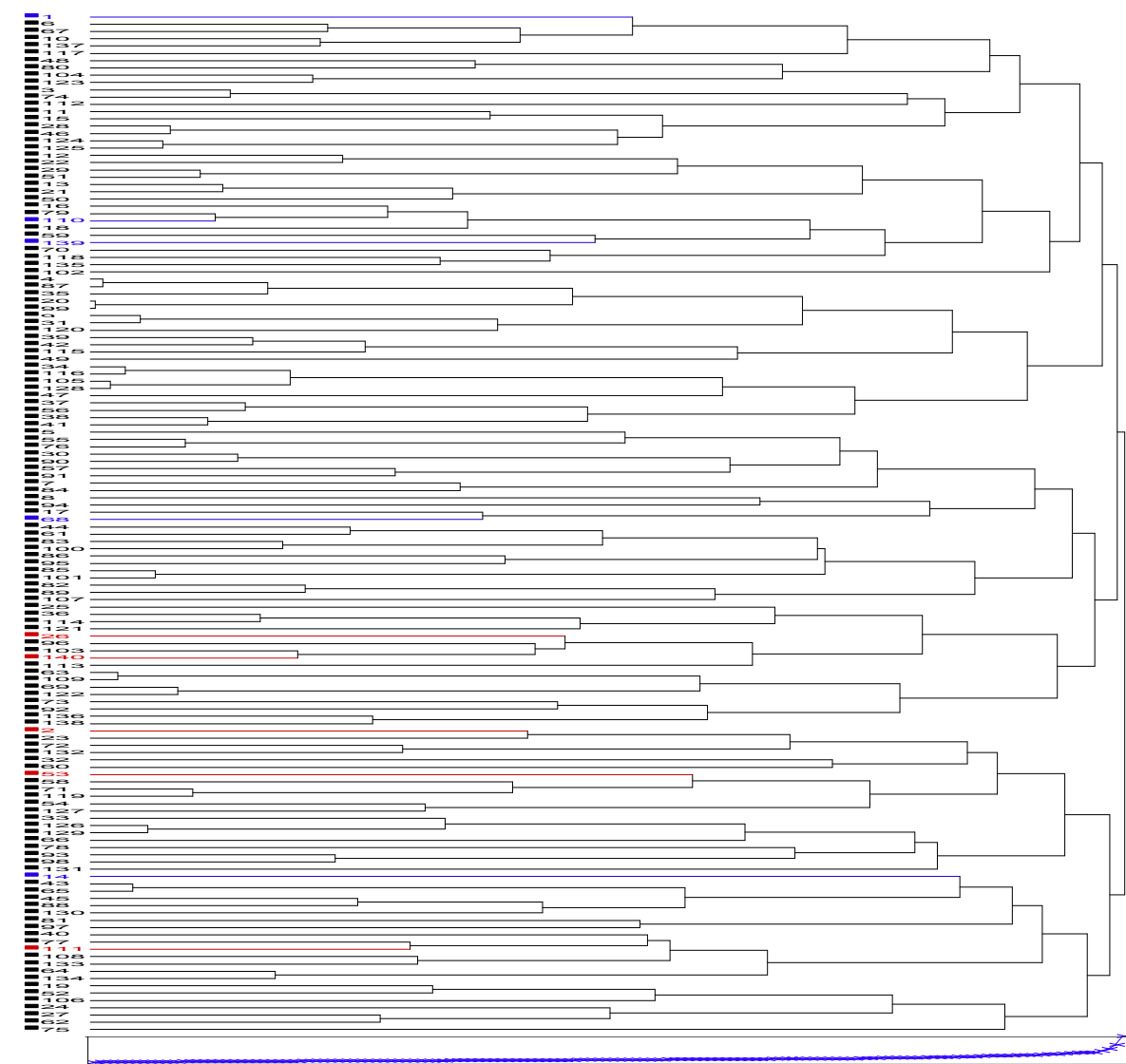


Figura 4.15: Dendrograma para las Variables Cuantitativas.

Cuadro 4.4: Grupos que se Obtuvieron del Cluster Análisis.

Grupo 1		Grupo 5		Grupo 2		Grupo 3		Grupo 4	
1001	RIL001	1004	RIL115	1002	RIL009	1005	RIL109	1014	RIL005
1003	RIL121	1009	RIL051	1023	RIL066	1007	RIL047	1019	RIL127
1006	RIL019	1020	RIL033	1032	RIL100	1008	RIL119	1024	RIL120
1010	RIL077	1031	RIL056	1033	RIL132	1017	RIL101	1027	RIL141
1011	RIL022	1034	RIL044	1053	RIL014	1025	RIL030	1040	RIL071
1012	RIL088	1035	RIL098	1054	RIL140	1026	RIL015	1043	RIL031
1013	RIL054	1037	RIL112	1058	RIL087	1030	RIL104	1045	RIL023
1015	RIL110	1038	RIL117	1060	RIL123	1036	RIL046	1052	RIL086
1016	RIL029	1039	RIL018	1066	RIL079	1044	RIL025	1062	RIL039
1018	RIL080	1041	RIL134	1071	RIL118	1055	RIL106	1064	RIL038
1021	RIL045	1042	RIL050	1072	RIL017	1057	RIL102	1065	RIL093
1022	RIL133	1047	RIL074	1078	RIL097	1061	RIL058	1075	RIL035
1028	RIL067	1049	RIL068	1093	RIL124	1063	RIL139	1077	RIL041
1029	RIL085	1056	RIL122	1098	RIL060	1068	RIL004	1081	RIL136
1046	RIL065	1087	RIL131	1119	RIL096	1069	RIL129	1088	RIL137
1048	RIL020	1099	RIL063	1126	RIL082	1073	RIL081	1097	RIL036
1050	RIL028	1105	RIL064	1127	RIL078	1076	RIL128	1106	RIL057
1051	RIL113	1115	RIL061	1129	RIL142	1082	RIL105	1108	RIL092
1059	RIL111	1116	RIL125	1131	RIL094	1083	RIL048	1111	RIL016
1067	RIL084	1120	RIL069	1132	RIL075	1084	RIL095	1130	RIL042
1070	RIL049	1128	RIL146			1085	RIL116	1133	RIL144
1074	RIL026					1086	RIL070	1134	RIL083
1079	RIL021					1089	RIL040		
1080	RIL089					1090	RIL143		
1102	RIL076					1091	RIL090		
1104	RIL034					1092	RIL052		
1110	RIL012					1094	RIL037		
1112	RIL126					1095	RIL055		
1117	RIL114					1096	RIL103		
1118	RIL145					1100	RIL135		
1123	RIL072					1101	RIL108		
1124	RIL059					1103	RIL138		
1125	RIL091					1107	RIL099		
1135	RIL147					1109	RIL027		
1137	RIL073					1113	RIL053		
1139	RIL008					1114	RIL130		
						1121	RIL107		
						1122	RIL062		
						1136	RIL032		
						1138	RIL043		
						1140	RIL010		



Media Sureño
Media RTX430

Variables Cualitativas

Se planteó para estas variables una segregación 3:1 por lo cual se procedió a evaluar todas las variables cualitativas con esta proporción por medio de la χ^2 . A partir de las pruebas de χ^2 , en las variables cualitativas, se obtuvieron los valores que se muestran en el Cuadro 4.5. Esto indica que no existe una segregación simple de 3:1 ya que se encontró que la χ^2 calculada fue mucho mayor que la χ^2 tabulada. Por lo cual se consideró evaluar las variables con una proporción 1:1 (Cuadro 4.6)

Cuadro 4.5: Comparación de la χ^2 Calculada y la χ^2 Tabulada (0.05) con su Respectivo Nivel de Significancia para las Variables Cualitativas, para la Segregación 3:1.

Variable	Frecuencia Observada		χ^2 Calculada	χ^2 Tabulada	Nivel de Significancia
Forma de la Hoja	Erectas 70	Dobladas 60	31.0051	3.841	**
Parecido	Sureño 52	RTx430 39	15.4469		**
Tamaño de la Vaina	Grande 79	Chica 51	14.0205		**
Color de la Hoja	V Claro 76	V Oscuro 54	18.9436		**
Forma de la Semilla	Redonda 76	Ovalada 51	15.5565		**
Ápice en la Semilla	Ausencia 73	Presencia 54	20.7691		**

* * = Altamente Significativas

En el cuadro 4.5 se muestran los valores de χ^2 para la proporción 1:1 con los cuales nos damos cuenta que se ajusta mas a esta proporción ya que los valores son menores o iguales que la χ^2 de tabla.

Cuadro 4.6: Comparación de la χ^2 Calculada y la χ^2 Tabulada (0.05) con su Respectivo Nivel de Significancia para las Variables Cualitativas, para la Segregación 1:1.

Variable	Frecuencia Observada		χ^2 Calculada	χ^2 Tabulada	Nivel de Significancia
Forma de la Hoja	Erectas 70	Dobladas 60	0.7538	3.841	NS
Parecido	Sureño 52	RTx430 39	1.8352		NS
Tamaño de la Vaina	Grande 79	Chica 51	6.0154		*
Color de la Hoja	V Claro 76	V Oscuro 54	3.7077		NS
Forma de la Semilla	Redonda 76	Ovalada 51	4.7165		*
Ápice en la Semilla	Ausencia 73	Presencia 54	2.8268		NS

* = Significativo y NS = No Significativo.

Después de observar los Cuadros 4.4 y 4.5 se puede inferir que las características cualitativas se comportan similar a una cruza de prueba ya que se ajustan a una segregación 1:1.

CONCLUSIONES

Considerando los objetivos del presente trabajo y en función de los resultados obtenidos se concluye lo siguiente:

La mayoría de las variables cuantitativas se ajustan a una distribución normal, con la excepción de las variables: numero de hojas, ángulo de la hoja, largo de hoja bandera, número de nudos y longitud de panoja.

Las variables altura de planta, numero de hojas, ángulo de la hoja, excursión, ancho de hoja bandera y espacio color presentan una acción génica de aditividad. Las variables ancho de la hoja, dulzura del tallo, largo de hoja bandera, área foliar de la hoja andera, longitud de panoja y peso de 100 semillas presentaron acción génica de dominancia incompleta. Por ultimo las variables diámetro del tallo y número de nudos presentaron una acción génica de sobredominancia.

Todas las variables cuantitativas presentaron una segregación transgresiva y la mayoría de ellas una complementariedad de genes con la excepción de área foliar de la hoja bandera y espacio color.

Según el cluster análisis las variables: excursión, área foliar de la hoja bandera y altura, son las variables de mayor importancia al momento de agrupar LER semejantes.

Después de observar el comportamiento cualitativo de las 130 LER y haber realizado la prueba de χ^2 se llego a la conclusión de que estas características se comportan de forma parecida a una cruce de prueba ya que se encontró una segregación 1:1.

LITERATURA CITADA

- Andrade, R. M. Villegas, M. A. Gutiérrez, E., M. A. Carrillo, C. G. and García, V. A. 2005. Poliembrionía y Marcadores RAPD para la Identificación de Plántulas Cigóticas y Nucleares en *Citrus*. *Agrociencia*. 39 (4):371-383, [Online]: <http://www.colpos.mx/agrocien/Bimestral/2005/jul-ago/art-2.pdf>.
- Araneda T. C. 2004. Apunte de Marcadores Moleculares. Departamento de Producción Animal. Facultad de Ciencias Agronómicas. Universidad de Chile. Chile.
- Becerra V, V. y Paredes C, M. 2000, Uso de Marcadores Bioquímicos y Moleculares en Estudios de Diversidad Genética. *Agric. Tec.* 60(03):270-281 [Online]: http://www.scielo.cl/scielo.php?script=sci_arttext&pid=S0365-28072000000300007&lng=es&nrm=iso.
- Blum, A. 1985. "Photosynthesis and transpiration in leaves and ear of wheat and barley varieties", *J. Exp. Bot*, 36: 432-440.
- Capton I. P. 1990. *Agronomía del Sorgo*. Ed. Trillas. México.
- Cayón, G. 1992. Fotosíntesis y productividad de cultivos. *Revista COMALFI* 19(2), 23-31. Colombia.
- Chávez, A. J. L. 1993. *Mejoramiento de Plantas I*. Segunda Edición. Editorial Trillas México.
- Chávez, A. J. L. 1995. *Mejoramiento de Plantas II*. Primera Edición. Editorial Trillas. México.
- Cubero, J. I. 1999. *Introducción a la Mejora Genética Vegetal*. Editorial Mundi-Prensa. ETSIAM, Universidad de Córdoba (España).

- Cubero, J. I. 2003. Introducción a la Mejora Vegetal. Segunda Edición. Editorial Mundi-Prensa. España. Pág.: 101-136, 209-223.
- Díaz L. J. E. 2007. Mejoramiento Genético de Cebada, INIA. La Estanzuela. Curso de Fitotecnia 2007. Facultad de Agronomía.
- Duthil, J. 1976. Producción Forrajes. Ed. Mundi Pienza, Madrid España.
- Elizarraraz, A. R. 2003. Evaluación y selección de progenitores de sorgo para grano (*Sorghum bicolor* L. Moench.), de acuerdo a sus valores de aptitud combinatoria general y aptitud combinatoria específica. Tesis Licenciatura. UAAAN. Buenavista, Saltillo, Coahuila, México.
- Esterri, J. E. Martínez, R. F. Valentinuz, O. y Díaz, M. G. 2005. Desarrollo y Determinación del Rendimiento de Genotipos de Sorgo Granífero ante cambios en la oferta de Nitrógeno. INTA Paraná. Argentina
- FAO, 1995. El Sorgo y el mijo en la nutrición humana: Organización de las Naciones Unidas para la Agricultura y la Alimentación. Roma. FAO (ed) Alimentación Nutrición No. 27. Roma. Italia.
- Flores H. A. 2001. Introducción a la Genotecnia Vegetal. Editorial Dirección General de Difusión Cultural y Servicio de la UACH.
- Frankel A. M. 1984. Conservación de forrajes en México. Ed. Albatros.
- Gardner, E. J. 1988. Principios de Genética. Quinta edición. Editorial Limusa. México.
- Gebauer, M. Bustamante, K. y Garnier, M. 2007. Guía No. 2 de Laboratorio: Modelos de Herencia e Interacción Génica. Pontificia Universidad Católica de Chile. Chile.
- Herrera, A. J. L. Panuco, V. M. Chávez, A. J. L. y Rodríguez, G. A. 2002. Variedad de Sorgo para Grano con Potencial para su Utilización en el Consumo Humano. UAAAN. Buenavista, Saltillo, Coahuila, México.

- Hughes, H.D. 1984. Forrajes. Ed. Continental, México,
- Isaza, C. A., Henao, J. 2003, Algunas consideraciones acerca de marcadores genéticos. Umbral Científico. (003):74-81 [Online]: <http://redalyc.uaemex.mx/redalyc/src/inicio/ArtPdfRed.jsp?iCve=30400310>
- Jiménez, M. A, 1989. "La producción de forrajes en México", Talleres, U. A. Chapingo, México. Pp. 100.
- Klug, S. W & Cummings, M. R. 1999. Conceptos de Genética. 5ta ed. Prentice Hall Iberia, Madrid.
- Loya, R. H. 1986. Estudio Comparativo de 8 Características de Sorgo para Grano Bajo 2 Ambientes, Riego y Temporal. Tesis Licenciatura. UAAAN. Buenavista. Saltillo. Coahuila. México.
- Montgomery, E. G. 1911. Correlation studies of corn. Nebraska Agr. Esp. Sta. 24th Ann. Rpt.
- Moore, Y, 1968. Ensilado y henificación. Ed. Acribia, Zaragoza, España.
- Moreno-González. J. and Llauro, M. 1993. Classification of northern Spanish populations of maize by methods of numerical taxonomy. I. Morphological traits. Maydica 38:15-21.
- Nuez, F. y Carrillo, J. M. 2000. Los marcadores genéticos en la mejora vegetal. Universidad Politécnica de Valencia. Valencia España.
- Olmos, T. O. D. 1989. Estimación de las correlaciones fenotípicas y genéticas características en sorgo para grano (*Sorghum bicolor* L. Moench). UAAAN. Buenavista, Saltillo, Coahuila, México.

- Pecina, Q. V. Maldonado, H. L. Maldonado, M. N. Simpson, J. Martínez, V. O. y Gil, V. K. C. 2005. Diversidad genética en soya del trópico húmedo de México determinada con marcadores AFLP. *Revista Fitotecnia Mexicana*. 28(001):63-69 [Online]:
<http://redalyc.uaemex.mx/redalyc/src/inicio/ArtPdfRed.jsp?iCve=61028109>>
- Pecina, V. Navarro, E. Williams, H. Rodríguez, R. 1995. Comportamiento Agronómico de Dos Sistemas de Androesterilidad en Sorgo (*Sorghum bicolor* L. Moench). *Agronomía Mesoamericana* 6: 104-110. México.
- Puertas, M.J. 1999. Genética. Fundamentos y perspectivas. 2a ed. Mc Graw Hill. Interamericana.
- Raisman, J. S. y González, A. M. 2005. Interacción genética. Hipertextos del Área de la Biología. Universidad Nacional del Noroeste. República Argentina.
<http://fai.unne.edu.ar/biologia/genetica/genet2.htm>.
- Ramírez, L. Egaña, B. 2003. Guía de Conceptos de Genética Cuantitativa. Departamento de Producción Agraria, Universidad Pública de Navarra. España. [En línea]:
<http://www.unavarra.es/genmic/genetica%20y%20mejora/genetica%20cuantitativa/GENETICA-CUANTITATIVA.htm>.
- Robles S. R. 1983. Producción de granos y forrajes. Cuarta Ed. Editorial Limusa. México.
- Robles. S. R. 1990. Genética Elemental y Fitomejoramiento Práctico. Ed. Limusa. México.
- Romero, L. Gaggiotti, M. y Comerón, E. 2001. Sorgo forrajero azucarado para silaje: efecto de la distancia entre surcos y la densidad de siembra. INTA EEA Rafaela. Argentina.
- Romero, P. J. M., Sahagún, C. J. Ramírez, V. G. y Rendón, S. G. 2004. Índice de selección genotípica apoyado en marcadores moleculares ligados. *Agrociencia*. 38(003):293-303 Texcoco, México [en línea]:
<http://redalyc.uaemex.mx/redalyc/src/inicio/ArtPdfRed.jsp?iCve=30238304>

S.E.P. 1991. Cultivos Forrajes. Ed. Trillas, México.

Snedecor, G. W. and Cochrand, W. G. 1980. Statistical methods. Seventh ed. The Iowa State University Press. 83-105. Ames, Iowa. USA.

Solís, R. L. Y. y Andrade, T. A. 2005. ¿Qué son los marcadores moleculares? Revista de Ciencia y Tecnología de la Universidad Veracruzana. Veracruz, México. 18(1).

Solórzano, P. P. R. 1976. Determinación de Área Foliar en Sorgo Granero (*Sorghum bicolor* (L.) Moench) a Diferentes Edades. Agronomía Tropical 26(1): 39-45. Valencia, Venezuela.

Stansfield, W. D. 1971 y 1973. Teoría y Problemas de Genética. Primera Edición. McGraw-Hill. México.

Valencia, R. C. y D' Cruz-Mason, N. E. 2006. La Androesterilidad en el Mejoramiento de Sorgo (*Sorghum bicolor* L. Moench). CENTA—INTSORMIL. Primera Edición. La Livertad. El Salvador.

Villaseñor, M. H. E. Castillo, G. F. Espitia, E. R. Rajaram, R. y Molina, G. J. D. 2002. Preservativas del Uso de la Androesterilidad en el Mejoramiento por Selección Recurrente de Trigo de México. Revista Fitotecnia Mexicana. Sociedad Mexicana de Fitogenética, A.C. Chapingo, México. 003: 321-326.

www.aacrea.org.ar/economia/articulos/pdf/art272b.pdf

es.wikipedia.org/wiki/Sorgo

www.infoaserca.gob.mx

www.infoagro.com/herbaceos/forrajes/sorgo

www.fao.org/docrep/T0818S/T0818S00.htm

www.sagarpa.gob.mx

www.cnpms.embrapa.br/publicacoes/sorgo/index.htm

www.siap.gob.mx/

www.monografias.com/trabajos/sorgo/sorgo.shtml

www.centa.gob.sv/html/ciencia/granosbasicos/sorgo.html

www.fca.unl.edu.ar/Clima/07-Fenologia.pdf

www.viarural.com.ar/viarural.com.ar/agricultura/informacionestecnicas.htm

www.colpos.mx/agrocien/Bimestral/2004/may-jun/art-4.pdf

www.plataforma.uchile.cl/fg/semestre2/_2004/biotec/modulo2/clase2/doc/marcadores.pdf

APÉNDICE

Cuadro A1: Genealogía de las 130 Líneas Endogámica Recombinantes (LER) F_{2:7} y sus Progenitores.

Entrada	RIL	Progenitores	Entrada	RIL	Progenitores
1001	RIL001	RT X 450	1045	RIL023	
1002	RIL009	Sureño	1046	RIL065	
1003	RIL121		1047	RIL074	
1004	RIL115		1048	RIL020	
1005	RIL109		1049	RIL068	
1006	RIL019		1050	RIL028	
1007	RIL047		1051	RIL113	
1008	RIL119		1052	RIL086	
1009	RIL051		1053	RIL014	Sureño
1010	RIL077		1054	RIL140	
1011	RIL022		1055	RIL106	
1012	RIL088		1056	RIL122	
1013	RIL054		1057	RIL102	
1014	RIL005	RT X 450	1058	RIL087	
1015	RIL110		1059	RIL111	
1016	RIL029		1060	RIL123	
1017	RIL101		1061	RIL058	
1018	RIL080		1062	RIL039	
1019	RIL127		1063	RIL139	
1020	RIL033		1064	RIL038	
1021	RIL045		1065	RIL093	
1022	RIL133		1066	RIL079	
1023	RIL066		1067	RIL084	
1024	RIL120		1068	RIL004	RT X 450
1025	RIL030		1069	RIL129	
1026	RIL015	Sureño	1070	RIL049	
1027	RIL141		1071	RIL118	
1028	RIL067		1072	RIL017	
1029	RIL085		1073	RIL081	
1030	RIL104		1074	RIL026	
1031	RIL056		1075	RIL035	
1032	RIL100		1076	RIL128	
1033	RIL132		1077	RIL041	
1034	RIL044		1078	RIL097	
1035	RIL098		1079	RIL021	
1036	RIL046		1080	RIL089	
1037	RIL112		1081	RIL136	
1038	RIL117		1082	RIL105	
1039	RIL018		1083	RIL048	
1040	RIL071		1084	RIL095	
1041	RIL134		1085	RIL116	
1042	RIL050		1086	RIL070	
1043	RIL031		1087	RIL131	
1044	RIL025		1088	RIL137	
			1089	RIL040	

Entrada	RIL	Progenitores	Entrada	RIL	Progenitores
1090	RIL143		1116	RIL125	
1091	RIL090		1117	RIL114	
1092	RIL052		1118	RIL145	
1093	RIL124		1119	RIL096	
1094	RIL037		1120	RIL069	
1095	RIL055		1121	RIL107	
1096	RIL103		1122	RIL062	
1097	RIL036		1123	RIL072	
1098	RIL060		1124	RIL059	
1099	RIL063		1125	RIL091	
1100	RIL135		1126	RIL082	
1101	RIL108		1127	RIL078	
1102	RIL076		1128	RIL146	
1103	RIL138		1129	RIL142	
1104	RIL034		1130	RIL042	
1105	RIL064		1131	RIL094	
1106	RIL057		1132	RIL075	
1107	RIL099		1133	RIL144	
1108	RIL092		1134	RIL083	
1109	RIL027		1135	RIL147	
1110	RIL012	RT X 450	1136	RIL032	
1111	RIL016	Sureño	1137	RIL073	
1112	RIL126		1138	RIL043	
1113	RIL053		1139	RIL008	RT X 450
1114	RIL130		1140	RIL010	Sureño
1115	RIL061				

Cuadro A2: Valores Medios de cada una de las Variables Evaluadas para los Cinco Grupos.

Variable	Grupo 1	Grupo 2	Grupo 3	Grupo 4	Grupo 5
Altura de Planta	0.95	1.48	1.39	1.20	1.22
Numero de Hojas	9.36	9.32	9.32	9.14	9.38
Angulo de la Hoja	19.94	33.30	24.02	27.00	25.71
Diámetro del Tallo	13.55	11.40	12.70	10.29	11.22
Ancho de Hoja	5.92	5.59	5.54	5.06	5.22
Dulzura de Tallo	10.09	10.35	10.20	7.58	11.20
Excursión	11.63	15.70	13.35	14.13	12.84
Largo Hoja Bandera	35.83	54.80	42.35	47.40	35.14
Ancho Hoja Bandera	4.45	6.36	5.49	5.59	4.28
Numero de Nudos	7.36	6.60	7.02	5.73	7.38
Longitud de Panoja	21.35	20.73	23.64	21.19	20.23
Peso de 100 Semillas	3.33	3.92	3.77	3.28	3.73
Área Foliar de la Hoja Bandera	121.49	262.66	175.03	199.24	113.30
Espacio color	-1660.57	-802.56	-2079.54	-1273.41	-2015.24

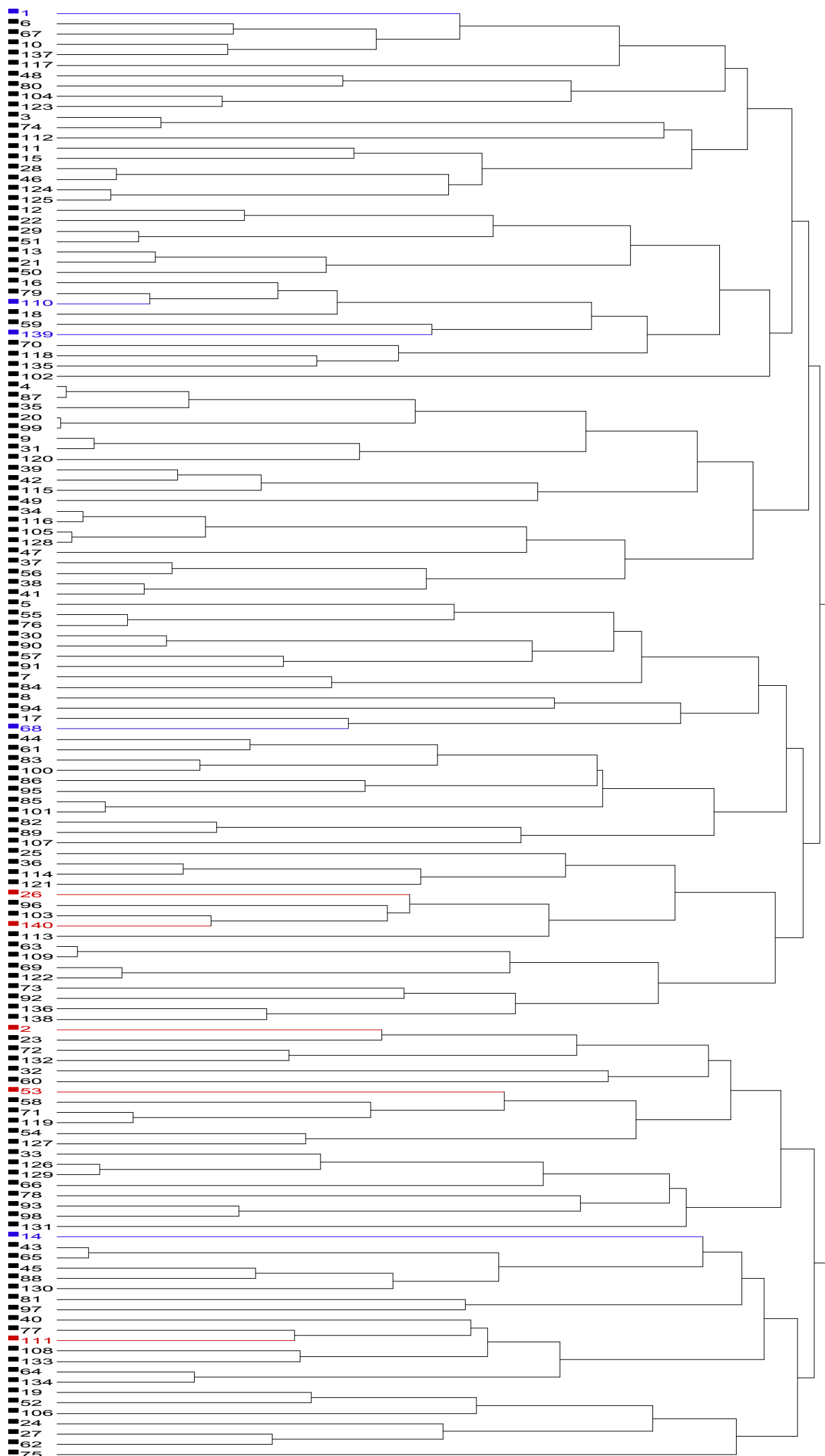


Figura A3: Dendrograma de las 130 Líneas Endogámicas Recombinantes y sus Progenitores.