



COLEGIO DE POSTGRADUADOS

INSTITUCIÓN DE ENSEÑANZA E INVESTIGACIÓN EN CIENCIAS AGRÍCOLAS

CAMPUS MONTECILLO

RECURSOS GENÉTICOS Y PRODUCTIVIDAD-GENÉTICA

SELECCIÓN DE PROGENITORES, VARIANZAS GENÉTICAS Y
HEREDABILIDAD EN SENTIDO AMPLIO Y ESTRECHO PARA ALTO
CONTENIDO DE SACAROSA EN CAÑA DE AZÚCAR

EDISON GASTÓN SILVA CIFUENTES

T E S I S

PRESENTADA COMO REQUISITO PARCIAL

PARA OBTENER EL GRADO DE:

DOCTOR EN CIENCIAS

MONTECILLO, TEXCOCO, EDO. DE MÉXICO.

2011

La presente tesis titulada: "**Selección de progenitores, varianzas genéticas y heredabilidad en sentido amplio y estrecho para alto contenido de sacarosa en caña de azúcar**" realizada por el alumno: **Edison Gastón Silva Cifuentes**, bajo la dirección del Consejo Particular indicado, ha sido aprobada por el mismo y aceptada como requisito parcial para obtener el grado de:

DOCTOR EN CIENCIAS

RECURSOS GENÉTICOS Y PRODUCTIVIDAD

GENÉTICA

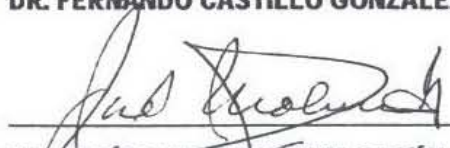
CONSEJO PARTICULAR

CONSEJERO:



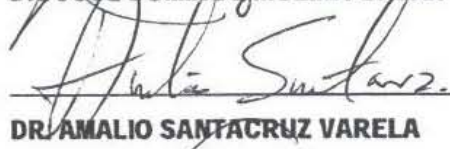
DR. FERNANDO CASTILLO GONZÁLEZ

ASESOR:



DR. JOSÉ DOMINGO MOLINA GALÁN

ASESOR:



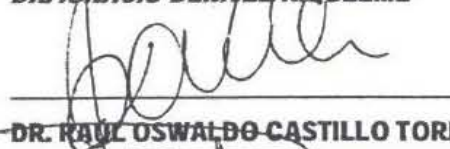
DR. AMALIO SANTACRUZ VARELA

ASESOR:



DR. IGNACIO BENÍTEZ RIQUELME

ASESOR:



DR. RAÚL OSWALDO CASTILLO TORRES

ASESOR:



DR. CARLOS FLORES REVILLA

Montecillo, Texcoco, Estado de México, Abril 2011

SELECCIÓN DE PROGENITORES, VARIANZAS GENÉTICAS Y HEREDABILIDAD EN SENTIDO AMPLIO Y ESTRECHO PARA ALTO CONTENIDO DE SACAROSA EN CAÑA DE AZÚCAR

Edison Gastón Silva Cifuentes, Dr.

Colegio de Postgraduados, 2011

El contenido de azúcar, el rendimiento de caña y la resistencia a enfermedades son las características más importantes en el mejoramiento genético de la caña de azúcar (*Saccharum* spp.); por ello, el objetivo de la presente investigación fue seleccionar progenitores, estudiar los componentes de la varianza genética y la heredabilidad en sentido amplio y estrecho para alto contenido de azúcar. En una primera etapa se evaluaron dos grupos de variedades de la colección de germoplasma del CINCAE-Ecuador; el primero (G1) formado por 20 variedades se evaluó en una localidad durante dos cortes, y el segundo (G2) integrado por 32 variedades se estudió en dos localidades también por dos cortes. En una segunda etapa se evaluaron dos conjuntos de cruzamientos obtenidos entre 11 variedades de alto y dos de bajo contenido de azúcar seleccionados de G1. En el primer grupo con 27 cruzamientos (CR27) se usaron plántulas derivadas de semilla sexual y el segundo con 12 cruces (CR12) de entre los 27, se estableció con pequeños esquejes obtenidos de esas plántulas. La evaluación se realizó en el Estado I de selección en caña plantilla y primera soca y en el primer estado de selección clonal (Estado II) en caña plantilla. Además, se probaron los 13 progenitores (PROG) y dos testigos. En todos los experimentos se utilizó un diseño de bloques completos al azar con tres repeticiones y se valoraron las variables contenido de sacarosa (POL), azúcares totales (BRX), fibra (FIB) y pureza (PUR). Se estimaron los componentes de varianza y heredabilidad en sentido amplio en G1, G2 y PROG y en sentido estrecho en CR27 y CR12. Al menos 11 variedades presentaron contenidos altos de azúcar y la heredabilidad en sentido amplio para POL, BRX y FIB fue alta en los dos grupos de variedades. Los progenitores y cruzamientos exhibieron un comportamiento similar en los dos cortes del Estado I. Los estimadores de heredabilidad en sentido estrecho fueron bajos en CR27 (< 0.3), mientras que en CR12 fueron altos (> 0.6) y similares en los dos cortes. Las variedades Amarilla y BJ65152, y aquellos cruzamientos que tienen como uno de sus progenitores a estas variedades presentaron contenidos altos de azúcar de manera consistente a través de cortes y en los dos estados de selección. Los cruzamientos con contenidos altos de azúcar presentaron una mayor frecuencia de clones que superaron a los progenitores y testigos.

Palabras clave: *Saccharum* spp., componentes de varianza genética, contenido alto de azúcar, estado de selección

PARENTAL SELECTION, GENETIC VARIANCES AND HERITABILITY IN BROAD AND NARROW SENSE FOR HIGH SUCROSE CONTENT IN SUGARCANE

Edison Gastón Silva Cifuentes, Dr.

Colegio de Postgraduados, 2011

Sugar content, cane yield and disease resistance are the most important traits in genetic improvement of sugarcane (*Saccharum* spp.); therefore, the objective of this research was to select parents, to study the genetic variance components and heritability in both broad and narrow sense for high sugar content. As a first step, two groups of varieties from the CINCAE-Ecuador germplasm collection were evaluated, the first one (G1) consisting of 20 varieties was evaluated at one location for two crops, and the second one (G2) integrated by 32 varieties was assessed in two locations for two crops. As a second step two sets of crosses derived from 11 varieties of high and two of low sugar content selected from G1 were evaluated. In the first group with 27 crosses (CR27) seedlings were used, while the second one with 12 crosses (CR12) from those of CR27 was established with small setts from seedlings. The evaluation was carried out at Stage I of selection in plant cane and first ratoon, and at the first clonal selection stage (Stage II) in plant cane. In addition, the 13 parents (PROG) and two checks were tested. A randomized complete blocks design with three replications was used in all experiments. The evaluated variables were: sucrose content (POL), total sugars (BRX), fiber (FIB) and purity (PUR). Variance components and broad sense heritability were estimated for G1, G2 and PROG while narrow sense heritability was estimated from CR27 and CR12. At least 11 varieties had high sugar content and broad sense heritability for POL, BRX and FIB was high in both groups of varieties. Parents and crosses exhibited similar performance in plant cane and first ratoon of Stage I. Estimates of narrow sense heritability were low in CR27 (< to 0.3), and high in CR12 (> to 0.6) and similar in plant cane and first ratoon. Amarilla and BJ65152 varieties as well as crosses having either of those varieties as a parent had high sugar contents consistently through crops and at both selection stages. Crosses with high sugar content showed higher frequency of clones that exceeded the parents and checks.

Index words: *Saccharum* spp., genetic variance components, high sugar content, stage of selection.

AGRADECIMIENTOS

A los Directivos de la Fundación para la Investigación Azucarera del Ecuador (FIADE), especialmente al **Sr. Russell Crawford** e Ing. **Ralf Schneidewind**, por su confianza y financiamiento para la realización de mis estudios de Doctorado.

Al **Colegio de Postgraduados** y a todo el personal del programa de Recursos Genéticos y Productividad-Genética.

Al **Dr. Fernando Castillo González** por sus valiosas enseñanzas e incondicional apoyo durante el desarrollo de mi programa de doctorado y dirección de la investigación.

Al **Dr. José Molina Galán**, **Dr. Amalio Santacruz Varela** y **Dr. Ignacio Benítez Riquelme** por su disposición, apoyo y consejos durante todo el desarrollo de la investigación y revisiones de escritos.

Al **Dr. Raúl Oswaldo Castillo Torres** y **Dr. Carlos Flores Revilla** por su aporte como miembros del Consejo Particular.

A mis amigas y amigos: **María Teresa Rodríguez**, **Rocío Valle**, **Laura Martínez**, **Edith García** y **Abraham Rojano** por su ayuda incondicional y porque me hicieron sentir como en mi país.

DEDICATORIA

A mi esposa **Flor de María** y a mi hijo **Edison Fernando** con todo mi amor por darme fortaleza y ser la fuente de inspiración para seguir adelante.

A mis padres **Blanca Cifuentes** y **Rafael Silva** (QPD), por su valioso ejemplo de vida.

A mis hermanos **Edwin, Iván, Sandra, Marco, Paulina y Luis**, por su unidad y apoyo continuo.

A mis suegros **Matilde Llerena** y **Jorge Dorregaray** y mis cuñados: **Jorge, Maribel y Evelyn** por brindarme toda su confianza.

CONTENIDO

	Página
I. INTRODUCCIÓN GENERAL	1
II. SELECCIÓN DE PROGENITORES, VARIANZAS GENÉTICAS Y HEREDABILIDAD PARA ACUMULACIÓN TEMPRANA DE SACAROSA EN CAÑA DE AZÚCAR	6
RESUMEN.....	7
SUMMARY.....	8
INTRODUCCIÓN.....	9
MATERIALES Y MÉTODOS.....	10
RESULTADOS Y DISCUSIÓN.....	13
Grupo 1.....	13
Grupo 2.....	15
Cruzamientos.....	17
CONCLUSIONES.....	19
AGRADECIMIENTOS.....	20
BIBLIOGRAFÍA.....	20
III. VARIACIÓN DE LOS PARÁMETROS GENÉTICOS PARA ALTO CONTENIDO DE SACAROSA EN CAÑA DE AZÚCAR	22
RESUMEN.....	23
SUMMARY.....	24
INTRODUCCIÓN.....	25
MATERIALES Y MÉTODOS.....	27

RESULTADOS Y DISCUSIÓN.....	29
PROG, CR27 y CR12, primera soca.....	29
CR27II y CR12II, caña plantilla.....	31
CONCLUSIONES.....	32
AGRADECIMIENTOS.....	32
BIBLIOGRAFÍA.....	32
IV. PROGENITORES Y PROGENIES CON ALTO CONTENIDO DE SACAROSA EN DOS ESTADOS DE SELECCIÓN EN CAÑA DE AZÚCAR.....	35
RESUMEN.....	36
SUMMARY.....	37
INTRODUCCIÓN.....	38
MATERIALES Y MÉTODOS.....	39
RESULTADOS Y DISCUSIÓN.....	40
Progenitores y Cruzamientos en el Estado I.....	40
Progenitores y Cruzamientos en el Estado II.....	42
CONCLUSIONES.....	47
AGRADECIMIENTOS.....	48
BIBLIOGRAFÍA.....	48
V. DISCUSIÓN GENERAL.....	50
VI. CONCLUSIONES GENERALES.....	54
VI. BIBLIOGRAFÍA GENERAL.....	55

ÍNDICE DE CUADROS

II. SELECCION DE PROGENITORES, VARIANZAS GENETICAS Y HEREDABILIDAD PARA ACUMULACIÓN TEMPRANA DE SACAROSA EN CAÑA DE AZÚCAR

Cuadro	Página
Cuadro 2.1. Características de los ambientes de evaluación en la costa de Ecuador. 2006-2009.	11
Cuadro 2.2. Esperanza de cuadrados medios de los análisis de varianza para G1, G2, CR27, CR12 y PROG. CINCAE, Guayas, Ecuador. 2006-2009.	12
Cuadro 2.3. Componentes de varianza, errores estándar (\pm) y heredabilidad en sentido amplio, para POL, BRIX, PUREZA y FIBRA en tres fechas de evaluación para 20 variedades (G1). CINCAE, Guayas, Ecuador. 2006-2008.	13
Cuadro 2.4. Promedios de POL (porcentaje en caña) a los 8 y 12 meses de edad, pendiente (β) y ajuste al modelo de RLS, y promedios de rendimiento de caña (TCH), para 20 variedades (G1). CINCAE, Guayas, Ecuador. 2006-2008.	14
Cuadro 2.5. Componentes de varianza, errores estándar (\pm) y heredabilidad en sentido amplio, de POL, BRIX, PUREZA y FIBRA en tres fechas de evaluación para 32 variedades (G2). CINCAE, Guayas, Ecuador. 2007-2009.	15
Cuadro 2.6. Promedios de POL (porcentaje en caña) a los 8 y 12 meses de edad, pendiente (β) y ajuste al modelo de RLS, y promedios de rendimiento de caña (TCH), para 32 variedades (G2). CINCAE, Guayas, Ecuador. 2007-2009.	17
Cuadro 2.7. Componentes de varianza, errores estándar (\pm) de POL, BRIX, PUREZA y FIBRA para cruzamientos y progenitores con acumulación temprana de sacarosa. CINCAE, Guayas, Ecuador. 2009.	18

Cuadro 2.8. Componentes de varianza, heredabilidad en sentido estrecho y errores estándar (\pm), de POL, BRIX, PUREZA y FIBRA de cruzamientos y progenitores con acumulación temprana de sacarosa. CINCAE, Guayas, Ecuador. 2009.	19
---	----

III. VARIACION DE LOS PARAMETROS GENETICOS PARA ALTO CONTENIDO DE SACAROSA EN CAÑA DE AZÚCAR

Cuadro 3.1. Esperanza de cuadrados medios de los análisis de varianza para CR27, CR12, PROG, CR27II, CR12II y PROGII. CINCAE, Guayas, Ecuador, 2009-2010.	28
---	----

Cuadro 3.2. Componentes de varianza, errores estándar (\pm) y heredabilidad en sentido amplio, de sacarosa aparente (POL), azúcares totales (BRIX), pureza (PUR) y fibra en caña (FIB) para 13 variedades (PROG) en dos cortes. CINCAE, Guayas, Ecuador, 2009.	29
--	----

Cuadro 3.3. Componentes de varianza, errores estándar (\pm) de sacarosa aparente (POL), azúcares totales (BRIX), pureza (PUR) y fibra en caña (FIB) para cruzamientos y progenitores en primera soca. CINCAE, Guayas, Ecuador, 2009.	30
--	----

Cuadro 3.4. Componentes de varianza, heredabilidad en sentido estrecho y errores estándar (\pm), de sacarosa aparente (POL), azúcares totales (BRIX), pureza (PUR) y fibra en caña (FIB) para cruzamientos en primera soca. CINCAE, Guayas, Ecuador, 2009.	31
--	----

Cuadro 3.5. Componentes de varianza, errores estándar (\pm) de sacarosa aparente (POL), azúcares totales (BRIX), pureza (PUR) y fibra en caña (FIB) para cruzamientos y progenitores en Estado II. CINCAE, Guayas, Ecuador, 2010.	32
---	----

IV. PROGENITORES Y PROGENIES CON ALTO CONTENIDO DE SACAROSA EN DOS ESTADOS DE SELECCIÓN EN CAÑA DE AZÚCAR

Quadro 4.1. Promedios para POL (porcentaje en caña) a los 12 meses de edad de 13 progenitores (PROG) y dos grupos de cruzamientos (CR12 y CR 27) evaluados en caña plantilla y primera soca del Estado I de selección. CINCAE, Guayas, Ecuador, 2009-2010.	41
Quadro 4.2. Promedios para BRIX y valores máximos a los 10 meses de edad de 13 progenitores (PROG) y 12 cruzamientos (CR12) evaluados en primera soca del Estado I de selección. CINCAE, Guayas, Ecuador, 2010.	42
Quadro 4.3. Promedios para POL (porcentaje en caña) a los 12 meses de edad de 13 progenitores (PROG) y 12 cruzamientos (CR12) evaluados en caña plantilla del Estado II de selección. CINCAE, Guayas, Ecuador, 2010.	44
Quadro 4.4. Promedios y valores máximos para POL (porcentaje en caña) a los 12 meses de edad de 27 cruzamientos (CR27) evaluados en caña plantilla del Estado II de selección. CINCAE, Guayas, Ecuador, 2010.	45

ÍNDICE DE FIGURAS

Figura 4.1. Genealogía de siete progenitores y de la variedad POJ 2878, ancestro común de seis de ellos.	46
--	----

I. INTRODUCCIÓN GENERAL

La caña de azúcar (*Saccharum* spp.) se cultiva en más de 23 millones de hectáreas en regiones tropicales y subtropicales del mundo (FAOSTAT, 2010). Su producción es usada principalmente para ser transformada en azúcar (sacarosa) proveyendo el 75 % de la demanda mundial. También es utilizada para la producción de etanol que ha recibido una atención creciente y ha sido publicitada como una fuente importante de biocombustible renovable; además, está siendo utilizada para la producción de biomasa como una fuente alternativa de energía (Ming *et al.*, 2006; D' Hort *et al.*, 2008).

Las variedades cultivadas en la actualidad son híbridos inter-específicos complejos, principalmente entre *Saccharum officinarum*, conocida como caña noble, y *Saccharum spontaneum*, con contribuciones de *S. robustum*, *S. sinense* y *S. barberi*, y otros géneros de pastos relacionados (Daniels y Roach, 1987). Roach (1989) menciona que se pueden distinguir tres fases en la historia del mejoramiento genético: la primera se enfocó hacia la selección y cruzamiento entre dones de *S. officinarum*, especie que se caracteriza por su alto contenido de azúcar, pero de bajo vigor en el rebrote y con susceptibilidad a ciertas enfermedades. La segunda fase involucró el desarrollo de híbridos inter-específicos entre *S. officinarum* y otras especies, especialmente *S. spontaneum* que presenta un menor contenido de azúcar pero posee un alto vigor de rebrote, resistencia a enfermedades y es altamente adaptable a diversos ambientes. En esta etapa se realizó un proceso de retrocruzamiento de los híbridos inter-específicos con dones de *S. officinarum*, lo cual es conocido como “nobilización”; probablemente la variedad más importante generada en esta fase fue POJ2878, que se convirtió en la variedad más cultivada en el planeta y es también el ancestro de la mayoría de las variedades modernas que se cultivan en todo el mundo. La tercera fase consistió en aprovechar los cruzamientos inter-específicos “nobilizados”, a través de selección recurrente, lográndose ganancias genéticas importantes para rendimiento de azúcar, por lo que se han realizado pocos esfuerzos para hacer más cruzamientos con otros dones básicos de *S. officinarum* y *S. spontaneum*. Como consecuencia de lo anterior, se sospecha que en la actualidad la base genética para el rendimiento de caña y contenido de azúcar es estrecha en las poblaciones avanzadas en mejoramiento, debido a que fueron derivadas esencialmente de 15 a 20 híbridos originales desarrollados en la fase dos de los primeros programas de mejoramiento que se establecieron en Java, Barbados y la India (Ming *et al.*, 2006).

La mayoría de programas de mejoramiento aplican un sistema general de selección recurrente donde se realizan cruzamientos entre progenitores sobresalientes y las progenies resultantes son seleccionadas

a través de varios estados (3 a 7) de propagación clonal. En la siembra del primer estado de selección (Estado I) se establecen plántulas provenientes de semilla sexual y se evalúan mediante dos cortes; a partir del segundo estado (Estado II) la reproducción es clonal, donde el tamaño de parcela, número de repeticiones, localidades y años en evaluación, varían dependiendo de la eficiencia deseada y disponibilidad de recursos (Skinner *et al.*, 1987; Ming *et al.*, 2006). Los principales objetivos de los programas de mejoramiento genético generalmente están dirigidos a incrementar los rendimientos de azúcar, mejorar la capacidad de rebrote, mantener o mejorar la resistencia a enfermedades y mantener niveles aceptables de fibra. El aumento del rendimiento de azúcar se puede obtener mediante el incremento del contenido de sacarosa y/o aumentando el rendimiento de caña. El mejoramiento a través del aumento del contenido de sacarosa tiene un alto valor económico, porque se incrementa la cantidad de azúcar producida con un aumento marginal en los costos de producción, cosecha, transporte y molienda (Jackson, 2005; Aitken *et al.*, 2006).

El conocimiento de la importancia relativa de los tipos de variación genética y heredabilidad de los caracteres de interés en la población bajo mejoramiento, y la valoración adecuada de la interacción genético-ambiental, permiten definir índices óptimos de selección y maximizar las tasas de ganancia genética, incrementando la eficiencia de un programa de mejoramiento genético (Milligan *et al.*, 1990; Hallauer, 2007). Para el contenido de azúcar, diversos estudios han reportado estimadores de heredabilidad en sentido amplio y estrecho que varían de moderados a altos y que la varianza aditiva es más importante que la varianza de dominancia. Así, Skinner *et al.* (1987) compendian resultados observados en diferentes investigaciones con valores de heredabilidad en sentido amplio para brix de 0.27 a 0.65, mientras que para el rendimiento de caña estos valores fueron de 0.17 o menores. Cox *et al.* (1990) evaluaron el contenido de azúcar en dos grupos de variedades durante ocho meses, estimando valores de heredabilidad en sentido amplio que variaron desde 0.67 a 0.95. En otra investigación, Cox *et al.* (1994) estudiaron el contenido de azúcar en siete poblaciones mediante dos cortes y estimaron la heredabilidad en sentido estrecho, obteniendo valores entre 0.45 y 1.22; además, observaron que los estimadores de la varianza genética aditiva fueron más importantes que los de la varianza de dominancia. Valores similares para los estimadores de heredabilidad y de las varianzas genéticas fueron reportados por Singh y Singh (2004) y por Wagih *et al.* (2004).

A pesar del mayor valor económico que presenta el mejoramiento del contenido de azúcar en comparación con el del rendimiento de caña y los valores de heredabilidad altos que muestra esta

característica, no se han registrado ganancias genéticas importantes en diferentes programas de mejoramiento en las últimas décadas. Así, Jackson (2005) analizó tres diferentes investigaciones realizadas en Australia para determinar la magnitud del avance genético alcanzado en ese país. Los tres estudios presentaron un panorama consistente de mayores contribuciones en los rendimientos de azúcar mediante el mejoramiento del rendimiento de caña en comparación con el incremento del contenido de azúcar que fue mínimo o cercano a cero. Asimismo, la variación entre clones fue mayor en rendimiento de caña que en contenido de azúcar y se observó una aparente asociación negativa entre esos caracteres. Correlaciones genéticas de muy baja magnitud (la mayoría menores a 0.3) tanto negativas como positivas, fueron reportadas en otros estudios (Hogarth, 1971; Jackson, 1994).

Entre las causas posibles para el avance insignificante alcanzado en el mejoramiento del contenido de azúcar, Jackson (2005) señala que se ha otorgado una ponderación más alta al rendimiento de caña en comparación con la del contenido de azúcar en la elección de progenitores y en los índices de selección aplicados a las progenies; asimismo, indica que en los cultivares del presente, posiblemente los alelos más favorables para contenido de azúcar ya están fijos y generalmente contribuyen o correlacionan negativamente con la producción de caña; además, menciona que posiblemente en el mejoramiento de esa característica se haya alcanzado el límite debido al uso de un número pequeño de clones progenitores originales en el desarrollo de las variedades modernas. Un hecho relacionado con el restringido avance logrado en el mejoramiento para el contenido de azúcar, es que a pesar de que se ha logrado un mejoramiento continuo en el rendimiento de azúcar con la obtención de nuevas variedades, existe evidencia de que la tasa de mejoramiento de los progenitores en los programas de Australia ha sido lenta en los últimos 30-40 años, tanto para rendimiento de caña como para contenido de azúcar (Ratley *et al.*, 2004). El incremento logrado en el rendimiento de azúcar parece deberse más a la identificación de recombinantes de baja frecuencia de cruzamientos entre grupos de progenitores con escaso o ningún mejoramiento.

Para lograr ganancias genéticas significativas para alto contenido de azúcar, Jackson (2005) sugiere seleccionar progenitores de manera apropiada y obtener estimadores insesgados de los parámetros genéticos de variancia genética aditiva, heredabilidad y correlaciones genéticas entre el contenido de azúcar y rendimiento de caña, así como con otras características importantes. Con esa información se deben definir índices de selección óptimos, confiriendo mayor ponderación al contenido de azúcar para maximizar las ganancias. La selección de progenitores es una de las fases más importantes en los

programas de mejoramiento genético en las diferentes especies (Chahal y Gosal, 2002). En caña de azúcar los mejoradores realizan esfuerzos en la búsqueda del mejor método para valorar progenitores tanto mediante evaluaciones *per se* como de su progenie (Bressiani *et al.*, 2007). La alta proporción de la varianza genética total bajo control genético aditivo y los altos valores para la heredabilidad en sentido amplio y estrecho que caracterizan al contenido de azúcar, sugieren que la selección de progenitores debería ser efectiva para la generación de progenies con altos contenidos, y que los programas de mejoramiento para alto contenido de sacarosa debería basarse en un esquema de selección recurrente con un intervalo generacional corto (Jackson, 2005).

En el Ecuador, la caña de azúcar es un cultivo de alta importancia por ser la principal fuente de materia prima para la producción de azúcar, alcohol y piloncillo (panela), además, su bagazo (fibra) está siendo utilizado en la generación de energía eléctrica. Los contenidos de azúcar obtenidos en los ingenios han presentado una tendencia hacia la baja a través de los últimos 30 años; por lo que el Centro de Investigación de la Caña de Azúcar del Ecuador (CINCAE) inició en el 2006, un proyecto de mejoramiento genético para desarrollar una población de alto contenido de azúcar. En este contexto los objetivos de la presente investigación fueron:

- 1) Seleccionar variedades con alto contenido de azúcar por su comportamiento *per se* y como progenitores en cruzamientos, que garanticen una mayor proporción de dones élite en las generaciones segregantes
- 2) Estudiar la varianza genética y sus componentes y la heredabilidad en sentido amplio y estrecho del alto contenido de sacarosa y valorar la consistencia en la estimación de estos parámetros genéticos a través de los cortes y en dos estados de selección

Las hipótesis fueron:

- 1) Existen variedades en la colección de germoplasma de CINCAE con alto contenido de azúcar y alta capacidad de transmisión a sus progenies
- 2) La varianza genética para alto contenido de sacarosa es predominantemente de tipo genético aditivo
- 3) Las heredabilidades en sentido amplio y estrecho para alto contenido de azúcar son altas y se pueden determinar de manera confiable en caña plantilla o primera soca de los dos primeros estados de selección

Con el fin de dar cumplimiento a los objetivos planteados, se partió de la evaluación y estudio de la diversidad genética de accesiones en la colección de germoplasma, lo que permitió elegir un grupo de variedades con buenos atributos agronómicos y conocer de manera preliminar la capacidad de producción de azúcares, que constituyeron la base de esta investigación. La presente tesis se estructuró en la forma de tres artículos científicos básicos, además de la Introducción General y Conclusiones Generales. El primer documento se centra en la identificación de genotipos con alto contenido de azúcar por su comportamiento *per se*, en dos grupos de variedades a través de dos años de evaluación y en la estimación de la variabilidad genética y heredabilidad en sentido estrecho del contenido de azúcar y su acumulación temprana en dos grupos de cruzamientos. El segundo artículo está basado en el estudio de la variación de los estimadores de varianza genética y heredabilidad en sentido amplio y estrecho a través de dos cortes o años de evaluación. Por su parte, el tercer documento se enfoca en el análisis del comportamiento *per se* de las variedades usadas como progenitores en los dos grupos de cruzamientos y en la identificación de aquellos progenitores que producen una mayor proporción de progenie élite.

**II. SELECCIÓN DE PROGENITORES, VARIANZAS GENÉTICAS Y HEREDABILIDAD PARA
ACUMULACIÓN TEMPRANA DE SACAROSA EN CAÑA DE AZÚCAR**

**PARENTAL SELECTION, GENETIC VARIANCES AND HERITABILITY FOR EARLY SUCROSE
CONTENT IN SUGARCANE**

**Edison Silva Cifuentes¹, Fernando Castillo González^{1*}, José D. Molina Galán¹, Ignacio Benítez
Riquelme¹, Amalio Santacruz Varela¹ y Raúl Castillo Torres²**

¹ Colegio de Postgraduados, Programa de Recursos Genéticos y Productividad., km 36.5 Carr. México-
Texcoco. C.P. 56230, Montecillo, Texcoco, Edo. de México. Tel. 01(595) 952-0200, Fax. 01(595) 952-
0262. ²Centro de Investigación de la Caña de Azúcar del Ecuador. Av. Constitución 100 y Av. Joaquín
Orrantía. Guayaquil. Ecuador. Tel 00(593) 85164222.

* Autor para correspondencia (fcastill@colpos.mx)

Enviado para publicación como artículo científico en la Revista Fitotecnia Mexicana

RESUMEN

La siembra de variedades de alto contenido de sacarosa y acumulación temprana en caña de azúcar (*Saccharum* spp.), permite incrementar los rendimientos de azúcar e iniciar más temprano el periodo de cosecha, con aumentos marginales de los costos de producción. Para identificar variedades de alto contenido de azúcar y estudiar la variabilidad genética y heredabilidad del contenido temprano de sacarosa, se evaluaron dos grupos de variedades; el primero (G1) formado con 20 variedades y el segundo (G2) con 32. Además se evaluaron dos grupos de cruzamientos provenientes de G1, 27 que se establecieron con plántulas provenientes de semilla sexual (CR27) y un subconjunto de 12 que se establecieron con esquejes (CR12). En los ensayos G1 y G2 se evaluaron la sacarosa aparente, azúcares totales, pureza y fibra a los 8, 10 y 12 meses durante dos cortes; y en CR27 y CR12 a los 12 meses en un solo corte. Se estimaron los componentes de varianza y heredabilidad en sentido amplio en las variedades, y en sentido estrecho en los cruzamientos. En los dos grupos de variedades, la varianza genética del contenido de azúcar y variables relacionadas tendieron a disminuir a través de las evaluaciones por edad, y la heredabilidad en sentido amplio presentó valores de medios a altos. Al menos 11 variedades presentaron contenidos altos de azúcar, superiores al testigo comercial. En los cruzamientos sembrados con plántulas (CR27), los estimadores de la varianza entre plantas dentro de familias y del error fueron altos, mientras que los valores de heredabilidad en sentido estrecho fueron bajos. En contraparte, en los cruzamientos sembrados con esquejes las varianzas entre plantas y del error fueron bajas, y los valores de heredabilidad altos, similares a los obtenidos en los dos grupos de variedades y los reportados en otras investigaciones. Evaluar esquejes de plantas jóvenes de semilla sexual permitiría mejores estimaciones de variación genética y en menos tiempo, lo cual puede acelerar también los procesos de selección.

Palabras clave: *Saccharum* spp., contenido temprano de azúcar, parámetros genéticos, sacarosa.

SUMMARY

Cropping sugarcane (*Saccharum* spp.) varieties with high sucrose content and early accumulation, allow increases of sugar yield as well as an earlier start of the harvest season, with marginal increase in production costs. With the aim of detecting varieties with higher sugar content and study the genetic variability and heritability of the early sucrose content, two groups of varieties were evaluated: the first one (G1) integrated by 20, and the second one (G2) by 32; two groups of crosses obtained from G1 were evaluated as well: 27 crosses (CR27) planted with seedlings from sexual seeds, and a subset of 12 (CR12) planted with stem cuttings (setts) obtained from those seedlings. For G1 and G2, sucrose, total sugars, purity and fiber content were recorded at 8, 10 and 12 months for two harvest seasons; and for CR27 and CR12 the same information was recorded at 12 months in one harvest season. Variance components and broad sense heritability for variety means were estimated for G1 and G2, and narrow sense heritability was estimated for CR27 and CR12. For variety trials, the genetic variance tent to be reduced through harvest time (age), and broad sense heritability showed medium to high values. At least 11 varieties presented high sugar content, superior to the commercial check. For crosses from sexual seeds (CR27) values of within family variance and error variance tent to be high, which gave relatively low values of narrow sense heritability, meanwhile, in the cross trial planted with setts, within family variance and error variance were low and heritability was high. The option of obtaining setts from seedlings in a mating design may be a less time consuming and better genetic variance estimates process, which may impact in the same way selection purposes.

Index words: *Saccharum* spp., early sugar content, genetic parameters, sucrose.

INTRODUCCIÓN

Uno de los objetivos principales de los programas de mejoramiento genético de caña de azúcar (*Saccharum* spp.) es obtener variedades con rendimientos altos de azúcar mediante el incremento del contenido de sacarosa o del rendimiento de caña. El mejoramiento a través del aumento del contenido de sacarosa es altamente atractivo porque se incrementan los ingresos con un aumento marginal en los costos de producción, cosecha, transporte y molienda (Jackson, 2005; Aitken *et al.*, 2006). Estimaciones efectuadas en la industria azucarera australiana muestran que al mejorar el contenido de azúcar se obtiene una rentabilidad 1.8 veces mayor que la lograda con el aumento del rendimiento de caña, sobre la base de una misma cantidad de azúcar producida. A pesar de esto y de la alta heredabilidad que presenta el contenido de azúcar, ha habido un limitado progreso en el mejoramiento de este carácter en los últimos 40 años (Jackson, 2005). Por lo general, el contenido de azúcar en la caña al inicio de la cosecha presenta valores bajos, por lo que es conveniente disponer de variedades con alto contenido y acumulación temprana de sacarosa (Cox *et al.*, 1990; Singh y Singh, 2004; Wagih *et al.*, 2004). Variedades de este tipo permiten iniciar más temprano la cosecha y alargar dicho periodo, con una utilización más eficiente de la infraestructura y equipo para la cosecha, transporte y molienda, y mayor rentabilidad para la industria (Jackson y Morgan, 2003).

Estimaciones precisas de los parámetros genéticos, componentes de varianza y heredabilidad en sentido estrecho para características económicamente importantes de las poblaciones en los programas de mejoramiento, permiten calcular índices óptimos de selección y así maximizar las tasas de ganancia genética y escoger el sistema de selección más adecuado (Milligan *et al.*, 1990). El contenido de azúcar y sus variables relacionadas, pol (sacarosa aparente), brix (azúcares totales) y pureza (relación entre el contenido de sacarosa y azúcares totales en jugo) presentan una alta proporción de la varianza genética total bajo control genético aditivo; además, las heredabilidades en sentido amplio y estrecho son altas (Cox *et al.*, 1990; Singh y Singh, 2004; Wagih *et al.*, 2004).

Lo anterior indica que la selección de progenitores con altos contenidos de azúcar debe ser la base para la generación de progenies con esa característica (Jackson, 2005). Estudios con marcadores moleculares que involucran mapeo de QTLs, sugieren que el contenido de sacarosa es controlado por un alto número genes, cada uno con efecto pequeño (Aitken *et al.*, 2006). Esto indica que hay una baja probabilidad de obtener progenies con la mejor combinación de alelos en un solo ciclo de cruzamientos, y que la selección recurrente es la alternativa más adecuada para mejorar el contenido de azúcar. En un

estudio de la colección de germoplasma del Centro de Investigación de la Caña de Azúcar del Ecuador (CINCAE), se observaron diferencias importantes para contenido de sacarosa entre accesiones. Sobre esta base, los objetivos del presente trabajo fueron identificar variedades con alto contenido y acumulación temprana de azúcar, y generar cruzamientos para explorar progenitores con alto y bajo contenido de sacarosa, a fin de estudiar la varianza genética y sus componentes y la heredabilidad en sentido estrecho del contenido y acumulación temprana de sacarosa.

MATERIALES Y MÉTODOS

Tomando como antecedente la evaluación de variedades de la colección de germoplasma del CINCAE para contenido de sacarosa y rendimiento de caña, en este estudio se formaron dos grupos de variedades. El primero (G1), integrado por 16 variedades de alto y tres de bajo contenido de sacarosa, más la variedad Ragnar (sembrada en 60 % del área cañera en Ecuador). El segundo grupo (G2) incluyó 26 variedades con alto y dos con bajo contenido de sacarosa, así como dos dones promisorios del programa de mejoramiento del CINCAE más las variedades Ragnar y ECU-01 (primera variedad mejorada ecuatoriana). Las variedades del G1 se evaluaron en CINCAE en los ciclos o cortes 2006-2007 y 2007-2008. Las variedades de G2 se evaluaron en los ingenios San Carlos y Valdez en los cortes 2007-2008 y 2008-2009. Las características principales de los ambientes de evaluación se muestran en el Cuadro 2.1. En 2007 las variedades de G1 se sometieron a tratamiento artificial de inducción de la floración en una casa de fotoperiodo; se obtuvieron flores en 13 variedades y se hicieron 27 cruzamientos (CR27) que se evaluaron en CINCAE en el ciclo 2008-2009, y 12 de ellos en otro ensayo (CR12). Además, se estableció otro experimento con los 13 progenitores (PROG) y las variedades Ragnar y ECU-01, en el mismo lote de evaluación. En todos los experimentos se usó el diseño de bloques completos al azar con tres repeticiones. La parcela experimental estuvo constituida por cuatro surcos de 5 m de largo y 1.5 m de separación. La siembra fue manual con esquejes, con una densidad de 12 yemas por metro lineal. En CR12 se obtuvieron esquejes pequeños de plántulas provenientes de semilla sexual, mientras que en CR27 las plántulas se trasplantaron directamente en el campo. En PROG se usaron plántulas provenientes de yemas. En estos dos experimentos se colocaron 11 plantas por surco separadas a 50 cm. La cosecha se efectuó en los meses de julio y agosto, que corresponde a la primera etapa de la cosecha comercial en Ecuador.

En G1 y G2 se tomaron muestras al azar de ocho tallos en los dos surcos centrales a los 8, 10 y 12 meses de edad (cosecha), tanto en caña plantilla (primer corte) como en primera soca (segundo corte).

Los tallos se desfibraron y se obtuvieron los valores de sacarosa aparente (POL), azúcares totales (BRIX), y fibra (FIB), expresados como porcentaje en caña mediante los procedimientos descritos por Fernandes (2003). Además se calculó la pureza (PUR), como el cociente pol/brix en jugo. A la cosecha se registró el peso de los tallos de los dos surcos centrales y se calculó el rendimiento de caña en t ha⁻¹ (TCH). En CR27 y CR12 se tomaron seis plantas al azar y en PROG cuatro, de los surcos centrales. De cada una de ellas se usaron cuatro tallos para obtener los valores de POL, BRIX, FIB y PUR. En estos tres ensayos, las variables se evaluaron solamente a los 12 meses de edad.

Cuadro 2.1. Características de los ambientes de evaluación en la costa de Ecuador. 2006-2009

Experimento	Localidad	Latitud Sur	Longitud Oeste	Altitud (m)	Precipitación media anual (mm)	Fecha siembra	Fecha corte CP	Fecha corte PS
G1	CINCAE	02° 09'	79° 26'	60	1630	07/06	07/07	07/08
G2	San Carlos	02°13'	79°24'	44	1750	07/07	07/08	07/09
G2	Valdez	02° 09'	79° 36'	13	1520	07/07	07/08	07/09
CR27, CR12 y PROG	CINCAE	02° 09'	79° 26'	60	1630	08/08	08/09	-

CP = caña plantilla; PS = primera soca; G1 = Grupo 1; G2 = Grupo 2; CR27 = 27 cruzamientos; CR12 = 12 cruzamientos; PROG = progenitores; CINCAE = Centro de Investigación de la Caña de Azúcar del Ecuador.

Se hizo un análisis de varianza combinado por corte para cada variable, en las diferentes fechas de evaluación. En G1 se confundieron los efectos de corte y de año, en una sola fuente de variación, corte-año. El modelo lineal usado para el análisis fue: $Y_{ijk} = \mu + R_j + V_i + RV_{ji} + C_k + RC_{jk} + VC_{ik} + E_{ijk}$, donde Y_{ijk} = observación de la variedad i en la repetición j y el corte-año k , μ = media general; R_j = efecto de la repetición j ; V_i = efecto de la variedad i , RV_{ji} = efecto de interacción entre la repetición j y la variedad i (Error 1); C_k = efecto del corte-año k , RC_{jk} = efecto de interacción entre la repetición j y el corte-año k (Error 2); VC_{ik} = efecto de interacción entre la variedad i y el corte-año k , E_{ijk} = error experimental (Error 3). Para la estimación de los componentes de varianza, todos los efectos fueron considerados aleatorios y no se consideraron los efectos de corte-año y de la interacción repeticiones x corte-año (Cuadro 2.2), de acuerdo con lo indicado por Cox *et al.* (1990). Para G2 también se hizo la confusión de los efectos de cortes y años y se consideraron los efectos de variedades, corte-año y repeticiones como aleatorios, mientras que el efecto de localidades fue considerado fijo. El modelo lineal usado para el análisis fue: $Y_{ijkl} = \mu + L_l + R_{j(l)} + V_i + VL_{il} + RV_{j(l)i} + C_k + CL_{kl} + RC_{j(k)l} + VC_{ik} + VCL_{ikl} + E_{ijkl}$, donde Y_{ijkl} = observación de la variedad i en la repetición j en el corte-año k y en la localidad l ; μ = media general; L_l = efecto de la

localidad l ; $R_{j(l)}$ = efecto de la repetición j dentro de la localidad l (Error 1); V_i = efecto de la variedad i , VL_{il} = efecto de la interacción de la variedad i y la localidad l ; RV_{jil} = efecto de interacción entre la repetición j y la variedad i dentro de la localidad l (Error 2); C_k = efecto del corte-año k , CL_{kl} = efecto de la interacción corte-año k con la localidad l ; $RC_{jk(l)}$ = efecto de interacción entre la repetición j y el corte-año k dentro de la localidad l (Error 3); VC_{ik} = efecto de interacción entre la variedad i y el corte-año k , VCL_{ikl} = efecto de interacción entre la variedad i , el corte-año k y la localidad l , E_{ijk} = error experimental. Los componentes de varianza (Cuadro 2.2), se estimaron para todos los efectos que involucraban variedades (Jackson y McRae, 1998). En los dos grupos, los errores estándar de los componentes se calcularon de acuerdo con Becker (1986). La heredabilidad en sentido amplio (H^2): para G1 se obtuvo con base en los valores medios de dos años y tres repeticiones; mientras que para G2 se usaron los valores medios de dos localidades, dos años y tres repeticiones (Holland *et al.*, 2003). La comparación de medias se hizo con la prueba de Tukey ($P \leq 0.05$) y se probó el ajuste de las tres medidas (8, 10, 12 meses) de cada variable, al modelo de regresión lineal simple (RLS). Se utilizó el paquete estadístico InfoStat (Di Rienzo *et al.*, 2009).

Cuadro 2.2 Esperanzas de cuadrados medios de los análisis de varianza para dos grupos de variedades (G1 y G2), cruzamientos (CR27 y CR12) y progenitores (PROG). CINCAE, Guayas, Ecuador. 2006-2009.

FV	G1	FV	G2
Variedades (Var)	$\sigma_e^2 + c\sigma_{e1}^2 + r\sigma_{CV}^2 + rc\sigma_V^2 \dagger$	Variedades (Var)	$\sigma_e^2 + c\sigma_{e2}^2 + rcl\sigma_V^2$
Error 1	$\sigma_e^2 + c\sigma_{e1}^2$	Var x Localidad	$\sigma_e^2 + c\sigma_{e2}^2 + rc\sigma_{VL}^2$
Error 2	$\sigma_e^2 + v\sigma_{e2}^2$	Error 2	$\sigma_e^2 + c\sigma_{e2}^2$
Var. x Corte-año	$\sigma_e^2 + r\sigma_{CV}^2$	Var. x Corte-año	$\sigma_e^2 + rl\sigma_{VC}^2$
Error experimental	σ_e^2	Var. x Corte-a x Loc.	$\sigma_e^2 + r\sigma_{VCL}^2$
		Error experimental	σ_e^2
	CR27 y CR12		PROG
Cruzamientos	$\sigma_w^2 + m\sigma_e^2 + rm\sigma_f^2$	Progenitores	$\sigma_w^2 + m\sigma_e^2 + rm\sigma_{PM}^2$
Error experimental	$\sigma_w^2 + m\sigma_e^2$	Error experimental	$\sigma_w^2 + m\sigma_e^2$
Individuos dentro de cruzamientos	σ_w^2	Individuos dentro de variedades	σ_w^2

FV = fuente de variación; G1 = Grupo 1; G2 = Grupo 2; CR27 = 27 cruzamientos; CR12 = 12 cruzamientos; PROG = progenitores; C = número de corte-año; r = número de repeticiones; v = número de variedades; l = número de localidades; m = número de muestras. †Componentes de varianza (σ^2) para variedades (v); corte-año x variedades (cv); variedades x localidades (vl); variedades x corte-año x localidades (vcl); de familias (f); del progenitor medio (PM); error 1 (e1); error 2 (e2); error experimental (e); y entre plantas dentro de familias (w).

Para CR27 y CR12, el análisis de varianza de cada variable se realizó por separado de PROG, bajo el supuesto de un modelo aleatorio. En este ensayo no se incluyeron en el análisis las variedades Ragnar y ECU-01. Los componentes de varianza fueron estimados a partir de los cuadrados medios esperados y se

muestran en el Cuadro 2.2. Se calculó la heredabilidad en sentido estrecho (h^2), mediante la regresión progenie progenitor medio (b_{pPM}) y los estimadores de la varianza aditiva, $\sigma_A^2 = b_{pPM} \times \sigma_F^2$, y de dominancia, $\sigma_D^2 = 4(\sigma_F^2 - \frac{1}{2}\sigma_A^2)$, donde la varianza fenotípica $\sigma_F^2 = 2 \times \sigma_{pM}^2$ (Falconer y Mackay, 1996). Los errores estándar de las varianzas aditiva y de dominancia se estimaron como una función lineal de las varianzas involucradas en su cálculo, suponiendo que éstas son independientes (Olofsson, 2005).

RESULTADOS Y DISCUSIÓN

Grupo 1

Las varianzas del error en todas las características evaluadas fueron más importantes y superiores a la varianza de variedades, con excepción de PUR a los 8 meses (Cuadro 2.3).

Cuadro 2.3. Componentes de varianza, errores estándar (\pm) y heredabilidad en sentido amplio, para POL, BRIX, PUR y FIB en tres fechas de evaluación para 20 variedades de caña de azúcar (G1). CINCAE, Guayas, Ecuador. 2006-2008.

Comp.†	POL (%)			BRIX (%)			PUR (%)			FIB (%)		
	8	10	12	8	10	12	8	10	12	8	10	12
σ_V^2	1.14	0.82	0.56	0.66	0.54	0.48	24.39	5.92	2.98	0.66	0.76	0.16
	± 0.45	± 0.31	± 0.31	± 0.27	± 0.21	± 0.26	± 9.53	± 2.38	± 1.52	± 0.35	± 0.54	± 0.18
σ_{e1}^2	0.35	-0.08	0.58	0.22	-0.02	0.46	6.55	-0.59	0.50	0.13	0.37	-0.10
	± 0.21	± 0.15	± 0.31	± 0.14	± 0.10	± 0.25	± 3.79	± 1.37	± 1.22	± 0.17	± 0.24	± 0.12
σ_{e2}^2	0.07	-0.06	0.05	0.03	-0.02	0.03	1.72	-0.65	0.53	-0.03	0.12	-0.02
	± 0.09	± 0.01	± 0.10	± 0.05	± 0.02	± 0.06	± 1.95	± 0.01	± 0.73	± 0.02	± 0.14	± 0.03
σ_{vc}^2	0.02	-0.12	0.00	0.02	-0.04	0.00	1.64	-0.53	0.23	0.45	1.25	0.46
	± 0.13	± 0.12	± 0.17	± 0.09	± 0.09	± 0.13	± 2.65	± 1.22	± 1.09	± 0.26	± 0.53	± 0.27
σ_e^2	1.21	1.54	1.62	0.79	0.94	1.29	20.84	13.44	9.93	1.23	1.41	1.27
	± 0.27	± 0.34	± 0.36	± 0.18	± 0.21	± 0.29	± 4.66	± 3.01	± 2.22	± 0.28	± 0.32	± 0.28
σ_F^2	1.56	0.94	1.14	0.93	0.66	0.93	32.82	7.28	5.26	1.14	1.86	0.54
	± 0.59	± 0.50	± 0.60	± 0.36	± 0.32	± 0.48	± 11.74	± 4.24	± 3.23	± 0.54	± 0.86	± 0.45
H^2 ††	0.73	0.87	0.49	0.72	0.82	0.51	0.74	0.81	0.57	0.58	0.41	0.30
	± 0.07	± 0.04	± 0.10	± 0.08	± 0.06	± 0.10	± 0.07	± 0.06	± 0.10	± 0.10	± 0.11	± 0.10

† Componentes de varianza (σ^2) para variedades (v); error 1 (e_1); error 2 (e_2); variedad x corte-año (vc); error (e); y varianza fenotípica (F).

Heredabilidad en sentido amplio (H^2), para una localidad, dos cortes(c) y tres repeticiones (r). †† $H^2 = \frac{\sigma_V^2}{\sigma_V^2 + \frac{\sigma_{e1}^2}{r} + \frac{\sigma_{e2}^2}{r} + \frac{\sigma_{vc}^2}{c} + \frac{\sigma_e^2}{rc}}$

La varianza genética presentó una tendencia a disminuir a medida que aumentó la edad al corte en todas las características, con excepción de FIB. Esto indica que se puede discriminar de una mejor manera entre genotipos para POL, BRIX y PUR, mientras más temprano se realice la evaluación. Similares resultados fueron reportados por Cox *et al.* (1990), Cox *et al.* (1998) y Jackson y Morgan (2003).

La interacción variedades x corte-año no fue significativa en los análisis de varianza, y su componente no fue importante; esto coincide con los reportes de Milligan *et al.* (1990), Cox *et al.* (1990) y Gravois y Milligan (1992), quienes indican que la interacción más importante es la genética x ambientes. Los estimadores de heredabilidad presentaron valores de medios a altos, entre 0.49 y 0.87 para POL, de 0.51 a 0.82 en BRIX, entre 0.57 y 0.81 en PUR y de 0.30 a 0.58 para FIB; estos valores son similares a los observados en los estudios de Cox *et al.* (1990), Milligan *et al.* (1990) y Milligan *et al.* (2003).

Los promedios de POL de las 20 variedades de G1 a los 8 y 12 meses (Cuadro 2.4), confirman que en la evaluación temprana se observa con facilidad las diferencias entre genotipos. Las variedades BJ65152 (11.40 %) y CP57-536 (9.82 %) presentaron los valores más altos y diferentes que las demás ($P \leq 0.05$), a los 8 meses; el testigo Ragnar mostró un promedio de 8.33 %. A la cosecha no se observaron diferencias entre genotipos.

Cuadro 2.4. Promedios de POL a los 8 y 12 meses de edad, pendiente (β) y ajuste al modelo de regresión lineal simple, y promedios de rendimiento de caña (TCH), para 20 variedades de caña de azúcar (G1). CINCAE, Guayas, Ecuador. 2006-2008.

Variedad	POL8 (%)	POL12 (%)	β	PrCb.	R ²	TCH
Amarillat	9.40 a-c	12.05 ab	0.66	0.28	0.28	138.8
B74224	8.83 a-d	12.30 ab	0.88	0.05	0.67	99.6
B75469	9.08 a-d	11.90 ab	0.70	0.04	0.71	129.6
B75500	8.47 a-d	10.60 ab	0.54	0.36	0.21	86.4
BJ65152†	11.40 a	12.30 ab	0.23	0.42	0.17	157.2
BJ6811	8.52 a-d	11.95 ab	0.86	0.02	0.79	129.8
B74132†	9.38 a-c	14.05 a	1.16	0.02	0.77	142.3
C1051-73†	8.42 a-d	13.30 ab	1.23	0.01	0.84	107.4
OC85-63†	8.58 a-d	12.80 ab	1.06	0.04	0.69	129.8
OC85-92†	8.22 a-d	10.45 ab	0.55	0.18	0.39	104.9
OC87-474†	7.50 b-d	12.15 ab	1.16	0.02	0.76	135.2
OC89-2000†	9.18 a-d	10.35 b	0.29	0.52	0.11	122.3
Cc976†	5.92 d	12.30 ab	1.59	0.00	0.91	132.9
CP57-536†	9.82 ab	11.60 ab	0.44	0.41	0.18	97.4
F 140	9.27 a-d	11.05 ab	0.45	0.33	0.24	98.4
MZC74-275†	7.27 b-d	13.00 ab	1.44	0.03	0.72	128.6
Ragnar (TC)	8.33 a-d	11.70 ab	0.85	0.08	0.59	99.5
B49119 (TBA)†	8.20 a-d	11.30 ab	0.78	0.05	0.67	94.0
C132-81 (TBA)	6.42 cd	11.55 ab	1.29	0.01	0.86	120.7
CR69-177(TBA)†	7.55 b-d	10.20 b	0.39	0.69	0.04	87.4
DSH	3.03	3.65				101.6

POL8 = pol a los 8 meses; POL12 = pol a los 12 meses; TCH = toneladas de caña ha⁻¹; TC = testigo comercial; TBA = testigo de bajo azúcar. † Variedades donde se lograron cruzamientos en 2007. Medias con letras iguales en una columna no son estadísticamente diferentes (Tukey, 0.05). DSH = diferencia significativa honesta.

Al probar el ajuste de la acumulación de sacarosa (POL) al modelo de RLS, 11 variedades presentaron coeficientes de regresión significativos con $R^2 \geq 0.67$; las ocho variedades restantes mostraron un mejor ajuste al modelo cuadrático (datos no presentados). Estos resultados son congruentes con lo reportado por Wagih *et al.* (2004), quienes indicaron que el comportamiento para POL, BRIX y PUR de 24 variedades, es bien descrito por regresiones cuadráticas. La producción de caña (TCH) fue igual estadísticamente en todos los genotipos, pero las variedades BJ65152, CP57-536, Amarilla y B74132 presentaron contenidos de azúcar superiores a la variedad comercial.

Grupo 2

A diferencia de lo observado en G1, las varianzas de variedades en todas las características evaluadas a los 8 y 10 meses, fueron más importantes y superiores a las varianzas del error e interacciones, pero a los 12 meses fueron menores que esos estimadores (Cuadro 2.5).

Cuadro 2.5. Componentes de varianza, errores estándar (\pm) y heredabilidad en sentido amplio (H^2), de POL, BRIX, PUR y FIB en tres fechas de evaluación para 32 variedades de caña de azúcar (G2). CINCAE, Guayas, Ecuador. 2007-2009.

Comp.†	POL (%)			BRIX (%)			PUR (%)			FIB (%)		
	8	10	12	8	10	12	8	10	12	8	10	12
σ_v^2	1.12	1.06	0.59	0.71	0.67	0.49	16.16	9.18	2.74	1.26	1.12	1.38
	± 0.29	± 0.28	± 0.17	± 0.18	± 0.17	± 0.14	± 4.29	± 2.41	± 0.94	± 0.33	± 0.31	± 0.36
σ_{vL}^2	0.16	0.08	0.12	0.14	0.09	0.18	1.85	-0.02	-0.83	0.09	0.07	0.02
	± 0.07	± 0.05	± 0.09	± 0.05	± 0.04	± 0.09	± 1.08	± 0.29	± 0.32	± 0.05	0.08	± 0.04
σ_{e2}^2	0.10	0.04	0.15	0.05	0.02	0.09	2.09	1.09	2.70	0.02	0.01	0.14
	± 0.05	± 0.05	± 0.09	± 0.03	± 0.03	± 0.07	± 0.95	± 0.46	± 0.80	± 0.05	± 0.09	± 0.06
σ_{vC}^2	0.17	0.15	0.09	0.11	0.08	0.04	3.57	1.68	1.27	0.29	0.03	0.15
	± 0.07	± 0.06	± 0.07	± 0.04	± 0.04	± 0.05	± 1.33	± 0.62	± 0.61	± 0.10	± 0.06	± 0.06
σ_{vCL}^2	0.22	0.18	0.16	0.11	0.12	0.18	6.48	1.07	1.99	0.40	-0.13	0.22
	± 0.10	± 0.10	± 0.13	± 0.06	± 0.07	± 0.12	± 2.50	± 0.68	± 1.09	± 0.15	± 0.08	± 0.10
σ_e^2	0.56	0.69	1.15	0.36	0.45	0.96	10.97	5.12	7.35	0.68	1.38	0.61
	± 0.07	± 0.09	± 0.14	± 0.05	± 0.06	± 0.12	± 1.38	± 0.65	± 0.93	± 0.09	± 0.17	± 0.08
σ_F^2	2.34	2.20	2.26	1.48	1.43	1.93	41.12	18.12	15.23	2.73	2.48	2.50
	± 0.33	± 0.32	± 0.30	± 0.21	± 0.21	± 0.26	± 5.51	± 2.72	± 2.01	± 0.39	± 0.38	± 0.39
H^2 ††	0.78	0.82	0.65	0.77	0.81	0.64	0.72	0.82	0.51	0.78	0.89	0.84
	± 0.04	± 0.04	± 0.06	± 0.05	± 0.04	± 0.06	± 0.05	± 0.04	± 0.06	± 0.04	± 0.03	± 0.03

† Componentes de varianza (σ^2) para variedades (v); variedades x localidades (vL); error 2 (e2); variedad x corte-año (vC); variedad x corte-año x localidad (vCL); y error (e). Heredabilidad en sentido amplio (H^2), para dos localidades (l), dos cortes (c) y tres repeticiones (r). †† $H^2 =$

$$\frac{\sigma_v^2}{\sigma_v^2 + \frac{\sigma_{vL}^2}{l} + \frac{\sigma_{e2}^2}{r} + \frac{\sigma_{vC}^2}{c} + \frac{\sigma_{vCL}^2}{rc} + \frac{\sigma_e^2}{rcl}}$$

Al igual que en G1, las varianzas genéticas presentaron la misma tendencia a disminuir a través de las edades de evaluación en todas las características, con excepción de FIB; lo cual refuerza lo indicado anteriormente, en el sentido de que se puede realizar una selección más eficiente de los genotipos para POL, BRIX y PUR, a los 8 meses de edad. Las interacciones variedades x localidad, variedades x corte-año y variedades x corte-año x localidades, no fueron significativas en los análisis de varianza, y sus respectivos componentes de varianza $\sigma_{V_L}^2$, $\sigma_{V_C}^2$ y $\sigma_{V_{CL}}^2$ no fueron importantes. Los estimadores de heredabilidad presentaron nuevamente valores de medios a altos; para POL variaron entre 0.65 y 0.78, en BRIX de 0.64 a 0.77, para PUR entre 0.51 y 0.82 y en FIB de 0.78 a 0.89; estos últimos son ligeramente más altos que los estimadores para G1. Todos los estimadores se encuentran en límites similares a los reportados por Cox *et al.* (1990), Milligan *et al.* (1990), Gravois y Milligan (1992) y Milligan *et al.* (2003).

En la evaluación temprana, las variedades BJ65152 y C85-102 presentaron promedios de POL de 12.73 % y 11.41 %, respectivamente, diferentes a los de las demás ($P \leq 0.05$); el testigo Ragnar mostró un promedio de 8.38 % (Cuadro 2.6). A la cosecha, las variedades PR1059 (14.23 %), B43-62 (14.03 %), CC85-63 (13.93 %), C1051-73 (13.91 %) y SP79-2233 (13.98 %), fueron diferentes a los de las demás variedades ($P \leq 0.05$); la variedad Ragnar alcanzó un promedio de 12.22%. En cuanto al ajuste del modelo de RLS para la acumulación de sacarosa (POL), siete variedades presentaron valores de $R^2 \geq 0.50$; sin embargo, el coeficiente de regresión fue significativo ($P \leq 0.05$) en 29 de los 32 casos. Las variedades restantes mostraron un buen ajuste al modelo cuadrático (datos no presentados). Estos resultados son congruentes con los que encontraron Wagih *et al.* (2004). En producción de caña (TCH), 27 variedades fueron iguales estadísticamente a la variedad testigo Ragnar. En este grupo sobresalieron las variedades BJ65152, C85-102, PR10-28 PR1059, B43-62, CC85-63, C1051-73 y SP79-2233, y la variedad BJ65152 presentó los valores más altos ($P \leq 0.05$) de POL a los 8 meses, en los dos grupos.

Cuadro 2.6. Promedios de POL a los 8 y 12 meses de edad, pendiente (β) y ajuste al modelo de regresión lineal simple, y promedios de rendimiento de caña (TCH), para 32 variedades de caña de azúcar (G2). CINCAE, Guayas, Ecuador. 2007-2009.

Variedad	POL8 (%)	POL12 (%)	β	Prob.	R ²	TCH
Amarilla	10.01 c-g	13.63 a-d	0.90	<0.0001	0.47	109.3 a-c
B4362	10.48 b-f	14.03 ab	0.89	<0.0001	0.45	98.5 a-c
B49119 (TBA)	9.50 d-j	11.27 f	0.44	0.0095	0.18	104.4 a-c
B74132	10.73 b-e	13.81 a-c	0.77	0.0004	0.32	80.9 bc
B74418	9.03 g-k	12.33 a-f	0.83	0.0001	0.38	118.2 a
B75276	10.70 b-e	11.84 d-f	0.29	0.0785	0.09	75.8 bc
B75469	7.59 l	12.01 c-f	1.10	<0.0001	0.47	101.5 a-c
BJ65152	12.73 a	13.21 a-e	0.12	0.5499	0.01	85.6 a-c
BJ6905	8.81 g-l	13.11 a-f	1.08	<0.0001	0.68	92.9 a-c
BRD-8126	9.74 c-i	13.18 a-f	0.86	<0.0001	0.51	98.3 a-c
C1051-73	10.69 b-e	13.91 a-c	0.80	0.0001	0.37	98.9 a-c
C132-81 (TBA)	8.16 j-l	11.40 e-f	0.81	0.0001	0.38	109.7 ab
C1324-74	8.98 g-l	12.06 c-f	0.77	0.0003	0.33	86.4 a-c
C72-74	9.85 c-h	13.50 a-d	0.91	<0.0001	0.52	86.0 a-c
C85-101	10.88 b-d	12.98 a-f	0.53	0.0033	0.23	89.5 a-c
C85-102	11.41 ab	13.32 a-d	0.48	0.0128	0.17	89.4 a-c
C86-12	10.68 b-e	13.46 a-d	0.70	0.0005	0.30	81.3 bc
CC85-63	10.16 b-g	13.92 a-c	0.94	<0.0001	0.41	100.5 a-c
CC85-92	10.11 b-g	12.63 a-f	0.63	0.0018	0.25	108.7 a-c
CC89-2000	9.97 c-g	12.53 a-f	0.64	0.0021	0.25	100.3 a-c
CP57-536	10.77 b-e	12.14 b-f	0.34	0.0842	0.09	85.9 a-c
HJ-5747	9.93 c-g	11.35 e-f	0.35	0.0133	0.17	94.9 a-c
PR-1028	11.01 bc	13.79 a-c	0.70	<0.0001	0.43	72.7 c
PR-1059	10.51 b-f	14.23 a	0.93	<0.0001	0.54	103.2 a-c
Ragnar (TC)	8.38 i-l	12.22 b-f	0.96	<0.0001	0.43	84.1 a-c
SIE-86	8.48 h-l	13.24 a-e	1.19	<0.0001	0.51	90.4 a-c
SP79-2233	9.46 e-k	13.98 ab	1.13	<0.0001	0.61	94.1 a-c
V71-51	8.09 k-l	12.78 a-f	1.17	<0.0001	0.61	96.7 a-c
LH683-153	10.44 b-f	13.25 a-e	0.70	0.0027	0.24	76.9 bc
ECU-01 (TC)	10.20 b-g	13.21 a-e	0.75	0.0014	0.26	98.4 a-c
ECSP2000-179	9.23 f-k	12.49 a-f	0.82	0.0001	0.37	96.5 a-c
ECSP2000-214	9.52 d-j	13.64 a-d	1.03	<0.0001	0.40	98.1 a-c
DSH	1.39	1.91				36.7

POL8 = pol a los 8 meses; POL12 = pol a los 12 meses; TCH = toneladas de caña ha⁻¹; TC = testigo comercial; TBA= testigo de bajo contenido de azúcar. Medias con letras iguales en cada columna no son estadísticamente diferentes (Tukey, 0.05). DSH= diferencia significativa honesta.

Cruzamientos

La varianza entre plantas dentro de familias (σ_w^2) fue la más importante para los cruzamientos CR27 y CR12 (Cuadro 2.7). Esto se debió a que este componente contiene parte de la varianza genética, $\frac{1}{2}\sigma_A^2 +$

$\frac{3}{4}\sigma_D^2$, más varios componentes de varianza epistática que podrían magnificarlo, y varianza ambiental que corresponde a la generada por la competencia entre individuos de la familia (Hogarth, 1977). En el caso de los progenitores este componente no fue importante debido a que sólo contiene la variación ambiental entre plantas que son genéticamente iguales, por lo que los estimadores son menores. Los componentes (σ_w^2) de los 12 cruzamientos sembrados con esquejes (CR12) fueron menores que los de CR27; esto podría deberse a que las plantas que se desarrollan de esquejes son más homogéneas que las que provienen de plántulas, en las que la varianza ambiental se incrementa por la competencia entre plantas (Hogarth, 1977). El componente de varianza del error (σ_e^2) de los 12 cruzamientos fue menor en todos los casos que en los 27 cruzamientos evaluados en plántulas, incluso que los progenitores. En cuanto a la varianza de familias (σ_f^2), la mayor correspondió a PROG debido a que en ella está contenida toda la varianza genética, mientras que en los cruzamientos sólo es una fracción $\frac{1}{2}\sigma_A^2 + \frac{1}{4}\sigma_D^2$ (Hogarth, 1977).

Cuadro 2.7. Componentes de varianza, errores estándar (\pm) de POL, BRIX, PUR y FIB para cruzamientos y progenitores de caña de azúcar con acumulación temprana de sacarosa. CINCAE, Guayas, Ecuador. 2009.

Comp.†	POL			BRIX			PUR			FIB		
	CR27	CR12	PM	CR27	CR12	PM	CR27	CR12	PM	CR27	CR12	PM
$\sigma_f^{2\dagger\dagger}$	0.83	0.26	1.34	0.81	0.22	1.02	2.71	-0.02	4.05	1.08	1.82	1.81
	± 0.30	± 0.15	± 0.56	± 0.27	± 0.12	± 0.44	± 1.26	± 0.20	± 1.69	± 0.36	± 0.75	± 0.75
σ_e^2	0.38	0.11	0.28	0.22	0.07	0.30	3.31	0.44	0.47	0.34	-0.22	0.29
	± 0.16	± 0.10	± 0.12	± 0.11	± 0.08	± 0.12	± 1.16	± 0.46	± 0.34	± 0.16	± 0.08	± 0.13
σ_w^2	2.69	1.51	0.67	2.08	1.19	0.56	16.31	6.84	3.00	2.98	3.06	0.75
	± 0.19	± 0.16	± 0.09	± 0.15	± 0.13	± 0.07	± 1.14	± 0.72	± 0.39	± 0.21	± 0.32	± 0.10

CR27 = 27 cruzamientos; CR12 = 12 cruzamientos; PM = progenitor medio. † Componentes de varianza (σ^2) para cruzamientos o familias (f), error (e), entre plantas dentro de familias (w). †† En PM corresponde a la varianza entre variedades (genética).

Las estimaciones de la varianza de dominancia resultaron con valores más altos que los de la varianza aditiva en todas las características para CR27 (Cuadro 2.8). Los valores de heredabilidad en sentido estrecho fueron bajos para POL (0.231) y BRIX (0.291); mientras que para PUR y FIB fueron negativos (equivalentes a cero). Estos resultados deben considerarse con reserva porque las estimaciones de los componentes σ_w^2 y σ_e^2 resultaron altos debido al tipo de material utilizado en la evaluación (plántulas). En contraparte, en los 12 cruzamientos evaluados en esquejes (CR12), las estimaciones de la varianza aditiva fueron más importantes que los de la varianza de dominancia y los valores de heredabilidad en sentido estrecho se acercaron a los valores en sentido amplio indicados en G1 y G2, y a los reportados en otros estudios ya mencionados, lo que indica que la evaluación de los cruzamientos con material proveniente de esquejes es un sistema adecuado para evaluar eficientemente cruzamientos de caña, tanto por su mayor

precisión como por el ahorro en tiempo, pues en un solo año fue posible obtener pequeños esquejes de plántulas de semilla sexual y sembrar el ensayo de evaluación (CR12). En todos los trabajos aquí citados sobre heredabilidad (Hogarth, 1977; Cox *et al.*, 1990; Singh y Singh, 2004; Wagih *et al.*, 2004), se evaluaron plantas reproducidas por esquejes y generalmente en el segundo año. Con este sistema de reproducción y mediante una selección temprana para POL y BRIX, 8 a 10 meses, se puede reducir la duración del primer estado de selección en un año, en vista que éste se siembra con plántulas de semilla sexual y generalmente tiene una duración de dos años, como ocurre en el CINCAE.

Cuadro 2.8. Componentes de varianza, heredabilidad en sentido estrecho (h^2) y errores estándar (\pm), de POL, BRIX, PUR y FIB de cruzamientos y progenitores de caña de azúcar con acumulación temprana de sacarosa. CINCAE, Guayas, Ecuador. 2009.

Comp.†	POL		BRIX		PUR		FIB	
	CR27	CR12	CR27	CR12	CR27	CR12	CR27	CR12
σ_A^2	0.621	1.340	0.600	1.78	-0.016	1.31	-0.206	7.554
	± 1.607	± 1.441	± 1.305	± 1.369	± 3.522	± 0.825	± 2.228	± 4.061
σ_D^2	2.096	0.658	2.048	-0.222	10.885	0.717	4.717	-11.770
	± 3.431	± 2.944	± 2.825	± 2.782	± 8.661	± 1.834	± 4.683	± 8.658
σ_F^2	2.687	1.762	2.060	1.645	6.893	1.873	3.593	4.463
	± 0.583	± 0.454	± 0.464	± 0.423	± 1.499	± 0.708	± 0.763	± 1.042
h^2	0.231	0.760	0.291	0.721	-0.002	0.466	-0.057	1.128
	± 0.596	± 0.794	± 0.630	± 0.811	± 0.511	± 0.404	± 0.620	± 0.871

CR27 = 27 cruzamientos; CR12 = 12 cruzamientos. † Componentes de varianza (σ^2), aditiva (A), de dominancia (D), fenotípica (F).

CONCLUSIONES

Las variedades BJ65152, CP57-536, Amarilla, B74132, C85-102, PR10-28, PR1059, B43-62, CC85-63, C1051-73 y SP79-2233 presentan contenidos de sacarosa superiores a los de la variedad comercial Ragnar, con rendimientos similares de caña. Por ello podrían usarse como progenitores en un programa de selección recurrente para alto contenido y acumulación temprana de azúcar. La evaluación del POL y BRIX en plantas de caña de 8 meses de edad permite hacer una selección más efectiva de los materiales con altos contenidos y acumulación temprana de sacarosa. La heredabilidad en sentido amplio para POL, BRIX y fibra en caña, fue alta en los grupos G1 y G2 de variedades. Para la determinación de componentes de varianza y estimadores de heredabilidad de cruzamientos de caña, es más apropiado utilizar esquejes en la siembra de ensayos, porque la producción acelerada de esquejes de plántulas jóvenes de semilla sexual permite realizar estimaciones insesgadas de componentes de varianza y heredabilidad, y este sistema puede ser útil para reducir la duración del estado inicial de selección.

AGRADECIMIENTOS

A la Fundación para la Investigación Azucarera del Ecuador (FIADE) por el financiamiento otorgado al presente estudio.

BIBLIOGRAFÍA

- Aitken K S, P A Jackson, C L McIntyre (2006)** Quantitative trait loci identified for sugar related traits in a sugarcane (*Saccharum spp.*) cultivar x *Saccharum officinarum* population. *Theoretical and Applied Genetics* 112:1306-1317.
- Becker W A (1986)** Manual of Quantitative Genetics. Fourth edition. Academic Enterprises Pullman, Washington, USA. 174p.
- Cox M C, D M Hogarth, R T Mullins (1990)** Clonal evaluation of early sugar content. *Proceedings of Australian Society of Sugar Cane Technologists* 12:90-98.
- Cox M C, D R Ridge, B Hussey (1998)** Optimum time of harvest for high early-CCS sugar varieties. *Proceedings of Australian Society of Sugar Cane Technologists* 20:218-223.
- Di Rienzo J A, F Casanoves, M G Balzarini, L González, M Tablada, C W Robledo (2009)** InfoStat versión 2009. Grupo InfoStat, FCA, Universidad Nacional de Córdoba, Argentina.
- Falconer D S, T F S Mackay (1996)** Introduction to Quantitative Genetics. Fourth Edition. Ed. Longman. England. 464 p.
- Fernandes A C (2003)** Cálculos na agroindústria da cana-de-açúcar. 2 ed. Sociedade dos Técnicos Açucareiros e Alcooleiros do Brasil. Piracicaba, São Paulo, Brasil. 240 p.
- Gravois K A, S B Milligan (1992)** Genetic relationships between fiber and sugarcane yield components. *Crop Science* 32:62-67.
- Hogarth D M (1977)** Quantitative inheritance studies in sugarcane. III. The effect of competition and violation of genetic assumptions on estimation of genetic variance components. *Australian Journal of Agricultural Research* 28:257-268.
- Holland J B, W E Nyquist, C T Cervantes-Martínez (2003)** Estimating and interpreting heritability for plant breeding: an update. *In: Plant Breeding Reviews*, Volume 22. J Janick (ed). John Wiley & Sons, Hoboken, New Jersey, USA. pp:9-112.
- Jackson P A (2005)** Breeding for improved sugar content in sugarcane. *Field Crops Research* 92:277-290.
- Jackson P A, T A McRae (1998)** Gains from selection of broadly adapted and specifically adapted sugarcane families. *Field Crops Research* 59:151-162.

- Jackson P A, T E Morgan (2003)** Early stage selection for commercial cane sugar (CCS) in sugarcane clones: effects of time of sampling and irrigation. *Australian Journal of Agricultural Research* 54:389-396.
- Milligan S B, M Balzarini, W H White (2003)** Broad-sense heritabilities, genetic correlations, and selection indices for sugarcane borer resistance and their relation to yield loss. *Crop Science* 43:1729–1735.
- Milligan S B, K A Gravois, K P Bischoff, F A Martin (1990)** Crop effects on broad-sense heritabilities and genetic variances of sugarcane yield components. *Crop Science* 30:344-349.
- Olofsson P (2005)** *Probability Statistics and Stochastic Processes*. John Wiley and Sons. Hoboken, New Jersey. 486 p.
- Singh R K, S B Singh (2004)** Breeding strategies for commercially elite early maturing varieties of sugarcane (*Saccharum* Species Complex). *Sugar Tech* 6:89-92.
- Wagih M E, A Ala, Y Musa (2004)** Evaluation of sugarcane varieties for maturity earliness and selection for efficient sugar accumulation. *Sugar Tech* 6:297-304.

III. VARIACIÓN DE LOS PARÁMETROS GENÉTICOS PARA ALTO CONTENIDO DE SACAROSA EN CAÑA DE AZÚCAR

VARIATION OF THE GENETIC PARAMETERS FOR HIGH SUCROSE CONTENT IN SUGARCANE

Edison Silva Cifuentes¹, Fernando Castillo González^{1*}, José D. Molina Galán¹, Ignacio Benítez Riquelme¹, Amalio Santacruz Varela¹, Raúl Castillo Torres² y Carlos Flores Revilla³

¹ Colegio de Postgraduados, Programa de Recursos Genéticos y Productividad. km 36.5 Carr. México-Texcoco. C.P. 56230, Montecillo, Texcoco, Edo. de México. Tel. 01(595) 952-0200, Fax. 01(595) 952-0262. ²Centro de Investigación de la Caña de Azúcar del Ecuador. Av. Constitución 100 y Av. Joaquín Orrantía. Guayaquil, Ecuador. Tel 00(593) 85164222. ³Cámara Nacional de las Industrias Azucarera y Alcohólera - Centro de Investigación y Desarrollo de la Caña de Azúcar. Km. 17.5 Carr. Tapachula - Talismán. C. P. 30870, Tuxtla Chico, Chiapas, México. Tel 01 (55) 5062-1380. Tapachula, Chiapas.

* Autor para correspondencia (fcastill@colpos.mx)

RESUMEN

El conocimiento de la estructura de la variación genética de una población y el entendimiento de la importancia de la interacción genético-ambiental, permiten estimar el progreso esperado por diferentes métodos de selección, definir índices efectivos y determinar la metodología más adecuada para incrementar la eficiencia de un programa de mejoramiento genético. En caña de azúcar (*Saccharum* spp.), el contenido de sacarosa y el rendimiento de caña son las características más importantes en el mejoramiento genético. Fue sobre estas bases que el presente trabajo tuvo como objetivo estimar la variación genética del contenido de sacarosa de 13 variedades progenitoras (PROG) y dos grupos de cruzamientos: 27 (CR27) y 12 (CR12) en primera soca del primer estado de selección, así como comparar estos resultados con aquellos obtenidos en caña plantilla y en el segundo estado de selección (PROG//, CR27// y CR12//). Se evaluaron la sacarosa aparente, azúcares totales, pureza y fibra a los 12 meses de edad en todos los ensayos. En PROG, las varianzas de variedades fueron las más importantes en todas las características evaluadas. Los estimadores de heredabilidad en sentido amplio presentaron valores superiores a 0.7 similares a los reportados en otros estudios. La varianza entre plantas dentro de cruza (σ_w^2) fue la más importante para los cruzamientos CR27, CR12, CR27// y CR12//. Los estimadores de heredabilidad en sentido estrecho fueron bajos en CR27, mientras que en CR12 fueron altos y similares a aquellos obtenidos en caña plantilla; esto refuerza la afirmación de que la producción acelerada de esquejes pequeños derivados de plantas de semilla sexual, es un sistema adecuado para evaluar eficientemente cruzamientos de caña en el primer estado de selección, tanto por su mayor precisión en estudios genéticos, como por el ahorro en tiempo que significaría usarlos en ese estado de selección.

Palabras clave: *Saccharum* spp., caña plantilla, contenido alto de sacarosa, parámetros genéticos, estado de selección

SUMMARY

The knowledge of the genetic structure of a population and the understanding of the importance of the genetic-environment interaction allow the estimation of the expected progress through different selection methods, the definition of effective selection indices and the determination of the most appropriate methodology to apply in order to increase the efficiency of a breeding program. In sugarcane (*Saccharum* spp.) the sucrose content and cane yield are the most important characteristics for genetic improvement programs. Thus, the objective of this study was to determine the variation of genetic parameters for sucrose content of 13 parental varieties (PROG) and two groups of crosses: 27 (CR27) and 12 (CR12) at first ratoon of the first stage of selection in comparison with those obtained from plant crop and in plant cane of the second stage of selection (PROG//, CR27// and CR12//). Apparent sucrose content, total sugars, purity and fiber were evaluated at 12 months in all trials. The variances among varieties for all the evaluated characteristics were the most important and the estimates of broad sense heritability presented values superior to 0.7, similar to those reported in other studies. The variance among plants within families (σ_w^2) was the most important for crosses CR27 and CR12 as well as for CR27// and CR12//. Estimates of narrow sense heritability were low for CR27 while for CR12 were higher and similar to those obtained in plant cane, which reinforces the claim that the accelerated production of small sets derived from seedlings, is an adequate system to efficiently evaluate sugarcane crosses at the first stage of selection, because of both increased the accuracy for genetic studies, besides the time savings that would imply the use of them in this stage of selection.

Index words: *Saccharum* spp., plant cane, high sucrose content, genetic parameters, selection stage

INTRODUCCIÓN

El desarrollo de variedades con rendimientos altos de azúcar mediante el incremento del contenido de sacarosa, es uno de los objetivos principales de los programas de mejoramiento genético de caña de azúcar (*Saccharum* spp.). Con el uso de este tipo de variedades se puede incrementar la rentabilidad de manera significativa (Jackson, 2005; Aitken *et al.*, 2006). El conocimiento de la estructura genética de la población en términos de los efectos aditivos de sus genes y de su interacción (dominancia), así como de la interacción genético-ambiental permite incrementar la eficiencia de un programa de mejoramiento, ya que es posible diseñar planes, estimar índices precisos y realizar predicciones propias para esa población (Milligan *et al.*, 1990). Los contenidos de sacarosa aparente (Pol), azúcares totales (Brix) y relación entre el contenido de sacarosa y azúcares totales en jugo (Pureza), constituyen la información básica para la estimación del rendimiento de azúcar. Estos atributos representan una alta proporción de la varianza genética bajo control genético aditivo; además, las heredabilidades en sentido amplio y estrecho de dichos atributos son altas y no son afectadas substancialmente por los efectos de competencia en pequeñas parcelas (Cox *et al.*, 1990; Singh y Singh, 2004; Wagih *et al.*, 2004; Silva *et al.*, 2011). Asimismo, estudios con el uso de marcadores moleculares para la determinación de QTLs, han demostrado que el contenido de azúcar está determinado por un alto número de loci cuyos genes tienen efectos pequeños (Aitken *et al.*, 2006). Este tipo de acción génica apoya a la selección recurrente como una de las metodologías más apropiadas para el mejoramiento genético de la caña de azúcar (Bressiani *et al.* 2006).

A pesar de la ventaja en rentabilidad que muestran las variedades con alto contenido de sacarosa y de la alta heredabilidad que presenta el contenido de azúcar, se ha observado un avance mínimo en el mejoramiento para este carácter en varios programas de mejoramiento; este es el caso de Australia, donde en los últimos 40 años no se ha observado un incremento importante para esta característica. Jackson (2005) menciona como causas posibles de tal hecho las siguientes: se ha aplicado un peso insignificante al contenido de azúcar en comparación con el rendimiento de caña en la elección de progenitores y en los índices selección aplicados a las progenies. También señala que en los cultivares del presente, posiblemente los alelos más favorables para contenido de azúcar ya están fijos y generalmente contribuyen o correlacionan negativamente con la producción de caña. Indica también que posiblemente en el mejoramiento de la caña de azúcar se haya alcanzado un "cuello de botella" debido al uso de un número pequeño de clones progenitores originales en el desarrollo de las variedades modernas, comparado con la gran diversidad genética que existe en el género *Saccharum*, escenario analizado en los

trabajos de Roach (1989) y Berding *et al.* (1998). Si bien los mejoradores siguen encontrando ganancias genéticas importantes para rendimiento de caña mediante el cruzamiento entre variedades modernas, pocos esfuerzos se han realizado para introducir nueva variabilidad genética a partir de fuentes como: *S. officinarum* y *S. spontaneum*, debido a que existen muchos problemas en ese proceso, tales como la incorporación de alelos desfavorables y el tiempo que demanda la introgresión. Esta situación ha cambiado en los últimos cinco años, realizándose varios trabajos de introgresión de germoplasma especialmente de *S. spontaneum* y del género *Erianthus* (Wang *et al.*, 2008; Jackson *et al.*, 2010; Sundaram *et al.*, 2010).

Para lograr ganancias genéticas significativas para alto contenido de azúcar, Jackson (2005) sugiere seleccionar progenitores de manera apropiada, el diseño de cruas entre progenitores diversos para estimar los parámetros genéticos de variancia genética aditiva, heredabilidad y correlaciones genéticas entre rendimiento de caña, contenido de azúcar y otras características importantes.

La mayoría de programas de mejoramiento de caña de azúcar operan basándose en un sistema general de selección recurrente; se realizan cruzamientos entre progenitores que han sido seleccionados tanto por su comportamiento sobresaliente como por su capacidad de producir progenies élite en el pasado. Las progenies se incorporan a un sistema de selección de varios estados (3 a 7), donde los principales criterios de discriminación son generalmente rendimiento de caña, contenido de azúcar y resistencia a enfermedades. En la siembra del primer estado de selección se usan plántulas provenientes de semilla sexual y se evalúan por dos cortes y a partir del segundo estado la reproducción es clonal evaluándose por más de un corte en cada uno de ellos (Skinner *et al.*, 1987). En este contexto Jackson (2005) menciona que un programa de mejoramiento para alto contenido de sacarosa debería basarse en un esquema de selección recurrente con un intervalo generacional corto. En el programa de mejoramiento genético del Centro de Investigación de la Caña de Azúcar del Ecuador (CINCAE) se ha planteado desarrollar una población con alto contenido de azúcar, Silva *et al.* (2011) identificaron progenitores con contenidos altos y tempranos de azúcar y determinaron los parámetros genéticos para estas características en dos grupos de cruzamientos evaluados en caña plantilla, siendo necesario estudiar la solidez de estas estimaciones a través de los cortes y diferentes estados de selección. En este contexto, los objetivos del presente trabajo fueron estudiar la varianza genética y sus componentes así como la heredabilidad en sentido estrecho del alto contenido de sacarosa en primera soca y valorar la consistencia en la estimación de estos parámetros genéticos a través de los cortes y años de evaluación.

MATERIALES Y MÉTODOS

En el 2008 se estableció un experimento (PROG) con 11 variedades de alto contenido de sacarosa más dos de bajo contenido (Silva *et al.*, 2011), y las variedades Ragnar y ECU-01 como testigos, usando plántulas provenientes de yemas. Además, se sembró un experimento con 27 cruzamientos (CR27), obtenidos de cruzar las variedades de alto y bajo contenido de sacarosa en el primer estado de selección (Estado I), usando plántulas provenientes de semilla sexual. Con 12 cruzamientos de CR27 se formó otro ensayo (CR12), empleando esquejes pequeños obtenidos de las plántulas derivadas de semilla sexual. En todos los ensayos se usó el diseño de bloques completos al azar con tres repeticiones y la parcela experimental estuvo constituida por cuatro surcos de 5 m de largo y 1.5 m de ancho, con 11 plántulas por surco.

En el 2009 se establecieron experimentos con los 27 (CR27//) y 12 (CR12//) cruzamientos en el segundo estado de selección (Estado II), también conocido como primer estado de selección clonal. Se utilizaron 18 clones tomados al azar por cada cruzamiento. Conjuntamente se estableció otro ensayo con los 13 progenitores y los dos testigos (PROG//). En todos los experimentos se utilizó el diseño de bloques completos al azar con tres repeticiones. Se evaluaron seis clones en cada repetición, sembrados cada uno de ellos en un surco de 3 m de largo. La siembra de los ensayos fue manual con esquejes a la densidad de 12 yemas m⁻¹. Todos los experimentos se evaluaron en CINCAE, ubicado a 02° 09' de latitud Sur y 79° 26' de longitud Oeste, a una altitud de 60 msnm y una precipitación pluvial promedio anual de 1630 mm.

Para la toma de datos en los experimentos CR27 y CR12 se realizó en los surcos centrales a los 12 meses de edad en seis plantas al azar y en cuatro en PROG. De cada planta se usaron cuatro tallos tanto en caña plantilla como en primera soca. En los ensayos CR27//, CR12// y PROG// se obtuvieron muestras de seis tallos de cada surco a los 12 meses de edad en caña plantilla. Los tallos así tomados, se desfibraron y se obtuvieron los valores de sacarosa aparente (POL), azúcares totales (BRIX), y fibra (FIB), expresados como porcentaje en caña mediante los procedimientos descritos por Fernandes (2003). Además se calculó la pureza (PUR), que es la relación entre POL y BRIX en jugo.

En PROG se realizó un análisis de varianza combinado por cortes para el promedio de parcela de cada variable, utilizando la información generada por Silva *et al.* (2011) en la caña plantilla. Se confundieron los efectos de corte y de año en una sola fuente de variación, corte-año. El modelo lineal usado para el análisis fue el siguiente: $Y_{ijk} = \mu + R_j + V_i + RV_{ji} + C_k + RC_{jk} + VC_{ik} + E_{ijk}$, donde $Y_{ijk} =$

observación de la variedad i en la repetición j y el corte-año k , μ = media general; R_j = efecto de la repetición j ; V_i = efecto de la variedad i , RV_{ji} = efecto de interacción entre la repetición j y la variedad i (Error 1); C_k = efecto del corte-año k ; RC_{jk} = efecto de interacción entre la repetición j y el corte-año k (Error 2); VC_{ik} = efecto de interacción entre la variedad i y el corte-año k ; E_{ijk} = error experimental (Error 3). Para la estimación de los componentes de varianza, todos los efectos fueron considerados aleatorios y no se consideraron los efectos de corte-año y también de la interacción repeticiones x corte-año (Cuadro 3.1), de acuerdo con lo indicado por Cox *et al.* (1990). Los errores estándar de los componentes de varianza se calcularon de acuerdo con Becker (1986); además, se estimó la heredabilidad en sentido amplio (H^2), se basándose en los valores medios de dos años y tres repeticiones (Holland *et al.*, 2003).

Cuadro 3.1. Esperanza de cuadrados medios de los análisis de varianza para CR27, CR12, PROG, CR27II, CR12II y PROGII. CINCAE, Guayas, Ecuador, 2009-2010.

Fuente de Variación	PROG†	CR27, CR12, PROG, CR27II, CR12II y PROGII	
Variedades (Var.)	$\sigma_e^2 + c\sigma_{e1}^2 + r\sigma_{cv}^2 + rc\sigma_v^2$	Cruzamientos/Progenitores††	$\sigma_w^2 + m\sigma_e^2 + rm\sigma_f^2$
Error 1	$\sigma_e^2 + c\sigma_{e1}^2$	Error Experimental	$\sigma_w^2 + m\sigma_e^2$
Error 2	$\sigma_e^2 + v\sigma_{e2}^2$	Individuos dentro de cruzamientos/Variedades	σ_w^2
Var. x Corte-año	$\sigma_e^2 + r\sigma_{cv}^2$		
Error Experimental	σ_e^2		

CR27= 27 cruzamientos, CR12= 12 cruzamientos, PROG = progenitores. c= número de corte-año, r= número de repeticiones, v= número de variedades, m= número de muestras. †Componentes de varianza (σ^2) para variedades (v), corte-año x variedades (cv), de familias (i), error 1 (e_1), error 2 (e_2), error experimental (e) y entre plantas dentro de familias/variedades (w). ††Corresponde al progenitor medio (PM).

Para CR27, CR12, CR27II y CR12II, el análisis de varianza de cada variable, suponiendo un modelo aleatorio, se realizó por separado de PROG y PROGII, respectivamente. En estos ensayos no se incluyeron en el análisis las variedades Ragnar y ECU-01. Los componentes de varianza fueron estimados a partir de los cuadrados medios esperados. Se calculó la heredabilidad en sentido estrecho (h^2) para CR27 y CR12, mediante la regresión progenie-progenitor medio (b_{pFM}) y los estimadores de la varianza aditiva, $\sigma_A^2 = b_{pFM} \times \sigma_F^2$, y de dominancia, $\sigma_D^2 = 4(\sigma_F^2 - \frac{1}{2}\sigma_A^2)$, donde la varianza fenotípica se obtuvo como: $\sigma_F^2 = 2 \times \sigma_{PM}^2$ (Falconer y Mackay, 1996). Los errores estándar de las varianzas aditiva y de dominancia se estimaron como una función lineal de las varianzas involucradas en su cálculo, suponiendo que éstas son independientes (Olofsson, 2005).

RESULTADOS Y DISCUSIÓN

PROG, CR27 y CR12, primera soca

Los parámetros genéticos estimados para los dos grupos de cruzamientos (CR27 y CR12) y progenitores (PROG) con base en los datos de la caña plantilla fueron reportados por Silva *et al.* (2011). Los componentes de varianza, errores estándar y H^2 del contenido de azúcar para PROG en los dos cortes se presentan en el Cuadro 3.2. Las varianzas de variedades para todas las características evaluadas fueron las más importantes, con excepción de PUR donde la varianza del error fue la de mayor magnitud. La interacción variedades x corte-año no fue significativa ($P > 0.05$) y su componente no fue importante; la estabilidad en el contenido de azúcar de los progenitores está de acuerdo con lo indicado por Silva *et al.* (2011) al evaluar dos grupos de variedades con alto contenido de azúcar a través de dos cortes. En la misma dirección de estabilidad están los reportes de Milligan *et al.* (1990), Cox *et al.* (1990) y Gravois y Milligan (1992). Los estimadores de heredabilidad en sentido amplio presentaron valores altos, de 0.84 para POL, 0.73 en BRIX, 0.72 para PUR y 0.81 en FIB, los cuales son similares a los observados en el grupo 1 de variedades (G1) evaluados por Silva *et al.* (2011) ya los obtenidos en los estudios de Cox *et al.* (1990), Milligan *et al.* (1990) y Milligan *et al.* (2003).

Cuadro 3.2. Componentes de varianza, errores estándar (\pm) y heredabilidad en sentido amplio, de sacarosa aparente (POL), azúcares totales (BRIX), pureza (PUR) y fibra en caña (FIB) para 13 variedades (PROG) en dos cortes. CINCAE, Guayas, Ecuador, 2009.

Comp.†	POL	BRIX	PUR	FIB
σ_V^2	1.137 (± 0.486)	1.007 (± 0.441)	3.377 (± 1.629)	1.892 (± 0.795)
σ_{e1}^2	0.205 (± 0.112)	0.235 (± 0.101)	0.365 (± 0.914)	0.285 (± 0.285)
σ_{e2}^2	0.002 (± 0.023)	0.112 (± 0.093)	0.022 (± 0.335)	0.082 (± 0.079)
σ_{Vc}^2	0.027 (± 0.060)	0.077 (± 0.062)	-0.330 (± 0.614)	0.103 (± 0.088)
σ_e^2	0.400 (± 0.111)	0.260 (± 0.072)	5.860 (± 1.625)	0.390 (± 0.108)
σ_F^2	2.925 (± 1.084)	2.251 (± 0.686)	15.893 (± 6.069)	2.855 (± 0.831)
H^2 ††	0.836 (± 0.107)	0.731 (± 0.106)	0.717 (± 0.096)	0.806 (± 0.086)

† Componentes de varianza (σ^2) para variedades (V), error 1 (e_1), error 2 (e_2), variedad x corte-año (Vc), error (e) y varianza fenotípica (F). †† Heredabilidad en sentido amplio, para una localidad, dos cortes y tres repeticiones.

En el Cuadro 3.3 se presentan los componentes de varianza y errores estándar de las variables evaluadas, para los cruzamientos y progenitores en primera soca. Para todas las variables que miden el contenido de azúcar, la varianza entre plantas dentro de familias (σ_w^2) fue la más importante para todos los cruzamientos, CR27 y CR12; esto se debió a que dicho componente contiene parte de la varianza

genética, $\frac{1}{2}\sigma_A^2 + \frac{3}{4}\sigma_D^2$, más varios componentes de varianza epistática, y varianza ambiental que corresponde a la generada por la competencia entre individuos de la familia (Hogarth, 1977). Los componentes (σ_w^2) de CR12 fueron menores que los de CR27; esto podría deberse a que las plantas que se desarrollaron de esquejes son más vigorosas y homogéneas que las que provienen de plántulas en caña plantilla, característica que se mantiene hasta la primera soca. Lo contrario ocurrió con el componente de varianza del error (σ_e^2) que fue mayor en todos los casos en CR27 que en CR12 e incluso a los progenitores; la excepción fue nuevamente en PUR. En cuanto a la varianza entre familias (σ_f^2), la mayor correspondió a PROG, debido a que en ella está contenida toda la varianza genética, mientras que en los cruzamientos sólo una parte, $\frac{1}{2}\sigma_A^2 + \frac{1}{4}\sigma_D^2$ (Hogarth, 1977); resultados similares fueron reportados por Silva *et al.* (2011) para el caso de la caña plantilla. En los análisis de varianza combinados de los dos cortes en CR27 y CR12 (datos no presentados), no se detectó significancia estadística para la interacción cruzamientos x año-corte en todas las variables, resultados que corroboran el comportamiento similar observado de los componentes de varianza a través de caña plantilla y primera soca.

Cuadro 3.3. Componentes de varianza, errores estándar (\pm) de sacarosa aparente (POL), azúcares totales (BRIX), pureza (PUR) y fibra en caña (FIB) para cruzamientos y progenitores en primera soca. CINCAE, Guayas, Ecuador, 2009.

Compt	POL			BRIX			PUR			FIB		
	CR27	CR12	PROG	CR27	CR12	PROG	CR27	CR12	PROG	CR27	CR12	PROG
$\sigma_f^{2\dagger\dagger}$	0.73	0.37	0.99	0.63	0.28	1.13	1.65	0.47	2.01	0.56	2.00	2.21
	± 0.30	± 0.32	± 0.47	± 0.24	± 0.26	± 0.50	± 1.60	± 0.86	± 2.17	± 0.24	± 0.92	± 0.94
σ_e^2	0.73	0.98	0.26	0.51	0.89	0.13	9.98	3.25	8.55	0.32	0.54	0.43
	± 0.22	± 0.38	± 0.21	± 0.17	± 0.33	± 0.15	± 2.49	± 1.48	± 3.11	± 0.20	± 0.29	± 0.24
σ_w^2	2.07	1.61	1.93	1.74	1.32	1.63	14.90	9.43	10.61	3.58	2.35	1.75
	± 0.16	± 0.19	± 0.25	± 0.14	± 0.15	± 0.21	± 1.17	± 1.10	± 1.38	± 0.28	± 0.28	± 0.23

CR27= 27 cruzamientos, CR12= 12 cruzamientos, PROG= progenitores. † Componentes de varianza (σ^2), para cruzamientos o familias (σ_f^2), error (σ_e), entre plantas dentro de familias (σ_w). †† En PROG corresponde a la varianza entre variedades (genética)

Los estimadores de la varianza de dominancia resultaron más altos que los de la varianza aditiva en todas las características para CR27 (Cuadro 3.4). En estas progenies evaluadas con plántulas provenientes de semilla sexual, la heredabilidad en sentido estrecho fueron bajas: 0.134 para POL, 0.284 para BRIX y 0.115 para FIB, mientras que fue negativa para PUR (-0.750), equivalente a cero. En contraparte, en las progenies evaluadas en esquejes (CR12), los estimadores de la varianza de dominancia fueron negativos (equivalentes a cero) para todas las variables, excepto para PUR, y los valores de heredabilidad en sentido estrecho de 0.751 (POL), 0.624 (BRIX), 0.324 (PUR) y 1.069 (FIB); los valores de heredabilidad contrapuestos entre CR27 y CR12 pueden deberse al muestreo de individuos

dentro de los cruzamientos y mayor precisión en la estimación mostrada en CR12; así, los valores obtenidos en este grupo de cruzamientos son similares a aquellos reportados por Silva *et al.* (2011) en caña plantilla y fortalece por tanto la aseveración en el sentido que la producción acelerada de esquejes pequeños derivados de plantas de semilla sexual puede ser un sistema adecuado para evaluar eficientemente cruzamientos de caña, tanto por su mayor precisión como por el ahorro en tiempo que representaría evaluar los cruzamientos solo en un corte en el Estado I de selección.

Cuadro 3.4. Componentes de varianza, heredabilidad en sentido estrecho y errores estándar (\pm), de sacarosa aparente (POL), azúcares totales (BRIX), pureza (PUR) y fibra en caña (FIB) para cruzamientos en primera soca. CINCAE, Guayas, Ecuador, 2009.

Comp.†	POL		BRIX		PUR		FIB	
	CR27	CR12	CR27	CR12	CR27	CR12	CR27	CR12
σ_A^2	0.265	1.172	0.644	1.319	-3.014	0.880	0.507	5.740
	± 1.068	± 0.996	± 1.267	± 1.253	± 3.241	± 1.988	± 2.582	± 4.662
σ_D^2	2.374	-0.866	1.224	-1.524	12.626	0.117	1.229	-3.489
	± 4.615	± 8.222	± 4.558	± 8.188	± 4.502	± 8.820	± 4.558	± 8.917
σ_F^2	1.985	1.560	2.267	2.113	4.017	2.720	4.417	5.372
	± 0.512	± 0.501	± 0.518	± 0.555	± 3.789	± 4.467	± 0.974	± 1.257
h^2	0.134	0.751	0.284	0.624	-0.750	0.324	0.115	1.069
	± 0.537	± 0.591	± 0.555	± 0.570	± 0.388	± 0.501	± 0.584	± 0.831

CR27= 27 cruzamientos, CR12= 12 cruzamientos. † Componentes de varianza (σ^2), aditiva (A), de dominancia (D), fenotípica (F). h^2 = Heredabilidad en sentido estrecho.

CR27// y CR12//, caña plantilla

En la primera siembra donal de los cruzamientos, conocida de manera general como Estado II, los componentes de varianza y errores estándar para los dos grupos de cruzamientos, CR27// y CR12//, así como para los progenitores (PROG//) se presentan en el Cuadro 3.5. La varianza entre plantas dentro de familias (σ_w^2) fue la más importante para los cruzamientos. Los componentes (σ_w^2) de los 12 cruzamientos fueron menores que los de CR27//; similares resultados fueron observados en la primera soca de estos cruzamientos (Cuadro 3.3) y los reportados por Silva *et al.* (2011) al evaluar la caña plantilla. El componente de varianza del error (σ_e^2) de los progenitores fue mayor en todos los casos excepto en FIB. En cuanto a la varianza de familias (σ_f^2), la mayor correspondió a PROG en todas las variables evaluadas, similar a lo observado en la evaluación en primera soca de los cruzamientos y progenitores y lo indicado por Silva *et al.* (2011) para la caña plantilla.

Cuadro 3.5. Componentes de varianza, errores estándar (\pm) de sacarosa aparente (POL), azúcares totales (BRIX), pureza (PUR) y fibra en caña (FIB) para cruzamientos y progenitores en Estado II. CINCAE, Guayas, Ecuador, 2010.

Compt	POL			BRIX			PUR			FIB		
	CR27//	CR12//	PROG//	CR27//	CR12//	PROG//	CR27//	CR12//	PROG//	CR27//	CR12//	PROG//
$\sigma_f^{2\ddagger}$	0.53	0.69	2.12	0.40	0.49	1.80	3.53	3.04	5.62	0.22	1.16	1.20
	± 0.24	± 0.33	± 0.95	± 0.18	± 0.24	± 0.80	± 1.61	± 1.47	± 3.02	± 0.20	± 0.51	± 0.57
σ_e^2	0.46	-0.08	0.60	0.38	-0.05	0.52	2.93	-1.04	3.99	0.72	-0.16	0.38
	± 0.21	± 0.14	± 0.33	± 0.16	± 0.11	± 0.27	± 1.44	± 0.62	± 1.98	± 0.30	± 0.13	± 0.27
σ_w^2	3.13	2.86	1.76	2.37	2.21	1.35	22.69	15.92	9.44	4.33	3.00	1.73
	± 0.29	± 0.31	± 0.29	± 0.22	± 0.24	± 0.23	± 2.09	± 1.75	± 1.57	± 0.40	± 0.33	± 0.29

CR27//= 27 cruzamientos, CR12//= 12 cruzamientos, PROG//= progenitores. † Componentes de varianza (σ^2) para cruzamientos o familias (f), error (e), entre plantas dentro de familias (w). †† En PROG// corresponde a la varianza entre variedades (genética).

CONCLUSIONES

Las heredabilidades en sentido amplio para POL y BRIX en caña fueron altas, lo que indica que la variación genética global entre progenitores es relevante; por lo tanto, la selección de progenitores con altos contenidos de azúcar debe ser la base para la generación de progenies. Las heredabilidades en sentido estrecho altas valoradas en CR12, muestran que la varianza genética aditiva puede ser aprovechada a través de selección y así obtener ganancias genéticas importantes. Los estimadores de los componentes de varianza para progenies y progenitores presentaron un comportamiento similar a través de dos cortes y en la caña plantilla del primer estado clonal. Para la determinación de parámetros genéticos de caña, en la siembra de ensayos del estado inicial de selección, puede ser más apropiado utilizar esquejes, antes que plántulas, debido a que permiten realizar estimaciones insesgadas de los componentes de varianza y heredabilidad; además, este sistema es útil para reducir la duración del esquema de selección.

AGRADECIMIENTOS

A la Fundación para la Investigación Azucarera del Ecuador (FIADE) por el financiamiento otorgado al presente estudio.

BIBLIOGRAFÍA

Aitken K S, P A Jackson, C L McIntyre (2006) Quantitative trait loci identified for sugar related traits in a sugarcane (*Saccharum* spp.) cultivar \times *Saccharum officinarum* population. *Theoretical and Applied Genetics* 112: 1306-1317.

- Becker W A (1986)** Manual of Quantitative Genetics. Fourth edition. Academic Enterprises. Pullman, Washington. USA. 174p.
- Berding N, W G Owens, D G le Brocq (1998)** Genetic diversity: breeding to avoid future vulnerability. Proceedings of Australian Society of Sugar Cane Technologists 20:140-147.
- Bressiani J A, J A Da Silva, R Vencovsky, R A Sordi and WL Burnquist (2006)** Combining high yields of cane and sucrose in sugarcane through recurrent selection. Journal of American Society Sugar Cane Technologists 26:26-37.
- Cox M C, D M Hogarth, R T Mullins (1990)** Clonal evaluation of early sugar content. Proceedings of Australian Society of Sugar Cane Technologists 12:90-98.
- Falconer D S, T F S Mackay (1996)** Introduction to Quantitative Genetics. Fourth Edition. Ed. Longman. Essex, England. 464 p.
- Fernandes A C (2003)** Cálculos na Agroindústria da Cana de açúcar. 2 ed. Sociedade dos Técnicos Açucareiros e Alcooleiros do Brasil. Piracicaba, São Paulo, Brasil. 240 p.
- Gravois K A, S B Milligan (1992)** Genetic relationships between fiber and sugarcane yield components. Crop Science 32:62-67.
- Hogarth D M (1977)** Quantitative inheritance studies in sugarcane. III. The effect of competition and violation of genetic assumptions on estimation of genetic variance components. Australian Journal of Agricultural Research 28:257-268.
- Holland J B, W E Nyquist, C T Cervantes-Martínez (2003)** Estimating and interpreting heritability for plant breeding: an update. *In: Plant Breeding Reviews*, Volume 22. J Janick (ed). John Wiley & Sons. Hoboken, New Jersey, USA. pp: 9-112.
- Jackson P A (2005)** Breeding for improved sugar content in sugarcane. Field Crops Research 92: 277–290.
- Jackson P A, Y-H Fan, Q-W Li, H-H Deng, T E Morgan, G Piperidis, K S Aitken (2010)** Utilization of wild canes from China. Proceedings of the International Society of Sugar Cane Technologists 27: 1-10.
- Milligan S B, K A Gravois, K P Bischoff, F A Martin (1990)** Crop effects on broad-sense heritabilities and genetic variances of sugarcane yield components. Crop Science 30:344-349.
- Milligan S B, M Balzarini, W H White (2003)** Broad-sense heritabilities, genetic correlations, and selection indices for sugarcane borer resistance and their relation to yield loss. Crop Science 43:1729–1735.
- Olofsson P (2005)** Probability Statistics and Stochastic Processes. John Wiley and Sons. Hoboken, New Jersey, USA. 486 p.
- Roach B T (1989)** Origin and improvement of the genetic base of sugarcane. Proceedings of Australian Society of Sugar Cane Technologists 11:34-47.

- Silva C E, F Castillo G, J D Molina G, I Benítez R, A Santacruz V, R Castillo T (2011)** Selección de progenitores, varianzas genéticas y heredabilidad para acumulación temprana de sacarosa en caña de azúcar. *Revista Fitotecnia Mexicana*. En prensa.
- Singh R K, S B Singh (2004)** Breeding strategies for commercially elite early maturing varieties of sugarcane (*Saccharum species complex*). *Sugar Tech* 6:89-92.
- Skinner J C, D M Hogarth, K K Wu (1987)** Selection methods, criteria and indices. *In: Sugarcane Improvement through Breeding*. D J Heinz (ed). Elsevier. Amsterdam. pp:409-453.
- Sundaram K S, M Krishnamurthi, S Rajeswari, S Sekar, M Sharmuganathan (2010)** Genetic base broadening of sugarcane (*Saccharum spp.*) by introgression of genes through intergeneric hybridization. *Proceedings of the International Society of Sugar Cane Technologists* 27:1-9.
- Wajih M E, A Ala, Y Musa (2004)** Evaluation of sugarcane varieties for maturity earliness and selection for efficient sugar accumulation. *Sugar Tech* 6:297-304.
- Wang L-P, P A Jackson, X Lu, Y-H Fan, J W Foreman, X-K Chen, H-H Deng, C Fu, L Ma, K Aitken (2008)** Evaluation of sugarcane × *Saccharum spontaneum* progeny for biomass composition and yield components. *Crop Science* 48:951-961.

IV. PROGENITORES Y PROGENIES CON ALTO CONTENIDO DE SACAROSA EN DOS ESTADOS DE SELECCIÓN EN CAÑA DE AZÚCAR

PARENTS AND PROGENIES WITH HIGH SUCROSE CONTENT IN TWO SELECTION STAGES IN SUGARCANE

Edison Silva Cifuentes¹, Fernando Castillo González^{1*}, José D. Molina Galán¹, Ignacio Benítez Riquelme¹, Amalio Santacruz Varela¹, Raúl Castillo Torres² y Carlos Flores Revilla³

¹ Colegio de Postgraduados, Programa de Recursos Genéticos y Productividad., km 36.5 Carr. México-Texcoco. C.P. 56230, Montecillo, Texcoco, Edo. de México. Tel. 01(595) 952-0200, Fax. 01(595) 952-0262. ²Centro de Investigación de la Caña de Azúcar del Ecuador. Av. Constitución 100 y Av. Joaquín Orrantía. Guayaquil. Ecuador. Tel 00(593) 85164222. ³. Cámara Nacional de las Industrias Azucarera y Alcohólera - Centro de Investigación y Desarrollo de la Caña de Azúcar. Km. 17.5 Carr. Tapachula - Talismán. C. P. 30870, Tuxtla Chico, Chiapas, México. Tel 01 (55) 5062-1380. Tapachula, Chiapas.

*Autor para correspondencia: fcastill@colpos.mx

RESUMEN

En el mejoramiento para alto contenido de sacarosa en caña de azúcar (*Saccharum* spp.) no se han obtenido incrementos importantes en los últimos años, debido posiblemente a que no se ha aplicado una selección adecuada de progenitores o al uso inapropiado de índices de selección. La selección familiar combinada en el primer estado de selección ha demostrado ser eficiente en la identificación de cruzamientos con alta proporción de clones sobresalientes para diversas características. Con la base en los antecedentes descritos, el presente trabajo tuvo como objetivos evaluar 11 variedades de alto y dos de bajo contenido de sacarosa *per se* y como progenitores de dos grupos de cruzamientos, e identificar aquellas familias que producen mayor proporción de clones sobresalientes para alto contenido de sacarosa en los dos primeros estados de selección (I y II). Se evaluó el contenido de sacarosa (POL) y azúcares totales (BRIX) en el Estado I durante dos cortes y en el Estado II, sólo en caña plantilla. Los progenitores y cruzamientos exhibieron un comportamiento similar en los dos cortes del estado I. Las variedades Amarilla y BJ65152 presentaron los contenidos de azúcar más altos, mientras que B49119, CR69177 y Co976 los más bajos. Los cruzamientos que tienen como uno de sus progenitores a las variedades Amarilla o BJ65152 presentaron contenidos altos de sacarosa de manera consistente a través de los cortes en los Estados I y II. Se identificaron cruzamientos y clones dentro de cruzamientos superiores en más del 5 % en brix con respecto a los progenitores y testigos en primera soca. Cruzamientos entre variedades que tienen como progenitor común o como ancestro muy cercano a la variedad POJ2878 presentaron un porcentaje bajo de progenies sobresalientes en contenido de sacarosa. La base genética común en esas variedades redujo la probabilidad de disponer de diferentes genes favorables para esta característica, por lo que en la formación de una población con contenido alto de sacarosa se debe considerar a progenitores que, además del alto valor *per se*, presenten un origen diverso.

Palabras clave: *Saccharum* spp., progenitores, cruzamientos, contenido alto de azúcar, Estado I y II de selección.

SUMMARY

Genetic improvement for high sucrose content in sugarcane (*Saccharum* spp.) no significant increases have been obtained in recent years. It might be due to inappropriate way of selection of parents and suboptimal selection indices used. Application of combined family selection at the first stage has proved efficiency identifying crosses with high proportion of outstanding clones for different traits. Thus, the objectives of this study were to evaluate 11 varieties of high and two of low sucrose content through their *per se* performance and as parents of two groups of crosses, and to identify those families that produce higher proportion of outstanding clones in the two early stages of selection (I and II). Sucrose content (POL) and total sugars (Brix) were evaluated at the first stage of selection for two crop cycles and at the stage II only in plant crop. Both parents and crosses showed similar performance in both crop cycles at stage I. Varieties Amarilla and BJ65152 exhibited the highest, while B49119, CR69177 and Co976 showed the lowest sugar content. Crosses that have either Amarilla or BJ65152 varieties as one of their parents consistently had high sucrose content through crops at the two stages of selection. Crosses and clones within crosses with high sugar content that exceeded the parents and checks by more than 5% of brix were identified at first ratoon of Stage I. Crosses between varieties that have POJ2878 as common ancestor showed a low percentage of outstanding progenies; the common genetic background of these parental varieties have reduced the probability to assemble different favorable genes. Therefore, in the formation of a population with high sucrose content, parents should be selected taking into account their agronomic potential *per se*, its ability to produce elite progeny and their genealogy.

Keywords: *Saccharum* spp., progenitors, crosses, high sugar content, Stage I and II of selection.

INTRODUCCIÓN

Los métodos tradicionales de mejoramiento genético en caña de azúcar involucran tres etapas: selección de progenitores, obtención de cruzamientos y selección de progenies a través de varios estados de propagación clonal, cada uno evaluado en varios años o cortes (Ming *et al.*, 2006). La selección de progenitores es una de las fases más importantes en los programas de mejoramiento de la caña de azúcar, por ello los mejoradores realizan grandes esfuerzos en la búsqueda del mejor método para su detección mediante evaluaciones *per se* como de su progenie (Bressiani *et al.*, 2007). Después del cruzamiento entre los mejores progenitores se establece el primer estado de selección (Estado I) con plántulas provenientes de la semilla sexual y a partir del segundo (Estado II) la reproducción es clonal, donde el tamaño de parcela, número de repeticiones y localidades usadas varían dependiendo de la eficiencia deseada y disponibilidad de recursos de los programas de mejoramiento (Skinner *et al.*, 1987).

Desde sus inicios, el mejoramiento en la caña de azúcar se realiza mediante la selección individual de clones de entre cientos de miles de plántulas en el Estado I. La selección en esta fase se hace con cierto grado de subjetividad, al basarse en la apreciación visual de las ventajas agronómicas que presenta una planta determinada, debido a la falta de repeticiones para la evaluación de cada plántula; además de efectos de competencia entre ellas; el trabajo de selección demanda mucha mano de obra, es costoso, y se reduce su eficiencia (Kimbeng y Cox, 2003). La selección familiar ha demostrado ser superior a la selección individual en términos de ganancia por ciclo de selección, con mayor eficiencia en la utilización de recursos y menores costos de operación (Hogarth, 1971; Hogarth y Mullins, 1989; Cox y Hogarth, 1993). Además, combinando la selección familiar en caña planta seguida de una selección visual de clones dentro de las mejores familias en la primera soca, fue más efectiva que la selección familiar solamente (Kimbeng *et al.*, 2000). Estos autores condujeron que la selección familiar fue efectiva en Estado I para identificar familias con alta proporción de clones élite, mientras que la selección visual dentro de las familias seleccionadas fue efectiva en la identificación de clones superiores. En otro trabajo Kimbeng *et al.* (2001) mejoraron la eficiencia de la selección dentro de las familias al medir el brix mediante un refractómetro de mano en los clones que presentaron mejor apariencia visual; de esta manera, identificaron individuos con altos contenidos de azúcar. Además de las ventajas señaladas que tiene la selección familiar combinada sobre la individual, también se ha demostrado que permite estimar el valor de mejoramiento de los clones parentales, por lo que varios programas alrededor del mundo la están aplicando desde hace algunos años (Stringer *et al.*, 2010).

A pesar de que el contenido alto de azúcar presenta una elevada proporción de la varianza genética total bajo control genético aditivo y las heredabilidades en sentido amplio y estrecho son altas, no se han obtenido incrementos importantes para esta característica en varios programas de mejoramiento en los últimos años. Jackson (2005) indica que esto puede deberse a que no se ha aplicado una presión adecuada en la selección de progenitores y que no se han utilizado índices de selección óptimos dando mayor ponderación al contenido de azúcar que al rendimiento de caña.

El programa de mejoramiento genético del Centro de Investigación de la Caña de Azúcar del Ecuador (CINCAE) está formando una población con alto contenido de azúcar. Silva *et al.* (2011) identificaron variedades con contenidos altos y tempranos de azúcar y determinaron los parámetros genéticos para estas características. Sobre esta base, los objetivos del presente trabajo fueron evaluar el comportamiento *per se* de un grupo de variedades y de sus cruza con el propósito de identificar aquellas familias que presenten mayor proporción de clones con contenidos altos de sacarosa en los dos primeros estados de selección.

MATERIALES Y MÉTODOS

Se evaluaron en el Estado I, dos grupos de cruzamientos obtenidos entre 13 variedades: 11 de alto y dos de bajo contenido de sacarosa. El primer grupo se conformó con 27 cruzamientos (CR27), usando plantas provenientes de semilla sexual, y el segundo (CR12) empleando esquejes pequeños obtenidos de esas plántulas. Además, se estableció un experimento (PROG) con los 13 progenitores y las variedades Ragnar y ECU-01 como testigos. Todos los ensayos se sembraron en 2008 utilizando un diseño de bloques completos al azar con tres repeticiones. La parcela experimental estuvo constituida por cuatro surcos de 5 m de largo y 1.5 m de ancho, con 11 plantas por surco.

A la cosecha de la caña plantilla en los dos grupos de cruzamientos se tomaron 18 plantas (clones) al azar de cada familia (cruzamiento) y se establecieron dos experimentos (CR27// y CR12//) en el segundo estado de selección usando esquejes a una densidad de 12 yemas m⁻¹. También se sembró otro ensayo con los 13 progenitores y testigos (PROG//). Estos experimentos se establecieron en 2009 utilizando un diseño de bloques completos al azar con tres repeticiones. En CR27// y CR12// se evaluaron seis clones por cruzamiento en cada repetición, sembrados cada uno de ellos en un surco de 3 m de largo. En PROG// la parcela estuvo constituida por cuatro surcos de igual longitud. Los seis experimentos se evaluaron en

CINCAE ubicado en Guayaquil, Ecuador a 02° 09' de latitud Sur y 79° 26' de longitud Oeste, a una altitud de 60 msnm y una precipitación pluvial promedio anual de 1630 mm

A los 12 meses de edad, se tomaron de los surcos centrales seis plantas al azar en CR27 y CR12 y cuatro en PROG; de cada planta se usaron cuatro tallos tanto en caña plantilla como en primera soca, mientras que en CR27//, CR12// y PROG// se tomaron muestras de seis tallos de cada surco a los 12 meses de edad, solamente en caña plantilla. Los tallos se desfibraron y se obtuvieron los valores sacarosa aparente (POL) y azúcares totales (BRIX), expresados como porcentaje en caña mediante los procedimientos descritos por Fernandes (2003). También se determinó el BRIX directamente en el campo sólo en primera soca a los 10 meses edad en un tallo primario de cada una de las plantas en el grupo de 12 cruzamientos y de cuatro plantas tomadas al azar dentro de cada parcela en el ensayo de progenitores (PROG). Se utilizó un refractómetro de mano (Fisher Scientific) con corrección de temperatura.

Se realizó un análisis de varianza con submuestras por corte y combinando la información de los dos cortes, para cada una de las variables evaluadas en los dos grupos de cruzamientos y progenitores. Para la comparación de medias se usó la prueba de Tukey ($P \leq 0.05$). También se calculó la heterosis de cada clon en relación con el progenitor medio y se comparó su comportamiento con los testigos. Se utilizó el paquete estadístico InfoStat (Di Rienzo *et al.*, 2009).

RESULTADOS Y DISCUSIÓN

Progenitores y Cruzamientos en el Estado I

El comportamiento de los progenitores para sacarosa aparente fue similar en caña plantilla y primera soca. La interacción variedades x corte-año no fue significativa ($P > 0.05$) en el análisis de varianza combinado de los dos cortes (datos no presentados) obteniéndose un coeficiente de correlación lineal de 0.88 ($P < 0.01$). Las variedades Amarilla y BJ65152 presentaron los contenidos más altos de sacarosa aparente en los dos cortes y se ubicaron en el primer agrupamiento de significancia estadística de variedades, con excepción de B49119 y CR69177 que se caracterizaron por su bajo contenido de azúcar, además de Co976 que en los dos años de evaluación también mostró contenidos bajos (Cuadro 4.1). Estos resultados son similares a los reportados por Silva *et al.* (2011) al evaluar dos grupos de progenitores en dos cortes, donde indican que las variedades Amarilla, BJ65152, CP57-536, B74132, CC85-63 y C1051-73 presentaron contenidos de sacarosa superiores a la variedad comercial Ragnar, con producciones similares de caña.

Cuadro 4.1. Promedios para POL (porcentaje en caña) a los 12 meses de edad de 13 progenitores (PROG) y dos grupos de cruzamientos (CR12 y CR 27) evaluados en caña plantilla y primera soca del Estado I de selección. CINCAE, Guayas, Ecuador, 2009-2010.

Progenitores			Cruzamientos					
Variedad	Caña plantilla	Primera Soca	♀	♂	Caña plantilla		Primera soca	
					CR27	CR12	CR27	CR12
1 Amarilla	16.1 a	14.6 a	1	11	14.1 a-d	14.2 ab	14.3 ab	13.3 a
2 B49119 (VBA)	13.4 b-d	12.2 ab	2	1	12.0 c-e		12.0 a-c	
3 B74132	15.0 ab	12.9 ab	3	11	12.2 a-e	14.5 ab	12.9 a-c	10.8 a
4 BJ65152	15.9 a	14.7 a	4	2	15.0 a		14.7 a	
5 C1051-73	15.2 ab	14.2 ab	4	10	12.0 b-e		10.9 c	
6 OC85-63	15.5 a	14.2 ab	4	11	14.3 a-d		13.9 a-c	
7 OC85-92	14.9 ab	12.8 ab	5	1	14.9 ab	15.0 a	12.9 a-c	13.7 a
8 OC87-474	15.8 a	13.9 ab	6	1	14.5 a-c	15.0 a	14.1 a-c	13.1 a
9 OC89-2000	14.3 a-c	12.4 ab	6	7	14.1 a-d	14.1 ab	12.7 a-c	13.1 a
10 Co976	12.5 cd	11.8 b	6	10	13.1 a-e		12.4 a-c	
11 CP57-536	14.4 a-c	11.8 b	7	1	12.1 a-e	14.7 a	12.1 a-c	13.9 a
12 CR69177 (VBA)	12.4 d	11.6 b	7	10	13.2 a-e		12.1 a-c	
13 MZC74-275	15.2 ab	13.6 ab	8	4	12.8 a-e		12.4 a-c	
Ragnar (T)	15.5 a	13.9 ab	8	6	14.1 a-d		13.5 a-c	
ECU-01 (T)	14.8 ab	14.0 ab	8	9	12.5 a-e	14.6 ab	12.6 a-c	12.8 a
DSH	1.9	2.6	9	1	11.1 e	14.4 ab	10.8 c	13.1 a
			9	7	12.6 a-e		11.1 bc	
			9	10	13.7 a-e		12.2 a-c	
			9	11	13.3 a-e	14.7 a	13.0 a-c	12.9 a
			9	13	12.4 a-e	13.8 ab	12.6 a-c	13.4 a
			10	1	14.4 a-d		14.5 a	
			10	3	13.7 a-e		12.9 a-c	
			10	11	13.9 a-e	12.8 b	13.7 a-c	11.4 a
			11	6	13.0 a-e	13.9 ab	12.7 a-c	13.3 a
			12	7	12.7 a-e		13.8 a-c	
			12	13	11.6 de		13.5 a-c	
			13	1	14.1 a-d		14.0 a-c	
DSH					29	1.8	34	34

CR27= 27 cruzamientos, CR12= 12 cruzamientos, VBA= variedad de bajo azúcar, T= testigo. Medias con letras iguales en cada columna no son estadísticamente diferentes (Tukey, 0.05). DSH= diferencia significativa honesta.

En el grupo de 27 cruzamientos (CR27) la interacción cruzamiento x corte-año no fue significativa ($P > 0.05$) en el análisis de varianza combinado de los dos cortes (datos no presentados) y el coeficiente de correlación lineal entre cortes fue de 0.68 y significativo ($P < 0.01$). El cruzamiento BJ65152 x B49119 mostró el contenido más alto tanto en caña plantilla (15.0 %) como en primera soca (14.7 %); mientras que

los cruzamientos CC89-2000 x Amarilla y BJ65152 x Co976 presentaron bajos contenidos con promedios de 11.1 % y 12.0 % en caña plantilla y 10.8 % y 10.9 % en primera soca, respectivamente. En CR12 la interacción cruzamiento x corte-año no fue significativa ($P > 0.05$) en el análisis de varianza combinado de los dos cortes (datos no presentados) y el coeficiente de correlación lineal entre cortes fue de 0.41 y no significativo ($P > 0.05$). Tres cruzamientos que tienen como progenitor a la variedad Amarilla presentaron promedios altos: C1051-73 x Amarilla (15.0 %), CC85-63 x Amarilla (15.0 %) y CC85-92 x Amarilla (14.7 %); mientras que el cruzamiento Co976 x CP57-536 mostró el contenido de sacarosa más bajo (12.8 %), en caña plantilla.

Cuadro 4.2. Promedios para BRIX y valores máximos a los 10 meses de edad de 13 progenitores (PROG) y 12 cruzamientos (CR12) evaluados en primera soca del Estado I de selección. CINCAE, Guayas, Ecuador, 2010.

Progenitores		Cruzamientos [†]								
Variedad	Promedio	Progenitor		Plantas	Promedio	Máximo	Porcentaje clones >5% a			
		♀	♂				PM	Ragnar	ECU-01	
1 Amarilla	19.1 a-c	8	9	60	17.7 a	21.2	45	30	3	
2 B49119 (VBA)	16.2 d-e	9	1	60	17.5 a	20.2	26	22	0	
3 B74132	20.1 a	5	1	72	17.4 a	21.4	9	15	7	
4 BJ65152	17.6 b-e	11	6	77	17.3 a	22.2	20	21	4	
5 C1051-73	18.5 a-d	6	1	64	17.2 a	20.4	6	17	0	
6 CC85-63	19.0 a-c	3	11	56	17.2 a	21.4	18	25	7	
7 CC85-92	18.2 a-e	7	1	76	17.1 a	21.6	14	17	5	
8 CC87-474	18.7 a-c	1	11	71	17.0 a	22.8	11	18	4	
9 CC89-2000	17.0 c-e	9	13	60	17.0 a	21.4	26	14	2	
10 Co976	16.1 e	6	7	77	16.6 a	21.0	9	1	3	
11 CP57-536	18.4 a-e	9	11	68	16.0 a	19.2	13	1	0	
12 CR69177 (VBA)	16.8 c-e	10	11	70	15.7 a	20.4	17	1	0	
13 MZC74-275	18.4 a-e									
Ragnar (T)	18.2 a-e									
ECU-01 (T)	19.4 ab									
DSH	2.4				2.4					

[†] Ordenados en forma descendente por promedios. PM= progenitor medio, VBA= variedad de bajo azúcar, T= testigo. Medias con letras iguales en cada columna no son estadísticamente diferentes (Tukey, 0.05). DSH= diferencia significativa honesta.

Al examinar el contenido de azúcares totales (BRIX) a los 10 meses (Cuadro 4.2), se observó en principio que los progenitores muestran consistencia significativa en cuanto a presentar alta y baja azúcar. Al inspeccionar los valores de BRIX en cada uno de los clones dentro de cada cruzamiento en CR12 en primera soca, se observó que todos los cruzamientos presentaron promedios similares estadísticamente ($P > 0.05$), pero al analizar el porcentaje de clones dentro de cada familia que superan en más de 5% al

promedio de los dos progenitores y a los testigos, los cruzamientos CC87-474 x CC89-2000, B74132 x CP57-536, CP57-536 x CC85-63, CC85-92 x Amarilla, Amarilla x CP57-536 y CC89-2000 x MZC74-275 presentaron mayor proporción de clones sobresalientes. Por el contrario, en los cruzamientos CC89-2000 x CP57-536 y Co976 x CP57-536 sólo el 1 % de clones superaron en al menos 5% a la variedad Ragnar y ninguno a la variedad ECU-01. Cabe anotar que el último cruzamiento tiene como progenitor a Co976, que presentó el promedio más bajo para brix entre los progenitores (16.1 %) y es una de las variedades que mostró los menores contenidos de sacarosa en los dos cortes. Estos resultados son congruentes con lo indicado por Kimbeng *et al.* (2000) y Kimbeng *et al.* (2001) quienes indican que la selección de las mejores familias (cruzamientos) en caña plantilla permite identificar aquellas con una mayor frecuencia de clones promisorios.

Progenitores y Cruzamientos en el Estado II

En la evaluación de CR12//, los cruzamientos CC87-474 x CC89-2000, C1051-73x Amarilla y CC85-92 x Amarilla presentaron los promedios más altos con 17.4% siendo iguales estadísticamente con otros siete cruzamientos (Cuadro 4.3). Las familias Co976 x CP57-536 y CC85-63 x Amarilla mostraron bajos contenidos de sacarosa, 12.4 y 12.2 % respectivamente. Los cruzamientos con promedios altos de POL, mayores a 14.0 %, presentan un alto porcentaje de clones que superaron en más de 5% al progenitor medio y a las variedades testigo. Por el contrario, en la familia Co976 x CP57-536, solamente el 6 % de clones superaron a los dos testigos y en la cruce CC85-63 x Amarilla el 16 y 8 % de clones superaron a Ragnar y ECU-01, respectivamente. Esta información concuerda con lo descrito anteriormente para la evaluación de brix en la primera soca del estado I de este mismo grupo (Cuadro 4.2) y con lo reportado por Kimbeng *et al.* (2000) y Kimbeng *et al.* (2001).

En el análisis de los promedios de pol de los 27 cruzamientos (Cuadro 4.4), las familias Amarilla x CP57-536, BJ65152 x B49119 y C1051-73 x Amarilla presentaron los promedios más altos con 14.6, 14.4 y 13.5 %, respectivamente. Estos cruzamientos de alto contenido de sacarosa también presentaron un mayor porcentaje de clones que superan en más de 5% al promedio de sus dos progenitores y a los testigos, similar a lo reportado para CR12//. Cabe destacar que el cruzamiento BJ65152 x B49119 presentó los valores más altos en la evaluación del estado I en caña plantilla y primera soca (Cuadro 4.1). En el otro extremo, los cruzamientos CC89-2000 x Amarilla y CR69177 x CC85-92 mostraron los contenidos más bajos en POL, de 9.7 % y 10.7 % respectivamente. En la primera de estas familias ninguno de los clones evaluados superó al promedio de los dos progenitores y testigos, mientras que en la

segunda solamente el 7 % de clones superó al progenitor medio y a la variedad Ragnar, pero ninguno a ECU-01. El cruzamiento CC89-2000 x Amarilla también presentó los contenidos más bajos en la evaluación con plántulas en estado I en caña plantilla y primera soca. Además, los cruzamientos B49119 x Amarilla y CR69177 x MZC74-275, que tienen un progenitor de bajo contenido azucarero, también presentaron una baja o nula proporción de clones que superaron al progenitor medio y testigos.

Cuadro 4.3. Promedios para POL (porcentaje en caña) a los 12 meses de edad de 13 progenitores (PROG) y 12 cruzamientos (CR12) evaluados en caña plantilla del Estado II de selección. CINCAE, Guayas, Ecuador, 2010.

Progenitores		Cruzamientos†						
Variedad	Promedio	Progenitor		Promedio	Máximo	Porcentaje clones > 5% a		
		♀	♂			PM	Ragnar	ECU-01
1 Amarilla	14.5 a	8	9	14.7 a	16.4	50	78	28
2 B49119 (VBA)	11.5 a-c	5	1	14.7 a	16.7	67	66	22
3 B74132	14.8 a	7	1	14.7 a	16.9	57	68	37
4 BJ65152	14.9 a	1	11	14.4 ab	17.4	89	71	24
5 C1051-73	13.0 a-c	9	13	14.4 ab	16.9	51	69	31
6 CC85-63	14.2 a	9	11	14.3 ab	16.2	89	45	28
7 CC85-92	12.7 a-c	9	1	14.1 a-c	16.7	30	59	24
8 CC87-474	14.4 a	6	7	14.1 a-c	16.8	53	59	18
9 CC89-2000	13.6 ab	11	6	13.2 a-c	15.1	70	29	0
10 Co976	10.0 c	3	11	12.9 a-c	16.6	51	44	38
11 CP57-536	10.3 bc	10	11	12.4 bc	15.9	94	6	6
12 CR69177 (VBA)	13.5 a-c	6	1	12.2 c	15.9	8	16	8
13 MZC74-275	14.5 a							
Ragnar (T)	13.4 a-c							
ECU-01 (T)	14.5 a							
DSH	3.5			20				

† Ordenados en forma descendente por promedios. PM= progenitor medio, VBA= variedad de bajo azúcar, T= testigo. Medias con letras iguales en cada columna no son estadísticamente diferentes (Tukey, 0.05). DSH= diferencia significativa honesta.

Los resultados descritos para los progenitores y los dos grupos de cruzamientos a través de los dos estados de selección corroboran aquellos reportados por Silva *et al.* (2011) y concuerdan con lo señalado por Kimbeng *et al.* (2000) y Kimbeng *et al.* (2001) quienes mencionan que la selección de los mejores cruzamientos en la caña plantilla del primer estado de selección permite identificar a las familias con una proporción alta de clones superiores.

Cuadro 4.4. Promedios y valores máximos para POL (porcentaje en caña) a los 12 meses de edad de 27 cruzamientos (CR27) evaluados en caña plantilla del Estado II de selección. CINCAE, Guayas, Ecuador, 2010.

Cruzamiento	Progenitor		Promedio	Máximo	Porcentaje clones > en 5% a		
	Femenino	Masculino			PM	Ragnar	ECU-01
1	CC87-474	CC89-2000	11.1 a-c	14.9	6	6	0
2	MZC74-275	Amarilla	12.9 a-c	16.6	14	28	14
3	CC89-2000	Amarilla	9.7 c	11.2	0	0	0
4	B49119	Amarilla	12.3 a-c	13.9	6	0	0
5	Co976	B74132	13.4 a-c	15.4	56	39	11
6	BJ65152	B49119	14.4 ab	16.1	63	63	25
7	Co976	CP57-536	12.9 a-c	15.9	82	12	6
8	C1051-73	Amarilla	13.5 ab	17.4	41	53	6
9	Amarilla	CP57-536	14.6 a	16.4	68	50	33
10	B74132	CP57-536	12.7 a-c	15.1	49	21	0
11	CC85-63	Amarilla	12.9 a-c	15.9	13	13	13
12	BJ65152	Co976	12.5 a-c	15.4	47	20	7
13	CC85-63	Co976	11.6 a-c	14.5	44	13	0
14	CC85-63	CC85-92	12.5 a-c	15.1	6	6	0
15	CC89-2000	CC85-92	10.9 a-c	14.4	7	7	0
16	CR69177	CC85-92	10.7 bc	15.0	7	7	0
17	CC85-92	Amarilla	12.0 a-c	15.8	7	7	7
18	CC87-474	CC85-63	12.5 a-c	15.4	6	12	6
19	CC85-92	Co976	12.3 a-c	14.8	57	7	0
20	CP57-536	CC85-63	12.7 a-c	16.3	31	25	6
21	CC89-2000	MZC74-275	11.7 a-c	14.4	0	7	0
22	CC89-2000	Co976	11.8 a-c	14.5	44	19	0
23	CR69177	MZC74-275	12.1 a-c	14.7	0	7	0
24	CC87-474	BJ65152	11.4 a-c	15.4	0	8	8
25	Co976	Amarilla	12.9 a-c	15.7	58	31	13
26	BJ65152	CP57-536	13.2 a-c	15.4	66	25	8
27	CC89-2000	CP57-536	12.1 a-c	16.1	30	19	6
DSH			3.8				

PM= progenitor medio. Medas con letras iguales en cada columna no son estadísticamente diferentes (Tukey, 0.05). DSH= diferencia significativa honesta.

Al revisar la genealogía disponible de siete de los progenitores (Figura 4.1) se puede observar que las cinco variedades desarrolladas en Colombia CC85-63, CC87-474, CC85-92, CC89-2000 y MZC74-275 (Ranjel *et al.*, 2003), así como la variedad cubana C1051-73 tienen como progenitor común o como ancestro muy cercano a la variedad POU2878, lo que reduce la probabilidad de integrar genes favorables en los diferentes loci, para lograr mejores combinaciones.

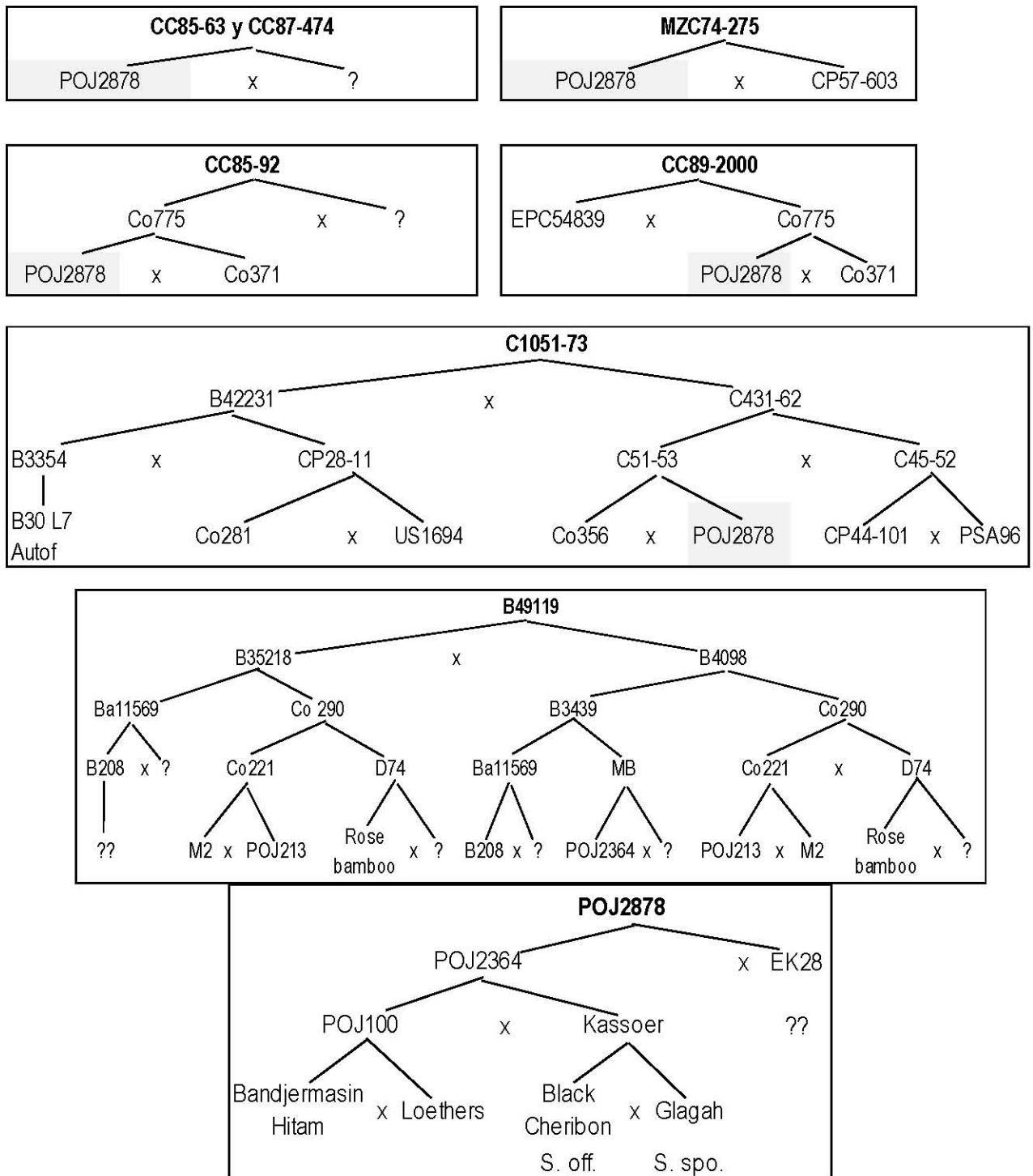


Figura 4.1. Genealogía de siete progenitores y de la variedad POJ 2878, ancestro común de seis de ellos.

La mayoría de variedades de alrededor del mundo tienen en su base genética la participación de POJ2878 o de su progenitor POJ2364 (Tew, 1987; Roach, 1989), tal como se puede apreciar en la genealogía de la variedad B49119 (Figura 4.1); pero también se puede observar que para el desarrollo de

esa variedad se cruzaron varios materiales de diferente origen lo que incrementa la probabilidad de tener genes diferentes en comparación con las variedades colombianas. Lo anterior podría explicar en parte el comportamiento sobresaliente del cruzamiento entre BJ65152 y B49119 (Cuadros 4.1 y 4.4), pese a que esta última variedad es de bajo contenido azucarero, permite obtener progenies sobresalientes al combinarse con otros genotipos. En contraparte, los cruzamientos entre variedades colombianas CC87-474 x CC89-2000, CC85-63 x CC85-92, CC89-2000 x CC85-92, CC87-474 x CC85-63 y CC89-2000 x MZC74-275, presentaron un valor de POL promedio de 11.74, mientras que el resto de cruas promediaron 12.48, y también mostraron porcentaje bajo de progenies superiores al promedio de los progenitores y a las variedades testigo (Cuadros 4.1 y 4.4), debido a la base genética común de sus progenitores. Estos resultados refuerzan una de las hipótesis que Jackson (2005) menciona para explicar la ganancia genética limitada para alto contenido de azúcar que han obtenido algunos programas de mejoramiento, en el sentido que podría deberse al escaso número de progenitores usados y a la alta presión usada en la selección, llegando a fijar las frecuencias de algunos genes que confieren esa característica, generando, por ende, progenies de baja diversidad. Por lo anterior, es deseable que al seleccionar los progenitores para formar una población de alto contenido de azúcar se tome en cuenta su comportamiento agronómico, su origen y genealogía, tratando de integrar mayor frecuencia de genes favorables que permita maximizar las ganancias al aplicar cualquier metodología de selección recurrente.

CONCLUSIONES

En el germoplasma disponible existe variación para alto contenido y temprano de azúcar y con ello progenitores para usarlos en un programa de selección recurrente. Los cruzamientos que tienen como uno de sus progenitores a las variedades Amarilla o BJ65152 presentaron contenidos altos de sacarosa de manera consistente a través de cortes y de los dos estados de selección. La valoración de los cruzamientos (familias de hermanos completos) en Estado I permite detectar a aquellos que presentan mayor proporción de clones sobresalientes en Estado II. Para la formación de una población con alto contenido de sacarosa los progenitores se deben seleccionar tomando en cuenta su potencial agronómico, origen y genealogía, considerando aquellos con el menor parentesco posible, para garantizar la inclusión de una mayor cantidad de genes favorables para esa característica.

AGRADECIMIENTOS

A la Fundación para la Investigación Azucarera del Ecuador (FIADE) por el financiamiento otorgado al presente estudio.

BIBLIOGRAFÍA

- Bressiani J A, M I Zucchi, J A G da Silva, C A Colombo, R Vencovsky, M G A Landell, W L Burnquist, E C Ulian (2007)** Utilizing genetic dissimilarity for planning of crosses in sugarcane. *Proceedings of the International Society of Sugar Cane Technologists* 26:657-669.
- Cox M C, D M Hogarth (1993)** Progress and changes in the South Queensland variety development program. *Proceedings of the International Society of Sugar Cane Technologists* 15:251-255.
- Di Rienzo J A, F Casanoves, M G Balzarini, L González, M Tablada, C W Robledo (2009)** InfoStat versión 2009. Grupo InfoStat, FCA, Universidad Nacional de Córdoba, Argentina.
- Fernandes A C (2003)** Cálculos na agroindústria da cana-de-açúcar. 2 ed. Sociedade dos Técnicos Açucareiros e Alcooleiros do Brasil. Piracicaba, São Paulo, Brasil. 240 p.
- Hogarth D M (1971)** Quantitative inheritance studies in sugarcane. II. Correlations and predicted responses to selection. *Australian Journal Agricultural Research* 22:103-109.
- Hogarth D M, R T Mullins (1989)** Changes in the BSES plant improvement program. *Proceedings of the International Society of Sugar Cane Technologists* 20:956-961.
- Jackson P A (2005)** Breeding for improved sugar content in sugarcane. *Field Crops Research* 92:277-290.
- Kimbeng C A, T A McRae, J K Stringer (2000)** Gains from family and visual selection in sugarcane, particularly for heavily lodged crops in the Burdekin region. *Proceedings of Australian Society of Sugar Cane Technologists* 22:163-169.
- Kimbeng C A, T A McRae, M C Cox (2001)** Optimizing early generation selection in sugarcane breeding. *Proceedings of the International Society of Sugar Cane Technologists* 24(2):488-494.
- Kimbeng C A, M C Cox (2003)** Early generation selection of sugarcane families and clones in Australia: A review. *Journal American Society of Sugarcane Technologists* 23:20-39.
- Ming R, P H Moore, K K Wu, A D'Hont, J C Glaszmann, T L Tew, T E Mirkov, J da Silva, J Jfon, M Rai, R J Schnell, S M Brumley, P Lakshmanan, J C Comstock, A H Paterson (2006)** Sugarcane improvement through breeding and biotechnology. *In: Plant Breeding Reviews, Volume 27*. J Janick (ed). John Wiley & Sons, Hoboken, New Jersey, USA. pp:15-118.
- Ranjel J H, C Viveros V, A Amaya E, L A Gómez L, J I Victoria K, J C Ángel S (2003)** Catálogo de Variedades. Segunda edición. Serie Técnica No. 31. CENICAÑA, Cali. 88 p.

Roach B T (1989) Origin and improvement of the genetic base of sugarcane. Proceedings of Australian Society of Sugar Cane Technologists 11:34-47.

Silva C E, F Castillo G, J D Molina G, I Benítez R, A Santacruz V, R Castillo T (2011) Selección de progenitores, varianzas genéticas y heredabilidad para acumulación temprana de sacarosa en caña de azúcar. Revista Fitotecnia Mexicana. En prensa.

Skinner J C, D M Hogarth, K K Wu (1987) Selection methods, criteria and indices. *In: Sugarcane Improvement through Breeding*. D J Heinz (ed). Elsevier. Amsterdam. pp:409-453.

Stringer J K, M C Cox, F C Atkin, X Wei, D M Hogarth (2010) Family selection improves the efficiency and effectiveness of selecting original seedlings and parents. Proceedings of the International Society of Sugar Cane Technologists 27:1-9.

Tew T L (1987) New varieties. *In: Sugarcane Improvement through Breeding*. D J Heinz (ed). Elsevier. Amsterdam. pp:559-594.

V. DISCUSIÓN GENERAL

La valoración de la varianza genética para alto contenido de azúcar realizada en los dos grupos de variedades (G1 y G2) de la colección de germoplasma del CINCAE presentó una tendencia a disminuir a medida que aumentó la edad de evaluación (8 a 12 meses de edad); esto indica que se puede realizar una selección más eficiente de los genotipos para esas características, mientras más temprano se realice la evaluación. Esto fue demostrado por Cox *et al.* (1990) al evaluar el contenido de azúcar desde los siete a catorce meses de edad en dos poblaciones, reportando ganancias genéticas esperadas de 3 a 10 % al realizar la selección entre los 7 y 10 meses de edad, mientras que las ganancias al efectuar la selección entre los 12 y 14 meses fueron entre 0.8 a 1.6 %. En otro trabajo, Jackson y Morgan (2003) realizaron evaluaciones del contenido de azúcar entre los 11 y 13 meses de edad en dos grupos de clones y mostraron que la evaluación temprana del contenido de azúcar es efectiva en la selección de clones con alto contenido en las edades más avanzadas, cuando la caña es cosechada comercialmente. De la misma manera, Nayamuth *et al.* (2005) estudiaron la tendencia de la acumulación de azúcar desde los siete a los once meses de edad en un grupo de progenitores; sus cruzamientos y testigos, mostraron que la evaluación del contenido de sacarosa (POL) en base seca a los siete meses, es el mejor indicador del patrón de acumulación de sacarosa y comportamiento a la madurez para contenido de azúcar, en comparación a la valoración del contenido de sacarosa en base a peso fresco a la cosecha. Además observaron que los progenitores con alto contenido identificados a la edad más temprana, contribuyeron a un avance genético más rápido cuando fueron usados en cruzamientos. Las variedades BJ65152, CP57-536 y Amarilla presentaron altos contenidos de azúcar a los 8 meses de edad en el grupo 1 (G1); mientras que las variedades BJ65152, C85-102, PR10-28, C1051-73 y SP79-2233 mostraron contenidos altos de POL a los 8 y 12 meses de edad en el grupo 2 (G2) y pueden ser aprovechadas como fuente genética para el desarrollo de materiales con alto contenido y temprano de azúcar.

Los estimadores de heredabilidad en sentido amplio obtenidos en los dos grupos de variedades para todas las variables evaluadas presentaron valores medios a altos. Resultados similares se observaron en las 13 variedades progenitoras (PROG) de los cruzamientos en estudio, manteniendo un comportamiento similar en las evaluaciones en caña plantilla y primera soca. Los valores de estos estimadores son similares a los observados en los estudios de Cox *et al.* (1990), Milligan *et al.* (1990) y Milligan *et al.* (2003) y refuerzan los resultados y discusión anterior porque indican que la variación genética global entre progenitores es relevante por lo que la selección de progenitores con altos contenidos de azúcar debe ser

la base para la generación de progenies en un programa de mejoramiento genético para alto contenido de azúcar.

Los valores altos de heredabilidad en sentido estrecho obtenidos para el contenido de sacarosa y azúcares totales en los 12 cruzamientos evaluados en esquejes (CR12) y los estimadores de los componentes de varianza aditiva que fueron más importantes que los de dominancia en este grupo de cruzas, muestran que la varianza genética aditiva puede ser aprovechada a través de selección y así obtener ganancias genéticas importantes. Valores similares para la heredabilidad en sentido estrecho y para la varianza genética aditiva fueron reportados por Hogarth, 1977 y Cox *et al.*, 1994. Jackson en el 2005, en su análisis sobre los avances obtenidos en el mejoramiento genético para alto contenido de sacarosa, menciona que debido valores altos de heredabilidad y la elevada proporción de la varianza genética total bajo control genético aditivo que tiene esta característica, las metodologías de selección recurrente pueden ser efectivas para obtener ganancias genéticas importantes. Bressiani *et al.* (2006) demostraron que es factible obtener altas ganancias genéticas por selección recurrente porque cuando aplicaron cinco ciclos de selección recurrente, de dos años por ciclo, para brix en una población con alto contenido de azúcar y madurez temprana obtuvieron ganancias de 0.7 % por ciclo y además fue posible incrementar el potencial de rendimiento de caña.

Los estimadores de los componentes de varianza aditiva σ_A^2 , de dominancia σ_D^2 , de plantas dentro de cruzamientos σ_w^2 y del error σ_e^2 , mostraron valores contrastantes en los dos grupos de cruzamientos (CR12 y CR27) evaluados en caña plantilla y primera soca del Estado I de selección, donde los valores obtenidos en CR12 fueron similares a los reportados en los trabajos de Hogarth, 1977 y Cox *et al.*, 1994. Los componentes de plantas dentro de familias (σ_w^2) y del error (σ_e^2) de los 12 cruzamientos sembrados con esquejes (CR12) fueron menores que los de CR27; esto podría deberse a que las plantas que se desarrollan de esquejes son más homogéneas que aquellas que provienen de semilla sexual, en las que la varianza ambiental se incrementa por la competencia entre plantas que vienen de semillas con diferente vigor que puede estar determinado por efectos ambientales. Estos resultados y los estimadores de la heredabilidad en sentido estrecho indicados anteriormente para los dos grupos de cruzamientos, demuestran que en la estimación de parámetros genéticos en el primer estado de selección (Estado I) de cruzamientos de caña de azúcar, es más eficiente utilizar esquejes pequeños obtenidos de las plántulas derivadas de semilla sexual. De este modo, con la utilización de este tipo de material de siembra la valoración de los parámetros en los cruzamientos se puede realizar en el primer año de evaluación, caña

plantilla del Estado I de selección, en contraste con la metodología tradicional donde la estimación se efectúa a partir del segundo año, sembrando esquejes convencionales (Hogarth, 1977; Cox *et al.*, 1990; Singh y Singh, 2004; Wagih *et al.*, 2004). Además, combinando el uso de este sistema de reproducción de esquejes pequeños para la siembra de los cruzamientos en el Estado I y la evaluación del contenido de azúcar a los 8 meses de edad, será posible identificar las mejores familias de manera temprana y realizar la selección de los mejores clones dentro de ellas a los 10 meses de edad en el mismo ciclo de cultivo, reduciendo el periodo de evaluación de este estado de selección a un solo año, incrementando la eficiencia en el uso de recursos del esquema de selección.

Las variedades BJ65152, CP57-536, C1051-73 y Amarilla también presentaron altos contenidos de azúcar en la evaluación *per se* de progenitores; así mismo, los cruzamientos que tienen como uno de sus progenitores a estas variedades, igualmente mostraron altos contenidos de manera consistente a través de los estados I y II de selección así como en caña plantilla y primera soca. Se puede destacar a la variedad BJ65152 que presentó los más altos contenidos a los ocho meses de edad en las evaluaciones de los grupos G1 y G2, asimismo mostró los contenidos más altos de sacarosa en la valoración *per se* de progenitores y los cruzamientos que tienen como uno de sus progenitores a esta variedad también presentaron contenidos altos de sacarosa de manera consistente a través de cortes y de los dos estados de selección. Estos resultados reafirman lo indicado anteriormente, en el sentido que la selección de progenitores con altos contenidos de azúcar debe ser la base para la generación de progenies en un programa de mejoramiento genético para alto contenido de azúcar.

Debido a que los cruzamientos identificados con altos contenidos de azúcar en la caña plantilla del Estado I presentaron una alta proporción de clones sobresalientes tanto en la primera soca de ese estado de selección y en la caña plantilla del Estado II, es importante realizar una evaluación eficiente de las familias en el Estado I, por lo que el uso de esquejes para el establecimiento de ese estado de selección garantizaría su valoración insesgada. Del mismo modo, la evaluación del BRIX de campo en los clones dentro de los cruzamientos sobresalientes permitió la identificación de aquellos clones con los más altos contenidos corroborando lo indicado por Kimbeng *et al.* (2001) quienes mejoraron la eficiencia de la selección dentro de las familias al medir el BRIX mediante un refractómetro de mano en los clones que presentaron mejor apariencia visual.

Otro aspecto que se debe tomar en cuenta en la selección de progenitores para la formación de una población de alto contenido de azúcar es que se debe revisar la genealogía de las variedades, para incluir

aquellas que presenten una mayor divergencia genética. En este trabajo, los cruzamientos entre variedades que tienen como progenitor común o como ancestro muy cercano a la variedad POJ2878 presentaron un porcentaje bajo de progenies sobresalientes; esto indica que la base genética común en esas variedades redujo la probabilidad de disponer de diferentes genes favorables. Estos resultados fortalecen la hipótesis de Jackson (2005), quien indicó que posiblemente una de las causas para el avance genético insignificante obtenido en el mejoramiento para contenido de azúcar en Australia en los últimos 40 años es que en las poblaciones avanzadas en mejoramiento, posiblemente los alelos más favorables para contenido de azúcar ya están fijados, como resultado de la base genética estrecha inicial que tienen la mayoría de programas de mejoramiento genético de caña de azúcar en el mundo (Roach, 1989; Ming *et al.*, 2006). Si bien la variedad POJ2878 tiene una participación importante como progenitor o ancestro en la totalidad de programas de mejoramiento genético, en varios de ellos se han usado otras fuentes genéticas y se han realizado un mayor número de ciclos de selección recurrente logrando por consiguiente una mayor recombinación de genes. Es así que la selección de variedades de diferentes orígenes o programas de mejoramiento como progenitores y la revisión de su genealogía puede ser una estrategia válida para conseguir mayor divergencia genética.

VI. CONCLUSIONES GENERALES

En la colección de germoplasma de CINCAE existen variedades que presentan altos contenidos y acumulación temprana de sacarosa a través de diferentes años-cortes.

. La variación genética total entre progenitores es importante, por lo que la selección de progenitores con altos contenidos de azúcar debe ser la base para la generación de progenies en un programa de mejoramiento genético para alto contenido de azúcar.

El cruzamiento entre progenitores que muestran altos contenidos de azúcar a través de evaluaciones *per se*, garantiza la obtención de familias con esa característica y la identificación de una mayor proporción de clones sobresalientes.

La evaluación de los cruzamientos con material proveniente de esquejes obtenidos de plántulas es un sistema adecuado para evaluar eficientemente cruzamientos de caña, tanto por su mayor precisión como por el ahorro en tiempo; de esta manera es posible realizar la evaluación de los parámetros genéticos en caña plantilla del Estado I con un solo año de evaluación, comparado con el proceso normal que generalmente se realiza en caña plantilla del Estado II con una duración de dos años.

Cruzamientos que tienen como uno de sus progenitores a las variedades Amarilla o BJ65152 presentaron contenidos altos de sacarosa de manera consistente a través de cortes y de los dos estados de selección.

La identificación de cruzamientos con contenidos altos de azúcar en caña plantilla y la evaluación del BRIX de campo de los clones dentro de familias en primera soca, permiten identificar una mayor proporción de clones superiores a los progenitores y testigos comerciales en el primer estado de selección.

Cruzamientos entre variedades que tienen como progenitor común o como ancestro muy cercano a la variedad POJ2878 presentan un porcentaje bajo de progenies sobresalientes; la base genética común en esas variedades reduce la probabilidad de disponer de diferentes genes favorables.

En la formación de una población con alto contenido de sacarosa los progenitores se deben seleccionar tomando en cuenta su potencial agronómico, origen y genealogía, para garantizar la inclusión de una mayor cantidad de genes favorables para esa característica.

VI. BIBLIOGRAFÍA GENERAL

- Aitken K S, P A Jackson, C L McIntyre (2006)** Quantitative trait loci identified for sugar related traits in a sugarcane (*Saccharum* spp.) cultivar × *Saccharum officinarum* population. *Theoretical and Applied Genetics* 112:1306-1317.
- Bressiani J A, J A Da Silva, R Vencovsky, R A Sordi and W L Burnquist (2006)** Combining high yields of cane and sucrose in sugarcane through recurrent selection. *Journal of American Society Sugar Cane Technologists* 26:26-37.
- Bressiani J A, M I Zucchi, J A G da Silva, C A Colombo, R Vencovsky, M G A Landell, W L Burnquist, E C Ulian (2007)** Utilizing genetic dissimilarity for planning of crosses in sugarcane. *Proceedings of the International Society of Sugar Cane Technologists* 26:657-669.
- Chahal G S, S S Gosal (2002)** Principles and Procedures of Plant Breeding. Biotechnological and Conventional Approaches. Alpha Science International Ltd. Pangbourne, India. 412 p.
- Cox M C, D M Hogarth, R T Mullins (1990)** Clonal evaluation of early sugar content. *Proceedings of Australian Society of Sugar Cane Technologists* 12:90-98.
- Cox M C, D M Hogarth, P B Hansen (1994)** Breeding and selection for high early season sugar content in a sugarcane (*Saccharum* spp. hybrids) improvement program. *Australian Journal of Agricultural Research* 45:1569-1575.
- Daniels J, B T Roach (1987)** Taxonomy and evolution. *In: Sugarcane Improvement through Breeding*. D J Heinz (ed). Elsevier, Amsterdam. pp:7-84.
- D'Hont A, G Mendes S, M Menossi, M Vincentz, M A Van-Sluys, J C Glaszmann, E Ulian (2008)** Sugarcane: a major source of sweetness, alcohol and bio-energy. *In: Genomics of Tropical Crop Plants*. P H Moore, R Ming (eds). Springer. New York. pp:483-513.
- FAOSTAT (2010)**. Estadísticas sobre caña de azúcar.
<http://faostat.fao.org/site/567/DesktopDefault.aspx?PageID=567#ancor>. Consultado: 14 marzo, 2011
- Hallauer A R (2007)** History, contribution and future of quantitative genetics in plant breeding: lessons from maize. *Crop Science* 47 (Supplement 3):S4-S19.
- Hogarth D M (1971)** Quantitative inheritance studies in sugarcane. II. Correlations and predicted responses to selection. *Australian Journal Agricultural Research* 22:103-109.
- Hogarth D M (1977)** Quantitative inheritance studies in sugarcane. III. The effect of competition and violation of genetic assumptions on estimation of genetic variance components. *Australian Journal of Agricultural Research* 28:257-268.
- Jackson P (1994)** Genetic relationships between attributes in sugarcane clones closely related to *Saccharum spontaneum*. *Euphytica* 79:101-108.

- Jackson P A (2005)** Breeding for improved sugar content in sugarcane. *Field Crops Research* 92:277–290.
- Jackson P A, T E Morgan (2003)** Early stage selection for commercial cane sugar (CCS) in sugarcane clones: effects of time of sampling and irrigation. *Australian Journal of Agricultural Research* 54:389–396.
- Kimbeng C A, T A McRae, M C Cox (2001)** Optimizing early generation selection in sugarcane breeding. *Proceedings of the International Society of Sugar Cane Technologists* 24:488–494.
- Milligan S B, M Balzarini, W H White (2003)** Broad-sense heritabilities, genetic correlations, and selection indices for sugarcane borer resistance and their relation to yield loss. *Crop Science* 43:1729–1735.
- Milligan S B, K A Gravois, K P Bischoff, F A Martin (1990)** Crop effects on broad-sense heritabilities and genetic variances of sugarcane yield components. *Crop Science* 30:344–349.
- Ming R, P H Moore, K-K Wu, A D'Hont, J C Glaszmann, T L Tew, T E Mirkov, J da Silva, J Jifon, M Rai, R J Schnell, S M Brumby, P Lakshmanan, J C Comstock, A H Paterson (2006)** Sugarcane improvement through breeding and biotechnology. *In: Plant Breeding Reviews, Vol:27*. J Janick (ed). John Wiley & Sons. Hoboken, New Jersey, USA. pp:15–118.
- Nayamuth A R, M Mangar, K Ramdoyal, M G H Badaloo (2005)** Early sucrose accumulation, a promising characteristic to use in sugarcane improvement programs. *Proceedings of the International Society of Sugar Cane Technologists* 25:421–428.
- Rathey A R, P Jackson, X-M Wei, M Cox, J Stringer (2004)** Opportunities to increase rates of parent improvement in Australian sugarcane breeding programs. *Proceedings of Australian Society of Sugar Cane Technologists* 26:1–12.
- Roach B T (1989)** Origin and improvement of the genetic base of sugarcane. *Proceedings of Australian Society of Sugar Cane Technologists* 11:34–47.
- Skinner J C, D M Hogarth, K K Wu (1987)** Selection methods, criteria and indices. *In: Sugarcane Improvement through Breeding*. D J Heinz (ed). Elsevier. Amsterdam. pp:409–453.
- Singh R K, S B Singh (2004)** Breeding strategies for commercially elite early maturing varieties of sugarcane (*Saccharum Species Complex*). *Sugar Tech* 6:89–92.
- Wajih M E, A Ala, Y Musa (2004)** Evaluation of sugarcane varieties for maturity earliness and selection for efficient sugar accumulation. *Sugar Tech* 6:297–304.