



**UNIVERSIDAD NACIONAL AGRARIA**

**FACULTAD DE AGRONOMÍA**

**Maestría en Mejoramiento Genético**

*"Por un Desarrollo Agrario  
Integral y Sostenible"*

**Identificación de familias élites en la variedad  
acriollada de arroz Enano mediante la  
predicción de valores genotípicos en Ciudad  
Darío, Matagalpa, ciclo primera 2016**

**AUTOR:**

Ing. Juan Ariel Oporta Palacios

**ASESORES:**

MSc. Rodolfo Valdivia Lorente

MSc. Vidal Marín Fernández

PhD. Oswalt Jiménez Caldera

Managua, Nicaragua

Enero, 2018



*"Por un Desarrollo Agrario  
Integral y Sostenible"*

# UNIVERSIDAD NACIONAL AGRARIA

## FACULTAD DE AGRONOMÍA

### Maestría en Mejoramiento Genético

**Identificación de familias élites en la variedad  
acriollada de arroz Enano mediante la predicción  
de valores genotípicos en Ciudad Darío,  
Matagalpa, ciclo primera 2016**

#### **AUTOR:**

Ing. Juan Ariel Oporta Palacios

#### **ASESORES:**

MSc. Rodolfo Valdivia Lorente

MSc. Vidal Marín Fernández

PhD. Oswalt Jiménez Caldera

Presentado a la consideración del honorable  
tribunal examinador como requisito final  
para optar al título de Maestro en Ciencias  
en Mejoramiento Genético de Cultivos y  
Animales

Managua, Nicaragua  
Enero, 2018

## ÍNDICE DE CONTENIDO

Sección	Página
DEDICATORIA .....	i
AGRADECIMIENTOS .....	ii
ÍNDICE DE CUADROS.....	iii
ÍNDICE DE FIGURAS.....	iv
ÍNDICE DE ANEXOS.....	v
RESUMEN.....	vi
ABSTRACT.....	vii
I. INTRODUCCIÓN .....	1
II. OBJETIVOS.....	3
2.1    Objetivo general.....	3
2.2    Objetivos específicos.....	3
III. MATERIALES Y MÉTODOS .....	4
3.1. Ubicación .....	4
3.2. Diseño experimental.....	4
3.3. Material genético.....	4
3.4. Variables evaluadas.....	5
3.4.1. Longitud de panícula (LP).....	5
3.4.2. Número de granos por panícula (NGPP).....	5
3.4.3. Fertilidad de las espiguillas (FP) .....	5
3.4.4. Peso de 1000 granos (PMG).....	6
3.4.5. Rendimiento de grano (Rend) .....	6
3.5. Manejo del experimento.....	6
3.6. Procesamiento de datos y análisis estadístico .....	7
IV. RESULTADOS Y DISCUSIÓN .....	11
V. CONCLUSIONES .....	26
VI. LITERATURA CITADA .....	27
VII. ANEXOS .....	33

## **DEDICATORIA**

A mi amada madre **Ana Julia Palacios Sotelo**, que me dio la vida y ha sabido guiarme por el buen camino, mujer admirable y luchó siempre para poder sacarme adelante y convertirme en un profesional, mujer valiente que tomó la responsabilidad de criarme ella sola sin dudarle ni un momento, que con paso firme y perseverante logró convertirme en la persona que hoy soy, con todo cariño te dedico este esfuerzo mamá.

A mi pequeña hija **Luciana Guadalupe Oporta Varela**, que es ese pedacito de mi corazón que me impulsa a superarme, a mi hermano menor **Holman Uriel Oporta Palacios**, que además ha sido mi amigo y mi compañero de lucha contra las adversidades, y un gran ejemplo de superación y admiración.

A ellos, que son mi familia, les dedico el esfuerzo puesto en este trabajo de graduación.

**Ing. Juan Ariel Oporta Palacios**

## AGRADECIMIENTOS

A mis asesores: **Rodolfo Valdivia, Vidal Marín, y Oswalt Jiménez**, por su apoyo con las observaciones y las recomendaciones, que han ayudado a aplicar adecuadamente los conocimientos para lograr como resultado una buena selección genética para mejorar la variedad trabajada.

Al **Dr. Juan Burgueño Ferreira**, Responsable de la unidad de estadística y biometría (BSU) del CIMMYT, que me ayudó a comprender mejor los procedimientos realizados en el análisis estadístico para poder interpretar mejor los datos.

A quienes me apoyaron en la fase de campo, estudiantes, compañeros de trabajo y amigos, que contribuyeron con este esfuerzo de trabajo de tesis: **Jessenia Sandoval, Danilo Huerta, Sergio Cuadra, Verónica Alvarado, Joel Montoya y Yessica García**.

Al Instituto Nicaragüense de Tecnología Agropecuaria (**INTA**) que tuvo confianza en mí y me dio la oportunidad de progresar intelectualmente para beneficio y servicio de Nicaragua.

A los profesores de la Universidad Nacional Agraria (**UNA**), Alma Mater, que con dedicación compartieron sus conocimientos y siempre estuvieron anuentes a las consultas incluso fuera del aula de clases.

Al Proyecto SNIA-COSUDE por proporcionar el financiamiento de campo.

A los productores de Río San Juan que proporcionaron el material genético para realizar la evaluación del germoplasma.

**Ing. Juan Ariel Oporta Palacios**

## ÍNDICE DE CUADROS

<b>Cuadro</b>	<b>Página</b>
1. Estados fenológicos de crecimiento y desarrollo del cultivo de arroz.	5
2. Parámetros genéticos estimados para las 194 familias provenientes de la variedad de arroz acriollada de arroz Enano. TAINIC, 2016.	15
3. Coeficientes de correlación genética de las 194 familias evaluadas provenientes de variedad acriollada Enano. TAINIC, 2016.	19
4. Matriz de correlación genética entre las 81 familias seleccionadas provenientes de la variedad acriollada de arroz Enano. TAINIC, 2016.	20
5. Ubicación en los conglomerados de las 81 familias seleccionadas provenientes de la variedad acriollada de arroz Enano. TAINIC, 2016.	22
6. Autovectores y autovalores de los primeros cuatro componentes principales de las 194 familias evaluadas en el experimento.	25

## ÍNDICE DE FIGURAS

<b>Figura</b>		<b>Página</b>
1.	Correlación negativa entre el número de granos/panícula y peso de 1000 granos según análisis de correlación genética realizado a las 194 familias de la variedad acriollada de arroz Enano. TAINIC, 2016.	18
2.	Correlación positiva entre el número de granos/panícula y porcentaje de fertilidad de las espiguillas según análisis de correlación genética realizado a las 194 familias de la variedad acriollada de arroz Enano. TAINIC, 2016.	18
3.	Dendograma de enlace completo utilizando distancia euclidiana a partir de las similitudes entre las 194 familias evaluadas de la variedad acriollada de arroz Enano. TAINIC, 2016.	23
4.	Análisis de componentes principales con los valores genéticos de las 194 familias provenientes de la variedad acriollada de arroz Enano. TAINIC, 2016.	24

## ÍNDICE DE ANEXOS

<b>Anexo</b>	<b>Página</b>
1. Plano de campo utilizado del experimento.	33
2. Valores genéticos de las 194 familias evaluadas de la variedad acriollada de arroz Enano.	34-39
3. Correlaciones genéticas no significativas en las 194 familias evaluadas de la variedad acriollada de arroz Enano. TAINIC, 2016.	40
4. Distribución en los conglomerados de las 194 familias evaluadas de la variedad acriollada de arroz Enano.	41
5. Datos climáticos de temperatura durante la evaluación de las 81 familias de la variedad de arroz acriollada Enano. TAINIC, 2016.	42
6. Datos climáticos de precipitación durante la evaluación de las 81 familias de la variedad de arroz acriollada Enano. TAINIC, 2016.	42



## RESUMEN

El conocimiento de la variabilidad genética es importante en cualquier programa de mejoramiento de plantas. La heredabilidad con el avance genético es útil para predecir la ganancia bajo la selección efectiva. Las variedades acriolladas exhiben variabilidad ocasionada por mezclas o cruzamientos, presentando genotipos con mejores características genéticas dentro de la población. El objetivo fue identificar familias élites con alto rendimiento en la variedad acriollada de arroz Enano mediante la predicción de los valores genotípicos usando Selección Genética Computarizada RELM/BLUP durante el ciclo primera 2016 en el centro experimental de arroz TAINIC en Ciudad Darío, Matagalpa. El diseño utilizado fue en bloques aumentados con cuatro bloques de 50 tratamientos no comunes y cinco tratamientos comunes en cada uno. Las variables fueron longitud de panícula, número de granos por panícula, fertilidad de las espiguillas, peso de 1000 granos y rendimiento, se analizaron con el software SELEGEN. El rendimiento y número de granos por panículas obtuvieron los mayores valores en varianzas fenotípicas y genotípicas, así como altos coeficientes de variación fenotípica (%CVP) y genotípica (%CVG), para longitud de panícula, peso de 1000 granos y fertilidad de las espiguillas fueron bajos. Las estimaciones de heredabilidad fueron moderadas para rendimiento (34.59%), peso de 1000 granos (46.45%) y longitud de panícula (48.48%). El número de granos por panícula presentó heredabilidad muy alta (95.25%) y fertilidad de espiguillas heredabilidad muy baja (1.58%). Caracteres con baja heredabilidad indican que la selección por estos rasgos no es efectiva. El rendimiento de grano no presentó correlación genética significativa con los otros caracteres; sin embargo, se encontró correlación negativa entre peso de 1000 granos y número de granos por panícula ( $r=0.15$ ) y correlación positiva entre número de granos por panícula y fertilidad de las espiguillas ( $r=0.25$ ). La heredabilidad, ganancia genética y correlación del rendimiento con los otros caracteres, permite la selección de las familias con valores genéticos (BLUP) positivos para incrementar el rendimiento de grano.

**Palabras clave:** Heredabilidad, ganancia genética, variabilidad, REML, BLUP, *Oryza sativa*.

## ABSTRACT

The knowledge of the genetic variability is important in any plant breeding program. Heritability with genetic advance is useful for predicting gain under effective selection. Rice Landrace exhibit variability caused by mixtures or crosses, presenting genotypes with best genetics features within the population. The objective was to identify elite families with high grain yield in rice landrace cv Enano by predicting the genotypic values using the RELM/BLUP Computerized Genetic Selection during the first cycle 2016 at the TAINIC rice experimental center in Ciudad Darío, Matagalpa. The design used was an augmented design with four blocks of 50 uncommon treatments and five common treatments in each one. The variables were panicle length, number of grains per panicle, spikelet fertility, 1000-grain weight and grain yield, were analyzed with SELEGEN software. The grain yield and number of grains per panicle obtained the highest values in phenotypic and genotypic variances, also was attained the highest values of phenotypic variation (% CVP) and genotypic (% CVG), for panicle length, 1000-grain weight and spikelet fertility were low. Heritability estimates were moderate for grain yield (34.59%), 1000-grain weight (46.45%) and panicle length (48.48%). The number of grains per panicle showed very high heritability (95.25%) and very low heritability for spikelet fertility (1.58%). The traits with low heritability indicate that selection by these traits is not effective. Grain yield showed no significant genetic correlation with the other traits; nevertheless, a negative correlation was found between 1000-grain weight and number of grains per panicle ( $r = 0.15$ ) and positive correlation between number of grains per panicle and spikelet fertility ( $r = 0.25$ ). The heritability, genetic gain and correlation of grain yield with the other traits, allows selection of families with positive genetic values (BLUP) to increase grain yield.

**Key words:** Heritability, genetic gain, variability, REML, BLUP, *Oryza sativa*.

## I. INTRODUCCIÓN

En Nicaragua el arroz (*Oryza sativa*) constituye uno de los componentes de la dieta alimenticia de la población. Sin embargo la producción no satisface la demanda de la población, el Banco Central de Nicaragua (BCN, 2016a) reporta que en el 2016 se invirtieron aproximadamente 54 millones de dólares en concepto de importaciones de arroz para consumo. Según CENAGRO (2011) la actividad arrocera en nuestro país genera 190.70 millones de dólares a nivel nacional y genera alrededor de 75 mil puestos de trabajo directos e indirectos al año.

Desde el punto de vista estratégico es muy importante, ya que junto al frijol forma parte de la dieta de los nicaragüenses. En el país el arroz es después del maíz y el frijol, el tercer alimento básico en la dieta humana. Dirección estadística del Banco Central de Nicaragua (BCN, 2016b) reporta que en el ciclo agrícola 2016/2017, se cultivaron aproximadamente 66,950 ha de arroz, con una producción de 231,363 t de arroz granza y un rendimiento promedio de 3.45 t ha<sup>-1</sup>.

Narváez (2004) señaló que las causas de los bajos rendimientos del rubro son: a) uso de variedades de bajo potencial productivo y deterioro genético de las mismas, b) bajo nivel de tolerancia a enfermedades, c) deficiente manejo agronómico y fitosanitario, d) el poco uso de semilla certificada por los productores. Estas causas aún prevalecen en la actualidad.

El desarrollo de nuevos genotipos requiere de tener conocimientos sobre la variabilidad genética presente en el germoplasma del cultivo para construir un programa de mejoramiento eficiente ayudando a determinar si estas variaciones son hereditarias o no. La magnitud de la variación debido al componente heredable es muy importante ya que permite que la selección de los individuos prominentes contribuya al progreso o perfeccionamiento efectivo de los caracteres sometidos a procesos de mejora genética (Yadav *et al.*, 2010).

El INTA ha desarrollado procesos de purificación de variedades acriolladas de arroz, entre ellos está la variedad Enano cultivada en la zona de Río San Juan de Nicaragua. Se desconoce su origen, pero se dice que fue introducida del municipio de Morrito de Palos Ralos por una empresa privada arrocera que funcionó entre 1970-1980.

Los productores locales la siembran desde hace 20 años, es cultivada por aproximadamente 100 productores en esta localidad. Entre sus cualidades destacan fácil de aporrear, rendimiento, rusticidad, buena calidad molinera, buen sabor y textura en la cocina (Sandoval, 2016).

Sin ser sometida a procesos de selección o mantenimiento de la variedad, se generó variabilidad en el germoplasma debido a mezclas con otras variedades y posibles cruza naturales bajo diversas condiciones climáticas a lo largo del tiempo, considerando el 1% de alogamia en arroz planteado por Chatel y Guimarães (1997). Por esta razón al realizar el proceso de purificación se busca la selección de los mejores fenotipos dentro de la población.

Con el surgimiento de nuevas técnicas en genética cuantitativa y de informática, se han desarrollado procedimientos para el fitomejoramiento, que permiten el análisis de experimentos desbalanceados para la estimación de los parámetros genéticos. Entre éstos, el procedimiento de Máxima Verosimilitud Restringida (REML) ha sido el más utilizado, ya que estiman los componentes de varianza en los experimentos no balanceados (Resende, 2006).

Con una mayor precisión de las estimaciones y disponibilidad del REML, surgió el procedimiento Mejor Predicción Lineal no Sesgada (BLUP), que permite inferencias sobre los efectos genéticos de tratamientos (Resende, 2006). En este caso, un valor genotípico se determina para cada individuo, lo que permite la estimación más precisa del valor genético y una mejor selección de los individuos superiores (Oliveira *et al.*, 2013).

En la búsqueda de alternativas viables que garanticen una buena producción y mejoren la seguridad alimentaria en las familias productoras de Nicaragua se hace necesario tomar como base el material genético de la variedad acriollada Enano para identificar fenotípicamente familias de alto rendimiento mediante Selección Genética Computarizada REML/BLUP.

## **II. OBJETIVOS**

### **2.1 Objetivo general**

Identificar familias élites con alto rendimiento en la variedad acriollada de arroz Enano mediante la predicción de los valores genotípicos usando Selección Genética Computarizada RELM/BLUP.

### **2.2 Objetivos específicos**

Determinar la variación fenotípica y sus componentes (varianza genética y varianza ambiental) para los componentes del rendimiento en la variedad acriolla de arroz Enano.

Estimar los parámetros hereditarios; heredabilidad en sentido amplio y ganancia genética, correlación fenotípica y genética para los componentes del rendimiento, en la variedad acriolla de arroz Enano.

Clasificar los genotipos aislados de la variedad de arroz Enano como base para el mejoramiento genético.

Seleccionar familias élites que expresen valores genotípicos superiores en componentes del rendimiento.

### **III. MATERIALES Y MÉTODOS**

#### **3.1. Ubicación**

El estudio se realizó en el Centro experimental de arroz TAINIC, ubicado en el municipio de Ciudad Darío, en las coordenadas X 590979.316, Y 1415162.564. Según la clasificación bioclimática de Holdridge (1987), la zona de vida es Bosque Seco Tropical (bs-T). El terreno se caracteriza por planicies arcillosas (orden de los vertisoles), fértiles, mecanizables y aptas para el cultivo del arroz. El sistema de siembra que predomina en la zona es por inundación. La altura promedio del Valle de Sébaco es de 465 m.s.n.m.

#### **3.2. Diseño experimental**

El experimento se estableció con diseño en bloques aumentados, se utilizó un método de selección empleando modelos mixtos que tuvo como tratamiento no común 200 familias (surcos) provenientes de la variedad Enano y como tratamiento común (testigo) la variedad INTA Dorado.

Se establecieron cuatro bloques, cada bloque estuvo compuesto por 55 surcos de cinco metros de largo con 20 plantas cada surco, de estos 55 surcos, 50 pertenecían a tratamientos no comunes y 5 a tratamientos comunes. En los tratamientos no comunes cada surco representó una familia en la que sus integrantes provenían de una sola panícula. Dentro de las familias cada planta se consideró como una observación para obtener los datos de los caracteres a evaluar. Los cinco surcos del tratamiento común (testigos) INTA Dorado, se ubicaron cada 10 familias, estos surcos testigos se conformaron con la misma cantidad de plantas que las familias evaluadas. La distancia de siembra utilizada fue de 30 cm entre plantas y entre surcos.

#### **3.3. Material genético**

Se utilizó la variedad acriollada de arroz Enano, la semilla provino de incrementos realizados en el centro experimental TAINIC para los procesos de purificación durante el ciclo de riego 2016. Se seleccionaron 200 plantas para dar origen a 200 familias evaluadas en el experimento.

En el testigo se utilizó semilla genética de la variedad INTA Dorado, para medir mejor la variación ambiental, porque es una variedad que tiene alta sensibilidad de respuesta al ambiente.

### 3.4. Variables evaluadas

Cada variable fue evaluada con el sistema de evaluación estándar para el cultivo de arroz recomendada por Centro Internacional de Agricultura Tropical (CIAT, 1983), el estado de desarrollo fenológico de la planta se indica entre paréntesis (Cuadro 1). El tamaño de la muestra fue de 10 plantas consideradas como parcela útil, elegidas de forma aleatoria en el centro de los surcos de cada familia.

**Cuadro 1.** Estados fenológicos crecimiento y desarrollo del cultivo de arroz (CIAT, 1983).

<b>Estado</b>	<b>Estado fenológico</b>
<b>0</b>	Germinación a emergencia
<b>1</b>	Plántula o trasplante
<b>2</b>	Macollamiento o ahijamiento
<b>3</b>	Crecimiento o elongación del tallo
<b>4</b>	Embuchamiento o panzoneo
<b>5</b>	Emergencia de la panícula
<b>6</b>	Floración
<b>7</b>	Estado lechoso del grano
<b>8</b>	Estado pastoso del grano
<b>9</b>	Grano maduro o maduración fisiológica

#### 3.4.1. Longitud de panícula (LP)

Para medir este carácter a cada familia (surco) se utilizaron 20 panículas de las 10 plantas seleccionadas al azar, omitiendo las plantas que estaban al inicio y final de los surcos. La medición se realizó desde el nudo ciliar hasta el último grano, el valor fue expresado en centímetros. Este dato fue tomado en madurez fisiológica (estado fenológico 09).

#### 3.4.2. Número de granos por panícula (NGPP)

Se realizó conteo de número de granos por panícula, obteniéndose el promedio del muestreo de 20 panículas por familia seleccionadas al azar en 10 plantas dentro del surco de la familia.

#### 3.4.3. Fertilidad de las espiguillas (FP)

De 20 panículas tomadas al azar, se contaron los granos (espiguillas) totales y los enteros, para obtener el porcentaje de fertilidad por cada familia. Esta variable se midió en el estado fenológico 9 (grano maduro).

#### **3.4.4. Peso de 1000 granos (PMG)**

Por cada familia se pesaron 1000 granos, con grado de humedad del 14%. Este dato se expresó en gramos (g).

#### **3.4.5. Rendimiento de grano (Rend)**

El rendimiento se determinó en el estado fenológico madurez de la planta (arroz en cáscara o paddy) y se expresó en g/familia al 14 % de humedad del grano. Para la obtención de este dato cada planta de cada familia se cosechó individualmente. Por familia se seleccionaron 10 plantas al azar, la sumatoria de las 10 plantas se asumió como el dato de peso de campo por familia.

#### **3.5. Manejo del experimento**

Previo a la siembra del ensayo se preparó el suelo iniciando con el corte de maleza con machete, la remoción de suelo se hizo con un pase de row plow, uno de rotovator y uno de banca, luego se realizó la medición y posterior establecimiento del experimento en un área de 18 × 27 m (425 m<sup>2</sup>).

El semillero se estableció en bandejas en la época de primera <sup>1</sup> 2016, colocando cuatro familias por bandeja, se dejaron en cámara húmeda durante tres días y se trasplantaron a los 12 días cuando las plantas tenían de tres a cuatro hojas, a una distancia entre planta de 30 cm y entre surco a 30 cm.

Una vez establecido el cultivo, el control de maleza se realizó mediante la limpia manual, realizando el manejo de las malezas desde antes del establecimiento del cultivo hasta los primeros 40 días de establecido para evitar la competencia entre la maleza y el arroz.

Con el objetivo de mantener el enfoque hacia una agricultura agroecológica la fertilización se redujeron las cantidades tradicionalmente usadas, se redujo urea en 20%, fósforo en 25% y potasio en 50%. El fraccionamiento se realizó de la siguiente forma:

1. Fertilización base: Fórmula 18-46-00, utilizando 97 kg ha<sup>-1</sup> al momento de la siembra.
2. Complementación de fertilización nitrogenada: Fórmula Urea 46%, utilizando 258 kg ha<sup>-1</sup>, fraccionada en días después de la emergencia (dde) de la siguiente forma:  
Primer fraccionamiento (15 dde) y segundo fraccionamiento (35 dde); 97 kg ha<sup>-1</sup> cada uno.

---

<sup>1</sup> Abarca los meses de Junio a Diciembre 2016



Tercer fraccionamiento (55 dde); 65 kg ha<sup>-1</sup>.

3. Complementación de fertilización potásica: Fórmula MOP (0-0-60), con 65 kg ha<sup>-1</sup>, en forma fraccionada de la siguiente forma:

Primer fraccionamiento (35 dde) y segundo fraccionamiento (55 dde); 32.5 kg ha<sup>-1</sup> cada uno.

### 3.6. Procesamiento de datos y análisis estadístico

Los datos fueron analizados utilizando el modelo 74 del software SELEGEN REML-BLUP de EMBRAPA (Resende, 2002), en este modelo el efecto de los testigos es asumido como aleatorio (Resende, 2006). Originalmente en los diseños de bloques aumentados, los testigos son asumidos como efectos fijos (Federer, 1994); sin embargo, en terminología de modelos mixtos, los testigos pueden ser asumidos como efectos aleatorios debido a que estos son evaluados en muchas repeticiones.

El modelo estadístico que se utilizó es:

$$y = X_f + Z_g + W_b + e$$

Las letras mayúsculas representan las matrices de incidencia para los efectos, donde  $y$  es el vector de datos, el vector  $f$  se asume como efectos fijos (en el modelo 74 se utiliza el promedio general para este vector),  $g$  es el vector de efectos genotípicos (asumido como aleatorio),  $b$  es el vector de los efectos ambientales de los bloques (asumido como aleatorio), y  $e$  es el vector de errores o residuos (aleatorios).

Los componentes de varianza fueron estimados mediante Máxima Verosimilitud Restringida (REML), incluyendo varianza genotípica, varianza ambiental entre los bloques, varianza del error o residual, variación fenotípica individual, heredabilidad en sentido amplio (efectos genotípicos totales) y promedio general del experimento.

Para la predicción de los valores genéticos se utilizó Mejor Predicción Lineal Insesgada (BLUP). Los efectos aleatorios son asumidos como la distribución de  $\mu \sim MVN(0, G)$  y  $e \sim MVN(0, R)$ , donde  $MVN(\mu, V)$  denota la distribución normal multivariante con el vector de la media  $\mu$  y la matriz de varianza-covarianza de  $V$ .

La ecuación en modelos mixtos es la siguiente (Henderson, 1986; Searle *et al.*, 1992):

$$\begin{bmatrix} X'R^{-1}X & X'R^{-1}Z \\ Z'R^{-1}X & Z'R^{-1}Z + G^{-1} \end{bmatrix} \begin{bmatrix} \hat{\beta} \\ \hat{\gamma} \end{bmatrix} = \begin{bmatrix} X'R^{-1}Y \\ Z'R^{-1}Y \end{bmatrix}$$

Los coeficientes de variación genética y fenotípica fueron calculados utilizando las fórmulas (Pistorale *et al.*, 2008; Ahsan, 2015):

$$\%CVP = \frac{\sqrt{\sigma_p^2}}{\mu} \times 100 \quad CVG = \frac{\sqrt{\sigma_g^2}}{\mu} \times 100$$

Dónde:      %CVP= Coeficiente de variación fenotípica  
               %CVG= Coeficiente de variación genotípica  
                $\sigma_p^2$ = Varianza fenotípica  
                $\sigma_g^2$ = Varianza genética  
                $\mu$ = Media del rasgo

La heredabilidad en sentido amplio  $h_b^2$  está definida por la ecuación:

$$h_b^2 = \frac{\sigma_g^2}{\sigma_p^2}$$

Dónde:  
                $h^2$ = Heredabilidad en sentido amplio  
                $\sigma_g^2$ = Varianza Genética  
                $\sigma_p^2$ = Varianza Fenotípica

La heredabilidad puede diferir en diferentes ambientes porque la varianza ambiental es parte de la varianza fenotípica (Escudero, sf). Este hecho se observa más claramente si reescribimos la expresión de la heredabilidad desglosando la varianza fenotípica (en el denominador de la expresión) en sus diferentes componentes:

$$\sigma_p^2 = (\sigma_g^2 + \sigma_e^2) \text{ entonces } \Rightarrow \quad h_b^2 = \frac{\sigma_g^2}{(\sigma_g^2 + \sigma_e^2)}$$

Donde:

$h^2$ = Heredabilidad en sentido amplio

$\sigma_g^2$ = Varianza genética

$\sigma_p^2$ = Varianza fenotípica

$\sigma_e^2$ = Varianza ambiental

La ganancia genética ( $\Delta G$ ) fue estimada utilizando la fórmula propuesta por Vallejo y Estrada (2002) quienes proponen que el diferencial de selección puede estimarse mediante la diferencia de la población seleccionada con la población total evaluada en el experimento.

$$i = \frac{f_s - f_0}{\sigma_f} = \frac{ds}{\sigma_f}$$

$$\Delta G = ds \times h^2 \quad \text{es decir} \quad \Delta G = (\mu f_s - \mu f_0) \times h^2$$

Donde:

$\Delta G$ = Ganancia Genética

$f_s$ = Media de las familias seleccionadas

$f_0$ = Media general de la población del ensayo

La correlación genética entre los caracteres se realizó después que se eliminaron los efectos ambientales mediante el SELEGEN, que utiliza la siguiente ecuación (Resende, 2006):

$$r_{a(x,y)} = \frac{COV_{\hat{a}(x,y)}}{\hat{\sigma}_{\hat{a}x} \hat{\sigma}_{\hat{a}y}}$$

Donde:

$COV_{\hat{a}(x,y)}$  es la covarianza genética entre los caracteres “X” y “Y”

$\hat{\sigma}_{\hat{a}x}$  y  $\hat{\sigma}_{\hat{a}y}$  son las desviaciones genéticas estándar de los caracteres “X” y “Y” respectivamente.

Debido a que SELEGEN solamente presenta los coeficientes de correlación, la significancia de estos se obtuvo con el software MINITAB v17 (2010).

Para la selección de las familias se realizó el Rank de las familias en el software EXCEL 2013 utilizando el valor BLUP estimado y su respectivo valor genético, esto permitió seleccionar las familias que poseen valores positivos y que brindan mayor aporte a la ganancia genética.

El análisis de conglomerado se realizó con el software MINITAB v17 (2010), se utilizaron las medias de los valores genéticos para los componentes del rendimiento obtenidos por la predicción BLUP, los datos fueron estandarizados y la medida de distancia utilizada fue la Euclidea, posteriormente se construyó un dendrograma donde se observan las agrupaciones de los genotipos.

El Análisis de componentes principales (ACP) se realizó para comprobar las agrupaciones encontradas en el análisis de conglomerados. Para esto las variables fueron estandarizadas porque presentaban datos en diferentes escalas. Como criterios de clasificación se utilizaron las familias y para identificar las agrupaciones los conglomerados se clasificaron por color, esto permite identificar la ubicación de las familias en el BILOT. Este análisis fue realizado con el software INFOSTAT v. 2016P.

## IV. RESULTADOS Y DISCUSIÓN

### Parámetros genéticos evaluados

La estimación de los parámetros genéticos (medias, varianza y covarianza) y la magnitud de la dirección de las correlaciones genéticas entre caracteres posibilitarán prever el resultado de la selección y elegir los métodos más adecuados de mejoramiento, además de formular estrategias de selección simultánea (Ramalho *et al.*, 1993; Vencovsky, 1987).

En la mejora de plantas, la variación genética juega un papel de mucha importancia, puesto que estos coeficientes le dan al fitomejorador un conocimiento de la variabilidad existente para determinado carácter por efecto directo de los genes, conociendo estos porcentajes, el investigador estará en la capacidad de poder decidir si la población materia de estudio es apta para mejorar un carácter en beneficio de otro o suyo propio.

En una población acriollada es común observar alta variación fenotípica, esto obedece principalmente a que sobre el germoplasma original no se ha ejercido presión de selección y solamente actúa la selección natural, al no haber selección artificial se genera una gran diversidad genética, dando origen a una población con gran variación fenotípica.

BLUP permite la estimación de los efectos aleatorios, para esto los componentes de varianza G y R en la matriz, son reemplazadas por las estimaciones obtenidas mediante REML (Paterson y Thompson, 1971).

En el Cuadro 2 se observa que en todos los caracteres la varianza fenotípica fue mayor que la varianza genotípica, esto indica que existe fuerte influencia de factores ambientales en las familias evaluadas, las mayores varianzas fenotípicas y genotípicas se obtuvieron con los caracteres rendimiento y número de granos por panículas, esto expresa que estos caracteres están fuertemente influenciadas por el efecto ambiente. De Datta (1986) asegura que las condiciones climáticas pueden ser la causa de que se formen un mayor número de espiguillas o granos, sobre todo la radiación solar que favorece la actividad fotosintética, produciendo así un incremento en los carbohidratos.

La variación fenotípica fue menor para peso de 1000 granos y longitud de la panícula, la variación genotípica indica que estos caracteres son muy estables dentro de la población, por lo

que una selección con base en estos caracteres no sería efectiva porque la variabilidad es demasiado baja.

La fertilidad de las espiguillas tienen varianza genética muy baja y su varianza ambiental muy alta, esto nos permite deducir que las variaciones de este carácter entre las familias evaluadas está fuertemente influenciada por el factor ambiente, Garcés (2013), Matsui *et al.*, (2000), Prasad *et al.*, (2006), Somarriba (1998) y Yoshida (1981) señalan que temperaturas inferiores a 22 °C provocan la falta de apertura de las glumas (lema y palea), si la temperatura es inferior a 15 °C no se produce fecundación, mayores de 35 °C son críticas para la antesis ocasionando dehiscencia de las anteras, baja producción de polen por lo tanto bajo número de granos de polen germinando sobre el estigma, provocando esterilidad de las espiguillas. Las temperaturas promedio oscilaron entre los 27.4 y 21.2 °C, esto permitió que la fertilidad de las espiguillas tuviera valores aceptables en su promedio.

Otras condiciones ambientales como la disponibilidad de agua para la planta y su capacidad para tolerar estrés hídrico, constituyen un factor determinante para la fertilidad de las espiguillas. La selección para la mejora de este carácter debe estar acompañada con la selección de otros factores genéticos relacionados con la fisiología de la planta, la capacidad fotosintética, la capacidad de absorción de nutrientes y sobre todo la mejor interacción con los estímulos ambientales que responden al fotoperiodo, temperaturas y estrés hídrico.

Los caracteres de rendimiento y número de granos por panícula presentaron altos coeficientes de variación tanto fenotípica (%CVP) como genotípica (%CVG). Para los caracteres longitud de panícula, peso de 1000 granos y fertilidad de las espiguillas fueron bajos.

Los coeficientes de variación fenotípica fueron ligeramente superiores a los de variación genotípica, esto puede considerarse como indicio de que el ambiente estuvo influyendo en algún grado sobre la expresión de estos caracteres por la interacción del genotipo con el ambiente donde se desarrolla, resultados similares fueron encontrados por Pandey y Anurag (2010), Seyoum (2012) y Bitew (2016) quienes también encontraron influencia del ambiente sobre los resultados de sus investigaciones para los caracteres rendimiento y número de granos por panícula.

La variación fenotípica está influenciada por condiciones ambientales (precipitación, viento, temperatura) y también por el manejo de la lámina de agua, que se basó bajo la simulación de secano, para esta simulación se utilizó la técnica húmedo-seco, que consiste reducir la frecuencia de los turnos de riego, limitándolos únicamente a garantizar capacidad de campo para luego interrumpir el riego hasta que el agua se encuentre 15 cm bajo la superficie del suelo, esto es aplicable a los suelos vertisoles que se cultivan bajo condiciones de riego, permite simular las condiciones de secano porque no se mantiene lámina de agua permanente y también se toma en cuenta la precipitación, permitiendo que el tiempo entre cada riego complementario se pueda distanciar más.

### **Estimación de la heredabilidad**

La heredabilidad en sentido amplio  $h_b^2$  se define como la proporción entre la varianza genética y la varianza fenotípica (Ramírez, 2003), ésta indica en qué medida la varianza fenotípica está determinada por la varianza genotípica, incluye los efectos de varianza por dominancia y varianza epistática, son los efectos aditivos los únicos que se heredan y solamente es aplicable para efectos medidos a nivel de población y no a individuos ya que depende de las circunstancias ambientales a las que están sujetas los individuos de una población. La heredabilidad es importante porque determina con qué ritmo se modifica la media poblacional, y cómo evoluciona la población, en respuesta a la selección natural o artificial.

La heredabilidad en sentido amplio  $h_b^2$  del rendimiento, peso de 1000 granos y longitud de panícula, se estimó entre valores de 30 y 70%.

En el rendimiento se encontró heredabilidad de 34.59%, similar a lo encontrado por Rafii *et al.*, (2014) y Ogunbayo *et al.*, (2014) quienes encontraron valores de 35.88 y 44.60% respectivamente. El rendimiento es un carácter cuantitativo complejo que en gran medida está influenciado por las fluctuaciones ambientales; la selección de genotipos superiores en base al rendimiento *per se* en una localidad en un año puede no ser muy eficaz.

En peso de 1000 granos tuvo heredabilidad de 46.45% similar a la de Rafii *et al.*, (2014) y Servellon (1996) con heredabilidades de 33.11 y 31.35% respectivamente, aunque Servellon realizó su análisis con el peso de 100 granos, es correlativo para los 1000 granos.

La longitud de la panícula presentó heredabilidad de 48.48% lo que indica que el ambiente contribuyó en 51.52% a la manifestación del carácter, este valor es cercano al encontrado por Akinwale *et al.*, (2011) que obtuvo 53.6% y también al encontrado por Tuhima (2015) que corresponde al 54.48%.

La longitud de la panícula y número de espiguillas por panícula son caracteres controlados por poli-genes que se encuentran dispersos en el cultivar. La variación genética en la longitud de panícula se debe principalmente a efectos aditivos y dominantes, donde el componente dominante desempeña papel determinante, lo que limitaría la efectividad de la selección por este carácter (De-Lin y Yan, 2004).

El número de granos por panícula presentó una heredabilidad muy alta (95.25%), siendo similar a los encontrados por Akinwale *et al.*, (2011) y Akhtar *et al.*, (2011), valores de heredabilidad muy altos no necesariamente indican que es efecto directo de la casualidad genética, porque puede depender de la sensibilidad del carácter a los cambios en el ambiente, o quizás que en TAINIC se presentan las condiciones necesarias para la expresión relevante de dicho carácter.

Para el porcentaje de fertilidad de las espiguillas, la  $h_b^2$  fue muy baja (1.58%), esto demuestra, al igual que el coeficiente de variación fenotípica, que la expresión de este carácter estuvo altamente influenciada por el ambiente, incluso resultados obtenidos por Sabu *et al.*, (2009) indican que la totalidad de los efectos para este carácter fue por el ambiente.

Los caracteres de heredabilidad baja indican que la selección directa por estos rasgos no será efectiva, puesto que sus características están influenciadas principalmente por factores externos y no genéticos como en el caso de fertilidad de las espiguillas. Caracteres de heredabilidad moderada, indican que esos rasgos están controlados principalmente por efectos genéticos, lo que permite seleccionar a través de su rendimiento fenotípico.

Las altas estimaciones de heredabilidad con un bajo avance genético observado en los caracteres de peso de 1000 granos y longitud de panícula indican un tipo de acción génica no aditivo y que la interacción genotipo-ambiente juega un papel significativo en la expresión de los rasgos.



Los caracteres evaluados en este experimento, expresaron en la mayoría de los casos un alto porcentaje de heredabilidad, lo implica que fueron controlados genéticamente en mayor grado; indicando que la selección de ciertas familias sería lo más efectivo para mejorar el rendimiento.

Los porcentajes de heredabilidad obtenidos dan pauta a pensar que estuvieron influenciados por el material genético, el cual ya tenía sus caracteres fijados por tratarse de una variedad ya formada en años anteriores, que en su momento entró al país como tal, ya que Nicaragua no es centro de origen del arroz. Además, se sabe que cuando se efectúa selección, se está seleccionando efectos génicos-aditivos, los cuales irán incrementando progresivamente.

Es importante recalcar que no existe un valor de heredabilidad único para un determinado carácter en una determinada especie, ya que éste varía a menudo entre poblaciones y entre ambientes. Puede diferir entre poblaciones porque la varianza aditiva depende de las frecuencias génicas, por lo que si dos poblaciones se diferencian en loci que afectan al carácter de interés, la heredabilidad puede diferir.

**Cuadro 2.** Parámetros genéticos estimados para las 194 familias provenientes de la variedad de arroz acriollada de arroz Enano. TAINIC, 2016.

Caracteres	Media	$\sigma^2g$	$\sigma^2p$	$\sigma^2e$	%CVG	%CVP	GG	
							$h_b^2$	(k=41%)
Rend	755.08	7070.96	20439.24	13368.28	11%	19%	34.59%	24.07
PMG	23.16	1.21	2.61	1.40	5%	7%	46.45%	0.36
LP	20.06	0.45	0.93	0.48	3%	5%	48.87%	0.25
NGPP	198	5410.32	5679.89	269.56	37%	38%	95.25%	74.08
%FE	90.81	0.29	18.87	18.57	1%	5%	1.58%	*

$\sigma^2g$ =Variación genética,  $\sigma^2p$ =Variación fenotípica,  $\sigma^2e$ =Variación ambiental, %CVG=Coefficiente de variación genotípica, %CVP=Coefficiente de variación fenotípica,  $h_b^2$ =Heredabilidad en sentido amplio,

GG= Ganancia genética, k=porcentaje de selección de individuos. Rend=Rendimiento de grano (gr/familia), PMG= peso de 1000 granos, LP= longitud de la panícula, NGPP= número de granos por panícula, %FE= porcentaje de fertilidad de las espiguillas. \* La ganancia genética para el carácter fertilidad de las espiguillas no se estimó debido a que presentó baja variación genética y prácticamente toda la variación se debió a efectos ambientales.

### **Correlación genética entre los caracteres evaluados**

En los estudios genéticos es necesario distinguir las causas de correlaciones entre caracteres: genéticas y ambientales. El problema a considerar en la estimación de las correlaciones entre caracteres es cómo las correlaciones genéticas y ambientales se combinan juntas para dar una correlación fenotípica directamente observable.

La forma de estimar las correlaciones genéticas es análoga a la estimación de la heredabilidad, partiendo de la similitud entre parientes, pero en este caso se busca descomponer los componentes causales de covarianza entre dos caracteres, mediante un análisis de covarianza, el cual se realiza en el mismo contexto que la heredabilidad, esto es, estructurando a la población con un grado de parentesco conocido que permita derivar las varianzas y covarianzas causadas entre y dentro de familias para dos caracteres (Beckert, 1984). Si ambos caracteres tienen una baja heredabilidad, la correlación fenotípica se determina fundamentalmente por la correlación ambiental, y si poseen una elevada heredabilidad, la correlación genética es la más importante (Roff y Mousseau, 1987).

El grado de correlación entre los caracteres es un factor importante especialmente en el rendimiento. Puede utilizarse para la selección indirecta ya que provee información que permite entender mejor el comportamiento de los componentes del rendimiento, SELEGEN permite obtener una matriz de correlación genética conforme los valores genéticos de las familias evaluadas.

En los coeficientes de correlación, los genes actuaron de forma independiente en los caracteres que actuaron de forma positiva o negativa sin alcanzar significancia estadística. Es necesario expresar, que para los caracteres evaluados en comparación con rendimiento no se encontraron diferencias estadísticas, pero esto no significa que no están interrelacionados.

La matriz de coeficientes de correlación en el Cuadro 3, revela que no existe correlación significativa entre los caracteres evaluados y el rendimiento, resultados similares encontró Babú (2012).

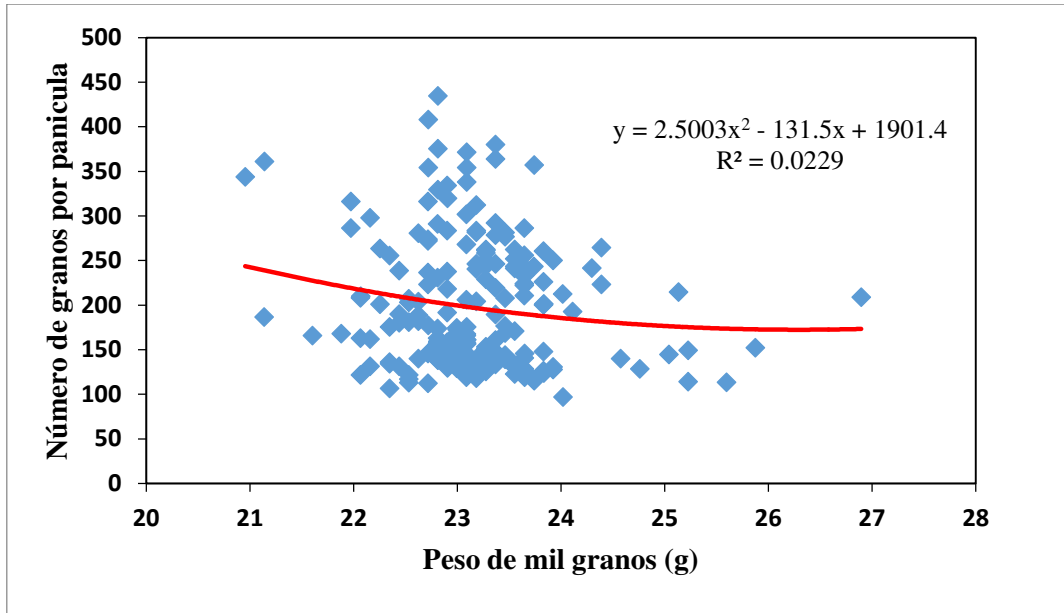
Entre peso de 1000 granos y número de granos por panícula se encontró correlación negativa ( $r=0.15$ ) resultados similares fueron encontrados por Karim *et al.*, (2014), esto indica que a medida que aumenta el número de granos por panícula, disminuye el peso del grano.

Cuando la panícula posee mayor cantidad de granos, demanda más nutrientes para poder llenarlos adecuadamente, pero si las condiciones ambientales durante la maduración no favorecen la absorción de nutrientes y agua, los granos no llenaran completamente (CIAT, 1986), produciendo que el peso de 1000 granos disminuya, este comportamiento puede observarse en la Figura 5.

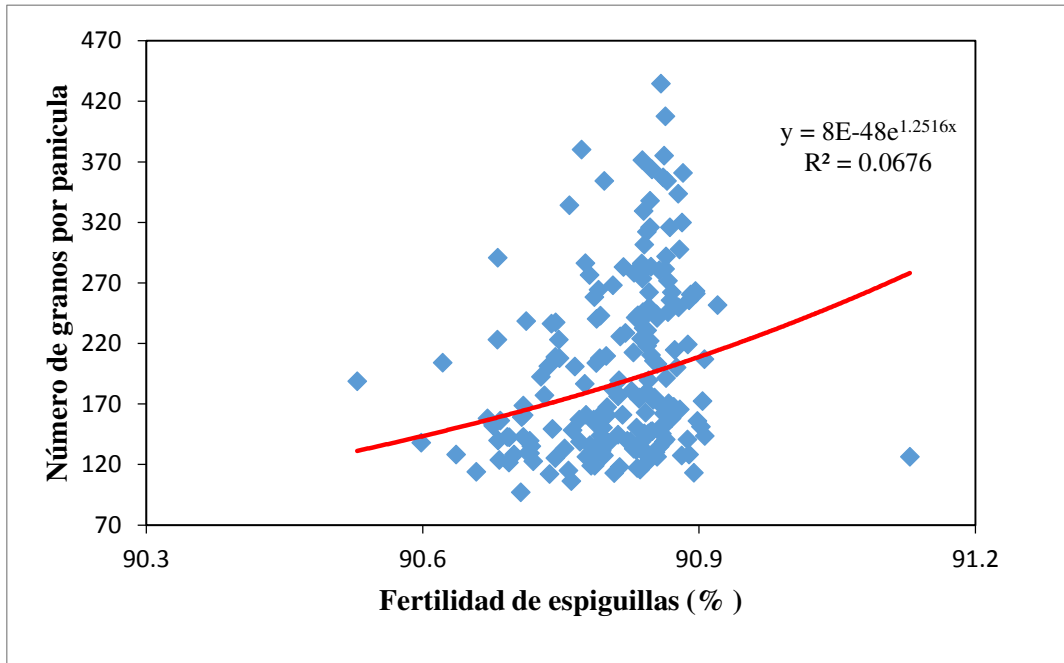
Sin embargo, es probable que una planta con menor número de granos (sea esto por condiciones genéticas o ambientales) tendría más nutrientes disponibles para los pocos granos que posea, por lo tanto, estos granos podrían tener mayor peso que los provenientes de aquellas plantas con muchos granos.

También se encontró correlación positiva entre los caracteres número de granos por panícula y fertilidad de las espiguillas ( $r=0.25$ ), la Figura 6 indica que a medida que aumenta la fertilidad de las espiguillas, también aumentará el número de granos por panícula. Sin embargo; el valor alto en la varianza fenotípica para la fertilidad de las espiguillas, reveló que este carácter estuvo influenciado mayormente por el ambiente, por lo que esta correlación puede deberse a efectos de tipo interacción genotipo-ambiente.

La selección eficiente debe hacerse en base al carácter de mayor interés (rendimiento en este caso), tomando en cuenta la correlación con los otros caracteres, la heredabilidad del carácter y los valores encontrados mediante Mejor Predicción Lineal Insegada (BLUP), se pueden seleccionar las familias cuyo valor genético es positivo, es decir que aportan más a la ganancia genética.



**Figura 1.** Correlación negativa entre número de granos/panícula y peso de 1000 granos según análisis de correlación genética realizado a las 194 familias de la variedad acriollada de arroz Enano. TAINIC, 2016.



**Figura 2.** Correlación positiva entre número de granos/panícula y porcentaje de fertilidad de las espiguillas según análisis de correlación genética realizado a las 194 familias de la variedad acriollada de arroz Enano. TAINIC, 2016.

**Cuadro 3.** Coeficientes de correlación genética de las 194 familias evaluadas provenientes de variedad acriollada Enano. TAINIC, 2016.

Carácter evaluado	Rendimiento	Peso 1000 granos	Longitud/panícula	Granos/panícula
Peso 1000 granos	-0.035 <sup>ns</sup>			
Longitud/panícula	0.09 <sup>ns</sup>	-0.01 <sup>ns</sup>		
Granos/panícula	0.06 <sup>ns</sup>	<b>-0.15*</b>	0.10 <sup>ns</sup>	
Porcentaje fertilidad de espiguillas	0.07 <sup>ns</sup>	-0.07 <sup>ns</sup>	0.13 <sup>ns</sup>	<b>0.25**</b>

\*= Significativo a  $P < 0.05$ , \*\*= Significativo a  $P < 0.01$ , ns= no significativo

### Rank de familias

El rendimiento no tiene una asociación directa con los otros caracteres evaluados, por lo tanto, se puede realizar una selección en base a este carácter, pero es necesario tomar en cuenta el rank de las familias en los otros caracteres con el objetivo de que la selección mantenga suficiente cantidad de líneas elite para conformar una población homocigota heterogénea.

El rank de familias toma en cuenta los valores BLUP positivos en todos los caracteres (rendimiento, peso de 1000 granos, número de granos por panícula y longitud de panícula), identificando las familias que coinciden en cada rasgo. Se excluyó fertilidad de las espiguillas por tener baja variación genética y estar altamente influenciada por factores ambientales.

De las 194 familias se encontraron 81 familias con coincidencias en valores BLUP positivos en todos los caracteres, esto representa el 41.54% de las familias dentro del ensayo, y el 84.38% de las familias con valores BLUP positivos para el rendimiento.

De las 81 familias seleccionadas, 52 (64.19%) presentan coincidencias positivas en al menos tres caracteres y las 29 (35.8%) restantes presentan coincidencias en al menos dos caracteres. Esto permite tomar la decisión de seleccionar estas 81 familias para conformar el compuesto balanceado para mejorar el rendimiento de la variedad acriollada Enano.

En las familias seleccionadas no se aprecia el efecto de correlación negativa que existe entre el número de granos por panícula y el peso de 1000 granos, lo que indica que la selección podría ser más eficiente cuando no se tienen correlaciones negativas entre los caracteres principales.

### Correlación entre las familias seleccionadas

Cuando se realiza el análisis de correlación entre las familias seleccionadas, se exhiben correlaciones tanto positivas como negativas, pero estas no llegan a ser estadísticamente significativas.

La correlación encontrada en las familias evaluadas para el peso de 1000 granos y la fertilidad de las espiguillas, deja de ser significativa cuando de esta población se seleccionan las familias categorizadas según el Rank de sus valores BLUP, este es un indicio de que la selección está actuando de manera positiva, gracias a que la expresión de estos caracteres se manifiesta de manera individual.

Podría presentarse el caso en el que esta correlación se vea influenciada por el ambiente donde se evaluarán las familias, ya que como lo manifiesta Estevéz (2000) y Cárdenas (2002) la expresión de los caracteres cuantitativos está fuertemente influenciada por la interacción de los genotipos y el ambiente, y debido a que no es posible mantener las condiciones de ambiente constantes de un año a otro, las correlaciones pueden llegar a variar porque la interacción genotipo-ambiente juega un papel importante para que los genes se expresen.

**Cuadro 4.** Matriz de correlación genética entre las 81 familias seleccionadas provenientes de la variedad acriollada de arroz Enano. TAINIC, 2016.

Carácter evaluado	Rendimiento	Peso 1000 granos	Longitud/panícula	Granos/panícula
Peso 1000 granos	-0.1499 <sup>ns</sup>			
Longitud/panícula	0.0487 <sup>ns</sup>	-0.1287 <sup>ns</sup>		
Granos/panícula	-0.0119 <sup>ns</sup>	-0.1272 <sup>ns</sup>	0.0417 <sup>ns</sup>	
Porcentaje fertilidad de espiguillas	0.1074 <sup>ns</sup>	-0.1109 <sup>ns</sup>	-0.1280 <sup>ns</sup>	0.1685 <sup>ns</sup>

ns= No significativo al 95% de confianza

### Agrupamiento de los genotipos en conglomerados

Es un procedimiento estadístico que parte de un conjunto de datos que contiene información sobre una muestra de entidades e intenta reorganizarlas en grupos relativamente homogéneos a los que se llama conglomerados (Clúster) (De la Fuente, 2011).

Para el análisis de conglomerado se utilizaron las medias de los valores genéticos de los componentes del rendimiento obtenidos por la predicción BLUP. Los resultados muestran la conformación de cinco conglomerados en el dendrograma (Figura 7). El conglomerado uno se agrupan 63 familias; 117 familias en el conglomerado dos; el conglomerado tres solo posee una familia correspondiente al testigo utilizado. Para el conglomerado cuatro se agruparon tres familias, mientras que el conglomerado cinco posee 10 familias. La distribución de todas las familias del ensayo puede observarse en el Anexo 2.

Este análisis permitió observar la distribución de las familias seleccionadas; de las 81 familias seleccionadas, 36 familias se encuentran agrupadas en el conglomerado uno que representan el 57.14% del total de familias para este clúster, 39 familias (el 33.33% del clúster) en el conglomerado dos, cinco familias en el conglomerado cinco (que representan el 50% del total de familias en este grupo) y solamente una en el conglomerado cuatro equivalente al 33.33%. Los códigos de las 81 familias seleccionadas por conglomerado se encuentran en el Cuadro 5.

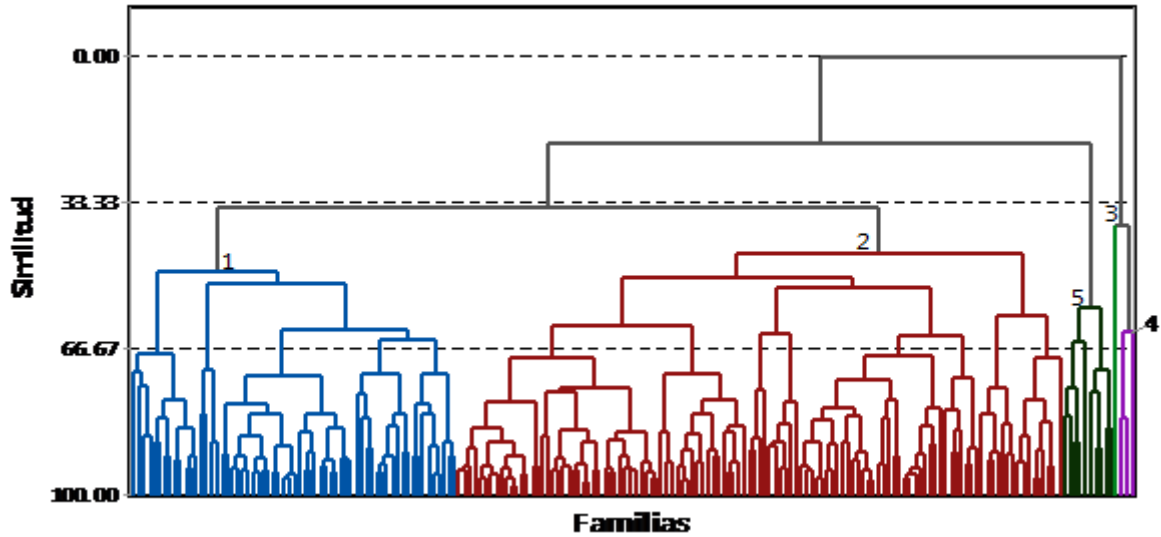
Las familias que se encuentran agrupadas en el conglomerado uno se agrupan las familias que se caracterizan por tener bajo peso de 1000 granos, mayor rendimiento y mayor número de granos por panícula. En el conglomerado dos se agrupan las familias que poseen bajo peso de 1000 granos, baja longitud de panícula y bajo rendimiento. El conglomerado cuatro agrupa las familias que poseen menor rendimiento, mayor longitud de panícula, pero baja fertilidad de espiguillas, mientras que en el conglomerado cinco se encuentran las familias que tienen el mayor peso de 1000 granos, sin embargo poseen valores bajos en número de granos por panícula y baja longitud de panícula.

La distribución de las familias seleccionadas en los conglomerados permite identificar la ubicación de las líneas elite dentro de cada grupo, esto garantiza que el compuesto masal esté conformado por familias que mantienen cierta variabilidad genética en los caracteres evaluados, apuntando a la conformación de una variedad compuesta por homocigotos heterogéneos proveniente de la selección de las familias elites, sin producir fuerte deriva genética que pueda afectar su capacidad de tolerar diversas condiciones ambientales bajo las cuales esta variedad evolucionó.

**Cuadro 5.** Ubicación en los conglomerados de las 81 familias seleccionadas provenientes de la variedad acriollada de arroz Enano. TAINIC, 2016.

	<b>Conglomerado</b>					
	<b>1</b>	<b>2</b>	<b>4</b>	<b>5</b>		
Familias seleccionadas	101	213	123	335	302	323
	103	214	141	336		338
	104	217	142	339		414
	105	219	146	403		419
	107	224	148	404		430
	109	250	222	405		
	115	301	232	406		
	116	307	234	412		
	118	308	240	413		
	119	313	242	416		
	125	318	243	420		
	129	319	244	424		
	133	324	245	427		
	135	343	248	429		
	137	344	303	435		
	138	345	309	436		
	203		310	438		
	206		317	439		
	210		331	450		
	212		334			
<b>Familias totales dentro del conglomerado</b>	<b>63</b>	<b>117</b>	<b>3</b>	<b>10</b>	<b>194</b>	
<b>Familias seleccionadas en cada conglomerado</b>	<b>36</b>	<b>39</b>	<b>1</b>	<b>5</b>	<b>81</b>	
<b>Porcentaje de seleccionados</b>	<b>57.14%</b>	<b>33.33%</b>	<b>33.33%</b>	<b>50.00%</b>	<b>41.75%</b>	





**Figura 3.** Dendrograma de enlace completo utilizando distancia euclidiana a partir de las similitudes entre las 194 familias evaluadas de la variedad acriollada de arroz Enano. TAINIC, 2016.

### Componentes principales de la varianza

El análisis de componentes principales (ACP) confirma parcialmente los resultados encontrados en el análisis de conglomerado. Las familias pueden ser asociadas en cuatro grupos al igual que en los conglomerados, sin embargo se puede apreciar una ligera diferencia en las familias del grupo cinco en comparación con el conglomerado.

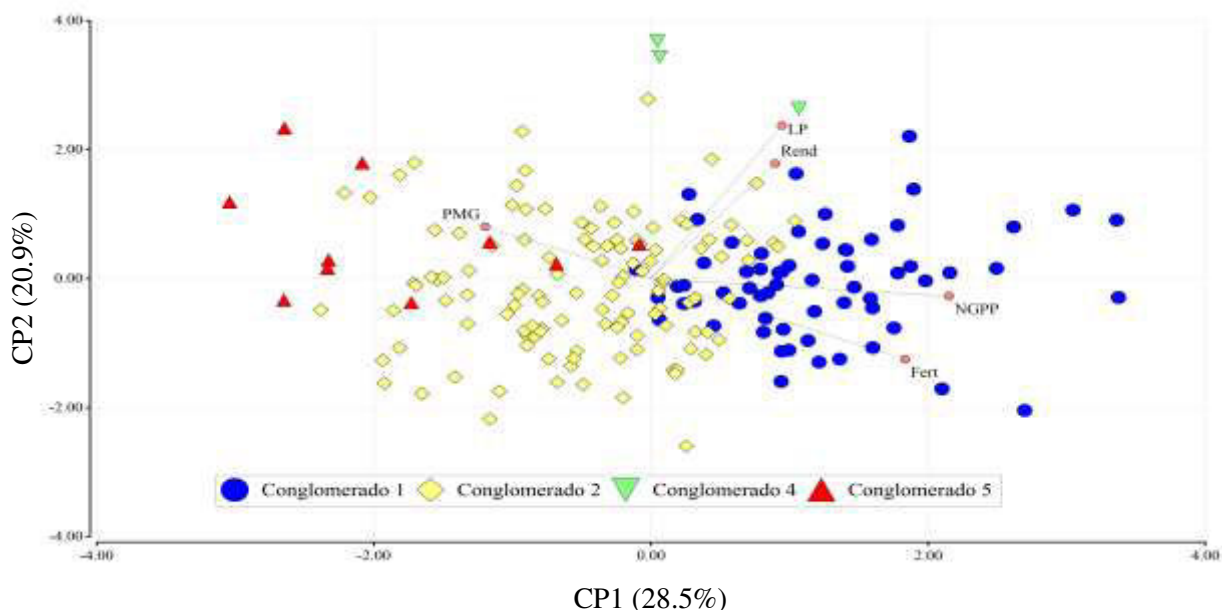
En el grupo uno se encuentran las familias que tienen los mayores valores en número de granos por panícula y fertilidad de espiguillas. El grupo dos presenta una distribución más uniforme pero con tendencia a mayor peso de 1000 granos y valores menores en los caracteres fertilidad de espiguillas y número de granos por panícula. El grupo tres presenta familias que obtuvieron valores altos en longitud de panícula y rendimiento. Mientras que el grupo cuatro están las familias con mayores valores en peso de 1000 granos, pero valores bajos en número de granos por panícula y fertilidad de espiguillas, pero comparten cierta similitud con el grupo dos. Esta distribución en el BIPLLOT refuerza los resultados obtenidos en los análisis de correlaciones genéticas y en el análisis de conglomerados.

Los primeros cuatro componentes principales acumulan el 87% de la variación total del experimento. El primer y segundo componente explica cerca del 29 y 21% de la variación respectivamente, el tercer y cuarto componente explican el 19% cada uno (Cuadro 6).

El 29% de la variación explicada por el primer componente indica que los caracteres no necesariamente presentan una alta correlación genética entre ellos, reforzando los datos encontrados en el análisis de correlación.

En el primer componente principal los caracteres más importantes fueron el número de granos por panícula (0.65) y la fertilidad de espiguillas (0.55), mientras que en el segundo componente principal fue la longitud de la panícula (0.71) y el rendimiento (0.54).

El BIPLLOT muestra que la longitud de la panícula y la fertilidad de espiguillas están relacionadas de manera inversa, tal como lo mostró el análisis de correlaciones genéticas, pero sin ser significativa.



**Figura 4.** Análisis de componentes principales con los valores genéticos de las 194 familias provenientes de la variedad acriollada de arroz Enano. TAINIC, 2016. Rend=Rendimiento de grano, PMG= peso de 1000 granos, LP= longitud de la panícula, NGPP= número de granos por panícula, %FE= porcentaje de fertilidad de espiguillas.

**Cuadro 6.** Autovectores y autovalores de los primeros cuatro componentes principales de las 194 familias evaluadas en el experimento.

<b>Variable</b>	<b>CP1</b>	<b>CP2</b>	<b>CP3</b>	<b>CP4</b>
Autovalores	1.43	1.04	0.94	0.93
Variación (%)	0.29	0.21	0.19	0.19
Acumulado (%)	0.29	0.49	0.68	0.87
Rendimiento	0.27	0.54	-0.15	0.78
Peso de 1000 granos	-0.36	0.24	0.88	0.12
Longitud de panícula	0.28	0.71	0.05	-0.55
Número de granos/panícula	0.65	-0.08	0.19	-0.18
Fertilidad de las espiguillas	0.55	-0.38	0.4	0.19

## V. CONCLUSIONES

El rendimiento y número de granos por panícula presentaron las mayores varianzas fenotípicas y genotípicas. Estos caracteres están fuertemente influenciados por el ambiente y la selección de las familias debería realizarse considerando la mejor interacción genotipo-ambiente.

La heredabilidad del rendimiento, peso de 1000 granos y longitud de panícula fue moderada. Estos rasgos están controlados principalmente por efectos genéticos y la selección se puede lograr a través de las familias con mayor rendimiento. El número de granos por panícula presentó heredabilidad muy alta y el porcentaje de fertilidad de las espiguillas heredabilidad muy baja.

La correlación entre en rendimiento y los demás caracteres evaluados no fue significativa, indicando que hubo una expresión independiente de los genes bajo las condiciones del experimento. Entre peso de 1000 granos y número de granos por panícula se encontró correlación negativa, mientras que en número de granos por panícula y fertilidad de espiguillas se encontró correlación positiva.

La clasificación de los genotipos superiores se obtuvo del Rank realizado a las 194 familias, de las que se seleccionaron 81 familias con coincidencias en valores BLUP positivos para todos los caracteres. El análisis de conglomerado las agrupó en cuatro grupos, comprobándose en el Análisis de Componentes Principales que muestra una distribución bastante similar a la agrupación del conglomerado.

Las familias élites seleccionadas presentan los mejores valores genéticos para incrementar el rendimiento y se encuentran distribuidas entre los cuatro conglomerados, esto garantiza que al germoplasma no se le realice una deriva genética drástica, permitiendo la conservación de otros genes que podrían estar interactuando con la expresión de los caracteres similares en cada conglomerado.

## VI. LITERATURA CITADA

- Ahsan, MZ.; Majidano, MS.; Bhutto, H.; Soomro, AW.; Panhwar, FH.; Channa, AR.; Sial, KB. 2015. Genetic variability, coefficient of variance, heritability and genetic advance of some *Gossypium hirsutum* L. accessions. *Journal of Agricultural Science*. 7(2):147.
- Akinwale, MG.; Gregorio, G.; Nwilene, F.; Akinyele, BO.; Ogunbayo, SA.; Odiyi, AC. 2011. Heritability and correlation coefficient analysis for yield and its components in rice (*Oryza sativa* L.). *African Journal of Plant Science*. 5(3):207-212.
- Akhtar, N.; Nazir, MF.; Rabnawaz, A.; Mahmood, T.; Safdar, ME.; Asif, M.; Rehman, A. 2011. Estimation of heritability, correlation and path coefficient analysis in fine grain rice (*Oryza sativa* L.). *The Journal of Animal & Plant Sciences*. 21(4):660-664.
- Babú, VR.; Shreya, K.; Dangi, KS.; Usharani, G.; Shankar, AS. 2012. Correlation and path analysis studies in popular rice hybrids of India. *International Journal of Scientific and Research Publication*. 2(3).
- Banco Central de Nicaragua (BCN). 2016. Importaciones CIF por bienes de consumo 2016. (en línea). Consultado el 31 dic. 2017. Disponible en [http://www.bcn.gob.ni/estadisticas/sector\\_externo/comercio\\_exterior/importaciones/2016/10.pdf](http://www.bcn.gob.ni/estadisticas/sector_externo/comercio_exterior/importaciones/2016/10.pdf).
- \_\_\_\_\_. 2016. Plan de producción, consumo y comercio ciclo 2017-2018. (en línea). Consultado el 31 dic. 2017. Disponible en <http://www.bcn.gob.ni/publicidad/img/landscape/Plan%20de%20Producci%C3%B3n%20Consumo%20y%20Comercio%20Ciclo%202017%202018.pdf>
- Becker, WA. 1984. *Manual of Quantitative Genetics*. Publisher by Academic Enterprises. USA
- Bitew, JM. 2016. Estimation of Genetic parameters, Heritability and genetic advance for yield related traits in upland rice (*Oryza sativa* L. and *Oryza glaberrima* Steud) Genotypes in Northwestern Ethiopia. *World Scientific News*. 47:340-350.

- Cárdenas, RM.; Cristo, E.; Pérez, N. 2002. Variedades cubanas de arroz (*Oryza sativa* Lin.) promisorias para la provincia de Pinar del Río tolerantes al tizón de la hoja (*Pyricularia grisea*). *Cultivos Tropicales*. 23(1):53-56.
- Censo Nacional Agropecuario (CENAGRO). 2011. Fuente Dirección Estadística del Censo Nacional Agropecuario. Nicaragua.
- Centro Internacional de Agricultura Tropical (CIAT). 1986. Componentes del rendimiento en arroz. Guía de estudio. Contenido científico: International Rice Research Institute. Traducción y adaptación: Oscar Arregoces. Cali, Colombia. CIAT. 19p.
- Centro Internacional de Agricultura Tropical (CIAT). 1983. Sistema de Evaluación Estándar para Arroz. CIAT. Cali, Colombia.
- Chatel, M.; Guimarães, EP. 1997. Recurrent selection in rice, using a male-sterile gene. Centro Internacional de Agricultura Tropical and Centre de coopération internationale en recherche agronomique pour le développement, Cali, Colombia. pp. 1–70.
- De Datta, S. 1986. Producción de arroz, Fundamentos y Prácticas. Investigador del IRRI. Los Baños, Filipinas.
- De la Fuente, S. 2011. Análisis de conglomerados. Notas de clase de Facultad de ciencias económicas y empresariales. Universidad Autónoma de Madrid.
- De-Lin, H.; Yan, L. 2004. Genetic Analysis of Heterosis for Number of Spikelets per Panicle and Panicle Length of F1 Hybrids in japonica Rice Hybrids. *Rice Sci*. 11(3):255-260.
- Di Rienzo JA.; Casanoves F.; Balzarini MG.; González L.; Tablada M.; Robledo CW. InfoStat versión 2016. Grupo InfoStat, FCA, Universidad Nacional de Córdoba, Argentina. URL <http://www.infostat.com.ar>.
- Escudero, J. sf. Heredabilidad. Concepto e importancia biológica. Páginas de docencia. (en línea. Consultado 13 feb. 2017. Disponible en: [https://www.uam.es/personal\\_pdi/ciencias/joquina/BOXES-POP/heredabilidad.htm](https://www.uam.es/personal_pdi/ciencias/joquina/BOXES-POP/heredabilidad.htm).

- Estévez, A.; González, ME.; Castillo, J. y Ortiz, U. 2000. Estudio de la interacción genotipo ambiente en papa (*Solanum tuberosum* L). Cultivos Tropicales. 2(21):59-63.
- Federer, WT. 1994. Augmented experiment designs with recovery of interblock and intervaryety information. Biometrics Unit Technical Reports. pág. 13.
- Garcés, GA. 2013. Influencia de las altas temperaturas, la baja luminosidad y la época de siembra sobre el comportamiento fisiológico de dos cultivares de arroz (*Oryza sativa* L.). Tesis Magister en ciencias agrarias con énfasis en fisiología de cultivos. Universidad de Colombia. 87p.
- Henderson, CR. 1986. Statistical methods in animal improvement: Historical Overview. In: Gianola D, Hammond K (eds) Advances in statistical methods for genetic improvement of livestock. Springer, Berlin, pp 2–14.
- Holdridge, L. 1987. Ecología basada en zonas de vida. Instituto Interamericano de Cooperación para la Agricultura, San José, Costa Rica. 216 pp.
- Karim, D.; Siddique, NEA.; Sarkar, U.; Hasnat, Z. y Sultana, J. 2014. Phenotypic and genotypic correlation co-efficient of quantitative characters and character association of aromatic rice. Journal of Bioscience and Agriculture Research. no.1:34-46.
- Matsui, T.; Omasa K.; Horie, T. 2000. High temperature at flowering inhibits swelling of pollen grains, a driving force for thecae dehiscence in rice (*Oryza sativa* L.). Plant Prod. Sci. 3(4):430-434.
- Minitab 17 Statistical Software 2010. [Computer software]. State College, PA: Minitab, Inc. (www.minitab.com).
- Narváez, L.; Ocón, H. 2004. Variedad mejorada de arroz INTA CHINADEGA. Misión Técnica de China Taiwán, y el Centro Internacional de Agricultura Tropical (CIAT). Dirección de Servicios de Apoyo (DSA-INTA). Managua, Nicaragua.

- Ogunbayo, SA.; Sié, M.; Ojo, DK.; Sanni, KA.; Akinwale, MG.; Toulou, B.; Shittu, A.; Idehen, EO.; Popoola, AR.; Daniel, IO.; Gregorio, GB. 2014. Genetic variation and heritability of yield and related traits in promising rice genotypes (*Oryza sativa* L.). *Journal of Plant Breeding and Crop Science*. 6(11):153-159.
- Oliveira, S.; Simone Alves, SS.; Portela, BB. 2013. Estimativas de parâmetros genéticos em mamoneira pelo método reml/blup. In: *Magistra, Cruz das Almas*. 2(25):116-123.
- Pandey, P.; Anurag, J. 2010. Estimation of genetic parameters in indigenous rice. *Advances in Agriculture and Botany*. 2(1):79-83.
- Patterson, HD.; and R. Thompson. 1971. Recovery of interblock information when block sizes are unequal. *Biometrika*. 58(3):545-554.
- Pistorale, SM.; Abbott, LA.; Andrés, A. 2008. Diversidad genética y heredabilidad en sentido amplio en agropiro alargado, *Thinopyrum ponticum*. *Ciencia e investigación agraria*. 35(3):259-264.
- Prasad, P.; Boote, K.; Allen, L.; Sheehy J.; y Thomas J. 2006. Species, ecotype and cultivar differences in spikelet fertility and harvest index of rice in response to high temperature stress. *Field Crops Research*. no.95:398–411.
- Rafii, MY; Zakiah, MZ; Asfaliza, R.; Haifaa, MDI.; Latif, MA.; Malek, MA. 2014. Grain quality performance and heritability estimation in selected F<sub>1</sub> rice genotypes. *Sains Malaysiana*. 43(1):1-7.
- Ramalho, M.A.P.; Dos Santos, J.B.; Zimmermann, M.J. De O. 1993. *Genética quantitativa em plantas autogamas; aplicações ao melhoramento do feijoeiro*. Goiânia, Brasil: UFG. 271p.
- Ramírez, L.; Egaña B. 2003. *Guía de conceptos de genética cuantitativa, Notas de clase*, Departamento de Producción Agraria, Universidad Pública de Navarra.
- Resende, M. 2002. *Selegen REML/BLUP*. EMBRAPA Florestas: Empresa Brasileira de Pesquisa Agropecuária.

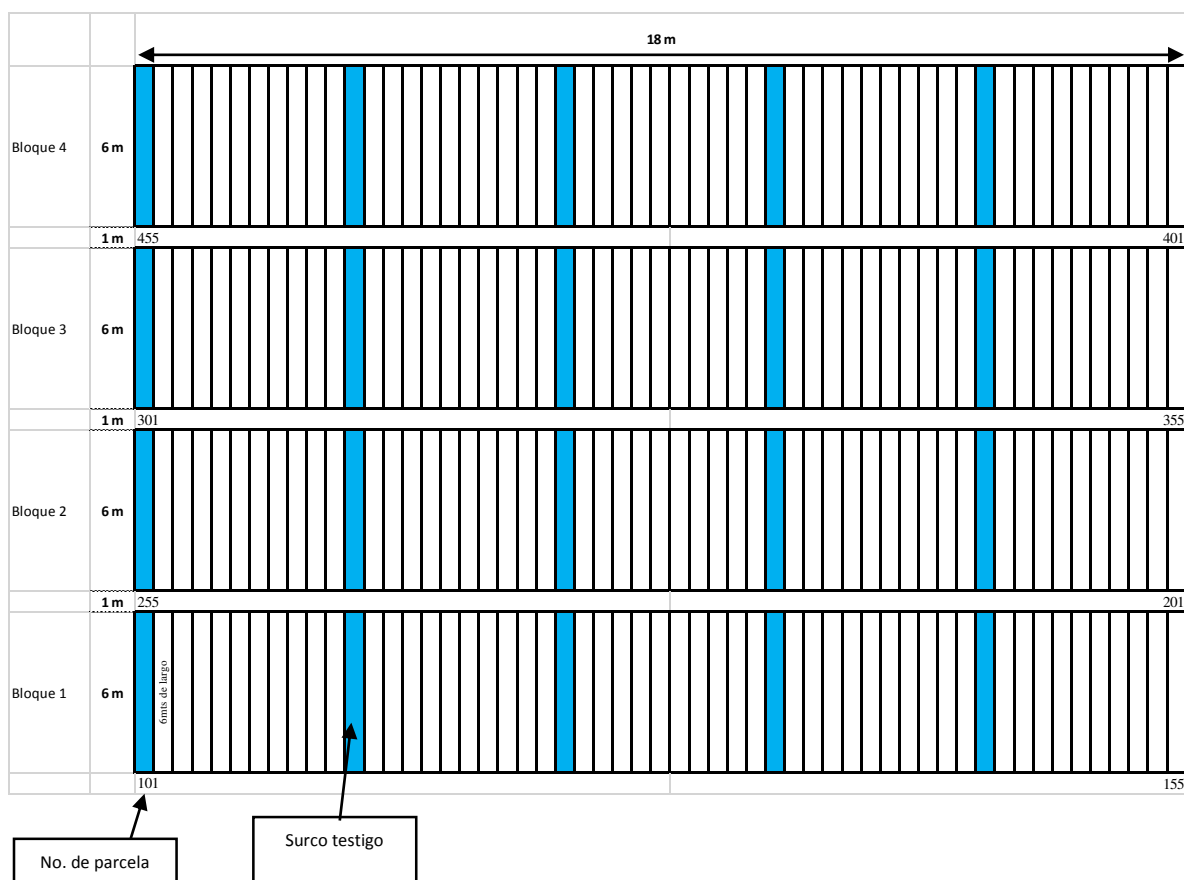


- Resende, M. 2006. Software SELEGEN REML/BLUP. Documentos EMBRAPA, Campo Grande. 305 p.
- Roff, DA.; Mousseau TA. 1987. Quantitative genetics and fitness: lessons from *Drosophila*. *Heredity*. 58:103-118.
- Sabu, K. K.; Abdullah, M. Z.; Lim, L. S.; Wickneswari, R. 2009. Analysis of heritability and genetic variability of agronomically important traits in *Oryza sativa* x *O. rufipogoncross*. *Agronomy Research*. 7(1):97-102.
- Sandoval, J. 2016. Antecedentes de la variedad criolla Enano. (Correo electrónico). Rio San Juan de Nicaragua. NI. INTA.
- Searle S.R.; Casella G.; Mc Culloch C.E. 1992. Variance components. Wiley, New York
- Servellón, R. E. 1996. Estimación de parámetros genéticos y de respuestas a la selección en la población de arroz irrigado CNA1. *Agronomía Mesoamericana (PCCMCA)*. 7(2):50-57.
- Seyoum, M., Sentayehu, A. and Kassahum, B. 2012. Genetic variability, heritability, correlation coefficient and path analysis for yield and yield related traits in upland rice (*Oryza sativa* L.). *Journal of Plant Sciences*. 7(1):13-20.
- Somarriba, R. C. 1998. Texto de granos básicos. Universidad Nacional Agraria. Escuela de producción vegetal. Managua, Nicaragua. 197p.
- Vallejo, FA.; Estrada, EI. 2002. Mejoramiento Genético de Plantas. Palmira: Universidad Nacional de Colombia.
- Vencovsky, R. 1987. Herança quantitativa. In: *Melhoramento e Produção do Milho* (Paterniani, E. and Viegas, G.P., eds.). 2nd edn. Fundação Cargill, Campinas, pp. 137-214.
- Yadav, SK.; Suresh, BG.; Pandey P.; Kumar B. 2010. Assessment of genetic variability, correlation and path association in rice (*Oryza sativa* L.). *Journal of Bioscience*. no.18:1-8.

Yoshida, S. 1981. Fundamentals of rice crop science. International Rice Research Institute, Los Baños, Filipinas.

## VII. ANEXOS

### Anexo 1. Plano de campo utilizado en el experimento.



1 surco por familia, 20 plantas por surco.

50 familias y 5 surcos testigos en cada bloque

**Anexo 2.** Valores genéticos de las 194 familias evaluadas de la variedad acriollada de arroz Enano.

<b>Genotipo</b>	<b>Rendimiento</b>	<b>Peso de 1000 granos</b>	<b>Longitud de Panícula</b>	<b>Granos/Panícula</b>	<b>Porcentaje/Fertilidad</b>
301	916.5399	21.9733	20.1764	315.9715	90.8684
250	884.9113	22.9968	20.8982	172.5352	90.9036
137	874.6497	23.46	20.1739	276.6107	90.7811
101	871.3401	23.3671	19.8747	219.2307	90.8877
133	862.4827	23.3671	20.0742	291.9121	90.8639
345	838.5428	21.8804	20.2263	167.7399	90.8723
138	836.6458	23.0883	19.9246	205.8421	90.8507
210	822.8223	20.9527	20.1999	343.7189	90.8774
203	821.7581	22.5322	19.8508	206.9632	90.9056
135	817.5891	22.9025	20.2737	218.2744	90.8435
109	814.4916	22.7167	20.2737	273.7417	90.8382
219	808.1978	24.3905	20.2498	264.3432	90.7909
313	807.0887	23.6457	19.7276	255.7225	90.8688
103	804.581	23.0883	19.8747	268.0037	90.8064
125	800.5437	23.6458	19.8747	286.1741	90.8377
214	794.6997	22.811	20.7485	434.5705	90.8585
116	792.5494	23.6458	19.9745	224.0124	90.8369
118	789.4409	23.6458	19.6254	232.6194	90.8397
105	788.5669	23.6458	20.2238	222.0997	90.8463
318	786.4521	22.0662	19.8772	207.9059	90.7921
324	784.1262	23.8315	19.6777	260.5042	90.8909
115	783.4141	23.1812	20.0742	283.3051	90.818
319	780.7398	22.1591	20.8746	297.8012	90.8787
422	780.4046	21.1372	19.925	186.6377	90.7757
343	778.7979	23.9244	19.9271	249.9845	90.8776
206	773.2915	23.0897	20.2997	354.2385	90.8652
308	772.9613	24.2961	20.3759	241.3775	90.8309
107	770.7279	23.2742	19.8248	258.4404	90.7861
212	768.0034	23.7401	19.9506	357.1075	90.8611
217	767.9596	23.3684	20.1999	380.0595	90.7725
119	765.9957	23.3671	20.6727	278.5234	90.8295
129	765.8092	24.0175	19.9745	212.5364	90.8287
213	764.6463	23.0897	20.1999	371.4525	90.8383
104	762.2436	23.6458	19.9745	210.6237	90.8479
307	761.4343	22.7166	20.0268	315.9715	90.8468

<b>Genotipo</b>	<b>Rendimiento</b>	<b>Peso de 1000 granos</b>	<b>Longitud de Panícula</b>	<b>Granos/Panícula</b>	<b>Porcentaje/Fertilidad</b>
344	759.1889	23.1812	20.3759	281.5435	90.8631
224	756.7983	22.9039	19.9506	319.8105	90.8813
139	754.9588	23.5529	20.2238	241.2264	90.8545
132	751.5943	23.46	20.1241	281.3924	90.8418
202	751.5651	23.6472	19.9007	242.3475	90.8409
216	750.1645	22.811	20.5491	375.2779	90.8621
111	750.1315	23.5529	19.7251	262.2657	90.8456
113	749.9377	23.2742	19.7251	261.3094	90.8965
337	749.4905	23.0882	21.124	301.6265	90.8404
220	748.4127	21.1386	19.6015	360.9329	90.8823
314	746.9964	23.1812	19.8772	240.4212	90.7888
215	746.1125	23.0897	20.3994	337.9809	90.8468
114	744.9385	22.345	19.8248	255.5714	90.8892
305	741.2585	22.9024	20.1764	334.1419	90.7591
348	737.2065	23.7386	19.7775	243.2902	90.8335
134	731.4807	23.3671	20.2238	246.0081	90.8662
208	727.1069	22.7181	19.6015	407.7932	90.8634
124	723.8119	23.2742	19.9745	262.2657	90.8703
312	722.2566	21.9733	20.4258	286.3252	90.7765
209	720.7729	23.1826	20.1501	312.1599	90.8432
136	720.2536	22.7167	20.5231	271.8291	90.866
128	720.1549	23.5529	19.9246	251.7461	90.92
211	720.0891	22.7181	19.4519	354.2385	90.797
207	719.365	22.811	19.7511	329.3739	90.8397
316	714.5512	22.252	20.1764	263.3732	90.896
205	704.4626	23.3684	20.6987	363.8019	90.8489
332	679.0013	22.6237	20.2762	280.5872	90.8567
320	666.977	22.9024	20.3759	283.4562	90.8478
408	842.5923	23.0883	19.925	145.5154	90.8597
406	833.3401	23.3671	19.6756	147.428	90.8477
141	832.9084	23.1812	19.8248	127.4227	90.7967
248	832.1002	22.811	20.948	159.1465	90.7076
245	831.9904	24.0188	19.9506	96.9848	90.7065
436	831.6139	23.1812	19.925	139.7774	90.822
333	818.3962	23.0882	19.7276	118.9668	90.7867
418	817.9147	22.9025	19.8751	156.9914	90.7856
145	816.9564	23.0883	20.0243	138.8987	90.7705
222	816.7699	22.811	20.1002	158.1902	90.6703
204	815.3254	22.9968	19.7012	168.7098	90.7091

<b>Genotipo</b>	<b>Rendimiento</b>	<b>Peso de 1000 granos</b>	<b>Longitud de Panícula</b>	<b>Granos/Panícula</b>	<b>Porcentaje/Fertilidad</b>
334	810.3946	23.0882	20.2762	138.0935	90.8015
232	808.4026	22.4393	20.4992	180.1858	90.8433
336	807.8603	23.4599	20.7749	176.3469	90.8118
405	807.6312	22.9954	20.0746	129.2577	90.7166
450	803.5316	22.5309	20.2741	180.8997	90.8265
147	802.2259	22.345	19.4259	106.3834	90.7612
303	800.4731	23.1812	19.578	204.0805	90.6218
149	800.2401	22.5309	19.4259	113.0777	90.8078
420	799.5308	23.3671	19.9749	160.8167	90.8002
142	798.5945	23.1812	20.2238	128.379	90.6362
244	798.2105	22.4393	20.2997	131.4128	90.7942
242	798.1995	23.2755	20.1999	150.5395	90.7957
310	796.348	22.4379	20.1764	238.5085	90.7124
402	794.3452	22.8096	19.7255	138.821	90.8618
234	793.3466	23.3684	19.9506	139.0635	90.8254
317	792.8811	23.9244	20.1764	130.4428	90.7828
429	792.6483	23.2741	19.925	153.166	90.8613
339	790.9685	22.3449	20.2263	175.3905	90.8352
148	789.2032	23.2742	20.4732	135.0734	90.7178
403	788.9255	23.0883	20.1245	167.511	90.8003
404	788.7975	23.0883	20.1245	157.9477	90.7908
240	787.8574	23.5543	20.7984	122.8058	90.7201
439	786.2887	22.9954	20.324	174.2054	90.8348
438	779.8853	23.1812	20.5235	134.9957	90.857
427	776.199	23.2741	19.5759	151.2534	90.861
424	775.9064	23.3671	19.7255	143.6027	90.9061
227	774.6739	22.811	20.0005	138.1072	90.5984
335	774.1681	23.0882	20.3261	165.8272	90.8677
309	774.0182	22.7166	20.2762	223.2072	90.6812
410	773.6464	22.9025	19.9749	132.1267	90.8317
123	773.1818	22.8096	19.775	290.9557	90.6813
331	771.8934	23.5528	19.9271	170.6089	90.867
440	771.4522	22.6238	19.0273	181.856	90.8066
243	769.3383	23.1826	19.7511	118.0242	90.8136
416	765.3559	22.6238	20.9224	203.8517	90.7882
235	763.4212	22.9968	19.801	159.1465	90.7906
341	761.4928	22.8095	19.977	173.4779	90.8503
230	760.6272	23.0897	20.0503	161.0592	90.8169
412	758.5977	22.9025	20.1744	151.2534	90.902

<b>Genotipo</b>	<b>Rendimiento</b>	<b>Peso de 1000 granos</b>	<b>Longitud de Panícula</b>	<b>Granos/Panícula</b>	<b>Porcentaje/Fertilidad</b>
413	757.3653	22.8096	20.0746	162.7294	90.8624
146	756.4216	22.345	20.1739	134.117	90.8303
435	755.1345	23.5529	19.7754	133.083	90.8291
225	754.4322	23.4613	19.801	143.8452	90.7929
417	752.805	23.0883	20.0247	160.8167	90.7095
226	751.4042	22.0677	20.5989	209.8322	90.7992
239	750.4168	22.5322	20.4992	117.0678	90.8328
415	749.2028	22.8096	19.925	156.035	90.8981
448	747.8607	23.8316	20.3738	126.3887	90.8544
238	744.8983	23.0897	20.1002	156.2775	90.6843
231	744.7813	22.7181	20.3994	177.3168	90.7321
342	744.5535	22.8095	19.5281	157.2202	90.7701
228	741.2523	22.4393	20.6987	189.7492	90.845
349	739.953	22.8095	19.7775	230.8579	90.8437
425	739.7055	22.0663	18.9276	121.607	90.6937
150	736.4287	22.345	19.1266	136.0297	90.7815
241	733.4921	23.7401	19.801	115.1552	90.7582
102	732.9325	22.9025	19.9246	191.4971	90.8642
322	732.5658	23.1812	19.9271	134.2682	90.7872
428	732.5377	22.9954	19.6756	153.166	90.7883
237	732.3511	23.0897	20.8483	175.4042	90.8514
423	731.309	22.9025	19.7255	148.3844	90.7627
112	730.9248	23.8316	20.2737	225.9251	90.8144
409	729.7804	23.2741	19.6258	125.4324	90.7836
347	727.2411	23.0882	18.9795	128.5302	90.8419
315	727.0436	22.9024	19.9271	237.5522	90.7443
432	725.7942	23.0883	20.0746	140.7337	90.8638
121	722.894	23.1812	19.7251	246.0081	90.839
108	722.382	22.5309	19.8248	202.9731	90.8548
321	721.1814	22.9024	19.6777	150.5258	90.832
407	720.9084	23.6458	19.9749	140.7337	90.8873
223	719.1821	23.3684	19.801	133.3255	90.754
249	717.7742	22.9968	19.9506	142.8888	90.7093
247	715.2618	22.6251	19.9506	140.0198	90.6817
329	712.1961	23.4599	19.7775	139.0498	90.8378
306	708.6415	24.389	20.5754	223.2072	90.7476
229	706.4776	23.6472	20.1999	118.9805	90.7829
401	705.2856	22.5309	19.5759	121.607	90.8431
447	704.9455	22.1592	19.8253	161.773	90.8621

<b>Genotipo</b>	<b>Rendimiento</b>	<b>Peso de 1000 granos</b>	<b>Longitud de Panícula</b>	<b>Granos/Panícula</b>	<b>Porcentaje/Fertilidad</b>
218	704.5686	23.2755	19.6514	249.9982	90.8458
326	704.4542	22.7166	20.1266	145.7442	90.8406
328	704.3737	22.6237	20.3261	188.7792	90.5288
246	703.5922	22.9039	20.0503	129.5002	90.7142
411	700.2755	22.1592	20.324	131.1704	90.8411
122	700.14	23.5529	19.4757	243.1391	90.7929
106	698.615	23.8316	19.9745	200.1041	90.8757
444	696.0004	23.5529	19.8253	130.214	90.8527
340	695.6444	22.9024	19.977	142.8752	90.6917
221	695.5029	23.6472	19.9506	145.7578	90.845
421	694.4827	23.0883	19.526	125.4324	90.7438
117	694.1168	23.2742	19.7251	228.7941	90.82
120	694.0583	22.7167	20.0243	236.4447	90.7397
327	691.9362	23.0882	20.3759	161.0455	90.7773
446	686.3458	21.6017	19.4263	165.5984	90.879
110	682.1474	23.3671	19.7251	189.5844	90.8129
311	682.0147	22.9024	20.0767	158.1765	90.87
126	674.9284	23.46	19.376	207.7547	90.7484
201	671.8492	23.833	20.0503	201.2252	90.7361
442	670.9241	23.6458	19.7754	128.3014	90.699
325	670.8827	23.8315	20.0268	147.6568	90.8491
445	668.1411	22.9025	19.925	142.6464	90.694
433	662.5642	23.7387	19.4762	115.869	90.8358
350	658.0721	23.9244	20.2263	127.5738	90.8812
130	657.3015	23.2742	19.9745	244.0954	90.8537
140	630.5504	22.0663	20.0243	162.807	90.8418
441	625.8988	23.46	20.2242	168.4674	90.86
330	620.2255	22.7166	19.9271	112.2725	90.7376
T	792.753	23.2359	22.8595	126.4639	91.1287
302	795.0827	24.1103	21.5729	192.6045	90.7284
144	743.6037	23.6458	21.9693	126.4664	90.7776
431	664.3305	22.2521	22.269	200.9827	90.765
338	815.9606	25.1323	19.8273	214.6002	90.8733
419	789.4155	25.2253	20.2741	113.9564	90.6581
323	781.6796	26.8976	20.0268	208.8622	90.744
414	778.4993	25.0395	19.2767	144.559	90.8118
430	766.6834	24.7607	20.0247	128.3014	90.8891
346	743.5332	25.5968	20.2263	113.2288	90.8943
233	733.2836	23.833	19.7511	123.7622	90.6832

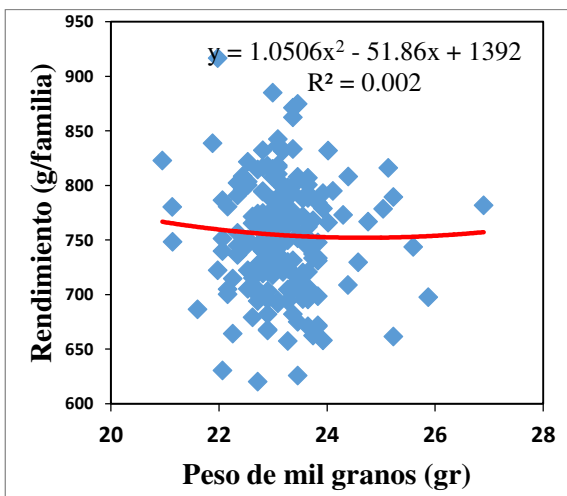


<b>Genotipo</b>	<b>Rendimiento</b>	<b>Peso de 1000 granos</b>	<b>Longitud de Panícula</b>	<b>Granos/Panícula</b>	<b>Porcentaje/Fertilidad</b>
437	729.4585	24.5749	19.6756	139.7774	90.7161
449	697.7558	25.8757	20.1245	152.2097	90.6765
443	661.4524	25.2253	19.7754	149.3407	90.7409
<b>Media</b>	755.0875	23.1656	20.063	198.2717	90.8104
<b>Variación</b>	2579.7926	0.5675	0.2285	5165.8874	0.005
<b>Desviación</b>	50.7917	0.7533	0.478	71.8741	0.0707

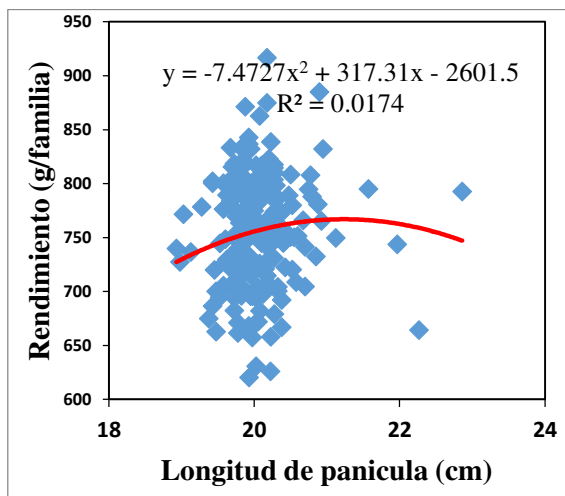
**Anexo 3.** Porcentaje de las familias en el Rank

<b>familias seleccionadas</b>	<b>BLUP<sup>+</sup> gral %</b>	<b>BLUP<sup>+</sup> Rend %</b>	<b>Coincidencias 3 caracteres</b>	<b>Coincidencias 2 caracteres</b>
<b>81</b>	41.54	84.38	64.19	35.8

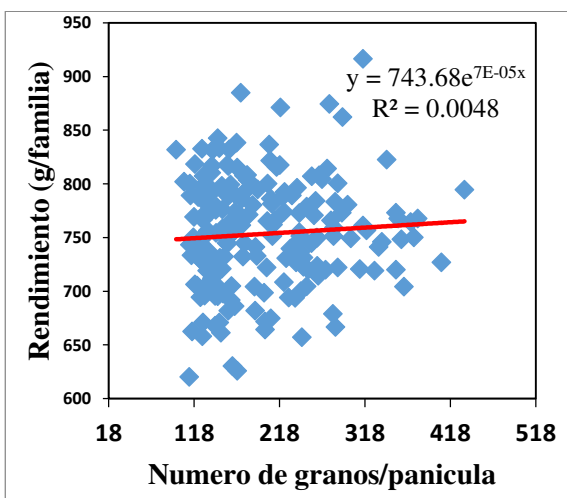
**Anexo 3.** Correlaciones genéticas no significativas en las 194 familias evaluadas de la variedad acriollada de arroz Enano. TAINIC, 2016.



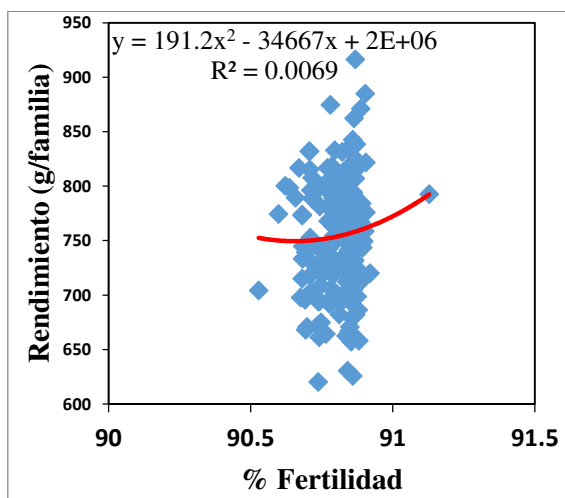
**Figura 1.** Correlación de peso de 1000 granos con rendimiento



**Figura 2.** Correlación de Longitud de panícula con rendimiento



**Figura 3.** Correlación de granos/panícula con rendimiento



**Figura 4.** Correlación de porcentaje de fertilidad de espiguillas con rendimiento

**Anexo 4.** Distribución en los conglomerados de las 194 familias evaluadas de la variedad acriollada de arroz Enano.

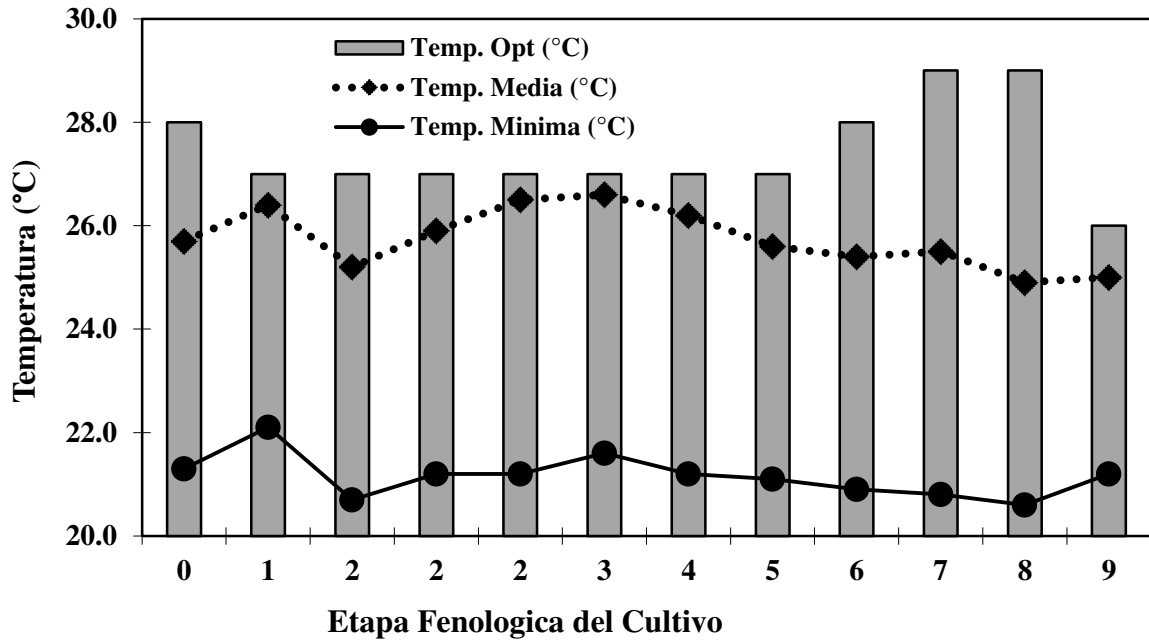
Fam	Congl	Fam	Congl	Fam	Congl	Fam	Congl	Fam	Congl	Fam	Congl	Fam	Congl
301	1	212	1	128	1	244	2	412	2	121	2	311	2
250	1	217	1	211	1	242	2	413	2	108	2	126	2
137	1	119	1	207	1	310	2	146	2	321	2	201	2
101	1	129	1	316	1	402	2	435	2	407	2	442	2
133	1	213	1	205	1	234	2	225	2	223	2	325	2
345	1	104	1	332	1	317	2	417	2	249	2	445	2
138	1	307	1	320	1	429	2	226	2	247	2	433	2
210	1	344	1	408	2	339	2	239	2	329	2	350	2
203	1	224	1	406	2	148	2	415	2	306	2	130	2
135	1	139	1	141	2	403	2	448	2	229	2	140	2
109	1	132	1	248	2	404	2	238	2	401	2	441	2
219	1	202	1	245	2	240	2	231	2	447	2	330	2
313	1	216	1	436	2	439	2	342	2	218	2	T	3
103	1	111	1	333	2	438	2	228	2	326	2	302	4
125	1	113	1	418	2	427	2	349	2	328	2	144	4
214	1	337	1	145	2	424	2	425	2	246	2	431	4
116	1	220	1	222	2	227	2	150	2	411	2	338	5
118	1	314	1	204	2	335	2	241	2	122	2	419	5
105	1	215	1	334	2	309	2	102	2	106	2	323	5
318	1	114	1	232	2	410	2	322	2	444	2	414	5
324	1	305	1	336	2	123	2	428	2	340	2	430	5
115	1	348	1	405	2	331	2	237	2	221	2	346	5
319	1	134	1	450	2	440	2	423	2	421	2	233	5
422	1	208	1	147	2	243	2	112	2	117	2	437	5
343	1	124	1	303	2	416	2	409	2	120	2	449	5
206	1	312	1	149	2	235	2	347	2	327	2	443	5
308	1	209	1	420	2	341	2	315	2	446	2		
107	1	136	1	142	2	230	2	432	2	110	2		

Conglomerado 1= 63 Familias, Conglomerado 2= 117 Familias

Conglomerado 3= 1 Familias (Testigo), Conglomerado 4= 3 Familias

Conglomerado 5= 10 Familias.

**Anexo 5.** Datos climáticos de temperatura durante la evaluación de las 81 familias de la variedad de arroz acriollada Enano. TAINIC, 2016. Fuente: estación TAINIC



**Anexo 6.** Datos climáticos de precipitación durante la evaluación de las 81 familias de la variedad de arroz acriollada Enano. TAINIC, 2016. Fuente: estación TAINIC

