Curvas de dilución de la proteína en genotipos del pasto *Brachiaria humidicola* (Rendle) Schweick

J. Juárez[1], E. D. Bolaños[2], L.M. Vargas[3], S. Medina[4] y P.A. Martínez-Hernández[5]

[1]*Petroleum Multiple Services S. A. de C. V, Rosaura Priego 5, Col. C. P. 86170 Villahermosa, Tabasco*
[2]*Instituto Nacional de Investigaciones Forestales, Agrícolas y Pecuarias (INIFAP), Campo Experimental Huimanguillo, Programa de Forrajes, Carretera Huimanguillo-Cárdenas, km1 Huimanguillo, C. P. 86400, Apartado Postal 7, Tabasco, México*
[3]*Colegio de Postgraduados, Campus Tabasco*
[4]*Universidad Autónoma de Yucatán, Calle 60. No. 491-A (Centro Histórico). C.P. 97000. Mérida, Yucatán, México*
[5]*Universidad Autónoma de Chapingo, km 38.5, Carretera México-Texcoco, México*
Correo electrónico: bolaños.eduardo@inifap.gob.mx.

Para conocer el efecto de la edad de corte, la producción de materia seca (PMS) y la altura en el contenido de proteína de genotipos de *Brachiaria humidicola*, así como para construir curvas de dilución de la proteína de los diferentes genotipos, con el objetivo de determinar su pertinencia como herramienta de selección, se evaluaron 22 genotipos en un diseño de parcelas divididas con tres repeticiones. La investigación se enmarcó de junio a septiembre de 2004. El genotipo fue la parcela principal, y la edad de corte (14, 28. 42, 56 y 70 d) la subparcela. Las variables estudiadas fueron: altura (cm), PMS (t ha-1) y contenido de proteína cruda (% MS). Las curvas se obtuvieron al modelar la relación del contenido de proteína con la PMS. Se elaboró un sistema de ecuaciones acopladas para un modelo mecanístico dinámico en cada uno de los genotipos y se compararon sus curvas mediante análisis discriminante. Los resultados mostraron interacción genotipo x edad de corte en las variables evaluadas ($P < 0.05$). A los 14 d se obtuvo el mayor contenido de proteína (10.75 ± 1.14 %), menor PMS (2.92±1.03 t ha^{-1}) y menor altura (12.75 ± 5.45 cm). En cambio, a los 70 d se registró menor contenido de proteína (6.03 ± 0.82 %), mayor PMS (11.80 ± 4.07 t ha^{-1}) y altura (58.06 ± 9.50 cm). Los genotipos CIAT-26407 y CIAT-168687 tuvieron menor y mayor dilución de la proteína, respectivamente. El contenido de proteína se correlacionó negativamente con la PMS y la altura ($P < 0.001$). Los promedios de los parámetros de las curvas mostraron una tasa de síntesis de materia seca de 0.0312 t d^{-1} y de proteína de 0.2083 t d^{-1}. El análisis discriminante aplicado a las curvas evidenció diferencias significativas ($P < 0.05$) entre los genotipos evaluados. Se concluye que los genotipos de *B. humidicola* y la edad al corte constituyen una fuente de variación en el comportamiento de las curvas de dilución de la proteína, y que dichas curvas se pueden utilizar como herramienta para seleccionar los genotipos con menor tasa de dilución de la proteína según crece la planta.

Palabras clave: *producción de materia seca, altura, proteína, modelo dinámico, análisis discriminante, curvas de dilución de la proteína*.

La producción de materia seca (PMS) y el contenido de proteína son dos parámetros muy estudiados para evaluar la calidad de los pastos. Estos dos elementos están inversamente relacionados, lo que indica que seleccionar un pasto por su alta producción de forraje puede ir en detrimento de su contenido de proteína y viceversa (Juárez *et al*. 2006). Esta disminución de la proteína con el incremento de la PMS en la planta se puede modelar matemáticamente, formando una curva de dilución de la proteína (Justes *et al*. 1994). Estas curvas, como herramienta para identificar los pastos con menor coeficiente de disminución de la proteína (N x 6.25) por unidad de materia seca acumulada, han sido utilizadas para comparar especies (Juárez *et al*. 2006) y genotipos de una misma especie en los períodos secos del año (Reyes-Purata *et al*. 2009). En el estudio realizado entre especies, los pastos *Brachiaria humidicola* (pasto Humidicola) y *B. dictyoneura* tuvieron, como promedio, el menor contenido de proteína (12 t 100 t^{-1}MS vs 15 t 100 t^{-1}MS) con respecto a *B. brizantha*, *B. decumbens*, *B. brizantha* x *B. ruziziensis*, *Panicum maximum*. Sin embargo, también mostraron la menor dilución de proteína, según aumentó la PMS de la planta en el período seco. Esto indica que, en épocas de estrés hídrico, con el crecimiento de la planta disminuye la proteína más lentamente en Humidicola y Dictyoneura, con respecto al resto de los pastos evaluados. Entre los genotipos de la especie Humidicola también hubo importante variabilidad en las curvas de dilución de la proteína, debido a la característica sintética de los pastos tropicales. Este estudio intra-genotipos se realizó también en la época seca, donde el factor estrés hídrico compromete la expresión del potencial de los genotipos (Gates *et al*. 2001). Para conocer el potencial de producción y calidad de los genotipos de Humidicola es necesario que el ambiente no sea una limitación (como lo es la época seca del año), y que existan las condiciones propicias para el crecimiento y desarrollo de los pastos. El pasto Humidicola es de gran importancia para las zonas ganaderas del trópico de México, debido a su alta PMS, incluso en suelos de baja fertilidad, como los de las sabanas, por su tolerancia a la mosca pinta (*Aeneolamia spp*) (Fisher y Kerrige 1996) y por su adaptación a las condiciones de exceso de humedad en el suelo (Domínguez 2009).

El objetivo de este estudio fue conocer el efecto del genotipo y la edad de corte en el contenido de proteína, producción de materia seca y altura de la planta en

Brachiaria humidicola; además de obtener curvas de dilución de la proteína en los diferentes genotipos de *B. humidicola*.

Materiales y Métodos

Condiciones ambientales y genotipos evaluados. El estudio se realizó en el Campo Experimental Huimanguillo del Instituto Nacional de Investigaciones Forestales, Agrícolas y Pecuarias (INIFAP), ubicado en Huimanguillo, Tabasco, México, con coordenadas 17° 50' de latitud Norte y 93° 23' de longitud Oeste. Las evaluaciones se efectuaron de junio a septiembre de 2004 en la época de lluvias, favorable para el crecimiento de los pastos. En la figura 1 se presentan los datos meteorológicos registrados. Se trabajó en un suelo franco, con 41.1 % de arena, 24.5 % de arcilla y 34.4 % de limo, con pH de 7.0; 5.2 % de materia orgánica y 21.55 me 100 g^{-1} de capacidad de intercambio catiónico, producto de la suma de los valores de los cationes calcio, magnesio y potasio, 0.25 % de nitrógeno total; 5.9 ppm de fósforo, 14.7, 6.6 y 0.25 me 100 g^{-1} de calcio, magnesio y potasio, respectivamente.

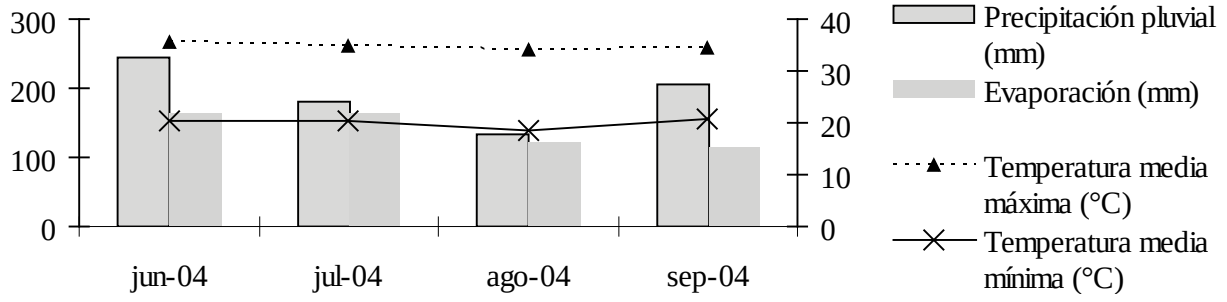


Figura 1. Precipitación pluvial, evaporación y temperaturas media, máxima y mínima durante el período experimental

Del programa de forrajes tropicales del Centro Internacional de Agricultura Tropical (CIAT) se recibieron 100 semillas, de 21 genotipos de *B. humidicola*. De estos, el genotipo 679 correspondió al pasto Humidicola comercial, explotado en las zonas tropicales de México. Se recolectaron en campo plantas del pasto Humidicola, pertenecientes a las principales zonas ganaderas del trópico húmedo de México, con el objetivo de realizar comparaciones con el genotipo 679. Los genotipos se sembraron primero en macetas (incluyendo el pasto colectado en campo), con suelo proveniente del terreno donde los genotipos se estudiarían. Una vez que las plantas germinaron y crecieron durante 30 d, se trasplantaron aleatoriamente el 23 de noviembre de 2003 en parcelas o unidades experimentales de 1.5 x 3 m, con distancia de siembra entre surcos o líneas de 50 x 50 cm por 25 cm entre plantas.

Edades de corte y variables de respuesta. En cada parcela, y con la metodología de Toledo y Schultze-Kraft (1982), se utilizaron cuadros de 0.42 m^2. Entre ellos se realizaron cortes o muestreos, a los 14, 28, 42, 56 y 70 d después del corte de uniformidad, efectuado el 16 de junio de 2004. De esta manera, se efectuaron cinco muestreos por genotipo durante la época lluviosa. La altura de corte de la planta fue de 10 cm, medidos a partir del nivel del suelo.

Las variables evaluadas fueron PMS (t ha-1), contenido de proteína (%), altura de la planta (cm) y contenido de proteína por unidad de PMS o curvas de dilución de nitrógeno. Antes de cada cosecha se midió la altura de los pastos con una regla graduada a escala de 1 cm, medida del nivel del suelo a la altura promedio del doblez de la última hoja de las plantas. Después de los cortes de cada muestra, y de haber pesado en verde los forrajes (en báscula con capacidad de 20 kg ± 5g), se tomó una submuestra de 200 g por genotipo. Este material se secó con aire forzado, a 55 ºC durante 72 h (AOAC 2000). A partir del rendimiento en materia seca de los 200 g de materia verde, y sobre la base del rendimiento de materia verde total cosechada en campo, se calculó la PMS.

La determinación de la proteína se realizó por la espectroscopía de reflectancia en el infrarrojo cercano (Norris *et al*. 1976 y Shenk *et al*. 1981) a partir de una muestra seca de 200 g, picada a un tamaño de partícula de aproximadamente 1 mm. El equipo fue FOSS-NIRS 6500 (FOSS NIRSystems, Inc.), perteneciente a la Universidad Autónoma de Chapingo, México. Para desarrollar las ecuaciones de calibración, se determinó previamente en el laboratorio el contenido de proteína de 50 muestras de las plantas de Humidicola, según el método Kjeldahl (AOAC 2000). El resto se determinó con el programa WinISI II (Infrasoft International, LLC). La PMS en t ha^{-1} se calculó utilizando la PMS de los 200 g de forraje verde, provenientes del cuadro de 0.42 m^2 y del rendimiento del forraje verde total por parcela.

Análisis de datos. El análisis de varianza para las variables de respuesta contenido de proteína, PMS y altura de la planta, se realizó con el procesador GLM del SAS (Anon 1995). El diseño experimental fue en bloques al azar, en arreglo de parcelas divididas con tres repeticiones. La comparación entre medias se

realizó según Tukey ($P < 0.05$) para todas las variables de respuesta. El genotipo fue la parcela principal, y la edad de corte la subparcela. Con las medias de los datos para cada combinación genotipo x corte, y con apoyo del procesador CORR del SAS (Anon 1995), se realizaron correlaciones entre las variables de respuesta. Para realizar las curvas de dilución de nitrógeno se desarrolló un modelo dinámico mecanístico llamado Neneloa. En la figura 2 se presenta un esquema del modelo, y en la figura 3 el simulador Web donde se publicó el modelo, con el propósito de mejorar su evaluación y uso (Forio 2011).

Como resultado de este esquema surgió un sistema de ecuaciones acopladas:

$dP / dt = + b$ (1)

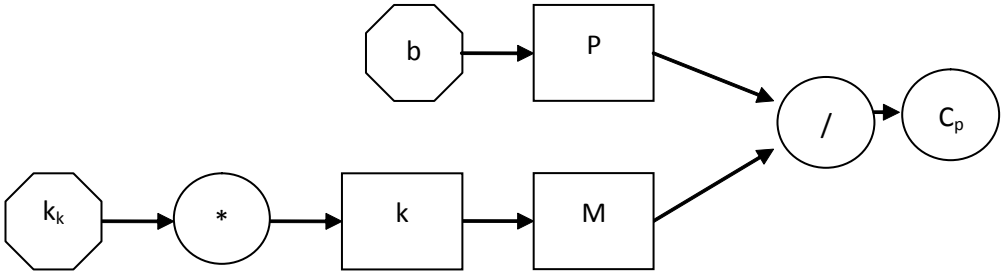
$dM / dt = + kM$ (2)

$dk / dt = kk\ k$ (3)

$Cp (t) = P(t) / M (t)$ (4)

En la tabla 1 se presenta el significado de las entidades que aparecen en la figura 2 y de las ecuaciones. Estas últimas demuestran que se trata de un modelo mecanístico dinámico.

Los parámetros fracción de proteína cruda al



Nota: Los rectángulos representa las variables de estado, los hexágonos los parámetros, los círculos el tipo de relaciones entre dos variables y variables auxiliares, y las flechas las dependencias.
* = multiplicación / = división

Figura 2. Esquema del modelo de dilución de la proteína en genotipos de *Brachiaria humidicola*.

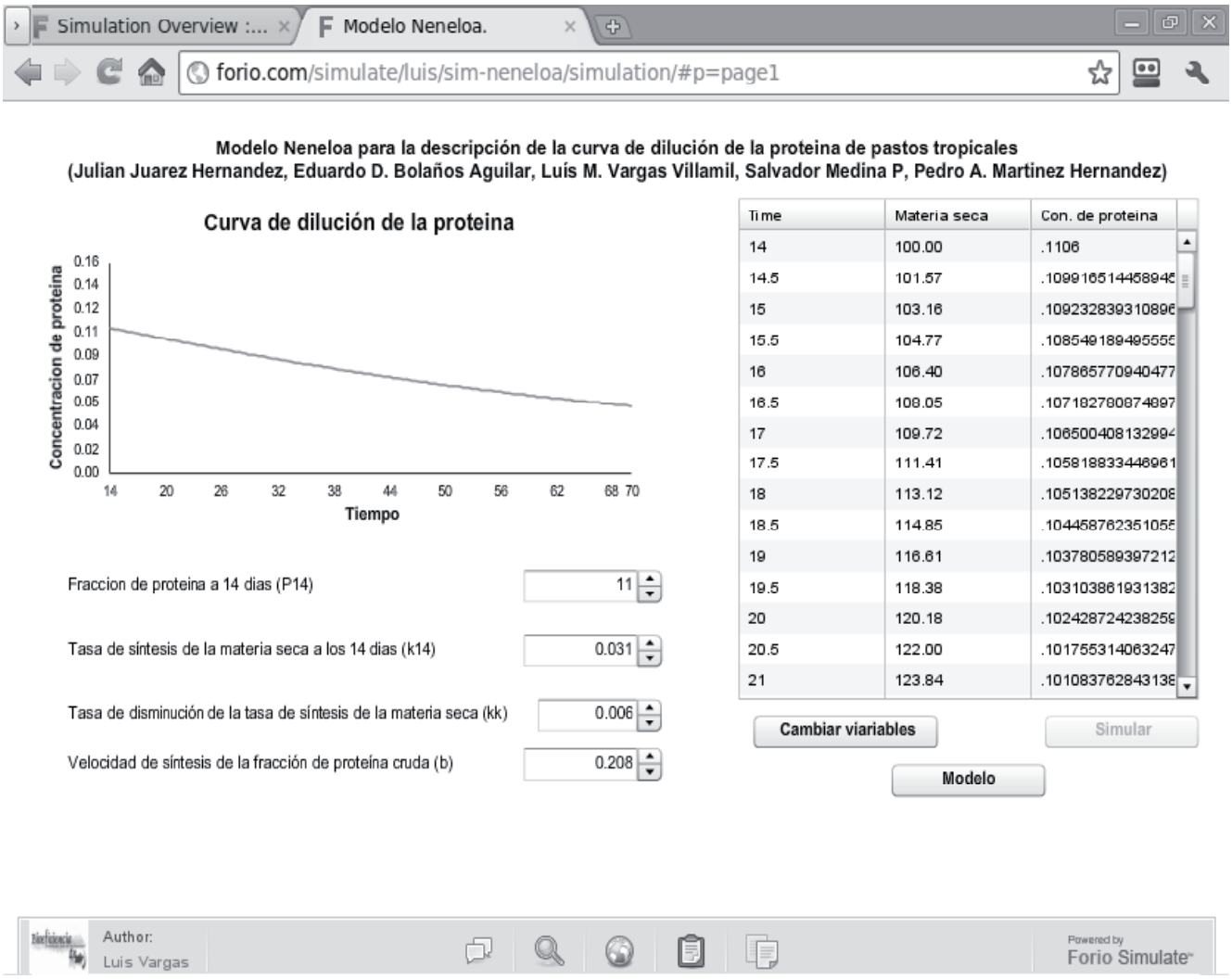


Figura 3. Descripción de las curvas de la dilución de las proteínas en pastos tropicales mediante un simulador Web.

Tabla 1. Entidades del modelo de dilución de la proteína y sus ecuaciones en genotipos de *Brachiaria humidicola*.

Entidad	Significado	Característica	Unidad
P	Fracción de proteína cruda en 100 t de M	Variable de estado	T
b	Velocidad de síntesis de la fracción P	Parámetro	d^{-1}
M	Materia Seca	Variable de estado	t
k	Tasa de síntesis de M	Variable de estado ajustada	d^{-1}
kk	Tasa de disminución de k	Parámetro	d^{-1}
CP	Concentración de P en M	Variable auxiliar ajustada	-

día 14 (P14), tasa de síntesis de materia seca (k14), velocidad de síntesis de la fracción de proteína (b) y tasa de disminución de la tasa de síntesis de materia seca (kk), se estimaron a partir del ajuste del modelo con las variables tasa de síntesis de materia seca (k) y concentración de P en M (CP). Posteriormente se utilizaron estos valores para obtener la solución numérica de cada uno de los sistemas. Para la evaluación del comportamiento del sistema o curva de dilución, se utilizó la concentración de la proteína en la materia seca (CP). El valor inicial de la materia seca fue de 100 t (M14 = 100 t). El modelo se desarrolló con el programa Stella VI (Hulbert *et al*. 2000) y se realizó un ajuste doble de las variables k y CP con Berkeley Madonna v 8.0.1 (Macey *et al*. 2000). Por lo general, se ajusta una variable simple del modelo a un conjunto de datos. Sin embargo, se pueden ajustar varias variables del modelo a diferentes conjuntos, como sucede en este trabajo, donde se ajustaron dos variables.

A cada par de variable-conjunto de datos se le asignó un peso relativo, con el objetivo de determinar la importancia de cada par. El programa utilizado en este trabajo (Berkeley Madonna v 8.01) multiplicó la desviación de cada par por su peso relativo. Posteriormente, se sumaron estos productos para calcular la desviación total a minimizar (Macey *et al*. 2000).

El método utilizado para la solución numérica fue el de Rosenbrock, y para el ajuste de parámetros una variante del método simplex (Macey *et al*. 2000). El tiempo inicial fue de 14 d, y el final de 70 d. El intervalo de integración mínimo fue de 1E-06, y el máximo de 1. Se consideró una importancia similar a 1 para cada serie de datos ajustada. Las curvas de dilución de la proteína se compararon mediante análisis discriminante (Johnson 2000). Este se basa en la prueba de comparación de medias de grupos mediante prueba F, fundamentada en la distancia cuadrada de Mahalanobis (Johnson y Wichern 1992).

Resultados y Discusión

El análisis de varianza (tabla 2) informó efecto significativo ($P < 0.05$) del genotipo y de la edad de corte en las variables evaluadas. El efecto de genotipo es un indicador de la importante variabilidad genética que se tiene en el pasto *B. humidicola* para los caracteres evaluados. Esta variabilidad en cualquier especie es una característica de las gramíneas forrajeras, debido a su naturaleza sintética. Sin embargo, la alta variabilidad genética intra-especie también se observó en leguminosas forrajeras (Bolaños-Aguilar *et al*. 2000). El efecto significativo de la edad de corte sobre la PMS, altura y proteína fue el esperado. Este ha sido abordado ampliamente por Chaparro y Sollenberger (1997). La interacción genotipo x edad al corte estuvo presente para la PMS y la altura; no se observó para la proteína. Esto indica la estabilidad de este carácter entre los genotipos durante su crecimiento.

La tabla 3 presenta el efecto ($P \leq 0.05$) de la edad de corte en el contenido de proteína de los genotipos evaluados. El contenido de proteína se mantuvo alto hasta los 28 d en la mayoría de los genotipos, con disminución significativa a partir de los 42 d de crecimiento después del corte de uniformidad. Estos resultados coinciden con lo obtenido por Juárez *et al*. (2006), quienes observaron disminución importante de la proteína a partir de la cuarta semana de edad en diferentes especies de gramíneas forrajeras, en su mayoría correspondientes al género de las *Brachiaria*s. A los 14 d, el mayor contenido de proteína se logró en los genotipos CIAT-26413 y CIAT-26407. A los 28 d, se alcanzó en CIAT-26407 y CIAT-26152; a los 42 d en CIAT-26413 y CIAT-679. En CIAT-26413 y CIAT-679 se obtuvo a los 56, y a los 70 d en CIAT-26413 y CIAT-679. En términos generales, se destacaron los genotipos CIAT-26413 y CIAT-679 por mantener mayor contenido de proteína durante su crecimiento y por la relación de la proteína con el valor nutritivo (van Soest 1994). Sin embargo, esto podría no suceder, si se considera la correlación negativa que existe con la PMS. Esto ha sido informado por Gastal y Lemaire (2002) para otros tipos de plantas forrajeras.

En la tabla 4 se muestra que la PMS se incrementó con la edad de corte, sin haber diferencias importantes entre los 14 y 28 d después del corte de uniformidad. A los 42 d se alcanzaron producciones intermedias, y a los 56 y 70 d se obtuvo la mayor producción en todos los genotipos evaluados.

A los 14 d, la mayor producción fue para los

Tabla 2. Análisis de varianza para 22 genotipos de *Brachiaria humidicola* cosechados a cinco edades de corte y en época de lluvias, en Tabasco, México

Variable	Genotipo (G)	Edad al Corte (E)	G x E
Proteína	***	***	NS
PMS[1]	***	***	**
Altura	***	***	***
G.L.	21	4	84

[1]Producción de materia seca; NS: No significante; **, *** Significancia al nivel de 0.01 y 0.001, respectivamente

Tabla 3. Contenido de proteína en 22 genotipos de *Brachiaria humidicola* en cinco edades de corte diferentes

Genotipo	Contenido de proteína (%)				
	Edad de corte (d)				
	14	28	42	56	70
Humidicola	10.68^{b}	10.80^{b}	8.05^{ab}	7.46^{a}	6.19^{a}
CIAT-679	11.29^{b}	9.53^{ab}	9.31^{ab}	7.96^{a}	6.82^{a}
CIAT-6133	12.07^{b}	10.92^{b}	6.76^{a}	6.08^{a}	5.86^{a}
CIAT-6705	10.28^{b}	10.15^{b}	8.25^{ab}	7.00^{a}	6.62^{a}
CIAT-6709	10.94^{c}	10.61^{c}	7.58^{b}	7.01^{ab}	5.85^{a}
CIAT-16866	10.60^{b}	10.11^{b}	7.63^{a}	6.17^{a}	5.85^{a}
CIAT-16867	10.72^{c}	9.45^{bc}	7.76^{ab}	6.19^{a}	6.02^{a}
CIAT-16868	10.19^{c}	11.06^{c}	7.84^{b}	6.15^{ab}	5.94^{a}
CIAT-16870	9.70^{b}	8.59^{ab}	6.63^{ab}	7.01^{ab}	5.72^{a}
CIAT-16871	10.19^{b}	9.93^{b}	7.93^{ab}	7.65^{ab}	5.87^{a}
CIAT-16877	10.72^{b}	10.81^{b}	7.70^{a}	6.24^{a}	6.09^{a}
CIAT-16878	10.84^{c}	9.00^{bc}	8.02^{bc}	6.30^{ab}	4.77^{a}
CIAT-16879	9.42^{b}	9.12^{ab}	7.73^{ab}	5.99^{a}	6.09^{a}
CIAT-16891	11.10^{b}	10.47^{b}	7.87^{ab}	7.15^{a}	6.14^{a}
CIAT-26151	10.71^{b}	9.44^{b}	7.30^{a}	6.68^{a}	6.62^{a}
CIAT-26152	11.23^{b}	11.39^{b}	7.88^{ab}	7.19^{a}	5.15^{a}
CIAT-26159	10.80^{b}	10.43^{b}	7.61^{a}	6.50^{a}	6.28^{a}
CIAT-26160	11.40^{c}	10.73^{c}	7.63^{b}	5.61^{a}	6.15^{a}
CIAT-26407	12.27^{c}	11.48^{c}	7.90^{b}	6.81^{ab}	4.90^{a}
CIAT-26413	12.28^{c}	11.08^{bc}	9.93^{ab}	8.91^{ab}	7.79^{a}
CIAT-26415	10.02^{b}	9.68^{b}	8.70^{ab}	7.07^{ab}	6.26^{a}
CIAT-26427	10.39^{b}	9.92^{b}	7.64^{a}	5.63^{a}	6.28^{a}

Valores con letras diferentes entre columnas difieren a $P < 0.05$

genotipos CIAT-26159 y CIAT-26415, a los 28 d para CIAT-26159 y CIAT-26152, a los 42 d para Humidicola y CIAT-6709, a los 56 d para el genotipo CIAT-26160 y Humidicola, y a los 70 d para CIAT-679 y Humidicola. Esto indica que los genotipos Humidicola, CIAT-26160, CIAT-679 y CIAT 6709 fueron los de mayor PMS. Con respecto al genotipo Humidicola comercial, recolectado en el campo mexicano, estos resultados eran de esperar, debido a la adaptación de este genotipo a las condiciones ambientales del área experimental (Jiménez *et al*. 2004) desde su introducción en México (Pastrana *et al*. 1992). El no existir diferencias en PMS en todos los genotipos, a los 14 y 28 d, pudiera ser un indicio del crecimiento compensatorio informado en especies forrajeras tropicales (McNaughton 1983). Este crecimiento se produce durante los primeros días de rebrote, debido a la movilización de reservas de los órganos especializados (raíces y tallos) a las hojas remanentes. Luego, cuando reinicia la síntesis de fotoasimilados, estas se trasladan rápidamente hacia los órganos de reserva. De acuerdo con los datos que se presentan en la tabla 3, el crecimiento compensatorio ocurriría durante los primeros 28 d de edad en *Brachiaria humidicola*, y resultaría mayor en *Panicum maximum*. En este último se ha informado que se produce a los 35 d (Chacón-Moreno y Sarmiento 1995). La tabla 5 presenta la variación en altura para los genotipos evaluados en las diferentes edades de corte.

La altura de los genotipos evaluados se incrementó significativamente con la edad de corte, por lo que las menores alturas se lograron a los 14 d, y las mayores a los 70 d. Esto coincide con lo informado por Pérez-Silva *et al*. (1999) y Juárez *et al*. (2006). Estos autores observaron que, en suelos ácidos, los pastos *Brachiaria*, *Andropogon* y *Panicum* incrementan su altura con la edad de corte. Esto es una consecuencia de la distribución de fotoasimilados hacia los tallos, lo que permite su elongación y, como consecuencia, con

Tabla 4. Producción de materia seca en 22 genotipos de *Brachiaria humidicola* en cinco edades de corte diferentes

Genotipo	Contenido de proteína (%)				
	Edad de corte (d)				
	14	28	42	56	70
Humidicola	2.42[a]	3.92[ab]	10.95[bc]	12.87[c]	16.96[c]
CIAT-679	3.07[a]	3.86[a]	9.58[ab]	10.73[b]	17.74[c]
CIAT-6133	2.16[a]	3.38[ab]	8.77[b]	8.80[b]	9.46[b]
CIAT-6705	3.34[a]	3.86[a]	7.86[ab]	12.74[bc]	15.40[c]
CIAT-6709	3.38[a]	4.03[a]	10.49[ab]	12.54[b]	13.50[b]
CIAT-16866	2.91[a]	2.99[a]	7.59[ab]	10.21[b]	12.03[b]
CIAT-16867	2.29[a]	2.86[a]	6.50[ab]	10.06[ab]	12.90[b]
CIAT-16868	2.49[a]	3.94[ab]	9.24[abc]	11.10[bc]	15.79[c]
CIAT-16870	2.26[a]	2.52[ab]	6.99[bc]	9.58[c]	9.96[c]
CIAT-16871	2.73[a]	2.96[a]	5.44[ab]	5.78[ab]	9.67[b]
CIAT-16877	2.04[a]	2.12[a]	4.41[ab]	7.77[b]	8.47[b]
CIAT-16878	1.65[a]	2.19[ab]	5.90[bc]	8.11[c]	9.21[c]
CIAT-16879	2.47[a]	2.98[a]	5.78[ab]	6.76[b]	9.26[ab]
CIAT-16891	3.04[a]	3.05[a]	7.40[ab]	9.12[ab]	12.41[b]
CIAT-26151	3.38[a]	3.69[a]	7.41[ab]	12.49[b]	14.87[b]
CIAT-26152	3.29[a]	4.33[a]	10.01[b]	11.87[b]	13.50[b]
CIAT-26159	3.47[a]	4.62[ab]	7.02[abc]	9.40[bc]	10.80[c]
CIAT-26160	2.58[a]	4.03[a]	7.85[a]	16.05[b]	16.09[b]
CIAT-26407	2.56[a]	3.81[a]	9.86[b]	11.54[b]	16.13[c]
CIAT-26413	1.85[a]	2.20[a]	5.71[b]	5.98[b]	6.55[b]
CIAT-26415	3.39[a]	3.74[a]	6.49[ab]	10.15[bc]	10.63[c]
CIAT-26427	2.98[a]	4.31[ab]	8.22[bc]	12.28[cd]	13.08[d]

Valores con letras no comunes entre filas difieren con $P < 0.05$ (Tukey).

el tiempo se alcanza mayor altura. Asimismo, Keller-Grein *et al*. (1996) indicaron que uno de los caracteres con mayor variación en genotipos del género *Brachiaria* spp es la altura de la planta.

La interacción genotipo x corte, informada en el análisis de varianza, se explica porque a cada edad de corte los genotipos modificaron su arreglo ordinal entre sí con respecto a su altura. Por ejemplo, a los 14 d la mayor altura estuvo en los genotipos CIAT-6709 y CIAT-26407; a los 28 d en CIAT-6709 y CIAT-26160; a los 42 d en CIAT-6709 y CIAT-6133. En los genotipos CIAT-679, CIAT-6133 y Humidicola se logró a los 56 d. Finalmente, CIAT-16866 y CIAT-6705 obtuvieron mayor altura a los 70 d. Las diferencias entre alturas para un mismo género han sido informadas por Macoon *et al*. (2002), pero sin interacción significativa de este con la edad de corte, al igual que sucedió en este estudio. La importancia práctica del carácter altura se basa en la facilidad para ser medida. Además, la altura se modifica por efecto del genotipo y edad de corte. Esto la convierte en una variable complementaria para la evaluación de genotipos que contribuyen a explicar algunas respuestas de las plantas a través de su correlación con otras variables.

La tabla 6 presenta la correlación negativa de la proteína con la PMS y la altura. Mientras que entre la PMS y la altura se da una correlación positiva, lo que coincide con lo informado por otros autores para estas variables (Pérez-Silva *et al*. 1999, Juárez *et al*. 2006 y Reyes-Purata *et al*. 2009). Dada la correlación significativa de la altura con las restantes variables evaluadas, su uso puede resultar un buen indicador de la PMS, como fue señalado para *Cynodon dactylon* por Herrera *et al*. (1987) o por Bolaños-Aguilar *et al*. (2001) para alfalfa. También la altura puede ser un indicador indirecto del contenido de proteína (Bruinenberg *et al*. 2002 y Zewdu *et al*. 2002).

Al modelar el decrecimiento en el contenido de proteína con la PMS, la mayor k14 la obtuvieron los genotipos CIAT-16867, CIAT-26160 y CIAT-6133. A la vez, la menor k14 la lograron los genotipos CIAT-6705, CIAT-16879 y CIAT-26415. La mayor kk estuvo en los genotipos CIAT-6133, CIAT-26160 y CIAT-16867. Dicha tasa fue menor en los genotipos CIAT-16878, CIAT-16879 y CIAT-26152. La similitud en k14 entre los genotipos CIAT-679 y Humidicola indica que se trata del mismo genotipo, así lo informaron Reyes-Purata *et al*. (2009). Si únicamente se considerara la materia seca, en cuanto a k14 y kk, resultarían destacados los genotipos CIAT-16867, CIAT-26160 y CIAT-6133. En cuanto al contenido de proteína por unidad de materia seca acumulada en la planta, los genotipos CIAT-26407, CIAT-6133, CIAT-26152, CIAT-26413 y CIAT-26160 tuvieron el mayor contenido inicial. La importancia del parámetro P14 es que homologa al parámetro alfa ("α"), propuesto por Cruz y Lemaire (1996). Por tanto, el valor alfa ha sido informado como contenido de nitrógeno para algunas gramíneas forrajeras de clima templado.

Tabla 5. Altura en 22 genotipos de *Brachiaria humidicola* en cinco edades de corte diferentes

Genotipo	Contenido de proteína (%)				
	Edad de corte (d)				
	14	28	42	56	70
Humidicola	8.00[a]	25.67[b]	49.00[c]	60.00[c]	62.67[c]
CIAT-679	10.00[a]	26.67[b]	44.00[c]	61.67[d]	60.67[d]
CIAT-6133	20.67[a]	32.00[b]	52.00[c]	60.00[cd]	67.00[d]
CIAT-6705	9.00[a]	22.67[b]	51.33[c]	58.00[c]	68.67[d]
CIAT-6709	26.67[a]	40.00[ab]	54.00[bc]	54.67[bc]	64.67[c]
CIAT-16866	11.33[a]	27.00[b]	40.67[c]	51.67[d]	69.33[e]
CIAT-16867	10.67[a]	21.33[b]	40.67[c]	47.67[cd]	54.67[d]
CIAT-16868	16.00[a]	25.00[a]	40.67[b]	57.67[c]	66.33[c]
CIAT-16870	8.67[a]	16.00[a]	30.67[b]	40.67[b]	55.33[c]
CIAT-16871	10.67[a]	26.00[a]	30.67[ab]	50.00[bc]	52.33[c]
CIAT-16877	16.00[a]	12.00[a]	20.00[a]	36.00[b]	54.67[c]
CIAT-16878	6.67[a]	17.33[a]	36.67[b]	44.00[b]	57.00[c]
CIAT-16879	7.33[a]	16.00[b]	30.00[c]	35.00[c]	50.67[d]
CIAT-16891	16.67[a]	18.00[a]	40.00[b]	46.00[bc]	55.00[c]
CIAT-26151	10.67[a]	19.33[b]	35.00[c]	53.00[d]	65.00[e]
CIAT-26152	13.33[a]	28.00[b]	40.67[c]	51.00[d]	62.67[e]
CIAT-26159	9.33[a]	18.67[a]	36.67[b]	47.50[c]	57.50[c]
CIAT-26160	14.67[a]	37.00[b]	41.00[b]	57.00[b]	57.50[b]
CIAT-26407	21.33[a]	32.00[b]	44.67[c]	43.33[c]	50.00[c]
CIAT-26413	8.00[a]	13.33[a]	27.00[b]	29.33[b]	30.00[b]
CIAT-26415	12.00[a]	19.33[ab]	34.00[bc]	46.00[cd]	54.00[d]
CIAT-26427	10.67[a]	28.00[b]	34.67[b]	55.00[c]	67.67[d]

Valores con letras no comunes entre filas, difieren con $P < 0.05$ (Tukey).

Sin embargo, en pastos tropicales, alfa se cataloga como proteína, y no como contenido de nitrógeno.

Con respecto a las curvas de dilución de los genotipos evaluados, el CIAT-16867 fue el que tuvo mayor dilución de la proteína conforme se acumuló materia seca en la planta (crecimiento), lo que se debió a su mayor k14 y kk. Sin embargo, la velocidad de síntesis de proteína (b) de este genotipo fue la menor entre los genotipos evaluados, por lo que se evidencia la dilución de la proteína con respecto a la PMS, al ser analizada en una misma figura. Los genotipos CIAT-16879, CIAT-6705, CIAT-26415 y CIAT-26159 tuvieron una alta dilución de la proteína, lo que se debió a sus bajas tasas de síntesis de materia seca y proteína (tabla 7).

Los genotipos CIAT-26407, CIAT-26160, CIAT-16868, CIAT-679 y Humidicola presentaron menor dilución de la proteína conforme creció la planta (figura 4). El análisis discriminante aplicado a las curvas de dilución de la proteína corroboró esta apreciación y sus resultados se muestran en la tabla 8. Hubo diferencias significativas entre las curvas de dilución de la proteína para los genotipos evaluados. Es decir, no hubo similitud entre curvas para la mayoría de los genotipos ($P < 0.05$).

Cruz y Guillaume (1999) y Gastal y Lemaire (2002) estudiaron las aparentes diferencias en los parámetros de las curvas de dilución de la proteína entre variedades de una misma especie forrajera de clima templado. Sin embargo, en algunos estudios no se han demostrado las diferencias entre curvas, sea entre diferentes especies o en interior de una. Por tanto, es de gran interés modelar la dilución de la proteína, analizar gráficamente las curvas de dilución de la proteína y discriminar estas curvas, ya que permitiría determinar cuáles son los mejores genotipos.

Tabla 6. Relación entre variables evaluadas en 22 genotipos de *Brachiaria humidicola* y cinco edades de corte diferentes

	Producción de materia seca	Altura
Contenido de proteína	-0.692***	-0.756***
Producción de materia seca		0.805***

*** $P < 0.001$.

En este trabajo se evidencia que algunas combinaciones bivariadas de genotipos tuvieron similitud entre sus curvas, por lo que pueden describir una misma tendencia.

Tabla 7. Variables de crecimiento en 22 genotipos de *Brachiaria humidicola*

Genotipo	k14 (d^{-1})	kk (d^{-1})	P14	b(d^{-1})	Error
Humidicola	0.0344	5.00E-03	10.46	0.3975	0.0243
CIAT-679	0.0327	0.0085	11.07	0.3269	0.0250
CIAT-6133	0.0490	0.0193	12.52	0.3334	0.0318
CIAT-6705	0.0103	3.13E-08	10.85	0.0079	0.0319
CIAT-6709	0.0344	0.0096	11.28	0.2755	0.0274
CIAT-16866	0.0264	0.0027	10.83	0.1900	0.0415
CIAT-16867	0.1027	0.0123	11.12	0.0027	0.0621
CIAT-16868	0.0445	0.0083	10.50	0.5372	0.0252
CIAT-16870	0.0276	0.0103	9.71	0.1627	0.0361
CIAT-16871	0.0220	0.0001	10.33	0.1871	0.0256
CIAT-16877	0.0312	0.0062	11.13	0.2544	0.0313
CIAT-16878	0.0162	7.42E-09	10.99	0.0301	0.0429
CIAT-16879	0.0110	9.4E-09	9.69	0.0218	0.0387
CIAT-16891	0.0275	0.0066	11.35	0.1972	0.0298
CIAT-26151	0.0271	0.0093	10.70	0.1666	0.0276
CIAT-26152	0.0155	1.01E-08	12.30	0.0142	0.0312
CIAT-26159	0.0123	1.36E-08	11.20	0.0080	0.0306
CIAT-26160	0.0512	1.39E-02	11.68	0.5081	0.0257
CIAT-26407	0.0470	9.90E-03	12.56	0.4989	0.0355
CIAT-26413	0.0165	6.27E-05	12.23	0.1293	0.0280
CIAT-26415	0.0111	4.36E-08	10.57	0.0191	0.0195
CIAT-26427	0.0358	9.10E-03	10.35	0.3131	0.0237
Promedio	0.0312	0.0060	11.06	0.2083	0.0316

k14: Tasa de síntesis de materia seca a los 14 d
kk: Tasa de disminución de k
P14: Fracción de proteína cruda en la materia seca a los 14 d
b: Velocidad de síntesis de la fracción de P

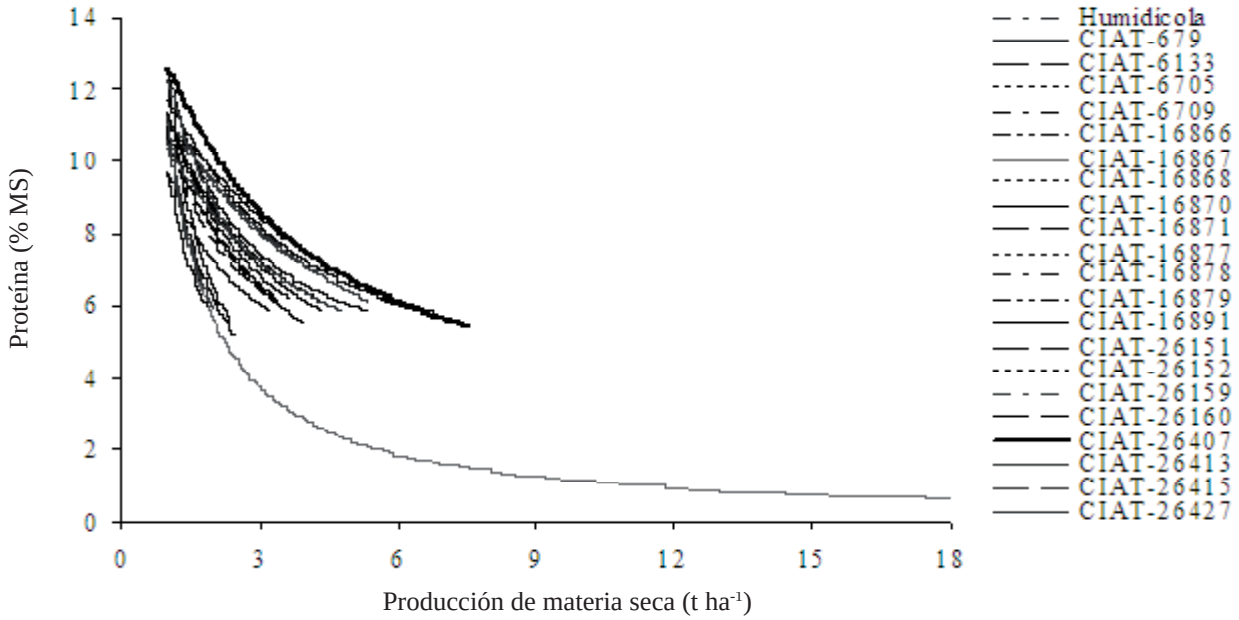


Figura 4. Curvas de dilución de la proteína en genotipos de *Brachiaria humidicola*.

Sin embargo, sus parámetros "P14" y su PMS final pueden diferir. Se demuestra que las curvas de dilución de la proteína permiten la discriminación de diferentes genotipos evaluados y, en consecuencia, se pueden seleccionar pastos con menor dilución de la proteína conforme crece la planta.

Se concluye que en la época de lluvias hubo disminución importante del contenido de proteínas en plantas de *Brachiaria humidicola*, a partir de los 28 d de edad, como consecuencia de un crecimiento más acelerado del pasto, reflejado en su mayor acumulación de materia seca. Aún cuando la edad de corte modifica la PMS, la altura y el contenido de proteína de los genotipos, no interactúa con el genotipo para la proteína. Esto indica que este componente es un carácter estable. Los genotipos con mayor contenido promedio fueron CIAT-26413, Humidicola y CIAT-679. En PMS se destacaron los genotipos Humidicola, CIAT-26160, CIAT-679 y

Tabla 8. Diferencia estadística de las curvas de dilución de la proteína en 22 genotipos de *Brachiaria humidicola*

P	679	6133	6705	6709	16866	16867	16868	16870	16871	16877	16878	16879	16891	26151	26152	26159	26160	26407	26413	26415	26427
Humidicola	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.81
CIAT-679	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	
CIAT-6133	0.00	0.00	0.35	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.43	0.00	0.00	0.05	0.00	0.00	0.00	0.00		
CIAT-6705	0.29	0.00	0.00	0.59	0.00	0.52	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.17	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00			
CIAT-6709	0.00	0.00	0.60	0.00	0.68	0.19	0.00	0.00	0.00	0.88	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.07				
CIAT-16866	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00					
CIAT-16867	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00						
CIAT-16868	0.00	0.91	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.07	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00							
CIAT-16870	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00								
CIAT-16871	0.09	0.00	0.00	0.00	0.00	0.05	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00									
CIAT-16877	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.33	0.00	0.00	0.00	0.00	0.17										
CIAT-16878	0.12	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00											
CIAT-16879	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00												
CIAT-16891	0.00	0.29	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.05													
CIAT-26151	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00	0.00														
CIAT-26152	0.00	0.00	0.00	0.00	0.70	0.00															
CIAT-26159	0.00	0.00	0.00	0.18	0.00																
CIAT-26160	0.00	0.00	0.00	0.00																	
CIAT-26407	0.00	0.00	0.00																		
CIAT-26413	0.00	0.00																			
CIAT-26415	0.00																				

CIAT 6709, y estuvo estrechamente correlacionada (r^2= 0.805 p< 0.001) con la altura. El contenido de proteína y la PMS se correlacionan negativamente entre sí, por lo que al seleccionar un genotipo con alta PMS podría escogerse un genotipo con bajo contenido de proteína. De ahí la importancia del uso de las curvas de dilución al seleccionar especies o genotipos. Los modelos para las curvas de dilución de la proteína informaron un bajo error promedio de 0.0316. Además, la discriminación de las curvas de dilución de la proteína demostró que son estadísticamente diferentes. Los genotipos CIAT-26407 y CIAT-16867 fueron los de menor y mayor dilución de

la proteína, respectivamente. Las curvas de dilución de la proteína se afectan por el genotipo y la edad al corte, y pueden ser una herramienta en la selección de pastos con menor dilución de la proteína, a medida que la planta acumula materia seca según crece.

Agradecimientos

El autor agradece el apoyo del INIFAP-Tabasco, en especial al Programa de Forrajes, por permitirle trabajar en una de sus líneas de investigación durante la estancia de tesis doctoral.

Referencias

Anon. 1995. SAS User's guide. Statistical Analysis Systems. Version 7. Institute Inc. Cary, North Carolina. U.S.A. p. 956

AOAC. 2000. Official Methods of Analysis. 17th ed. Off. Anal. Chem. Washington (USA).

Bolaños-Aguilar, E.D., Huyghe, C., Julier B. & Ecalle, C. 2000. Genetic variation for seed yield and its components in alfalfa (*Medicago sativa* L.) populations. Agronomie. 20:333

Bruinenberg, M.H., Valk, H., Korevaar, H. & Struik, P.C. 2002. Factors affecting digestibility of temperate forages from seminatural grasslands: a review. Grass Forage Sci. 57: 292

Chacón-Moreno, E. & Sarmiento, G. 1995. Dinámica del crecimiento y producción primaria de gramínea forrajera tropical *P. maximum* (tipo común) ante diferentes frecuencias de corte. Turrialba. 45:8

Chaparro, C.J. & Sollenberger, L.E. 1997. Nutritive value of clipped "Mott" elephantgrass herbage. Agron J. 89:789

Cruz, P. & Lemaire, G. 1996. Diagnosis of the nitrogen status of grass stands. Tropical Grasslands. 30:166

Cruz, P. & Guillaume, P. 1999. Croissance et nutrition minérale de la canne à sucre au cours de repousses succesives. Cahiers Agricole. 8:101

Domínguez-Pérez, F.D. 2009. Respuesta a diferentes niveles de humedad del suelo de genotipos de *Brachiaria humidicola* (Rendle) Schweick. Tesis de Licenciatura. Universidad Popular de la Chontalpa, Tabasco, México. 56 p.

Fisher, M.J. & Kerridge, P.C. 1996. The agronomy and Physiology of *Brachiaria*s Species. Pp 43-53. In: *Brachiaria*: Biology, Agronomy and Improvement. Eds. J.W. Miles y B L. Maass. Publications No. 259

Forio Business Simulations. 2011. Modelo Neneloa para la descripción de la curva de dilución de la proteina de pastos tropicales. En: http://forio.com/simulate/luis/sim-neneloa/

Gastal, F. & Lemaire, G. 2002. uptake and distribution in crops: an agronomical and ecophysiological perspective. J. Exp. Bot. 53:789

Gates, R. N., Mislevy, P. & Martín, F. G. 2001. Herbage accumulation of three bahia grass population during the cool season. Agronomy J. 93:112

Greenwood, D.J., Lemaire, G., Gosse, G., Cruz, P., Draycott, A. & Neeteson, J.J. 1990. Decline in percentage N of C3 and C4 crops with increasing plant mass. Annals Bot. 66:425

Herrera, R.S., Ramos, N. & Hernández, Y. 1987. Respuesta de la bermuda cruzada a la fertilización nitrogenada y edad de rebrote. VI. Comportamiento de los componentes del rendimiento. Revista Cubana de Ciencia Agrícola. 21:89

Hulbert, L., Peterson, S., Wallis, J. & Richmond, B. 2000. Stella research software. Hanover (USA): High Performance Systems Inc.

INEGI. 2000. Instituto Nacional de Estadística Geografía e Informática. 2000. Estadísticas del medio ambiente. Aguascalientes. México

Jiménez, O.M.M., Sánchez, H.D., Granados, Z.L., Barrón, A.M. & Quiroz, V.J. 2004. Calidad del pasto Humidicola (*Brachiaria humidicola*) con fertilización orgánica e inorgánica en suelos ácidos. Memorias de la XL Reunión Nacional de Investigación Pecuaria. Mérida.

Johnson, R.A. & Wichern, D.W. 1992. Applied multivariate statistical analysis. 3rd ed. New Jersey. USA. Prentice Hall. p. 642

Johnson, D.E. 2000. Métodos multivariados aplicados al análisis de datos. International Thomson Editores. Ciudad de México.

Juárez, H.J., Bolaños, A.E.D., Vargas, V.L.M. & Medina, P.S. 2006. Contenido de proteína por unidad de materia seca acumulada en diferentes especies de pastos tropicales. En: Avances en la investigación agrícola, pecuaria, forestal y acuícola en el trópico mexicano. Eds. L. H. Barradas, E.V. Esqueda, O. H. Tosquy & M.B. Rueda. Veracruz. México. Pp. 299-320

Justes, E., Mary, B., Meynard, J.M., Machet, J.M. & Thelier-Huche, L. 1994. Determination of a critical nitrogen dilution curve for winter wheat crops. Annals Bot. 74:397

Keller-Grein, G., Maass, B.L. & Hanson, J. 1996. Natural variation in *Brachiaria* and existin germplasm collections. En: *Brachiaria*: Biology, Agronomy, and Improvement. Eds. J.W. Miles, B.L. Maass & C.B. Do Valle. Centro Internacional de Agricultura Tropical. Cali. Colombia

Macey, R., Oster, G. & Zanhnley, T. 2000. Berkeley user's guide (version 8.0). California. University of California. USA.

Macoon, B., Sollenberger, L.E. & Moore, J.E. 2002. Defoliation effects on persistence and productivity of four *Pennisetum spp*. genotypes. Agron J. 94:541

Marino, M.A., Mazzanti, A., Assuero, S.G., Gastal, F., Echeverría, H.E. & Andrade, F. 2004. Nitrogen dilution curves and nitrogen use efficiency during winter-spring growth of annual ryegrass. Agron J. 96:601

McNaughton, S.J. 1983. Compensatory plant growth as a response to herbivory. Oikos. Acta Oecologica Scandinavica. 40:329

Norris, K.H., Barnes, R.F., Moore, J.E. & Shenk, J.S. 1976. Predicting forage quality by near infrared reflectance spectroscopy. J. Anim. Sci. 43:889

Pastrana, A.L., Meléndez, N.F. & Amaya, H.S. 1992. Pasto *Brachiaria humidicola*: una nueva opción para producir forraje en Tabasco. Folleto técnico numero 1. Área Pecuaria. Huimanguillo. Secretaría de Agricultura y Recursos Hidráulicos. México. p. 31

Pérez-Silva, G., Faria-Mármol, J. & González, B. 1999. Evaluación agronómica de gramíneas forrajeras en Carora, estado de Lara, Venezuela. Rev. Fac. Agon. (LUZ). 16:621

Reyes-Purata, A., Bolaños-Aguilar, E.D., Hernández-Sánchez, D., Aranda-Ibáñez E.M. & Izquierdo-Reyes, F. 2009. Producción de materia seca y concentración de proteína en 21 genotipos del pasto Humidicola *Brachiaria humidicola*

(Rendle) Schweick. Universidad y Ciencia. Trópico Húmedo. 25:213

Shenk, J.S., Landa, I., Hoover, M.R. & Westerhaus, M.O. 1981. Description of near infrared reflectance spectro-computer for forage and grain analysis. Crop Sci. 21:335

Toledo, J.M. & Schultze-Kraft, R. 1982. Metodología para evaluación agronómica de pastos tropicales. Manual para la evaluación agronómica. Ed. J.M.Toledo. Centro Internacional de Agricultura Tropical. Cali. Colombia. 91pp.

Van-Soest, P.J. 1994. Nutritional ecology of the ruminant. 2nd Ithaca (USA): Comstock Publishing Assoc. p. 374

Villarreal, M. 1994. Valor nutritivo de gramíneas y leguminosas forrajeras en San Carlos, Costa Rica. Pasturas Tropicales. 16:27

Zewdu, T., Buars, R., Yami, A. & Negassa, D. 2002. In sacco dry matter and nitrogen degradation and their relationship with *in vitro* dry matter digestibility of Napier grass (*Pennisetum purpureum* Schumach.) as influenced by height of plant at cutting. Aust. J. Agric. Res. 53:7

Recibido: 6 de septiembre de 2005