



# **UNIVERSIDAD ESTATAL AMAZÓNICA**

**CENTRO DE POSTGRADOS**

**MAESTRÍA EN AGRONOMÍA**

**MENCIÓN EN SISTEMAS AGROPECUARIOS**

**PROYECTO DE INOVACIÓN PREVIO A LA OBTENCIÓN DEL  
TÍTULO DE MAGISTER EN AGRONOMÍA MENCIÓN  
SISTEMAS AGROPECUARIOS**

EVALUACIÓN DE LA PRODUCCIÓN DE CAPULLOS DE SEDA DE CUATRO LÍNEAS  
GENÉTICAS DE *Bombyx mori* L. ALIMENTADAS CON *Morus indica* L. VARIEDAD  
KANVA II, EN QUIRINGUE, PROVINCIA ZAMORA CHINCHIPE.

**AUTOR:**

ING. MATILDE ISABEL MORALES IÑIGUEZ

**DIRECTOR:**

ING. SANDRA SORIA RE Ms.C.

**PUYO - ECUADOR**

**2020**

# DECLARACIÓN DE AUTORÍA Y CESIÓN DE DERECHOS

Yo, Matilde Isabel Morales Iñiguez con cédula de identidad 1900392497, declaro ante las autoridades educativas de la Universidad Estatal Amazónica, que el contenido del Proyecto de Innovación titulado: “Evaluación de la producción de capullos de seda de cuatro líneas genéticas de *Bombyx mori* L. alimentadas con *Morus indica* L. variedad Kanva II, en Quiringue, Provincia Zamora Chinchipe.”, es absolutamente original, auténtico y personal.

En tal virtud y según lo establecido por la Ley de Propiedad Intelectual, por su Reglamento y por la normatividad institucional vigente, certifico libremente que los criterios y opiniones que constan en el Proyecto de Investigación y Desarrollo son de exclusiva responsabilidad de la autora; y que los resultados expuestos pertenecen a la Universidad Estatal Amazónica.

Puyo, 14 de agosto de 2020

---

Matilde Isabel Morales Iñiguez

C.I.: 1900392497

## AVAL

Quien suscribe Sandra Soria Re, Director del Trabajo de Titulación, modalidad Proyecto de Innovación titulado: “Evaluación de la producción de capullos de seda de cuatro líneas genéticas de *Bombyx mori* L. alimentadas con *Morus indica* L. variedad Kanva II, en Quiringue, Provincia Zamora Chinchipe.” a cargo de Matilde Isabel Morales Iñiguez egresada de la segunda cohorte de la Maestría en Agronomía mención Sistemas Agropecuarios de la Universidad Estatal Amazónica.

Certifico haber acompañado el proceso de elaboración del Proyecto de Innovación y considero cumple los lineamientos y orientaciones establecidas en la normativa vigente de la institución por lo que se encuentra listo para ser sustentado.

Por lo antes expuesto se avala el Proyecto de innovación para que sea presentado ante la Dirección de Posgrado como forma de titulación como Magister en Agronomía mención Sistemas Agropecuarios y que dicha instancia considere el mismo a fin de que tramite lo que corresponda.

Para que a si conste, firmo la presente a los 14 días del mes de agosto de 2020.

Atentamente,

Sandra Soria Re

**DIRECTOR DEL PROYECTO DE INNOVACION**

# **CERTIFICADO DE APROBACIÓN POR TRIBUNAL DE SUSTENTACIÓN**

Este Proyecto de Innovación fue revisado y aprobado por el siguiente tribunal de sustentación de la Universidad Estatal Amazónica:

---

Dr.C Manuel Pérez, PhD.  
**PPRESIDENTE DEL TRIBUNAL**

---

Dr.C Segundo Benedicto Valle Ramírez, PhD.  
**MIEMBRO DEL TRIBUNAL**

Dr.C Zhofre Aguirre, PhD.  
**MIEMBRO DEL TRIBUNAL**



**UNIVERSIDAD ESTATAL AMAZÓNICA  
CENTRO DE POSTGRADOS  
SISTEMA ANTIPLAGIO URKUND**

**OFICIO N° 012-SSR-UEA-2020**

Puyo, 12 de agosto del 2020

Por medio del presente **CERTIFICO** que, el trabajo de titulación “**Evaluación de la producción de capullos de seda de cuatro líneas genéticas de *Bombyx mori* L. alimentadas con *Morus indica* L. variedad Kanva II, en Quiringue, Zamora Chinchipe**”, correspondiente a la Ing. **MATILDE ISABEL MORALES ÍÑIGUEZ**, con cédula 1900392497, de la maestría en Agronomía Mención Sistemas Agropecuarios cuya directora del proyecto es la Ing. Sandra Luisa Soria Re, Ms.C. Proyecto que ha sido revisado mediante el sistema antiplagio Urkund, reportando una similitud del 4%, informe generado el día 08 de agosto del 2020 por parte de la directora del proyecto.

Particular que comunico para los fines pertinentes

Ing. Sandra Soria Re, Ms.C.  
**DIRECTORA DEL PROYECTO DE TITULACIÓN**




### Document Information

---

Analyzed document morales lineas genéticas.docx (D77604761)  
Submitted 8/8/2020 4:06:00 PM  
Submitted by  
Submitter email ssoria@uea.edu.ec  
Similarity 4%  
Analysis address ssoria.uea@analysis.orkund.com

### Sources included in the report

---

<b>SA</b>	<b>UNIVERSIDAD ESTATAL AMAZÓNICA / ENRAIZAMIENTO DE MORERA CON FITOHORMONAS_WALTER GUTIERREZ.docx</b> Document ENRAIZAMIENTO DE MORERA CON FITOHORMONAS_WALTER GUTIERREZ.docx (D46598346) Submitted by: ssoria@uea.edu.ec Receiver: ssoria.uea@analysis.orkund.com		1
<b>W</b>	URL: <a href="https://es.slideshare.net/ycondor/tesis-final-agustin-martos-tupes">https://es.slideshare.net/ycondor/tesis-final-agustin-martos-tupes</a> Fetched: 2/3/2020 8:36:29 PM		9
<b>W</b>	URL: <a href="https://docplayer.es/36704972-Evaluacion-del-efecto-de-cuatro-cantidades-de-hoja-d...">https://docplayer.es/36704972-Evaluacion-del-efecto-de-cuatro-cantidades-de-hoja-d...</a> Fetched: 3/31/2020 10:00:28 PM		1

## **AGRADECIMIENTO**

En primer lugar, agradezco a Dios por la bendición de permitirme llegar a culminar una etapa más en mi vida.

Quiero expresar mi más sincero agradecimiento a la Directora del proyecto de Innovación Ms.C. Sandra Soria Re por su valioso aporte, la dedicación y apoyo en el desarrollo de la presente investigación, y también por su orientación y atención a mis consultas, quien ha tenido la voluntad de predisponer su tiempo en todo momento.

Un agradecimiento especial a mi querida madre, quien ha sido el apoyo fundamental durante esta fase de estudio a través de los consejos brindados y los ánimos de superación para cumplir con una meta que me ayudará a superar en el transcurso de mi vida.

Agradecer a los profesores de la maestría quienes compartieron sus conocimientos durante el periodo de formación académica y brindaron las bases para el desarrollo del presente trabajo.

Agradezco también a los compañeros que de una u otra forma aportaron con ideas.

Al Proyecto Seda Latinoamerica y El Caribe, por su colaboración para la adquisición de algunas líneas genéticas.

Infinitas gracias a todos

**Matilde Isabel Morales Iñiguez.**

## **DEDICATORIA**

Dedico este trabajo de investigación a la memoria del joven Iván Sergio Morales Iñiguez, quien consagró su corto tiempo de vida, al trabajo de la sericultura e incentivo a más personas a dedicarse a esta nueva alternativa de producción.

A mi Madre, hermanos y hermana por estar siempre presentes con el apoyo moral y algunas veces económico lo cual me facilito llegar a culminar con este trabajo de investigación.

A la Referente Técnico de Sericultura en el Ecuador, por todo el apoyo brindado.

A todos los productores serícolas de la región y a quienes se dedican a realizar investigación en este tema les pueda servir como un aporte más a la ciencia.

**Matilde Isabel Morales Iñiguez.**



## RESUMEN EJECUTIVO

El trabajo se estableció a 13 km de la vía Yantzaza - El Pangui, en el barrio Quiringue, parroquia Chicaña, cantón Yantzaza, provincia Zamora Chinchipe. Se evaluó la producción de capullo bajo condiciones controladas de cuatro líneas genéticas de gusano de seda (*Bombyx mori*) alimentadas con morera (*Morus indica*) variedad Kanva II. Se utilizó un diseño de bloques completos al azar (DBCP) con tres repeticiones. Se utilizaron como tratamientos cuatro líneas genéticas disponibles cuyas diferencias consisten en el patrimonio genético atávico que es de origen italiano para las líneas 1 y 2; mientras que L3 y L4 se originan de cruces chino por japonés a diferentes niveles y el tiempo que se han mantenido en hibernación. La cría experimental se hizo en una caseta de cría de 30m<sup>2</sup> con piso y paredes de madera y techo de teja, los estantes para cría fueron de madera con fondo de malla. Se registraron los datos a diario desde el inicio de la incubación de los huevos de las líneas genéticas, periodo larval, pupal, y fase de preoviposición. Se aplicó un análisis de varianza y para las variables que resultaron significativas se realizó la separación de medias a través de la Prueba de Rango Múltiples de Tukey a  $p < 0,005$ . El peso de las cortezas del capullo no fue estadísticamente diferente, así L2 fue aquella que registró el peso ligeramente mayor con 0,348077 g, seguida por L4 con 0,335615 g, L3 con 0,331194 g y finalmente L1 con 0,326384 g resultado interesante pues demuestra que independientemente de la línea genética probada se obtuvo pesos promedios similares para las cuatro líneas genéticas.

**Palabras clave:** Línea genética, instar, capullo, condiciones ambientales, peso y longitud

## ABSTRACT AND KEYWORDS

The research was established 13 km away on the Yantzaza – El Pangui road, in the Quiringue neighborhood, Yantzaza canton, Zamora Chinchipe province. The production of cocoon was evaluated, under controlled conditions, of four genetic lines of silkworm (*Bombyx mori* L.) fed with mulberry (*Morus indica* L.) variety Kanva II. It was used a randomized complete block design (RCBD) with three replications. Four available genetic lines were used as treatments whose differences consist of the atavistic genetic heritage that is of Italian origin for lines 1 and 2; while L3 and L4 originate from Chinese-Japanese crosses at different levels and have long been in hibernation. The experimental breeding was done in a 30 m<sup>2</sup> breeding house with a wooden floor and walls and a tile roof, the breeding shelves were made of wood with a mesh bottom. Data were recorded daily from the start of incubation of the eggs of the genetic lines, larval period, pupal period, and preoviposition phase. An analysis of variance was applied and for the variables that were significant, the separation of means was performed through the Tukey Multiple Range Test at  $p < 0.005$ . The weight of the cocoon barks was not statistically different, so L2 was the one that registered the slightly higher weight with 0,348077 g, followed by L4 with 0,335615 g, L3 with 0,331194 g and finally L1 with 0,326384 g interesting result since it shows that regardless of the genetic line tested, similar average weights were obtained for the four genetic lines.

**Keyword:** genetic line, instar, cocoon, environmental conditions, morphological characteristics

# ÍNDICE DE CONTENIDOS

CAPITULO I	1
1. INTRODUCCIÓN	1
1.1.SITUACIÓN PROBLÉMICA	3
1.2.FORMULACIÓN DEL PROBLEMA	4
1.3.HIPÓTESIS	4
1.4.OBJETIVOS	4
1.4.1. Objetivo General	4
1.4.2. Objetivos Específicos	4
CAPITULO II	5
2. MARCO TEÓRICO	5
2.1.PRODUCCIÓN DE CAPULLOS DE GUSANO DE SEDA	5
2.1.1. Morera	5
2.1.1.1.Clasificación botánica	5
2.1.1.2.Producción de hoja	5
2.1.2. Gusano de seda	6
2.1.2.1.Definición	6
2.1.2.2.Clasificación zoológica	6
2.1.2.3.Ciclo de vida	7
2.1.2.4.Cría de gusano joven	8
2.1.2.5.Cría de gusano adulto	9
2.2.INDICADORES QUE AFECTAN SOBRE LA PRODUCCIÓN DE CAPULLOS	9
2.2.1. Genética	9
2.2.2. Razas puras	10
2.2.3. Híbridos	10
2.2.4. Condiciones climáticas y manejo	11
2.3.EXPERIENCIAS EN SERICULTURA	11
2.4.OTRAS APLICACIONES DE LA SERICULTURA	12
3. METODOLOGÍA DE LA INVESTIGACIÓN	13
3.1.LOCALIZACIÓN	13

3.2.TIPO DE INVESTIGACIÓN	14
3.3.MÉTODO DE INVESTIGACIÓN	14
3.4.CONDICIONES EXPERIMENTALES	14
3.4.1. Ciclo biológico, temperatura y humedad	14
3.4.2. Incubación y Manejo de la cría	15
3.4.2.1.Primer instar	15
3.4.2.2.Segundo instar	16
3.4.2.3.Tercer instar	16
3.4.2.4.Cuarto y quinto instar	16
3.4.2.5.Encapullado	16
3.5.TRATAMIENTOS	16
3.6.DISEÑO EXPERIMENTAL	17
3.7.VARIABLES	18
3.7.1. Variables evaluadas para el cumplimiento del primer objetivo	18
3.7.1.1.Peso de larvas al final de cada edad	18
3.7.1.2.Largo y diámetro torácico de las larvas al final de cada edad (mm)	19
3.7.1.3.Consumo neto de alimento	19
3.7.2. Variables a evaluadas para el cumplimiento del segundo objetivo	19
3.7.2.1.Tamaño del capullo	19
3.7.2.2.Peso del capullo y corteza	19
3.7.2.3.Color del capullo	21
3.8.ANALISIS ESTADÍSTICO	21
3.9.RECURSOS HUMANOS Y MATERIALES	21
CAPÍTULO IV	22
4. RESULTADOS Y DISCUSIÓN	22
4.1.CONDICIONES AMBIENTALES DURANTE LA CRÍA Y DURACIÓN DEL CICLO BIOLÓGICO BAJO LAS CONDICIONES AMBIETALES EXPERIMENTALES	22
4.1.1. Condiciones ambientales durante la cría de <i>B. mori</i>	22
4.1.2. Duración del ciclo biológico de <i>B. mori</i> bajo las condiciones ambientales experimentales	23

4.2.RESULTADOS DEL PRIMER OBJETIVO	24
4.2.1. Peso larval (g) por instar y línea genética	24
4.2.2. Longitud de la larva (mm) por instar y línea genética de <i>B mori</i>	26
4.2.3. Diámetro torácico de la larva (mm) por instar y línea genética de <i>B mori</i>	28
4.2.4. Consumo neto de alimento (g)	30
4.3.RESULTADOS PARA EL SEGUNDO OBJETIVO	32
4.3.1. Largo (mm) y ancho (mm) del capullo de seda por línea genética evaluada	32
4.3.2. Peso del capullo y corteza	34
4.3.3. Porcentaje (%) de capullo bueno seleccionado y porcentaje (%) de seda bruta	37
4.3.4. Calificación (puntos) del capullo producto del análisis de calidad	39
4.3.5. Color del capullo por línea genética	40
CAPITULO V	42
5. CONCLUSIONES Y RECOMENDACIONES	42
5.1.CONCLUSIONES	42
5.2.RECOMENDACIONES	42
REFERENCIAS	43
ANEXOS	47

## ÍNDICE DE TABLAS

Tabla 1. Líneas genéticas experimentales de <i>Bombyx mori</i>	17
Tabla 2. Porcentaje de capullo bueno seleccionado	20
Tabla 3. Porcentaje de seda bruta	20
Tabla 4. Resultados de temperatura (°C) y humedad relativa (%) durante el período experimental	22
Tabla 5. Duración del ciclo biológico del gusano de seda ( <i>Bombyx mori</i> )	24
Tabla 6. Rendimiento potencial de capullos por caja y línea genética	37
Tabla 7. Rendimiento potencial de cortezas de capullos por caja y línea genética	37

## ÍNDICE DE FIGURAS

Figura 1. Ilustración del ciclo de vida del <i>Bombyx mori</i>	7
Figura 2. Localización geográfica del área experimental	13
Figura 3. Camarotes para la cría de gusanos de seda	15
Figura 4. Esquema del diseño de bloques al azar, para las cuatro líneas genéticas	18
Figura 5. Prueba de rango múltiple de Tukey a $p < 0,005$ para el peso larval en gramos por instar y línea genética	25
Figura 6. Prueba de rango múltiple de Tukey a $p < 0,005$ para la longitud de las larvas (mm) por instar y línea genética	27
Figura 7. Prueba de rango múltiple de Tukey a $p < 0,005$ para el diámetro torácico de la larva (mm) por instar y línea genética de <i>B. mori</i>	29
Figura 8. Prueba de rango múltiple de Tukey a $p < 0,005$ para el consumo neto de alimento (g) por línea genética.	31
Figura 9. Prueba de rango múltiple de Tukey a $p < 0,005$ para el largo y ancho (mm) de los capullos de seda por línea genética	33
Figura 10. Prueba de rango múltiple de Tukey a $p < 0,005$ para las variables peso del capullo (g) y la corteza (g) por línea genética	35
Figura 11. Prueba de rango múltiple de Tukey a $p < 0,005$ para el porcentaje (%) de capullo bueno seleccionado y porcentaje (%) de seda bruta	38
Figura 12. Prueba de rango múltiple de Tukey a $p < 0,005$ para la variable calificación de capullos (puntos) por líneas genéticas evaluadas.	40
Figura 13. Prueba de rango múltiple de Tukey a $p < 0,005$ para el color del capullo.	41

# CAPITULO I

## 1. INTRODUCCIÓN

La sericultura es una actividad agropecuaria que se dedica al cultivo de la morera (*Morus spp.*) y a la cría del gusano de seda (*Bombyx mori* L.) para la producción de capullos, a partir de los cuales se obtiene la seda. Dicha condición productiva requiere de una fase de agrícola, una fase pecuaria y, finalmente, de una fase industrial o artesanal (Soria, Salice, & Avendaño, 2001). El gusano de seda se alimenta única y exclusivamente de morera y su cría se desarrolla en ambientes controlados denominados casetas de cría, sobre estanterías apilables denominadas camarotes o camas (Cifuentes & Sohn, 1998).

La sericultura en el mundo se ha desarrollado principalmente en Japón, Brasil y Tailandia, países que en la actualidad lideran el mercado mundial de la seda. Sin embargo, también se presenta una producción de capullos de seda en Italia y España, representando una mínima parte de la producción mundial. En el continente africano se destaca la producción de Zambia y Uganda y en América Latina, se conoce que la mayor producción la tiene Brasil pues trabaja directamente para abastecer las necesidades de seda cruda de Japón y en menor proporción Colombia (El Centro de Desarrolla Tecnológico para la Sericultura CDTS, 1996). En la actualidad, la producción de capullos y seda de Brasil se ubica en el cuarto lugar a nivel mundial y el primero en América Latina (Azebedo, Marchini & Medeiros-Macedo, 2010) y las iniciativas de sericultura en los países Latinoamericanos van dimensionándose en un contexto de producción artesanal de cadena completa con enfoque agroecológico.

Soria (2011) menciona que en el Ecuador a mediados del año 1996 se inicia la introducción de la sericultura en diferentes provincias del país a través de un proyecto del Instituto Italo Latino Americano, ejecutado por la ONG “CEBYCAM – CES” de la provincia de Chimborazo. Este proyecto continuó con la fase de desarrollo de la sericultura en el país entre 1998 al 2001, período en el cual se consolidó la sericultura en diferentes zonas del país; y una fase final de apoyo a la sericultura entre el 2001 y 2003.

En el año 2001 en Quito, Ecuador se realiza el Forum “La seda en la comunidad andina de Naciones”, auspiciado por el Instituto Italo Latinoamericano (IILA), que sienta las bases para la

creación de la Red Andina de la Seda en 2004, posteriormente ampliada a Red Latinoamericana de la Seda (Instituto Italo Latino Americano [IILA], 2010).

El proyecto de la Red Andina y posteriormente Red Latinoamericana de la Seda tuvo su ejecución en los años 2005-2010, al final de este tiempo se esperaba que los sericultores y grupos artesanales formados con los proyectos trabajaran con autogestión; pero precisamente fue en ese momento, donde se originaron los problemas de la sericultura en el país, pues se dependía de la provisión de huevos híbridos de *Bombyx mori*, por parte del proyecto y se tuvieron que buscar alternativas de autoabastecimiento de los mismos para las respectivas crías. Encaminando de esta manera, a la búsqueda de alternativas de subsistencia para la continuidad del trabajo de los sericultores y artesanos involucrados en el proyecto (Red Andina de la Seda [RAS], 2010).

Se considera las ventajas que tiene el cultivo de la morera en las zonas tropicales América Latina y del Ecuador, pues es un cultivo que una vez establecido permite las cosechas de hoja aprovechable, luego de 75 a 105 días posteriores a cada poda, estimándose 4,5 cosechas anuales con fines de alimentación animal o para las crías de gusanos de seda. El cultivo requiere de labores culturales como poda, el control de malezas y enmiendas periódicas con cal y fertilizantes para favorecer una buena productividad del cultivo; sin embargo, se destaca que bajo las condiciones amazónicas es fundamental la incorporación de cal por los niveles de acidez existentes en los suelos de la región (Benavides, 1996; Cifuentes & Sohn, 1998; Soria et al., 2001), pero en ausencia de crías de gusano de seda la morera está siendo subutilizada.

Según Cifuentes y Sohn (1998) debido a que la fase larvaria hasta la cosecha del capullo dura de 38 a 45 días, dentro del ciclo de vida del gusano de seda, bajo condiciones tropicales permite la cría consecutiva durante todo el año, considerándose 7 ciclos potenciales, siempre y cuando se disponga de huevos viables a disposición durante todo el año.

La importación de huevos de gusanos de seda es un tema complicado y costoso, si los requerimientos de huevos son inferiores a 20 cajas de 20 000 huevos cada una, siendo esta otra consideración para fundamentar la necesidad de mantener las líneas genéticas de *Bombyx mori* que ya se tienen en el Ecuador y evaluar su capacidad productiva actual. La extracción de seda cultivada, así como el ciclo de vida de los gusanos de seda silvestres, es sostenible en la naturaleza misma. Además, cuando es producida por tejedoras manuales, la tela tiene una huella de energía casi nula y se satisface el marco para la seda sostenible (Karthik & Rathinamoorthy, 2010).



Con estos antecedentes y tratando de buscar soluciones para satisfacer las necesidades de los productores en relación a la disponibilidad de huevos para la producción de capullo y seda, se plantea realizar la presente investigación.

Dentro del desarrollo de esta investigación están las consideraciones teóricas en las que se sustenta el proyecto con la recopilación de antecedentes de investigaciones que tienen contraste y que nos servirán como apoyo para fundamentar el comportamiento de los resultados en este trabajo. La parte de la metodología utilizada en el experimento, describe paso a paso el proceso investigativo, considerando también las metodologías probadas en experimentos con condiciones geográficas diferentes. En los resultados se presenta las tablas y las figuras de las variables evaluadas, descritas de manera precisa y entendible para el lector, así como también la debida discusión con la fundamentación de trabajos realizados en zonas diferentes. Se finaliza con las conclusiones y recomendaciones planteadas en base a los objetivos propuestos y resultados obtenidos en el experimento.

## **1.1. SITUACIÓN PROBLÉMICA**

En el Ecuador cada día se ve la necesidad de buscar nuevas alternativas productivas que aporten a la economía familiar con el objeto de sustentar las necesidades básicas del hogar. La sericultura es una de ellas pues favorece la producción agroecológica de la morera y la cría del gusano de seda como alternativas de trabajo con inclusión de género, pero estas oportunidades se ven limitadas por diferentes situaciones como en el caso de la sericultura, la no existencia de proveedores de huevos en el Ecuador, de ahí que la importación resultara costosa y a veces complicada desde el punto de vista de la normativa sanitaria, limitantes que han puesto en peligro e incluso podrían causar la desaparición de esta actividad económica. Existen líneas genéticas que se han reproducido a partir de fecundación de híbridos y se han conservado de forma artesanal para la provisión de huevos para suplir las necesidades productivas de la Asociación ISMI de la Provincia de Zamora Chinchipe y es necesario caracterizar su nivel productivo a partir de una investigación que determine el comportamiento morfológico y productivo de las cuatro líneas genéticas preservadas.

## **1.2. FORMULACIÓN DEL PROBLEMA**

¿Cuál es la producción de capullos de seda de cuatro líneas genéticas de *Bombyx mori* L. alimentadas con *Morus indica* L. durante la fase larval del ciclo de vida, en una generación realizada en el barrio Quiringue, del Cantón Yantzaza, Provincia de Zamora Chinchipe?

## **1.3. HIPÓTESIS**

A través de la cría de cuatro líneas genéticas de *Bombyx mori* L. alimentadas con morera (*Morus indica*) variedad Kanva II durante la fase larval, se podrá obtener una mejor producción de capullos con el uso de cuatro líneas evaluadas, en el barrio Quiringue, provincia de Zamora Chinchipe.

## **1.4. OBJETIVOS**

### **1.4.1. Objetivo general**

- Evaluar la producción de capullo en condiciones controladas de cuatro líneas genéticas de gusano de seda (*Bombyx mori*) alimentadas con morera (*Morus indica*) variedad Kanva II, en Quiringue, Cantón Yantzaza, Provincia de Zamora Chinchipe.

### **1.4.2. Objetivos específicos**

- Caracterizar las cualidades morfológicas de cuatro líneas genéticas de gusano de seda (*Bombyx mori*) en cada etapa de crecimiento con el suministro de morera (*Morus indica*) variedad Kanva II como alimento.
- Determinar la producción de capullos de cuatro líneas genéticas de gusano de seda (*Bombyx mori*) a partir de larvas criadas bajo condiciones controladas, para la zona objeto de estudio.

## CAPITULO II

### 2 MARCO TEÓRICO

#### 2.1. PRODUCCIÓN DE CAPULLOS DE GUSANO DE SEDA

##### 2.1.1. Morera

La morera (*Morus* sp.) es una planta originaria de Asia, probablemente de la región de los Himalaya, China o India, en donde se encuentra la mayor biodiversidad de este género ya que se registran 950 especies y cientos de variedades (Soria et al., 2001). En países donde la sericultura ha alcanzado niveles importantes para desarrollar procesos industriales, también han dedicado esfuerzos importantes para desarrollar híbridos de morera que proporcionen rendimientos superiores de aquellos de las variedades originales, como en Brasil en donde el mejoramiento corresponde a híbridos de *Morus alba* (Azebedo et al., 2010).

##### 2.1.1.1. Clasificación botánica

La clasificación botánica según Zheng et al. (1988) para la morera es la siguiente: división Spermatophyta, clase Angiosperma, subclase Dicotiledónea, orden Urticales, familia Moraceae, género *Morus*, especie *alba*, *nigra*, *rubra*, *indica*, *pendula*, *insignis*.

En el Ecuador, se introdujo la variedad de morera Kanva II perteneciente a la especie *Morus indica* o morera de la India, ya que es originaria de ese país, la misma que posee muchas variedades además de Kanva. Por su adaptabilidad a las regiones subtropicales, ha sido introducida además en Bolivia, Brasil, Colombia, Perú, Uruguay, bajo altas densidades de siembra, siendo precoz y moderadamente resistente al ataque de plagas y enfermedades (Soria et al., 2001). Además, como lo señalan Rodríguez et al. (2013), el contenido de proteína bruta analizado para esta especie reporta niveles superiores al 20 % y los capullos obtenidos de la alimentación de gusanos de seda presentaron características biológicas y de rendimiento superiores de aquellas larvas alimentadas con otras especies de morera.

##### 2.1.1.2. Producción de hoja

El nivel de crecimiento de la planta de morera está en función de la temperatura, altitud de la zona, humedad y fertilidad del suelo. La primera cosecha se puede realizar a partir del sexto mes de la plantación de la morera en el sitio definitivo y luego se cosecha regularmente a los 3 meses. Hasta

el segundo año la planta no llega a su estado de madurez y tampoco tiene su máximo potencial de producción de hoja. Al primer año solo produce un 35 %, el segundo año un 65 % y a partir del tercero alcanza y mantiene su máximo nivel de producción (Cifuentes & Sohn, 1998).

### **2.1.2. Gusano de seda**

De acuerdo con la Red Andina de la Seda (RAS, 2004) el descubrimiento de la seda de la especie *Bombyx mori*, ocurrió hace 2 700 años a.C. Según la tradición china, la novia del emperador Huang Ti, una joven de 14 años llamada Hsi Ling Shi, inventó la primera bobina de seda. La sericultura, es decir el cultivo de morera y la cría de gusano de seda, se extendió a través de China, convirtiendo a la seda en un artículo muy apreciado que más adelante querrían conseguir otros países. En el año 139 a.C. se estableció la mayor ruta mundial de comercio, que abarcó desde el este de China hasta el mar Mediterráneo, recibió el nombre de Ruta de la Seda, debido a que este artículo se convirtió en el que más comercio generaba. En el año 30 d.C. el secreto de la producción de seda había llegado ya a Japón y la India de donde se extendió hacia el Mediterráneo y mucho tiempo después también fue difundido hacia América a mediados del siglo XIX.

#### **2.1.2.1. Definición**

El gusano de seda *Bombyx mori* es un insecto de la familia *Bombycidae*, orden *Lepidoptera*, el orden más grande en la clase *Insecta*, que se alimenta de hojas de morera y hace un capullo de seda dentro del cual se transforma de larva a crisálida y después en mariposa. Todas las razas criadas hasta hoy han sido derivadas de un gusano silvestre llamado *Bombyx mandarina* L. perteneciente al mismo género y que se encuentra casi en extinción (Cifuentes & Sohn, 1998); es un insecto holometábolo pues presenta una metamorfosis completa con fases de huevo donde transcurre el desarrollo embrionario, hasta la eclosión del huevo: fase larvaria con cinco instares y cuatro mudas, transformación en crisálida hasta llegar a la etapa de adulto como polilla (Acerbi, Mozeris & Vieites, 2005).

#### **2.1.2.2. Clasificación zoológica**

La especie *Bombyx mori*, a la cual pertenece el gusano de seda, es un lepidóptero nocturno, clase *Insecta*, familia *Bombycidae*, género *Bombyx*, especie *mori* cuya larva para terminar su metamorfosis, con un filamento finísimo se envuelve en un ovillo perfecto denominado capullo cuya longitud de fibra alcanza 1 200 m (Soria et al., 2001).

### 2.1.2.3. Ciclo de vida

En figura 1 se encuentra el ciclo de vida del gusano de seda (*Bombyx mori*) el cual resume la metamorfosis de este insecto de huevo a mariposa, con énfasis en los cinco instares de la fase larvaria y sus respectivas mudas antes de transformarse en crisálida protegido del capullo para finalmente emerger como mariposa del capullo y cumplir el ciclo reproductivo y de deposición de los huevos para iniciar nuevamente el ciclo.

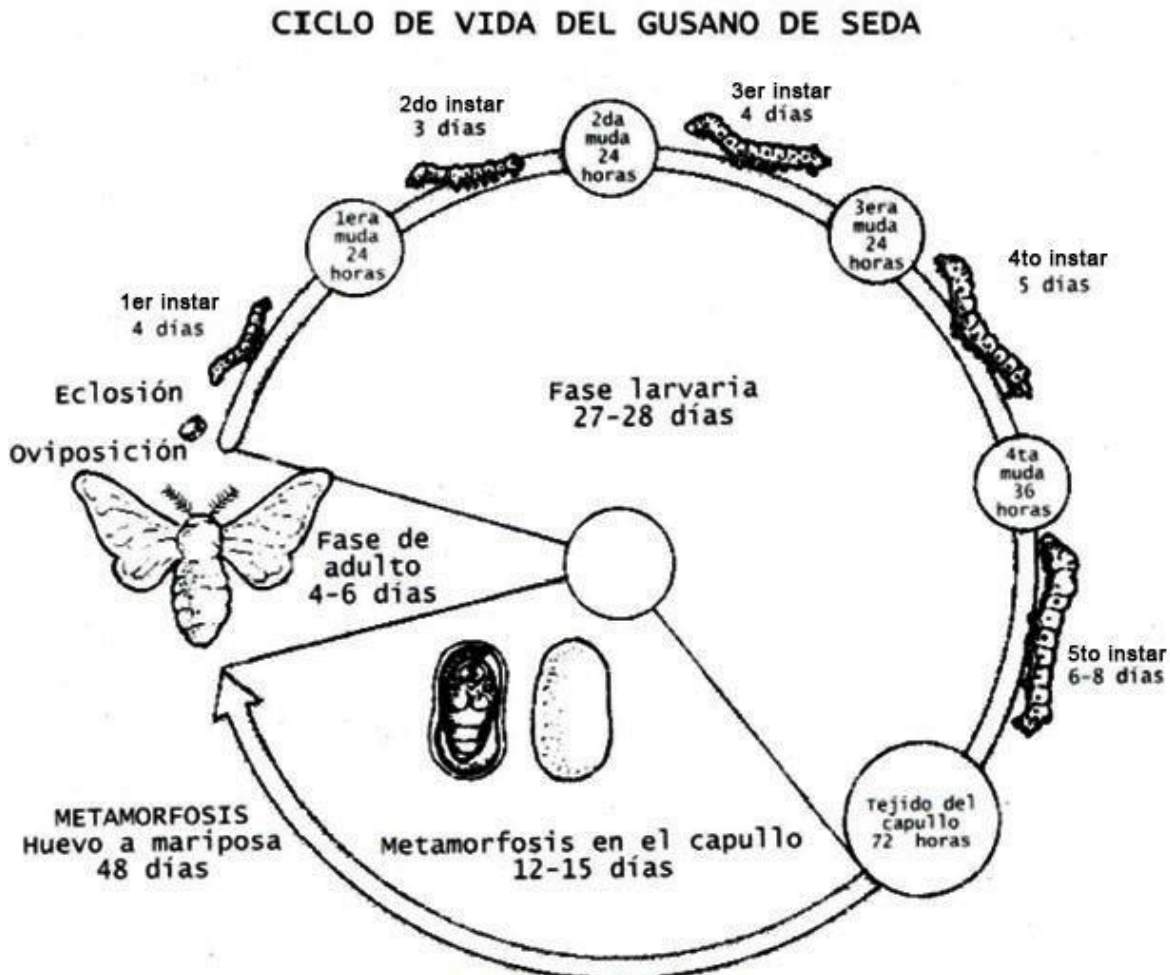


Figura 1. Ilustración del ciclo de vida del *Bombyx mori*

Según Cifuentes y Sohn (1998) los gusanos de seda pasan por diferentes fases larvarias, separadas por los ciclos de muda, etapas en las que desarrollan los órganos y van aumentando el tamaño para, finalmente, realizar la metamorfosis y llegar a la fase adulta, que tiene el único objetivo de la reproducción. En total, *Bombyx mori* pasa por cinco fases larvarias o instares (más la adulta), con 4 ciclos de muda o cambio de piel, teniendo dos etapas más en el interior de la crisálida.

De acuerdo con Zunini et al. (2008) el primer instar, inicia desde la eclosión del huevo, la larva tiene una coloración café oscura a negra y presenta vellosidades en la cutícula; su tamaño inicial es de 3 a 5 mm de longitud. Luego de transcurridos cuatro días llegan a medir 7 mm, cambia el color de su cutícula a una tonalidad clara brillante y entra al primer proceso de muda que tiene una duración aproximada de 24 horas. Segundo instar, periodo que tiene una duración aproximada de tres días, al final del cual la larva alcanza los 12 mm de longitud y entra nuevamente en el segundo proceso de muda que dura también 24 horas. El primer y segundo instar se manejan como cría de gusano joven.

El tercer instar, dura alrededor de cuatro días llegando a medir los 25 mm de longitud, para entrar en la tercera muda que tiene una duración de algo más de 24 horas; y se constituye como un período de transición. El cuarto instar, tiene una duración de 3,5 a 4 días, las larvas llegan a medir 40 mm de longitud con un periodo de muda mucho más largo a los anteriores, la misma que concluye a las 48 horas de haberse iniciado y que es la cuarta muda. En el quinto instar, alcanza su máximo nivel de desarrollo y crecimiento, siendo posible inclusive diferenciarlos sexualmente. El tamaño que alcanza es de 70 a 80 mm de longitud en un periodo de 7 a 8 días. Cuando la larva llega a completar su crecimiento disminuye su voracidad hasta que deja de alimentarse completamente y empieza a eliminar su contenido de orina y excremento a través del proceso de purga, cambia el color de la cutícula a cremoso, de aspecto translúcido, reduciendo inclusive ligeramente su tamaño (Soria et al., 2001). Del tercero al quinto instares los gusanos se manejan como cría de gusano adulto.

Zunini et al. (2008) mencionan que terminado este proceso el gusano inicia a elaborar el capullo para lo cual se toma un tiempo de 3 a 4 días, en el cual hila aproximadamente unos 1200 m de fibra de seda continua, para luego dar lugar internamente a la transformación del gusano en pupa o crisálida, que permanece encerrada al interior del capullo por un periodo de 12 a 15 días, tiempo en el que sufre la transformación en mariposa o polilla. Las mariposas ya no se alimentan y tienen como función principal la reproducción, por lo tanto, luego de copular, las hembras ovipositan de 400 a 500 huevos, para luego dar por concluido su ciclo de vida entre 4 a 6 días de haber salido del capullo.

#### **2.1.2.4. Cría de gusano joven.**

El gusano de seda en sus etapas iniciales de desarrollo requiere de mucha atención, porque necesita condiciones estrictamente controladas de manejo, higiene, temperatura, humedad, ampliaciones en

el área de alojamiento, alimentación y cambios de cama. Debe haber una buena desinfección de la sala de cría, utensilios y materiales necesarios. En la entrada deberá existir calzado solo para el ingreso a la sala y una poceta de desinfección del calzado. La temperatura y humedad debe estar estable durante todo el tiempo según el requerimiento entre 25 – 27°C. Las ampliaciones en el área de alojamiento son importantes para proporcionar el espacio vital mínimo a las larvas. La alimentación debe ser realizada con material seleccionado. Además, las actividades de esta fase deben ser realizadas por centros de investigación o por sericultores capacitados para el efecto (Cifuentes & Sohn, 1998).

#### **2.1.2.5. Cría del gusano adulto.**

Las larvas correspondientes al cuarto y quinto instares se llaman larvas adultas debido a que son más resistentes y el control ambiental en la sala de cría no es tan estricto. El factor más importante en esta etapa es asegurar una buena alimentación. A partir de este momento más del 90% del consumo total de alimento por las larvas se da en esta etapa, principalmente en la quinta edad, cuando su apetito es voraz, el aumento de tamaño también es muy marcado. Esta etapa finaliza cuando las larvas comienzan a construir su capullo, para convertirse en crisálidas, se observa que las larvas dejan de alimentarse y su tegumento se torna translúcido (Zunini et al., 2008).

De acuerdo con García-Cardona y García-Alzate (1994) a partir del tercer instar y hasta la cosecha de capullo los gusanos son criados por los agricultores en casetas, ubicando las larvas en camarotes, "camas de cría", para el suministro de morera. A estas camas y con base en el estado de desarrollo de los gusanos, se les debe realizar un aseo o "cambio de cama" con el fin de eliminar los residuos de ramas, hojas y estiércol acumulados, lo cual permite que el encapullado pueda realizarse con facilidad, sin que se afecte la calidad del capullo.

## **2.2. INDICADORES QUE AFECTAN SOBRE LA PRODUCCIÓN DE CAPULLOS**

### **2.2.1. Genética**

El carácter genético que determina el número de generaciones en un año bajo condiciones naturales, se denomina voltinismo. Según el carácter del gusano de seda se presentan tres tipos de voltinismo: univoltino, bivoltino y multivoltino; si presentan una generación anual, dos generaciones anuales o generaciones sucesivas durante el año respectivamente (Soria et al., 2001).

### **2.2.2. Razas puras**

Según el origen geográfico el gusano de seda es clasificado en razas Japonesa, China, Europea, Tropical y Coreana. Las larvas de la raza Japonesa son fuertes y resistentes, pero el periodo larval es comparativamente largo y tiende a formar un mayor número de capullos dobles. En la raza China el crecimiento de las larvas es comparativamente rápido y uniforme. Las razas originadas en Europa y Asia central tienen un periodo larval largo especialmente en el quinto instar y son sensibles a condiciones ambientales desfavorables. La raza Tropical es originaria de India y del sureste asiático, las larvas son tolerantes a alta temperatura y humedad, y la duración larval es muy corta (Cifuentes & Sohn, 1998).

### **2.2.3. Híbridos**

Harada (1961) analizó los efectos de la heterosis para los híbridos del gusano de seda. Hay tres caracteres que presentan valores de vigor híbrido negativo, tales como duración larval (- 3,7 %), mortalidad (- 49,5 %) y número de capullos por litro (- 16 %), los cuales presentan menor valor en híbridos que en las líneas parentales. El efecto de la hibridación varía de acuerdo a la variedad, y el grado de heterosis se modifica de acuerdo a los caracteres. Las variedades comerciales del gusano de seda son obtenidas mediante cruce simple, doble y triple. Los ensayos sobre la variación del peso larval y la calidad del capullo mostraron que el coeficiente de variación en la F1 del cruce simple fue menor comparado con el cruce triple y el cruce doble.

Según Martos-Tupes (2010), para la producción de híbridos son necesarias las líneas puras de gusano de seda; y una línea pura es una unidad con características homogéneas procedente de cruces consanguíneas. Estas razas puras de gusano de seda son patrimonio exclusivo del país que las genera y son mantenidas con mucho celo en ambientes bien protegidos.

Diversos autores a nivel mundial enfatizan la importancia del mejoramiento genético en el gusano de seda, destacando como objetivos principales los de mejorar la productividad y calidad del hilo de seda, la adaptación a las condiciones ambientales locales y resistencia y/o tolerancia a enfermedades (Li, Yao, Hou, Lin, & Chen, 2001; Sen, Ahsan, & Datta, 1999). La utilización del vigor híbrido en la producción de seda se emplea en la mayoría de los países desarrollados y la productividad y calidad dependen del híbrido involucrado (Basso et al., 2014) para ello se han desarrollado cruces simples y polihíbridos en Centros especializados adscritos a las principales



zonas productoras de capullos, para satisfacer las necesidades de los sericultores (Basso et al., 2016). Antes de liberar los híbridos para su comercialización los entes involucrados en su producción deben realizar pruebas de los principales caracteres biológicos y productivos en relación con el ambiente (Porto, Okamoto, Cunha, & Otsuk-Pozar, 2004).

#### **2.2.4. Condiciones climáticas y manejo**

La temperatura y la humedad en la sala de cría deben ser estables durante todo el tiempo, para lo que se necesita un equipo calefactor que permita mantener a las larvas dentro de sus requerimientos según el instar (entre 25 y 27°C). El manejo higiénico-sanitario de los gusanos se fundamenta en las normas básicas que se deben respetar, como es una buena desinfección de la sala de la cría, los utensilios y materiales necesarios, antes de introducir los gusanos en ella (Cifuentes & Sohn, 1998).

Las diferencias estacionales en los componentes ambientales afectan considerablemente la expresión genotípica en forma de producción fenotípica del cultivo de gusano de seda, como el peso del capullo, el peso de la corteza y la relación de la corteza del capullo (Rahmathulla, 2012).

### **2.3. EXPERIENCIAS EN SERICULTURA**

A nivel mundial la sericultura ha aportado en la economía familiar. El principal productor de seda a nivel mundial es China, le sigue la India y Corea. En Latino América es Brasil el que lidera la producción en la región, pero aporta el 0,35 % de la producción mundial de seda industrial. El resto de las iniciativas se dirigen a la búsqueda de actividades productivas alternativas que fortalezcan el contexto económico y social de determinados lugares en donde el componente artesanal también está desarrollado. Colombia lideró la actividad entre 1990 y 2010, actualmente se mantienen iniciativas locales en el eje cafetero y Medellín, la provisión de huevos está a cargo de la Universidad Tecnológica de Pereira con el patrimonio Genético del CDTS y el híbrido Pílamó. Además, se han realizado trabajos investigativos para mejorar la calidad de producción de capullos, en Perú, por ejemplo, en la Universidad Nacional La Molina se ha realizado una investigación de cuatro años para poder obtener híbridos locales y ofrecerlos a los sericultores de Perú, que están distribuidos en la Selva Norte y Central, así como en Trujillo y en localidades cercanas a Lima. Así también en Hidalgo, México, las investigaciones continúan con el propósito de obtener material genético que tenga las características adecuadas para una producción de capullo de calidad. Actualmente existe el Proyecto SEDA Latinoamérica y el Caribe (Pescio, 2019), proyecto

financiado por la Unión Europea, en el que están involucrados todos los países de la región que tienen iniciativas activas entre ellos Argentina, Brasil, Colombia, Cuba, Ecuador y México. Quienes están involucrados con este proyecto aportan con sus investigaciones para promover y mejorar la producción de la sericultura en los países involucrados, sabiendo que además el futuro de la seda tiene un gran potencial en aplicaciones biotecnológicas y biomédicas. La Universidad Estatal Amazónica participa también de él, de ahí la posibilidad de las investigaciones para el desarrollo del cultivo de morera que se han desarrollado y ahora también con el comportamiento productivo de las líneas genéticas

#### **2.4. OTRAS APLICACIONES DE LA SERICULTURA**

Aznar-Cervantes (2013) propone aplicaciones no textiles como el uso de las larvas del insecto como biorreactor para la producción de proteína recombinante, mediante la inoculación con un vector de expresión baculovirus. La elaboración de la seda como biomaterial para crecimiento y diferenciación celular en la reconstrucción de tejidos, la fabricación de mallas de micro y nanofibras mediante electrohilatura, funcionalizándolas posteriormente con polipirrol para hacerlas electroconductoras.

# CAPITULO III

## 3. METODOLOGÍA DE LA INVESTIGACIÓN

### 3.1. LOCALIZACIÓN

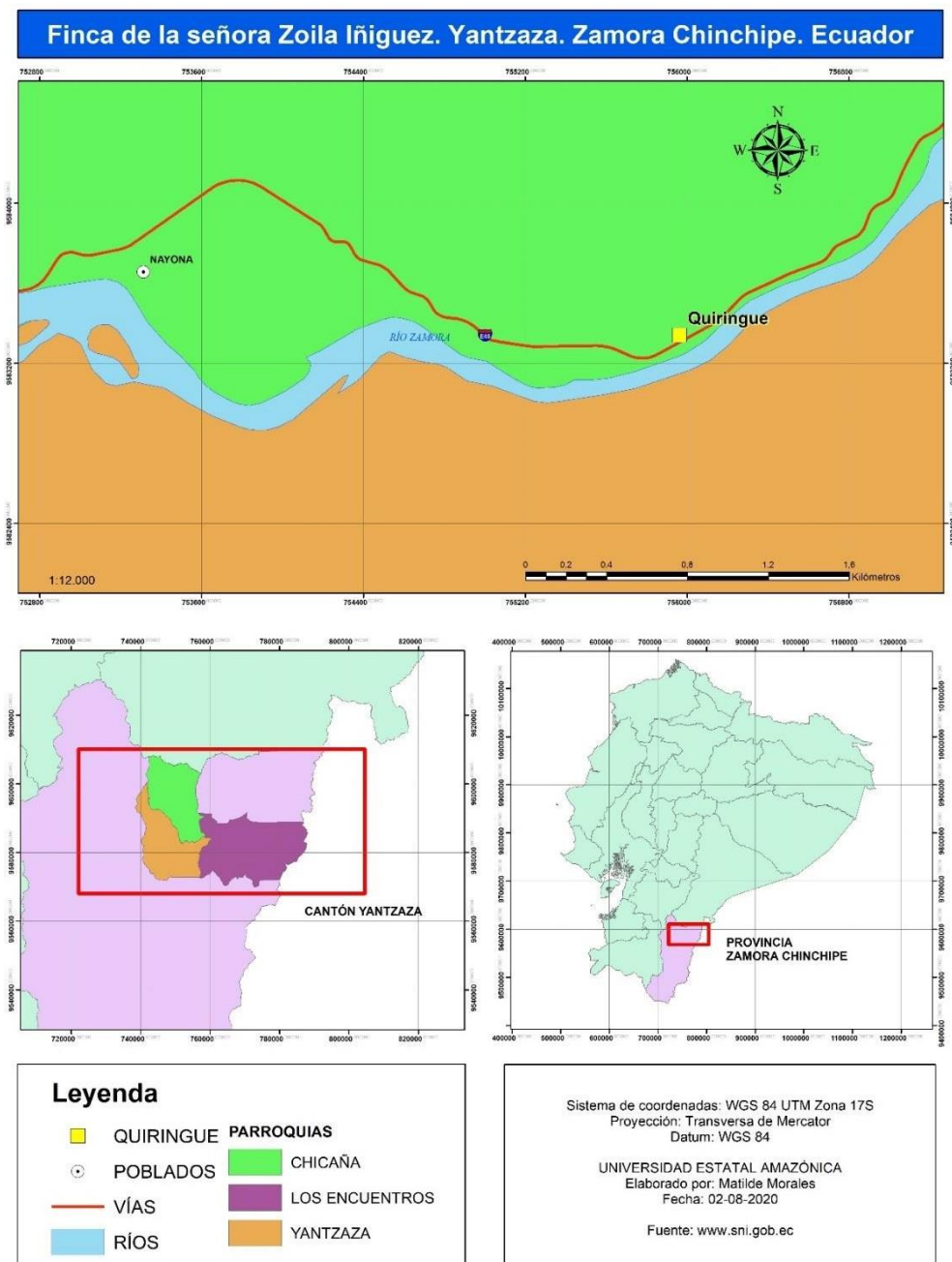


Figura 2. Localización geográfica del área experimental

El trabajo de investigación se estableció a 13 km de la vía Yantza - El Pangui, en la finca de propiedad de la señora Zoila Natalia Iñiguez León, ubicada en el barrio Quiringue, parroquia

Chicaña, cantón Yantaza, provincia Zamora Chinchipe, localizada en las coordenadas geográficas 03° 45' 59,7" de latitud sur y 78° 41' 42,9" de longitud oeste (Figura 2) a una altura de 840 msnm, clima cálido húmedo propio de un bosque montano bajo. La temperatura media anual en Yantzaza se encuentra a 22,7°C y precipitación media anual de 1 959 mm (CLIMATE-DATA.ORG).

### **3.2. TIPO DE INVESTIGACIÓN**

La investigación realizada fue de tipo experimental. Se midió la causa y efecto a través de las variables independiente y dependientes respectivamente, donde se evaluó la producción de capullo en cantidad y calidad, bajo condiciones controladas de cuatro líneas genéticas de gusano de seda alimentadas con hoja de morera (*Morus indica*) variedad Kanva II, en Quiringue, Cantón Yantzaza, Provincia de Zamora Chinchipe.

### **3.3. MÉTODO DE INVESTIGACIÓN**

El método de investigación utilizó un diseño experimental, ya que está integrado por un conjunto de actividades y técnicas metódicas, bajo condiciones controladas, sobre la cría del *Bombyx mori* que se realizaron para recabar información y datos necesarios sobre la producción de capullo utilizando cuatro líneas genéticas disponibles y su respuesta en la zona de estudio, para registrar el comportamiento de las características morfológicas en cada etapa de crecimiento y cuantificar el comportamiento productivo. Considerando que cada línea genética fue criada de manera individualizada con tres repeticiones cada una.

### **3.4. CONDICIONES EXPERIMENTALES**

#### **3.4.1. Ciclo biológico, temperatura y humedad**

Para cada línea genética se determinó la duración del ciclo biológico desde la incubación hasta la emergencia de los individuos adultos o polillas y el inicio de la puesta de huevos por parte de éstas. Para ello, diariamente se hizo los registros correspondientes al desarrollo biológico del insecto, así como de la temperatura y humedad de la caseta de cría. De esta manera, se pudo determinar la duración del periodo de incubación, la duración del estado larval e instares correspondientes, la duración del estado pupal, la duración del periodo de preoviposición, y la duración del ciclo biológico en días. Con los datos obtenidos se elaboraron tablas con valores consolidados y se hicieron los análisis correspondientes (Zunini et al., 2008).

### 3.4.2. Incubación y Manejo de la cría

La incubación y el desarrollo de larvas se llevó a cabo en una sala de cría a temperatura ambiente y con condiciones climáticas de la zona, cuyos valores de temperatura y humedad fueron registrados con la ayuda de un termohigrómetro digital (López, Soria & Patiño, 2007).

Las larvas hasta el tercer instar se criaron en bandejas de cartón con tapa y provistas de una etiqueta, en uno de sus lados con el nombre de la línea genética para su conveniente identificación, que fueron dispuestas adecuadamente sobre camas de madera y fondo de malla (López et al., 2007). Las larvas de cuarto a quinto instar fueron criadas directamente en las camas de madera con fondo de malla de dimensiones de 1 m de ancho por 4,5 m de largo y 1 m de alto medido desde el suelo hasta la plataforma de la cama, provistas de una etiqueta en uno de sus lados con el nombre del híbrido como se aprecia en la Figura 3 (López et al., 2007).



Figura 3. Camarotes para la cría de gusanos de seda

#### 3.4.2.1. Primer instar

Luego de la eclosión, las larvas se recogieron con una pieza de malla y hojas cortadas de morera, a continuación, fueron colocadas sobre las bandejas de cartón. Para la alimentación se usaron las tres primeras hojas bien desarrolladas contando del brote apical hacia abajo, este material se picó en tiras de 5mm de grosor. La frecuencia del suministro del alimento fue 5 raciones al día entre las 05 h00 y 22 h00. Antes de la colocación de la primera ración alimenticia del día, se roció cal sobre el cuerpo de los gusanos para evitar enfermedades (Cifuentes & Sohn, 1998).

#### **3.4.2.2. Segundo instar**

El manejo fue similar a la primera edad con la diferencia que se utilizaron las seis primeras hojas de las ramas picadas de 1,5 cm de grosor y 4 raciones al día (Soria et al., 2001).

#### **3.4.2.3. Tercer instar**

Se utilizaron las doce primeras hojas y de manera similar a la segunda edad, se distribuyó el alimento e 4 raciones con la diferencia que se pudo alimentar con hojas enteras (Zunini et al., 2008).

#### **3.4.2.4. Cuarto y quinto instar**

Se criaron en camas en las cuales se colocó dos capas de papel periódico y sobre el papel se distribuyeron las larvas empleando para la alimentación hojas enteras lo suficientemente maduras de toda la planta. Antes de cada primera ración alimenticia del día se continuó colocando cal sobre el cuerpo de los gusanos y la cama en general. El número de raciones alimenticias fue de 5 entre las 05 h00 y 22 h00 (Soria et al., 2001).

#### **3.4.2.5. Encapullado**

Al finalizar el estado larval se colocó sobre los gusanos una malla plástica rígida ondeada para que las larvas elaboren sus correspondientes capullos (F. Pescio, comunicación personal, 03 de septiembre del 2019).

Una semana después de iniciado el encapullado se efectuó manualmente la cosecha de los capullos. Estos capullos fueron sometidos al retiro de los filamentos superficiales denominados “borra”, en conjunto, para quedar expeditos para su respectiva evaluación y toma de datos de diversas variables como color, forma, tamaño, peso, porcentaje de corteza de capullo y la estimación de rendimientos en capullo y fibra de seda por caja de huevos criados (Soria et al., 2001; Soria, López & Patiño, 2007).

### **3.5. TRATAMIENTOS**

Se utilizaron como tratamientos cuatro líneas genéticas disponibles cuyas diferencias radican en el patrimonio genético atávico que es de origen italiano para las líneas L1 y L2, con un tiempo de hibernación de 300 días y 150 días respectivamente; y chino por japonés para las líneas L3 y L4 a

con hibernación de 330 días para L3 y 60 días para (Tabla 1). Estas líneas fueron replicadas tres veces con 1500 individuos en un diseño de bloques completos al azar.

Tabla 1. Líneas genéticas experimentales de *Bombyx mori*

Línea	Código
L1	ISMI 1 – F1
L2	ISMI 2 – F1
L3	ISMI 3 – F2
L4	ISMI 4 – F3

Fuente: Autora, 2019.

### 3.6. DISEÑO EXPERIMENTAL

Se utilizó un diseño de bloques completos al azar (DBCP). Para la cría de las cuatro líneas genéticas, se aleatorizaron en cada una de las tres repeticiones para la conformación de los bloques dentro de la caseta de cría (Figura 3). Cada tratamiento consto de dos lotes de la misma población, ya que se levantaron las larvas en función del tiempo de inicio y fin de la eclosión, el lote 1 de cada línea genética contuvo las larvas que nacieron a las 12 horas de iniciada la eclosión y el lote 2 las larvas que eclosionaron en las 24 horas posteriores al inicio de esta fase. La separación de los lotes se lo hizo con la ayuda de una malla tipo tul con hojas de morera picadas sobre la malla (Soria et al., 2001).

	<b>ISMI 1 F1</b>		<b>ISMI 2 F1</b>		<b>ISMI 3 F2</b>		<b>ISMI 4 F3</b>
	Lote 1		Lote 1		Lote 1		Lote 1
	Lote 2		Lote 2		Lote 2		Lote 2
	<b>ISMI 2 F1</b>		<b>ISMI 3 F2</b>		<b>ISMI 4 F3</b>		<b>ISMI 1 F1</b>
	Lote 1		Lote 1		Lote 1		Lote 1
	Lote 2		Lote 2		Lote 2		Lote 2
	<b>ISMI 3 F2</b>		<b>ISMI 4 F3</b>		<b>ISMI 1 F1</b>		<b>ISMI 2 F1</b>
	Lote 1		Lote 1		Lote 1		Lote 1
	Lote 2		Lote 2		Lote 2		Lote 2

Figura 4. Esquema del diseño de bloques al azar, para las cuatro líneas genéticas.

### 3.7. VARIABLES

#### 3.7.1. Variables evaluadas para el cumplimiento del primer objetivo

Se tomó en cuenta las variables consideradas según Porto et al. (2004) para la evaluación de las larvas.

##### 3.7.1.1. Peso de las larvas a final de cada edad

Al finalizar el primero y segundo instares se tomaron cien larvas por cada repetición y tratamiento para pesarlas y el peso total se dividió para el número de individuos y se obtuvo el peso por unidad de larva. Del tercero al quinto instar se pesó en forma individual 50 larvas en cada repetición de los tratamientos.



### **3.7.1.2. Largo y diámetro torácico de las larvas al final de cada edad (mm)**

Con la ayuda de un vernier se tomó el dato de largo (mm) de la larva y diámetro torácico (mm) de 50 larvas al azar en cada instar, en cada repetición de los tratamientos.

### **3.7.1.3. Consumo neto de alimento (g)**

En una balanza se pesó las hojas utilizadas en la alimentación de todos los instares de cada línea genética. Al final de cada instar se tomó los residuos de las hojas y excremento de las larvas y se pesaron; por diferencia se determinó el consumo neto de alimento (g).

## **3.7.2. Variables evaluadas para el cumplimiento del segundo objetivo**

Para la evaluación del capullo se tuvo en cuenta la metodología del autor Azevedo et al. (2010)

### **3.7.2.1. Tamaño del capullo**

Sobre una muestra de 30 capullos de las líneas genéticas, por separado, se determinó la longitud y el ancho de los capullos en milímetros de ellos haciendo mediciones individuales de capullos con ayuda del calibrador y regla graduada.

### **3.7.2.2. Peso del capullo y corteza**

Se pesaron 30 capullos frescos o recién cosechados de las líneas genéticas, en forma individual en balanza analítica digital. Se pesaron capullos completos las cortezas del capullo por separado. Con estos datos se determinó el peso promedio de capullo completo el cual se expresó en gramos y el respectivo peso de corteza de capullo (g). con el peso promedio del capullo por línea genética se realizó la proyección del rendimiento promedio por caja considerando las poblaciones de 18 000, 20 000 y 22 000 larvas por caja.

Obtenido el peso del capullo y peso de la corteza se hizo el cálculo del porcentaje de capullo bueno seleccionado y porcentaje de seda bruta se tomando en consideración en consideración lo descrito por Soria et al. (2001), para el análisis de calidad se pesan 500 g de capullo sin borra y se cuenta el número de capullos obtenidos en estos 500 g. De los 500 g de capullo se determina el porcentaje de capullo bueno seleccionado en base a la relación:

$$\% \text{ Bueno seleccionado} = \frac{500g - \text{peso de capullo de 2da}(g)}{500g} * 100$$

Para determinar el peso y tamaño promedio del capullo, se toma una submuestra de 50 capullos de entre los buenos, para evaluar el porcentaje de seda bruta. Se pesan los 50 capullos con pupa se corta cada capullo y se extrae la pupa y exuvia, pesando las cortezas y se determinó el porcentaje de seda bruta mediante la siguiente ecuación.

$$\% \text{ de seda bruta} = \frac{\text{Peso de capullo sin pupa y exuvia}(g)}{\text{Peso total de 50 capullos}(g)} * 100$$

El valor obtenido para el porcentaje de capullo bueno seleccionado en las muestras analizadas y el porcentaje de seda bruta, se calificó en base a los puntajes expuestos en las tablas 2 y 3 de la metodología para el análisis de calidad de capullo para la industria textil (Soria et al., 2001; Cifuentes & Sohn 1998).

Tabla 2. Porcentaje de capullo bueno seleccionado

<b>Porcentaje de Bueno seleccionado</b>	<b>Calificación</b>
Mayor a 90	40
88-88,99	38
86-87,99	36
84-85,99	34
82-83,99	32
80-81,99	30
78-79,99	28
76-77,99	26
74-75,99	24
72-73,99	22
70-71,99	20
68-69,99	18
65-67,99	16
62-64,99	13
59-61,99	10
56-58,99	7
53-55,99	5
50-52,99	3
Menor a 50	0

Fuente: Soria et al. (2001); Cifuentes & Sohn (1998)

Tabla 3. Porcentaje de seda bruta

<b>Porcentaje de seda bruta</b>	<b>Calificación</b>
Mayor a 22,5	50
22,0-22,49	47
21,5-21,99	45
21,0-21,49	43
20,5-20,99	40
20,0-20,49	37
19,5-19,99	35
19,0-19,49	30
18,5-18,99	25
18,0-18,49	20
17,5-17,99	15
17,0-17,49	10
Menor a 17	0

Fuente: Soria et al. (2001); Cifuentes & Sohn (1998)

### **3.7.2.3. Color del capullo**

Sobre la población total de capullos obtenidos en cada línea genética, se clasificó los capullos de cada tratamiento de acuerdo al color según fueran: blancos, amarillos o verdosos; y se expresaron estos datos en porcentaje.

## **3.8. ANALISIS ESTADÍSTICO**

Se analizaron las variables evaluadas utilizando el paquete estadístico SPSS ® versión 22.

Se efectuó el análisis de varianza, y en las variables que resultaron significativas; las medias fueron discriminadas utilizando la prueba de rango múltiple de Tukey. a  $p \leq 0,05$

Además, se utilizó estadística básica para la determinación de la duración de los instares y el reporte de las condiciones ambientales de la sala de cría.

## **3.9. RECURSOS HUMANOS Y MATERIALES**

La maestrante, ejerce como investigadora quien coordinó las acciones en función de la planificación prevista con la Directora del proyecto de innovación.

Los materiales utilizados en el experimento fueron:

Plantación de morera, de 15 años de edad.

Caseta de cría: área 30 m<sup>2</sup>, piso, paredes y tumbado de madera, techo de teja, ventanas con malla, 3 ventanas de 1 m<sup>2</sup> y 1 ventana de 2,6 m<sup>2</sup>.

Estantes de madera con fondo de malla, de 4,5 m de largo por 1 m de ancho

Balanza.

Termohigrómetro digital.

Huevos de las cuatro líneas genéticas (L1: ISMI 1, L2: ISMI 2, L3: ISMI 3, L4: ISMI 4) L1 y L2 con ancestro italiano: mientras que L3 y L4 provienen de cruzamientos chinos x japoneses.

Mallas de plástico, ondeada y con orificios que permitan el paso de las larvas en el quinto instar.

Cuchillo, tabla de picar.

Papel periódico.

Cal.

## CAPÍTULO IV

### 4 RESULTADOS Y DISCUSIÓN

#### 4.1. CONDICIONES EXPERIMENTALES

##### 4.1.1 Condiciones ambientales durante la cría de *B. mori*

En la tabla 4 se sistematizaron los resultados de la temperatura y la humedad relativa de la caseta de cría durante el período experimental, pues el gusano de seda al ser un insecto regula su temperatura corporal en función del microambiente de la sala de cría y que por lo general está 1°C por encima de la temperatura ambiente. En general durante todas las etapas del ciclo biológico evaluado las temperaturas estuvieron por debajo de las temperaturas óptimas establecidas.

El porcentaje de humedad relativa tuvo un comportamiento similar al de la temperatura; es decir que los valores de humedad relativa siempre estuvieron ligeramente por debajo de los establecidos, excepto en las mudas, momento en el que la humedad relativa óptima fue más baja de la registrada a pesar del manejo de la ventilación en la sala de cría.

Tabla 4. Resultados de temperatura (°C) y humedad relativa (%) registrada durante el período experimental y su relación con la óptima reportada por Cifuentes y Song (1998).

ETAPA	TEMPERATURA (°C)		HUMEDAD (%)	
	REGISTRADA	ÓPTIMA	REGISTRADA	ÓPTIMA
Período de incubación	22,78	24,00	81,93	85,00
Instar 1	22,09	27,00	83,23	90,00
Muda 1	24,65	26,00	76,60	65,00 -75,00
Instar 2	23,26	26,00	81,18	85,00
Muda 2	22,00	25,00	84,00	65,00 -75,00
Instar 3	22,87	25,00	81,65	80,00
Muda 3	22,60	-----	82,00	-----
Instar 4	21,75	24,00	86,69	75,00
Muda 4	22,75	-----	77,65	-----
Instar 5	22,63	23,00	83,81	70,00
Estado pupal	23,07	-----	83,77	-----
Período de preoviposición	23,31		83,50	

Fuente: Autora (2020) y; Cifuentes y Sohn (1998)

Las etapas más críticas fueron aquellas relacionadas con la cría del gusano joven es decir el primer y el segundo instares, ya que, en términos generales, temperaturas más bajas pueden incrementar el ciclo larvario e incidir sobre la mortalidad de las larvas previa al encapullado. Se admite un rango de variación de más o menos 2°C a partir de la temperatura óptima; también hay que considerar que se reporta como condiciones ambientales aceptables el rango entre 20 y 30°C para la cría del gusano de seda (Cifuentes & Sohn, 1998).

La humedad óptima de la sala de cría debe tener 90 % para el primer instar y 70 % para el quinto, una humedad ambiental apropiada mantiene la morera fresca, pero podría favorecer el desarrollo de enfermedades; mientras que la baja humedad afecta el consumo de hoja, porque ésta tiende a deshidratarse. Se evita la fermentación del residuo de alimento por influencia de estos factores ambientales con la aplicación de un ligero espolvoreo de cal (apagada) cada mañana (Cifuentes & Sohn, 1998). Si el valor de la humedad durante las mudas supera al valor óptimo, las larvas pueden incrementar la susceptibilidad al ataque de enfermedades (Zunini et al., 2008; Cifuentes & Sohn, 1998).

#### **4.1.2 Duración del ciclo biológico de *B. mori* bajo las condiciones ambientales experimentales**

La tabla 5 exhibe el resumen para la duración del ciclo biológico de las líneas genéticas evaluadas frente al ciclo referencial propuesto en la bibliografía (Cifuentes & Sohn, 1998). Se destaca en todos los casos un ciclo larval superior al ciclo referencial, que es de 27,5 días del nacimiento a la cosecha de capullo; mientras que las líneas genéticas evaluadas se agruparon en 2 tiempos: el primero de 36 días para L1 (36,22 días) y L2 (36,13 días) y el segundo grupo con 38 días para L3 (38,32) y L4 (38,48 días), duración del ciclo larvario que posiblemente estuvo asociado a las condiciones ambientales y a la calidad de la hoja de morera (Anexo 1) cuyo porcentaje de proteína es inferior al 20% reportado por Rodríguez et al. (2013) para la variedad Kanva II. Pero si se visualiza el ciclo biológico completo considerando el período desde la incubación a la pre-oviposición de la polilla el ciclo referencial de 70,5 días supera a los ciclos registrados por las cuatro líneas genéticas probadas que cumplieron el ciclo biológico en 60,92 para la línea 1, 60,75 días para la línea 2 que tendrían un comportamiento similar al estar emparentadas con las líneas de origen italiano, seguidas de un ciclo biológico de 65,68 días para L3 y 65,98 días para L4 que también estarían emparentadas con la cruce china por japonesa.

Tabla 5. Duración del ciclo biológico del gusano de seda (*Bombyx mori*)

ETAPA (DÍAS)	CICLO				
	REFERENCIAL	ISMI 1	ISMI 2	ISMI 3	ISMI 4
Periodo de incubación	15,00	12,50	12,50	13,25	13,25
Instar 1	4,00	4,07	3,94	4,50	4,71
Muda 1	1,00	0,97	1,00	1,00	0,98
Instar 2	3,00	4,00	4,00	3,65	3,54
Muda 2	1,00	0,99	0,99	1,00	1,00
Instar 3	4,00	4,12	4,03	4,10	4,08
Muda 3	1,00	1,15	1,26	1,00	1,00
Instar 4	5,00	5,00	5,00	5,32	5,28
Muda 4	1,50	2,00	2,00	2,00	1,96
Instar 5	8,00	6,92	6,91	8,75	8,93
Duración de estado pupal	18,00	15,12	15,04	16,98	17,33
Duración del periodo de preoviposición	6,00	4,08	4,08	4,13	3,92
<b>Duración del ciclo Biológico</b>	<b>70,5</b>	<b>60,92</b>	<b>60,75</b>	<b>65,68</b>	<b>65,98</b>

Fuente: Autora (2020) y; Cifuentes y Song (1998).

## 4.2. RESULTADOS DEL PRIMER OBJETIVO

Para dar cumplimiento al primer objetivo específico: Caracterizar las cualidades morfológicas de cuatro líneas genéticas de gusano de seda (*Bombyx mori*) en cada etapa de crecimiento con el suministro de morera (*Morus indica*) variedad Kanva II como alimento.

Se analizaron las variables: peso larval (g), longitud de la larva (mm), diámetro torácico (mm) por instar y línea genética en la fase larvaria.

### 4.2.1. Peso larval (g) por instar y línea genética

Los análisis de varianza y las pruebas de rango múltiple de Tukey a  $p < 0,005$  mostraron ausencia de significación para los factores línea genética, lote y su interacción en los instares 1 y 2; pero fueron estadísticamente significativos para línea genética en los instares 3, 4 y 5 como se aprecia en el Anexo 2.

En la figura 5 se resume la prueba de rango múltiple de Tukey a  $p < 0,005$  para la variable peso larval (g) por línea genética, al final de cada instar en función de la metodología de Porto et al. (2004), en la cual se destaca la presencia de diferencias estadísticas en el peso de las larvas a partir del tercer instar, momento considerado como crítico en el crecimiento larvario por los procesos

fisiológicos que empiezan a ocurrir, con esa consideración se enfatiza que la línea genética 3 obtuvo el mayor peso promedio larval (0,160807 g) diferenciándose del resto de líneas en este instar que se ubicaron en un segundo rango de clasificación en orden decreciente como L1, L2 y L4.

En el instar 4 en cambio todas las líneas genéticas fueron estadísticamente diferentes entre ellas para el peso de las larvas; y fue la línea 4, aquella que obtuvo el mayor peso con 0,836067 g y se ubicó en el rango a, siendo la línea que superó a las demás inclusive a L3, que en el instar 4 a pesar del incremento en el peso se ubicó en último lugar y categoría con un peso promedio de 0,649067 g. Finalmente, para el quinto instar las líneas genéticas 1 y 2 se destacan en el primer rango estadístico de clasificación con pesos muy cercanos entre si y que corresponden a 4,97967 y 4,97663 gramos respectivamente, seguidos en un segundo rango por L3 (3,9031 g) y en el tercer y último rango estadístico se destaca L4 con 3,70187 g.

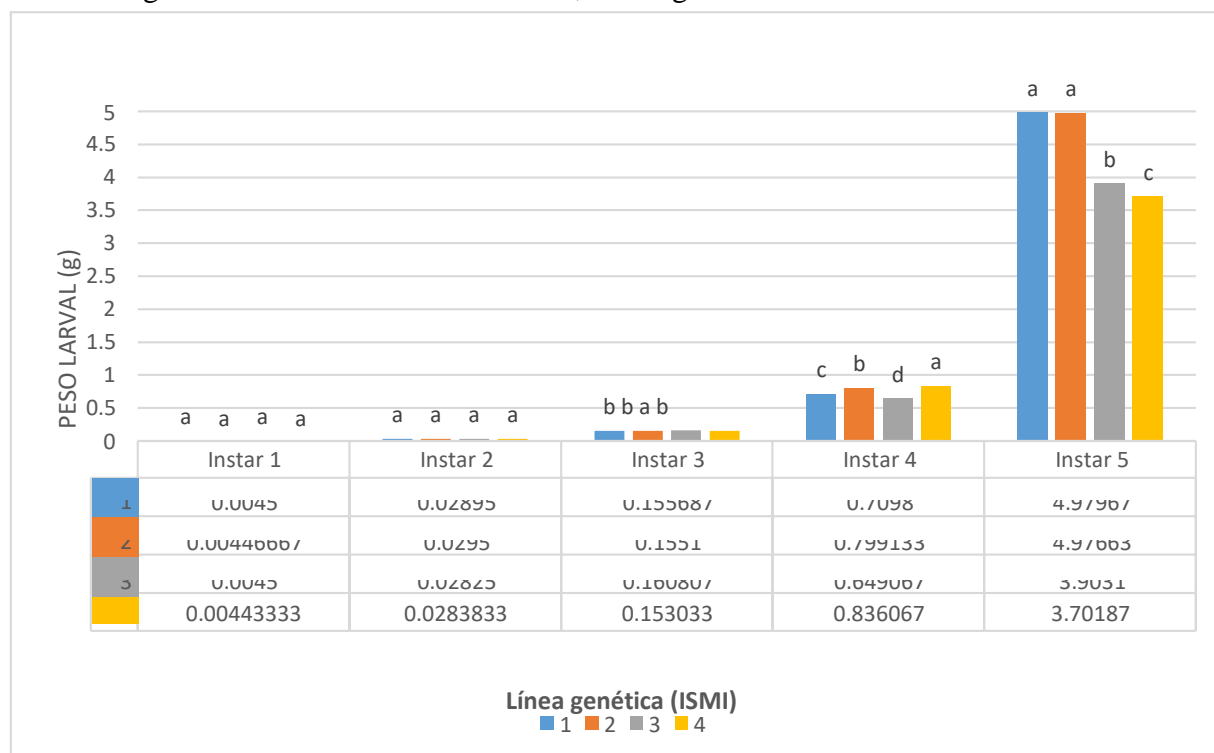


Figura 5. Prueba de rango múltiple de Tukey a  $p < 0,005$  para el peso larval en gramos por instar y línea genética

Al comparar los pesos de las larvas de las líneas genéticas con el reportado por López et al. (2007) de 0,18 g/larva en el primer instar, son ligeramente inferiores, característica que estará influenciada por el componente genético, además de las condiciones de manejo y calidad del alimento. El peso promedio de la L4 en el cuarto instar es el más cercano al de 0,85 g/larva que reporta López et al. (2007). Así mismo en el quinto instar fueron las líneas genéticas 1 y 2 aquellas que cumplen el

parámetro que oscila de 4 a 5 g/larva (Cifuentes & Shon, 1998), mientras que L3 y L4 se quedan por debajo de los valores señalados; los pesos alcanzados en las 4 líneas genéticas son superiores a los reportados por Silva et al. (2020), que alcanzó pesos de 2,49 g/larva en un sistema de crianza doméstico y 3,83 g/larva en un sistema de crianza industrial. Este comportamiento larval sería indicativo de similitud genética entre las líneas 1 y 2, así como entre L3 y L4, pues si bien están en grupos estadísticos diferentes para este instar, se ubican en una categoría numérica más cercana. Hay que considerar que el peso larval es una característica que está influenciada por rasgos genéticos, pero la expresión de esta variable también puede ser influenciada por la cantidad y calidad de alimento consumido por el grupo de larvas estudiadas y de las condiciones ambientales a las que fueron expuestas durante la cría (Cifuentes & Sohn, 1998).

#### **4.2.2. Longitud de la larva (mm) por instar y línea genética de *B. mori***

El comportamiento de las larvas frente al carácter longitud por instar y línea genética es una variable que expresa el crecimiento de los individuos, tuvo un comportamiento similar al de la variable peso de las larvas. Los análisis de varianza y las pruebas de rango múltiple de Tukey a  $p < 0,005$  se presentan en el Anexo 3. En los instares 1 y 2 no existieron diferencias estadísticas significativas para los factores línea genética, lote y su interacción; mientras que en los análisis de varianza para los instares 3, 4 y 5 se detectó que fueron estadísticamente significativos para línea genética en esta variable.

La figura 6 condensa la prueba de rango múltiple de Tukey a  $p < 0,005$  de la longitud larval por línea genética e instar con los rangos de significación descritos, que en los instares 1 y 2, correspondientes a la etapa de gusano joven no se manifestaron diferencias estadísticas significativas para las líneas genéticas; sin embargo, hay que destacar que la mayor longitud en el instar 1 se presentó en L2 con 6,28347 mm y el menor en L3 con 5,96407 mm; en el instar 2 sin diferencias estadísticas para líneas se reporta el mayor promedio en L1 con 20,4938 mm y el menor en L3 con 11,5223 mm,

La presencia de diferencias estadísticas para esta variable, con respecto al factor líneas, aparece y se mantiene del tercer al quinto instares, que se consideran como la etapa de gusano adulto. En el instar número 3, se destaca dentro del primer rango de significación L1 con 27,0745 mm y L2 con 26,856 mm; seguidos del segundo rango de significación para L4 y L3 con 22,7149 mm y 22,5967 mm respectivamente. En el cuarto instar las líneas 1, 2 y 4 se agrupan en el primer rango sin



diferenciarse estadísticamente entre sí con 40,0117 mm para L1, 39,9717 mm para L2 y 39,8908 mm para L4, pero se queda ligeramente rezagada la línea 3 con un valor de 38,8898 mm. Las diferencias más importantes aparecen en el quinto instar donde se mantiene la tendencia de uniformidad estadística entre L2 y L1 con promedios de 75,3937 mm y 75,0067 mm de longitud respectivamente. Le sigue en un segundo rango de clasificación L3 con 72,5233 mm y finalmente en el tercer rango de clasificación se encuentra la línea 4 con 68,6005 mm de longitud larval.

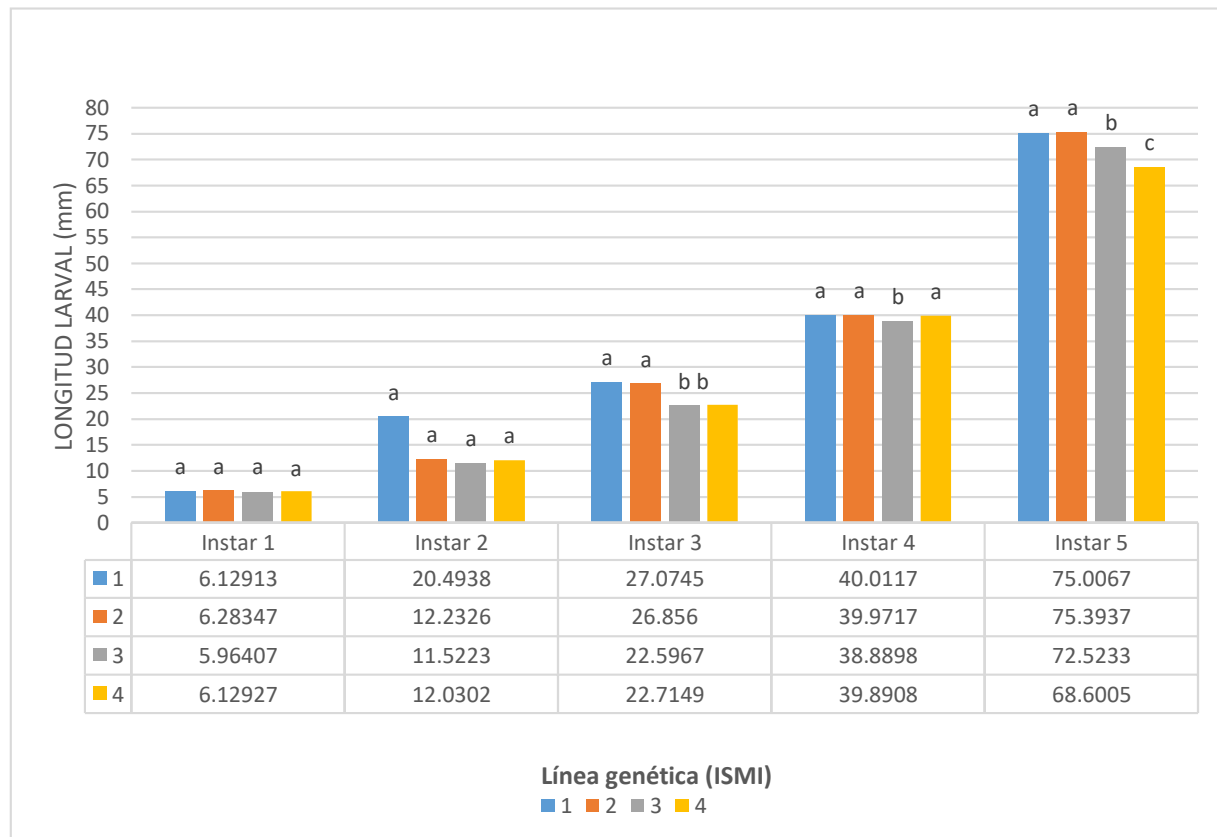


Figura 6. Prueba de rango múltiple de Tukey a  $p < 0,005$  para la longitud de las larvas (mm) por instar y línea genética

En el primer instar los valores resultaron ligeramente inferiores a los reportados de 7 mm. En el segundo instar los registros superan el promedio de 12 mm en L1 y es ligeramente inferior en L3. Los valores registrados en tercer instar se mantienen cercanos al promedio reportado de 25 mm. En el cuarto instar, L1 está en el rango promedio reportado de 40 mm sin que las otras líneas se alejen demasiado de este valor. El rango promedio reportado para larvas del quinto instar oscila entre 70 y 80 mm por lo que las líneas de los rangos estadísticos a y b se ajustan a los promedios

registrados y la línea cuatro queda ligeramente por debajo del rango inferior (Zunini et al., 2008; Soria et al., 2001).

Como parte del crecimiento y desarrollo larval para el caso de la longitud se aprecia la tendencia que en la quinta edad las líneas 2 y 1 mantienen valores superiores a L3 y L4 por lo que se asume que esta característica está influenciada por la composición genética de las larvas L1 y L2 se destacan como larvas grandes (Basso et al., 2016; Basso, Dobler, Lopez-Zieher, & Bartoloni, 2014). Así como por la cantidad y calidad de alimento consumido por el grupo de larvas estudiadas y de las condiciones ambientales a las que fueron expuestas durante la cría (Cifuentes & Sohn, 1998).

#### **4.2.3. Diámetro torácico de la larva (mm) por instar y línea genética de *B. mori***

En el Anexo 3 se encuentran los análisis de varianza para la variable diámetro torácico de las larvas por instar y línea genética. El ADEVA en el instar 1 mostró la presencia de diferencias ligeramente significativas para las líneas genéticas e interacción, más no para el lote evaluado; sin embargo, al revisar la separación de medias para las líneas genéticas, los promedios por línea no fueron separados en rangos estadísticos diferentes, por lo que al ser una variable muy difícil de medir, debido al tamaño de las larvas, se estima que la variabilidad presente pudo deberse a un ligero error en la toma de los datos, condición que fue superada a partir del segundo al quinto instar cuyos análisis de varianza reportaron diferencias estadísticas significativas en cuanto al diámetro torácico de las larvas en los diferentes instares analizados para línea genética.

La figura 7 resume la prueba de rango múltiple de Tukey a  $p < 0,005$  de la variable diámetro torácico (mm) por línea genética e instar, destacándose que la fluctuación del diámetro en las larvas del primer instar varió entre 1 mm para las líneas 1 y 2 a 0,999567 mm en L3 y 0,9991 mm en L4. La presencia de diferencias estadísticamente significativas se dio a partir del segundo instar, siendo L1 con 2,9391 mm; L2 con 2,83507 mm; L3 con 2,8781 mm aquellas que se ubicaron en un primer rango de clasificación e inmediatamente con el menor promedio en un segundo rango de significación se ubicó la línea genética 4, con 2,48167 mm. En la tercera edad los promedios para las líneas se separaron en dos grupos de significación, el primer rango de clasificación estuvo compuesto por las líneas L3 4,8199 mm; L1 con 4,80813 mm y L2 4,68483 mm respectivamente, seguidos de L4 3,83453 mm en un segundo rango con el menor promedio analizado. Al analizar el cuarto instar se detectaron dos rangos para la clasificación de los promedios correspondientes al

diámetro de la larva en mm. En el primer rango se ubicaron la línea genética 2 con 6,667 mm seguida de L1 con 6,41987 mm; y, en el segundo rango L4 con 5,84177 mm y L3 con 5,69203. Finalmente, en el quinto y último instar previo a la metamorfosis, el mayor diámetro en el área del tórax lo registró L3 con 10,924 mm que se clasificó en el primer rango seguido por el segundo rango que incluyó a los promedios de las líneas genéticas 1, 2 y 4 con promedios de: 9,51633 mm; 9,49615 mm y 9,07015 mm respectivamente.

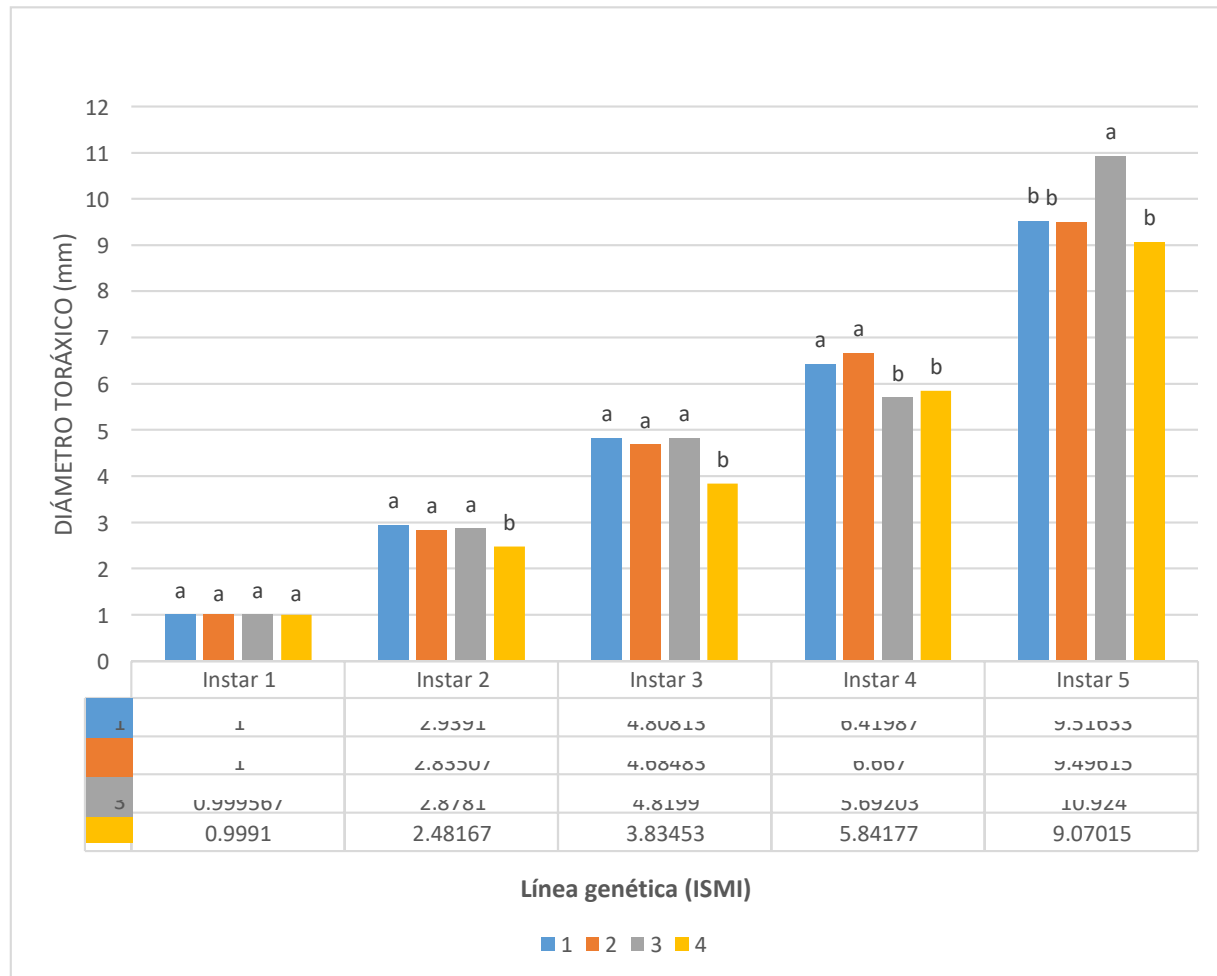


Figura 7. Prueba de rango múltiple de Tukey a  $p < 0,005$  para el diámetro torácico de la larva (mm) por instar y línea genética de *B. mori*

Cifuentes y Song (1998) reportan los valores para el diámetro torácico de la larva en el primer instar 1 mm; 2,5 mm para el segundo instar; 4,9 mm en el tercer instar; en el cuarto instar 7,1 mm; y para el quinto instar debe superar los 12 mm.

En el primer instar los valores coinciden con lo reportado para esta variable de 1 mm. En el segundo instar los resultados en los dos rangos de significación fueron cercanos a los 2,5 mm. El tercer instar se alcanza diámetros torácicos que son cercanos a los reportados de 4,9 mm y que a la vez son superiores a los valores registrados por Rodríguez et al. (2013) quien obtuvo estos diámetros a los 21 días que corresponde al cuarto instar (figura 7); así mismo en el cuarto instar estos datos son superiores a los reportados por Rodríguez et al. (2013) hasta en los 28 días que corresponde al quinto instar, pero serían inferiores a los propuestos por Cifuentes y Sohn (1998) con un rango de 7,1 mm para la edad.

En el quinto y último instar al compararlos se mantiene la tendencia de superar los diámetros torácicos reportados por Rodríguez et al. (2013) y haber obtenido valores inferiores a los reportados por Cifuentes y Sohn (1998) que para el quinto instar debe superar los 12 mm. Resultados que nos permiten inferir que el diámetro del tórax si bien es una variable morfológica determinada por la constitución genética, ésta a su vez estará fuertemente influenciada por las condiciones ambientales asociadas al alimento y ambiente de la sala de cría.

#### **4.2.4. Consumo neto de alimento (g)**

El análisis de varianza para el consumo neto de alimento (g) destaca la presencia de diferencias estadísticas significativas para las líneas genéticas evaluadas (Anexo 5); en la figura 8 se presenta la prueba de rango múltiple de Tukey a  $p < 0,005$  para esta variable, destacándose que las líneas genéticas que exhibieron un mayor consumo de alimento fueron la 1 y 2 con 5229,14 g y 5117,62 g respectivamente, valores que se ubicaron en el primer rango de clasificación y seguido por la cantidad de alimento consumida por L3 con 4888,09 g y L4 con 4879,42 g cuyos promedio se ubicaron en el segundo rango de clasificación estadística.

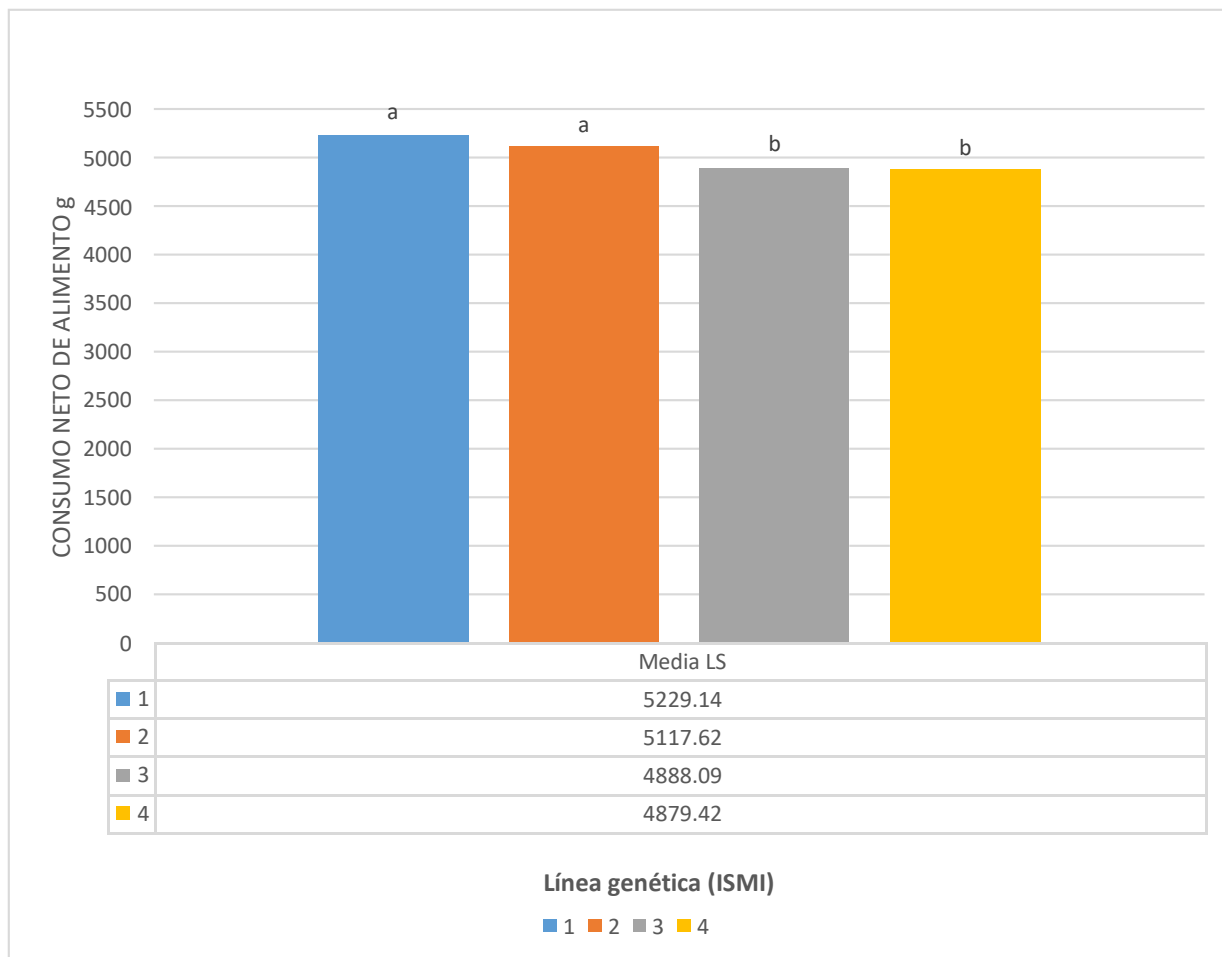


Figura 8. Prueba de rango múltiple de Tukey a  $p < 0,005$  para el consumo neto de alimento (g) por línea genética.

En términos generales se observa que la incidencia de un mayor consumo neto de alimento para las líneas 1 y 2 reportaron también pesos y longitudes superiores; sin embargo, hay que considerar que las líneas 3 y 4 tuvieron la misma cantidad de alimento a disposición por línea, sublotte y repetición pero no la consumieron con la misma voracidad sobretodo en la quinta edad que es cuando la larva crece y se desarrolla rápidamente; por lo que, en este sentido las líneas 3 y 4 consumieron menor cantidad de alimento neto que las líneas 1 y 2. Este comportamiento se sustenta con las observaciones efectuadas por Basso et al. (2014) pues afirma la necesidad de evaluar a profundidad el comportamiento de líneas endócrinas para seleccionar a las líneas que mostraran mejor comportamiento bajo las condiciones ambientales de cría. Hay que considerar que se empleó en promedio 13 400 g de hoja por tratamiento de los cuales no se aprovechó 8 339 g en promedio.

### **4.3. RESULTADOS PARA EL SEGUNDO OBJETIVO**

Para dar cumplimiento al segundo objetivo: Determinar la producción de capullos de cuatro líneas genéticas de gusano de seda (*Bombyx mori*) a partir de larvas criadas bajo condiciones controladas, para la zona objeto de estudio.

Se evaluó el comportamiento del capullo de las cuatro líneas genéticas considerando como variables el largo y ancho (mm) del capullo. Además de las variables que intervienen en el análisis de calidad de capullo cuando éste se comercializa para la industria textil y que corresponden al peso del capullo y corteza (g), porcentaje de bueno seleccionado en la muestra, porcentaje de seda bruta, la calificación correspondiente para determinar el grado de calidad de la primera; y, finalmente el componente de color del capullo que se asocia a los progenitores ancestrales.

#### **4.3.1. Largo (mm) y ancho (mm) del capullo de seda por línea genética evaluada**

Las variables largo (mm) y ancho (mm) del capullo mostraron diferencias estadísticas significativas para líneas genéticas en el análisis de varianza para estas variables (Anexo 6), la separación de medias en la prueba de rango múltiple de Tukey a  $p < 0,005$  (figura 9) destaca que la presencia de tres grupos estadísticos diferentes para la longitud del capullo, encontrándose las líneas 1 y 2 en un primer rango de clasificación con 34,4445 mm y 33,6188 mm respectivamente, seguido por L4 con 32,3688 mm en un segundo rango de clasificación y finalmente en un tercer rango L3 con 30,14 mm. Mientras que, para el ancho de los capullos, se determinó 4 rangos de clasificación destacándose que todas las líneas fueron diferentes entre sí para esta variable, distribuyéndose en primer lugar L1 con 20,0476 mm con el rango a, seguida por L2 con 19,5471 mm en un rango b, en el tercer lugar L4 con 18,5814 mm con el rango c; y, en el cuarto y último lugar L3 con 17,9983 mm.

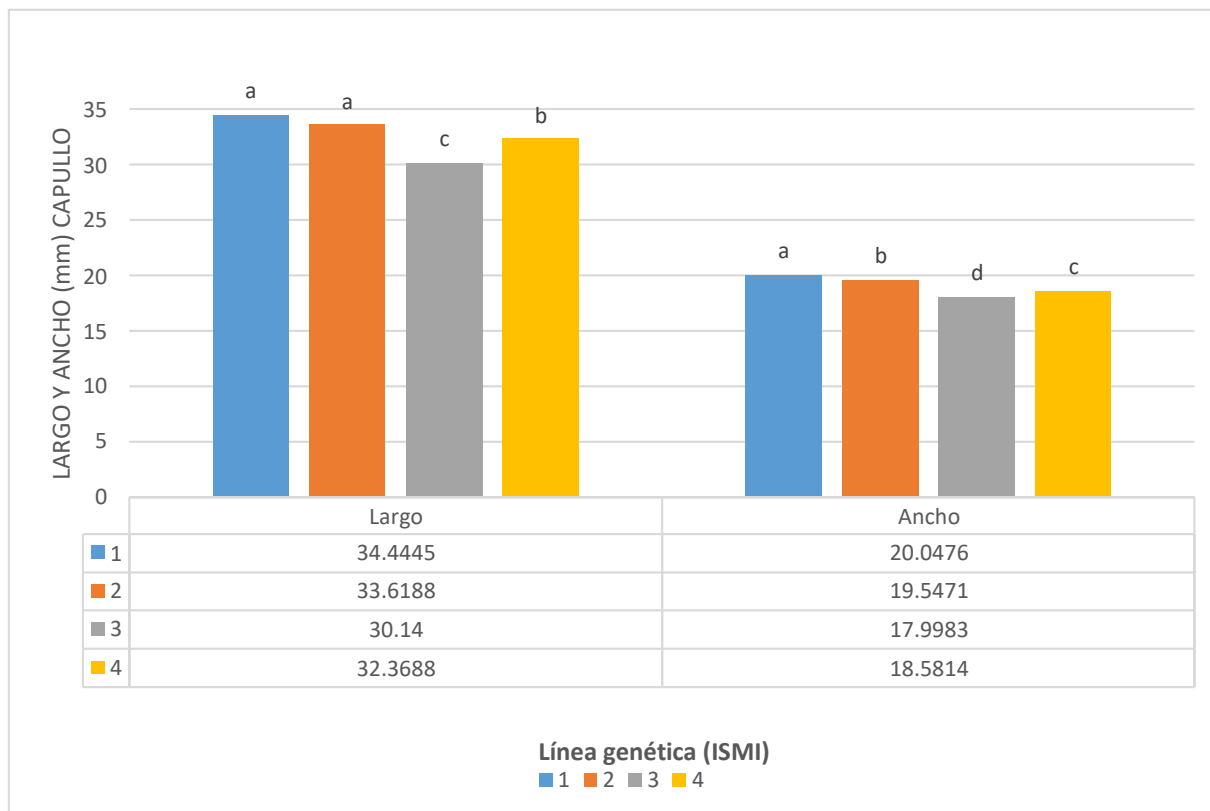


Figura 9. Prueba de rango múltiple de Tukey a  $p < 0,005$  para el largo y ancho (mm) de los capullos de seda por línea genética

Con esta variable se confirma que la forma del capullo, de todos los progenitores de las líneas evaluadas fue ovoide, aunque se conoce, que las líneas L1 y L2 tiene ancestro europeo (Basso et al., 2016; Basso et al., 2014), mientras que las líneas L3 y L4 provienen de cruza raciales japonesas por chinas, sin que aparezcan capullos redondeados específicos de los ancestros chinos (Cifuentes & Sohn, 1998).

Se mantiene también en esta variable la tendencia de proporcionalidad correspondiente a que el capullo producido por las líneas genéticas 1 y 2 son más anchas y más largas que las líneas L4 y L3 respectivamente, característica recurrente con mayor peso al componente genético, aunque también pudo estar influenciado por el contenido nutricional del alimento y las condiciones ambientales de la sala de cría, como se ha indicado en las otras variables.

En este contexto, los resultados alcanzados se ubican por encima de los reportes de Basso et al. (2016), para líneas obtenidas por selección recurrente, en materiales como Gaby, Alicia y Norma con 3,177, 3,014 y 2,932 cm cada uno; y están por debajo de los híbridos registrados por Basso et

al. (2014), con valores comprendidos entre 3,449 y 3,596 cm, en cruces genéticos correspondientes a Rayadas x Negro y Negro x Rayadas; así mismo, se encuentran valores similares a líneas, como Oro F8, Lucy F7, Silvia F7 y Ana F8 con valores de 3,08, 3,51, 3,38 y 3,31 cm, respectivamente, empleadas por Martos-Tupes et al. (2010).

Se encuentra también que las líneas genéticas 1, 2, 3 y 4 están por debajo de investigaciones realizadas por Chandi, Tzenov, Saviane y Cappelozza (2009) en generaciones F1, quienes presentaron rangos entre 3,50 y 4 cm con híbridos búlgaros; además, se encuentra valores cercanos con el reporte realizado por Martos (2010), quien señala valores entre 3,21 a 3,5 cm, en estudios de rendimiento en capullo y fibra de seda, en líneas pertenecientes al proyecto de sericultura de la Universidad Agraria de La Molina del Perú.

La longitud de capullo expresada en las líneas genéticas 1, 2 y 4 evaluadas son similares a los reportados por Bhat, Farook, Khan, Kukiloo y Sahaf (2018), en regiones como Pakistán, Japón y Corea, zonas que manejan rangos entre 3,2 y 3,6 cm; quedando rezagada L3.

#### **4.3.2. Peso del capullo y corteza (g)**

Los análisis de varianza para el peso del capullo (g) y el peso de la corteza (g) (Anexo 7) muestran la existencia de diferencias estadísticas significativas para líneas genéticas en cuanto al peso del capullo fresco o recién cosechado; mientras que en la variable peso de la corteza (g) se encontró ausencia de significación.

En la figura 10 se resumen los promedios obtenidos para cada una de las líneas genéticas en las pruebas de rango múltiple de Tukey a  $p < 0,005$  para el peso del capullo y la corteza en gramos; en cuanto al peso del capullo fueron las líneas genéticas 1 y 2 las que registraron el mayor peso con valores de 1,63467 g y 1,59814 g respectivamente ubicado en el primer rango de clasificación, seguido en un segundo rango por L3 con 1,4045 g y L4 con 1,39352 g.

La separación de medias con respecto a los pesos de las cortezas (figura 10) en la prueba de rango múltiple de Tukey a  $p < 0,005$  señala que no hay diferencias estadísticas para el peso de la corteza, resultado interesante pues demuestra que independientemente de la línea genética probada se obtuvo pesos promedios similares; sin embargo se destaca que fue L2 aquella que registró el peso ligeramente mayor con 0,348077 g, seguida por L4 con 0,335615 g, L3 con 0,331194 g y



finalmente L1 con 0,326384 g (Figura 10). Prueba de rango múltiple de Tukey a  $p < 0,005$  para las variables peso del capullo (g) y la corteza (g) por línea genética.

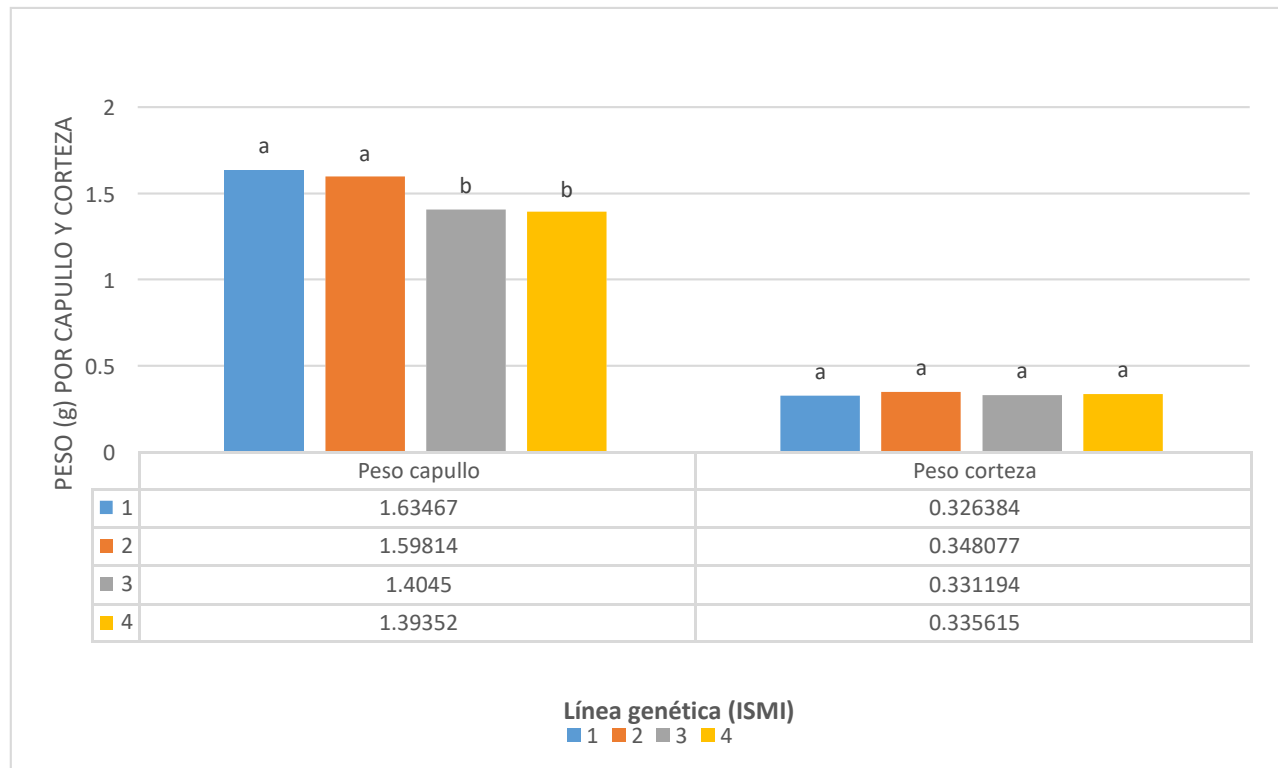


Figura 10. Prueba de rango múltiple de Tukey a  $p < 0,005$  para las variables peso del capullo (g) y la corteza (g) por línea genética

Las líneas genéticas 1 y 2 registraron pesos de capullo similares a los reportado por Pizo-Ossa (2019) obtenidos en Popayan, Colombia, que fluctuaron entre 1,57 a 1,76 g correspondientes a fenotipos de *Bombyx mori* AECVC y AECA respectivamente. De acuerdo a los datos reportados por Silva et al. (2020) que registra pesos de capullo de 1,524 y 1,757 en sistema de crianza doméstico e industrial respectivamente, las 4 líneas genéticas evaluadas registran pesos similares al sistema de crianza doméstica en Brasil. Se mantiene la tendencia de que las líneas genéticas 1 y 2 registran pesos superiores que L3 y L4 tanto en larvas como capullos y por ende también el peso de las crisálidas. Estos valores promedios correspondientes a los pesos del capullo implican la existencia de más de 300 capullos por muestra de 500 g para el análisis de calidad de la producción, cuya puntuación es equivalente a 0 (cero) cuando hay más de 300 capullos subiendo hasta un valor de 10 puntos cuando son menos de 250 capullos por muestra de 500 g (Soria et al., 2001; Cifuentes & Sohn, 1998).

Los pesos ligeramente superiores de las cortezas estaban asociados a las líneas con un tiempo de hibernación inferior a 90 días, mientras que posiblemente las líneas 1 y 3 se debilitaron por un tiempo superior a los 6 meses en hibernación (Basso et al., 2016; Basso et al., 2014).

Los pesos del capullo y de la corteza obtenidos en esta investigación son inferiores a los obtenidos por Azevedo et al. (2010) quienes registraron pesos de 2,26 a 2,30 g en los capullos frescos o recién cosechados y entre 0,46 y 0,5 g de corteza lo que confirma el argumento de la línea genética, la calidad del alimento y el control de las condiciones ambientales para optimizar el rendimiento y calidad de capullo.

El peso promedio de un capullo permite estimar el rendimiento potencial de una caja de gusano de seda (tabla 6), para ello se estimó una población máxima de 22.000 larvas, media de 20.000 y mínima de 18 000 larvas por caja, de acuerdo con el sistema de empaque de huevos por peso y su porcentaje de eclosión bajo condiciones controladas (Zunini et al., 2008; Cifuentes & Sohn, 1998).

Con esta consideración, el rendimiento máximo en peso le correspondería a la línea genética 1 con un valor promedio de 32,69 kg para una caja de 20 000 larvas, como se muestra en la tabla 6. Estos datos son útiles para la planificación de las crías a futuro, pues se detectó también que la línea 1 y 2 consumen mayor cantidad de alimento neto (hojas de morera) aunque el ciclo de vida es ligeramente mayor para las líneas 3 y 4.

Con estos datos se puede esperar el rendimiento máximo de 36 Kg/caja o el mínimo de 25 Kg/caja dependiendo de la línea utilizada, la época del año y sus condiciones ambientales y la calidad de hoja de morera utilizada como alimento, estos resultados son coherentes con el rendimiento potencial de las líneas genéticas endógamas que como lo señala Basso et al. (2016) rinden menos que los híbridos que según Azevedo et al. (2010) reporta un peso individual de capullo que oscila entre 2,0 y 2,22 g, que proyecta un rendimiento de capullo fresco de 40,00 a 44,40 Kg/caja con 20000 larvas. El uso de líneas genéticas endógamas por el momento para la sericultura de Ecuador es la manera más económica de abastecer de huevos para la cría en el taller ISMI.

Tabla 6. Rendimiento potencial de capullos por caja y línea genética

Línea genética (ISMI)	Peso 1 capullo (g)	Producción (kg) caja 18000	Producción (kg) caja 20000	Producción (kg) caja 22000
1	1,63467	29,42	32,69	35,96
2	1,59814	28,77	31,96	35,16
3	1,4045	25,28	28,09	30,90
4	1,39352	25,08	27,87	30,66

En función del comportamiento productivo de la corteza sería la línea genética 2 la que permitiría mayor cantidad de seda por lote producido (Tabla 7). En tal caso se tendría una producción cercana a 7 kg de corteza de capullos por caja de 20000 huevos, que al transformarlo a hilo nos daría un aproximado de 4,9 kg de seda pura, independientemente si esta es de fibra continua o fibra corta.

Tabla 7. Rendimiento potencial de cortezas de capullos por caja y línea genética

Línea genética (ISMI)	Peso 1 corteza (g)	Producción (Kg) caja 18000	Producción (Kg) caja 20000	Producción (Kg) caja 22000
1	0,326384	5,87	6,53	7,18
2	0,348077	6,27	6,96	7,66
3	0,331194	5,97	6,64	7,30
4	0,335615	6,04	6,71	7,38

#### 4.3.3. Porcentaje (%) de capullo bueno seleccionado y porcentaje (%) de seda bruta

En el Anexo 8 se encuentran los análisis de varianza para las variables porcentaje (%) de capullo bueno seleccionado y porcentaje (%) de seda bruta que exhiben diferencias estadísticas significativas para las líneas genéticas evaluadas. Los promedios obtenidos de las pruebas de rango múltiple de Tukey a  $p < 0,005$  para estas variables se presentan en la figura 11. La variable porcentaje de capullo bueno seleccionado representa la cantidad de capullo sin defectos en la muestra analizada, para este experimento fueron las líneas genéticas 3 y 4 las que registran los mejores porcentajes con 83,2567 % y 81,5333 % respectivamente, L1 tiene un comportamiento intermedio con 68,959 % compartiendo el rango de clasificación y la línea con el menor porcentaje de capullo bueno fue L2 con 53,9083 %.

En cambio, el porcentaje de seda bruta es el porcentaje determinado a través de la proporción entre el peso de 50 cortezas y el peso total de 50 capullos, valores que permiten determinar la proporción

aprovechable de seda como producto del capullo, variable en la que se destaca L4 con 24,2367 % seguido en el mismo rango de L3 con 24,2183 % en un punto intermedio L2 con 21,545 % y finalmente en el segundo rango de clasificación L1 con 19,9567 %.

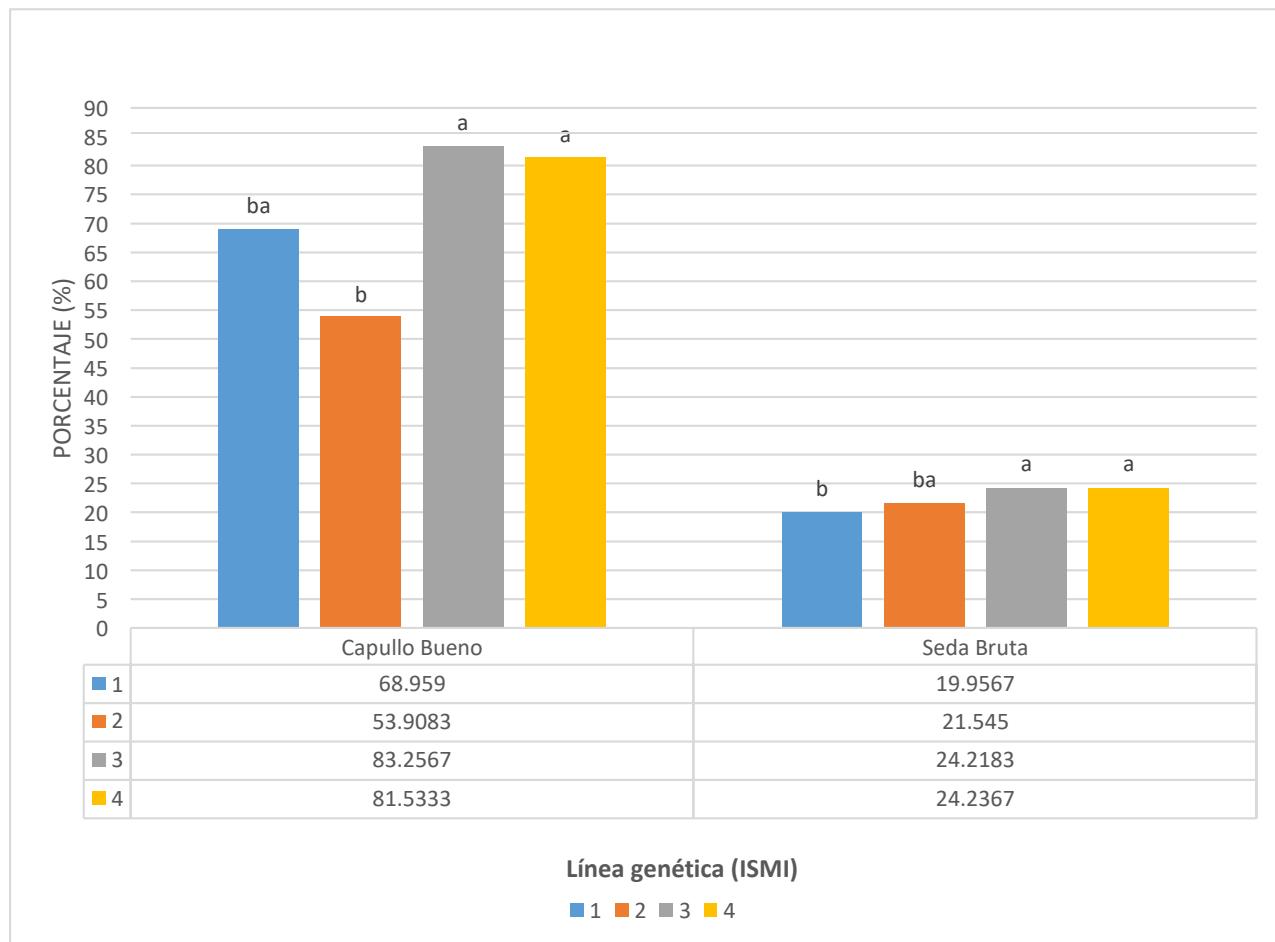


Figura 11. Prueba de rango múltiple de Tukey a  $p < 0,005$  para el porcentaje (%) de capullo bueno seleccionado y porcentaje (%) de seda bruta

El comportamiento del porcentaje de capullo bueno seleccionado expresa que si bien las líneas 1 y 2 aparentemente tuvieron un muy buen comportamiento en las variables morfológicas de larva y capullo analizadas, presenta a la vez un componente de susceptibilidad al ataque de enfermedades y por tanto mortalidad puesto que estas líneas fueron seleccionadas para otras condiciones ambientales, mientras que L3 y L4 material cuyo patrimonio genético fue desarrollado para el trópico se comporta ligeramente mejor en los parámetros de calidad de capullo (Basso et al., 2016; Cifuentes & Sohn, 1998). La valoración del porcentaje de bueno seleccionado otorga una calificación de 0 cuando el valor es menor a 50 hasta 40 puntos cuando el porcentaje de bueno seleccionado en el lote analizado supera el 90 % (Soria et al., 2001).

Los valores del porcentaje de seda bruta son relativamente superiores a los reportados por Azevedo et al. (2010) cuyos valores para el porcentaje de seda bruta oscilaron entre 16 y 17 %; así mismo, de los resultados obtenidos se ubican las líneas 1 y 2 por encima del nivel productivo de los híbridos colombianos como Konsota, Pilamo I y Pilamo II, pertenecientes al banco de germoplasma de la Universidad tecnológica de Pereira (UTP), los cuales contienen valores de 21,41; 21,31 y 21,33 %, respectivamente (Pizo, 2019); además, están por encima de las líneas empleadas en Corea, con valores entre 18 y 19 % pertenecientes a las líneas Jam 147 y Jam 148, material genético conservado en el Instituto Nacional de Ciencia, Agricultura y Tecnología (Kang et al., 2004, citado por Martos et al., 2010); igualmente, los datos encontrados superaron la respuesta conseguida por Singh y Gangopadhyay (2013), quienes presentan un intervalo entre 16,4 y 18,8 %, correspondientes a CSR4 y CSR2 en líneas puras para regiones tropicales, lo que demuestra estadísticamente las observaciones y comentarios expresados por sericultores y artesanas de la seda de Colombia quienes han manifestado que prefieren trabajar con capullo pequeño, pero de corteza compacta como sería el caso de L4 y L3. Los porcentajes de seda bruta tienen parámetros de calificación que van de 0 cuando el porcentaje es inferior a 17 % hasta 50 puntos cuando el porcentaje supera el valor de 22,5 % (Soria et al., 2001).

#### **4.3.4. Calificación (puntos) del capullo producto del análisis de calidad**

La figura 12 presenta la separación de medias correspondiente a la prueba de rango múltiple de Tukey a  $p < 0,005$  para la variable calificación (puntos) del análisis del capullo; variable que resultó estadísticamente significativa para las líneas genéticas evaluadas en el análisis de varianza que se presenta en el Anexo 9, la calificación se obtuvo de la suma de puntos correspondientes al número de capullos por 500 g de muestra, % de capullo bueno seleccionado y porcentaje de seda bruta (Soria et al., 2007). Las líneas genéticas evaluadas se separaron en tres rangos estadísticos diferentes, en el primero se ubicó la línea genética 4 con una calificación equivalente a 82,33 % que le da un grado de calidad denominado “extra” en la categoría de clasificación del capullo de primera calidad destinado a la industria textil, seguido del segundo rango correspondiente a L4 con una calificación de 80,6667 % que estaría en el límite superior del “grado 1”. y finalmente compartiendo un tercer rango de clasificación estadística se ubica L1 y L2 con calificación de 54,3333 equivalente al “grado 4” y aunque se encuentra en el mismo tercer rango estadístico, la calificación indica que a L2 le corresponde el “grado 5” de calidad con una puntuación equivalente

a 39,83 (Soria et al., 2001). L2 y L1 muestran indirectamente la susceptibilidad al ataque de enfermedades y por ende la pérdida de vigor para el encapulado (Basso et al., 2016; Basso et al., 2014).

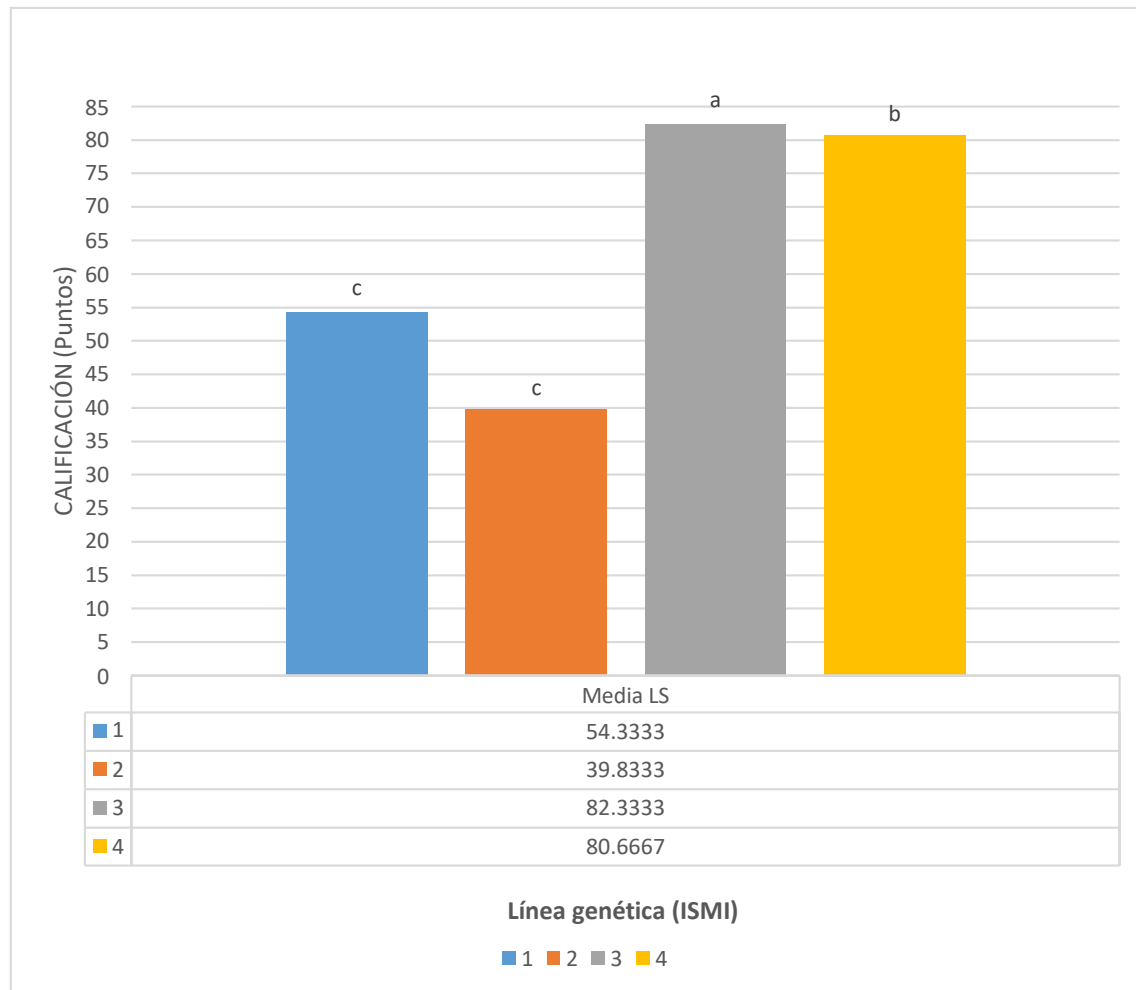


Figura 12. Prueba de rango múltiple de Tukey a  $p < 0,005$  para la variable calificación de capullos (puntos) por líneas genéticas evaluadas.

#### 4.3.5. Color del capullo por línea genética

En el Anexo 10 se encuentra el análisis de varianza para color del capullo, del cual se destaca la presencia de diferencias estadísticas significativas para la variable con respecto a las líneas genéticas evaluadas. En la figura 13 se resume la separación de medias correspondiente a la prueba de rango múltiple de Tukey a  $p < 0,005$  para el color del capullo destacándose en que los progenitores de las líneas genéticas 3 y 4 con cruces ancestrales de razas chinas por japonesas registraron el 100 % de la población con capullos de color blanco (Martos-Tupes, 2010); mientras que en las líneas genéticas 1 y 2 se destaca la segregación genética para el carácter color del capullo

pues los progenitores ancestrales de estas líneas tienen origen italiano y por ende la característica del color, es así que L1 y L2 reporta un porcentaje mayor de capullos amarillos con 43,8333 % y 56 % respectivamente; le sigue el porcentaje de capullos amarillo-verdosos con 35,7167 % para L1 y 28,6167 % para L2 y en menor proporción el capullo de color blanco, que en L1 registra el 20,45 % y en L2 14,48 %.

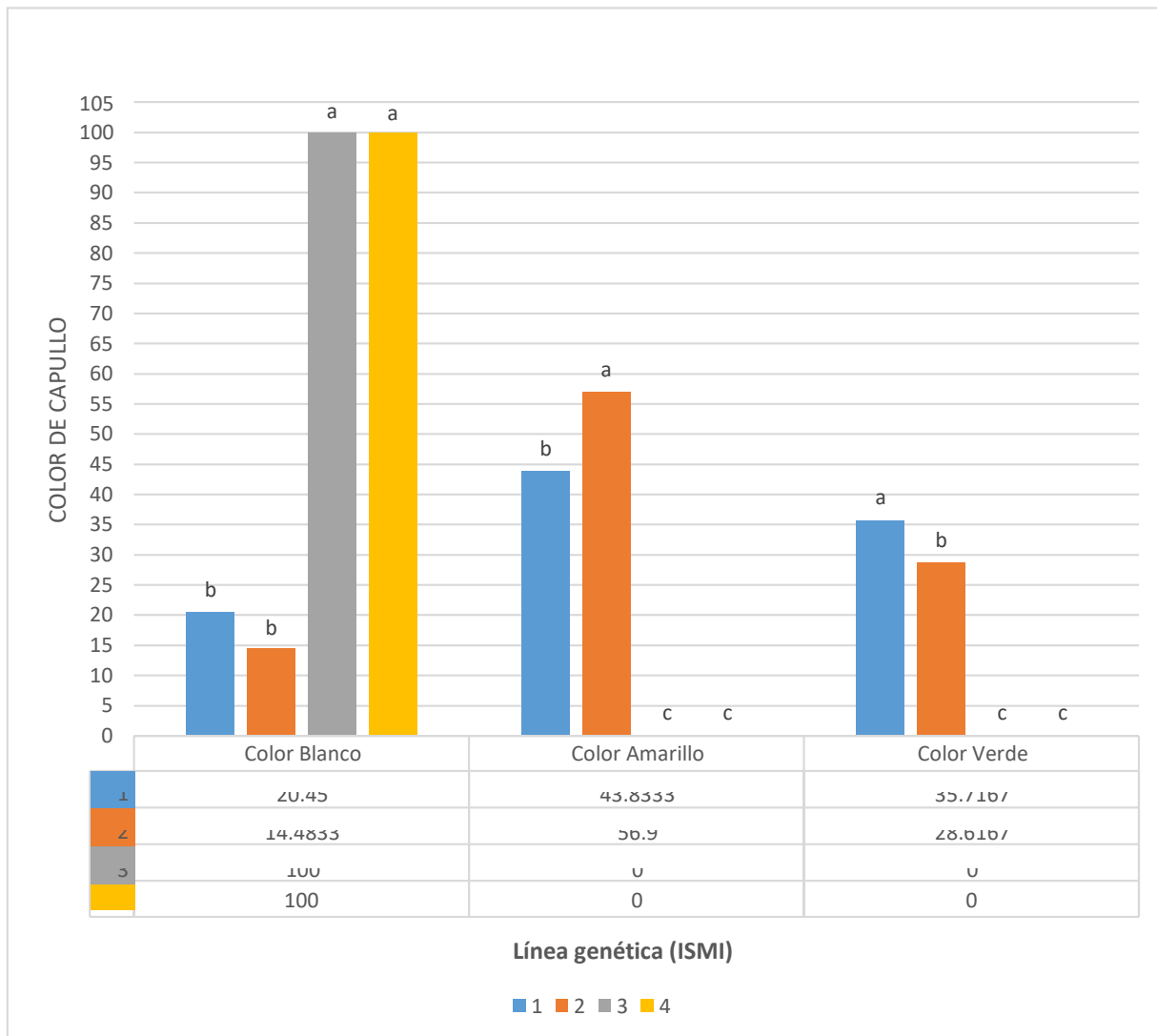


Figura 13. Prueba de rango múltiple de Tukey a  $p < 0,005$  para el color del capullo.

Este comportamiento destaca la tendencia a la segregación del carácter al ser L1 y L2 descendencia de líneas endógamas producidas por autofecundación de líneas con ancestro italiano (Basso et al., 2016; Basso et al., 2014).

## **CAPITULO V**

### **5. CONCLUSIONES Y RECOMENDACIONES**

#### **5.1 CONCLUSIONES**

Las cuatro líneas genéticas de *Bombyx mori* presentaron un alto grado de homogeneidad en la morfología de sus diferentes estadios de desarrollo con heterogeneidad en las variables cuantitativas de peso y longitud de las larvas donde se destacaron las líneas genéticas 1 y 2 de origen italiano con mayor peso y longitud, y un menor tiempo de duración en el ciclo biológico en relación a las líneas genéticas 3 y 4 de origen chino por japonés.

La producción de capullos de seda en las cuatro líneas genéticas fue similar en cuanto al producto final, pero sobresale con una mayor producción las líneas genéticas 1 y 2 de origen italiano, con 32,69 kg y 31,96 kg de capullo respectivamente por caja de 20 000 huevos, por lo tanto, en las condiciones climáticas de la provincia de Zamora Chinchipe se pueden criar las cuatro líneas genéticas alimentados con morera para la producción de hilos de seda.

#### **5.2 RECOMENDACIONES**

Como material germoplásmico presente en la Amazonía ecuatoriana se debe mantener y preservar las 4 líneas genéticas.

Verificar el efecto del ambiente sobre el comportamiento productivo de las líneas genéticas, en diferentes épocas del año.

Se recomienda continuar con las evaluaciones productivas de las líneas endógamas aplicando procesos de selección para obtener a futuro líneas homocigóticas que permitan desarrollar híbridos locales.



## REFERENCIAS

- Acerbi, M.A., Mozeris, G., & Vieites, C. M. (2005). Análisis FODA del sistema sericícola argentino. *Rev Facultad de Agronomía*, 25(1), 31-39.  
<http://ri.agro.uba.ar/files/download/revista/facultadagronomia/2005acerbim.pdf>
- Azevedo, G., Marchini, L. C., & Medeiros-Macedo, P. L. (2010). Cocoon production of the silkworm, *Bombyx mori* L. (Lepidoptera: Bombycidae), fed on leaves of mulberry hybrids. *Revista Caatinga*, 23(3), 118-122. <http://www.redalyc.org/articulo.oa?id=237116334017>
- Aznar-Cervantes, S. D. (2013). *El gusano de seda, bombyx mori (Linneo, 1758)(Lepidoptera : Bombycidae) como plataforma de producción de proteínas naturales y recombinantes : aplicaciones en biotecnología e ingeniería de tejidos.* (Tesis Doctoral).  
<http://hdl.handle.net/10201/29900>
- Basso, C.P., Bartoloni, N., Dobler, S., Gallo, G., Furlan, I., Valverde, A., Garcia Pruitti, M., & Reyna, M. (2016). Vigor híbrido en cruzamientos de líneas endocriadas de gusanos de seda (*Bombyx mori* L.) *Archivos de Zootecnia*, 65(252), 475-479.  
<http://www.redalyc.org/articulo.oa?id=49549091001>
- Basso, C.P., Dobler, S., Lopez-Zieher, X., & Bartoloni, N. (2014). Híbridos y líneas endocriadas de gusanos de seda (Lepidoptera: *Bombyx mori* L.): resultados productivos preliminares. *InVet*, 16(1), 31-38. <https://www.redalyc.org/articulo.oa?id=179138572004>
- Benavides, J. E. (1995). Manejo y utilización de la morera (*Morus alba*) como forraje. *Agroforestería en las Américas*, 2(7), 27-30.  
<http://www.sidalc.net/repdoc/A1609e/A1609e.pdf>
- Bhat, S. A., Farook, M., Khan, I. L., Kukiloo, F. A. & Sahaf, K. A. (2018). Selection of the Silkworm *Bombyx mori* L. Breeding resource material. [Selección del gusano de seda *Bombyx mori* L. Material de recurso de reproducción.]. *International Journal of Current Microbiology and Applied Sciences*. 7(2), 1612-1617.
- Centro de Desarrollo Tecnológico para la Sericultura. (CDTS, 1996). Formas y estructuras de la planta de morera. Sericultura Colombiana. Año 3 Nro. 12. Pereira: CDTS



- Chandi, L. Tzenov, P. Saviane, A. & Cappelozza, S. (2009). Evaluación del comportamiento biológico de tres razas de gusano de seda (*Bombyx mori*) de origen búlgaro, utilizando como alimento la dieta artificial a base de la hoja de morera (*Morus ssp*) y hoja fresca de morera, en la producción de capullo de seda. Instituto Italo Latinoamericano (IILA). Red Latinoamericana Andina de laSeda (RELASEDA). Padova, Italy.
- Cifuentes C. A., & Sohn, K. W. (1998). Manual técnico de Sericultura: Cultivo de morera y cría de gusano de seda en el trópico. Pereira, Colombia: SENA-CDTS.
- CLIMATE-DATA.ORG. (2019). Yantzaza Clima. Yantzaza, Zamora Chinchipe, Ecuador.  
<https://es.climate-data.org/america-del-sur/ecuador/provincia-de-zamora-chinchipe/yantzaza-25493/>
- García-Cardona, J., & García-Alzate, J. (1994). Cría del gusano de seda en camas sobre el piso. Federación Nacional de Cafeteros de Colombia. (H. Ospina, Ed.) Chinchiná, Caldas, Colombia: Cenicafé. <http://biblioteca.cenicafe.org/bitstream/10778/1068/1/avt0210.pdf>
- Harada, C. (1961). On the heterosis of quantitative characters in the silkworm. *Bull. Sericult. Exp Sta.*, 17(1), 50-52.
- Instituto Italo Latino Americano. (2010). Rete Latino-Americana di Sericoltura: Un modelo di cooperazione orizzontale come risorsa di sviluppo sociale. Roma: Cuadernos IILA.
- Kang, P.D., Sohn, B.H., Lee, S.U., Kim, M.J., Jung, I.Y., Kim, Y.S. & Lee, H.S. (2004). Breeding of a new silkworm variety, KumHwangJam, with a sex-limited cocoon color for spring rearing season. 9(1), 89-93.
- Karthik, T. & Rathinamoorthy, R. (2010). Sustainable silk production. PSG College of Technology, Coimbatore, India.
- Li, M., Yao, W., Hou, Q., Lin, C. Q., & Chen, K. P. (2001). Studies of some special characters in the silkworm, (*Bombyx mori* L.) germplasm in China. *Sericologia*, 41, 527-535.
- López, O., Soria, S., & Patiño, M. (2007). Incubación: cartilla serícola No. 2. Santo Domingo de los Colorados: ESPE imprenta.

- López, O., Soria, S., & Patiño, M. (2007). Gusano joven: cartilla serícola No. 3. Santo Domingo de los Colorados: ESPE imprenta.
- López, O., Soria, S., & Patiño, M. (2007). Gusano adulto: cartilla serícola No. 4. Santo Domingo de los Colorados: ESPE imprenta.
- Martos-Tupes, A. (2010). Evaluación morfológica, biológica y rendimiento en capullo y fibra de seda de líneas e híbridos F1 de gusano de seda, *Bombyx mori* L. (Tesis doctoral). Universidad Nacional de Trujillo, Trujillo, Perú.
- Pizo-Ossa, M. A. (2019). Evaluación del desempeño productivo de parentales de gusano de seda *Bombyx mori* L. en el municipio de Popayán, departamento del Cauca. (Tesis de pregrado). <http://repositorio.unicauca.edu.co:8080/handle/123456789/1611>
- Porto, A. J., Okamoto, F., Cunha, E. A., & Otsuk-Pozar, I. (2004). Caracterização de oito raças do bicho-da-seda (*Bombyx mori* L.). *Ciência Rural*, 34(1), 259-264. [https://www.scielo.br/scielo.php?pid=S0103-84782004000100040&script=sci\\_arttext](https://www.scielo.br/scielo.php?pid=S0103-84782004000100040&script=sci_arttext)
- Rahmathulla, V. K. (2012). Management of Climatic Factors for Successful Silkworm (*Bombyx mori* L.) Crop and Higher Silk Production: A Review. *Hindawi*. <https://www.hindawi.com/journals/psyche/2012/121234/>
- Red Andina de la Seda. (RAS, 2004). Boletín Andino de la Seda No. 2. Pereira: IILA.
- Rodríguez-Ortega, A., Martínez-Menchaca, A., Ventura-Maza, A., Vargas-Monter, J., Ehsan, M., & Lara Viveros, F. M. (2013). Evaluación de variedades de morera en la alimentación del gusano de seda (*Bombyx mori*) en Hidalgo, México. *Revista Mexicana de Ciencias Agrícolas*, 4(5): 701-712. [http://www.scielo.org.mx/scielo.php?script=sci\\_arttext&pid=S2007-09342013000500004](http://www.scielo.org.mx/scielo.php?script=sci_arttext&pid=S2007-09342013000500004)
- Sen, R., Ahsan, M. M., & Datta, R. K. (1999). Induction of resistance to *Bombyx mori* nuclear polyhedrosis virus, into a susceptible bivoltine silkworm breed. *Indian J Seric*, 38, 107-112.

- Silva, A. P., Cisneros, J. J., Silva-Junior, C. G., Silva, B. G., Borges, Y. M., Novodworski, J., & Dobler, S. (2020). *Productive and qualitative characteristics of sericulture in agroecological systems*. Manuscrito presentado para su publicación.
- Singh, R. & Gangopadhyay, D. (2013). Selection of polyvoltine breeds and polyvoltine× bivoltine hybrids of the silkworm, *Bombyx mori* L. 8(2), 578-581. <https://www.munisentzool.org/yayin/vol8/issue2/vol8issue2-6797601.pdf>
- Soria Re, S. (2011). Historia y presente de la seda en Ecuador. *In XII Jornadas Nacionales de Sericultura*. Libro de resúmenes, 51 – 56. Posadas, Misiones, Argentina.
- Soria, S., López, O., & Patiño, M. (2007). *Morera*; cartilla serícola No. 1. Santo Domingo de los Colorados: ESPE imprenta.
- Soria, S., López, O., & Patiño, M. (2007). *Encapullado*; cartilla serícola No. 5. Santo Domingo de los Colorados: ESPE imprenta.
- Soria, S., Salice, G., & Avendaño, F. (2001). *Guía práctica de sericultura*. Roma: IILA.
- Zheng, T. et al. (1988). *Mulberry cultivation*. Rome: FAO Agricultural Services Bulletin. 73(1).
- Zunini, H., Basso, C., Divo de S. M., Frank, R., Pelicano, A., & Viertes, C. (2008). *Sericultura, manual para la producción*. Buenos Aires: INTI imprenta.

## ANEXOS

# Anexo 1. Análisis de la morera empleada en el ciclo experimental y residuo del gusano de seda

	<b>INSTITUTO NACIONAL AUTONOMO DE INVESTIGACIONES AGROPECUARIAS</b> ESTACION EXPERIMENTAL CENTRAL DE LA AMAZONIA LABORATORIO DE NUTRICION Y CALIDAD DE ALIMENTOS Cantón Sacha, Vía san Carlos km 3 Tífn: 063700000 ext 204	

## REPORTE DE RESULTADOS N° 19-001

Datos Generales			
NOMBRE PETICIONARIO	Dra. Sandra Soria Re	INSTITUCION	UEA
DIRECCION	Km. 2. 1/2 vía Puyo a Tena (Paso Lateral)	TELÉFONO	032892-118
FECHA DE EMISIÓN	13/01/2020	FECHA DE RECEPCIÓN	02/12/2019
TIPO DE MUESTRA	Morera	ANÁLISIS SOLICITADO	Proximal y Van Soest

ANÁLISIS	HUMEDAD	PROTEÍNA*	GRASA (E.E)*	FIBRA*	CENIZAS*	E.L.N*	FDN*	FDA*	Lignina*	IDENTIFICACIÓN	
MÉTODO	LCA-PO-02	LCA-PO-012	LCA-PO-05	LCA-PO-06	LCA-PO-04	LCA-PO-014	LCA-PO-016	LCA-PO-16	LCA-PO-16		
UNIDAD	%	%	%	%	%	%	%	%	%	19-087	Humus de morera
	1.17	4.80	0.77	6.37	59.20	28.86	29.87	11.42	6.81	19-088	Morera
	3.83	17.00	1.65	11.28	10.97	59.10	20.84	16.80	10.55		

Los ensayos marcados con \* se reportan en base seca

Observación: Muestra entregada por el cliente

### Responsables del Informe

  
 Ing. Armando Burbano  
 Responsable de Laboratorio



## Anexo 2. Análisis de varianza para peso de larva

### Análisis de Varianza para Instar 1 peso (g)

<i>Fuente</i>	<i>Suma de Cuadrados</i>	<i>Gl</i>	<i>Cuadrado Medio</i>	<i>Razón-F</i>	<i>Valor-P</i>
EFECTOS PRINCIPALES					
A:Línea genética (ISMI)	1,83333E-8	3	6,11111E-9	1,63	0,2220
B:Lote	1,66667E-9	1	1,66667E-9	0,44	0,5145
INTERACCIONES					
AB	5,E-9	3	1,66667E-9	0,44	0,7245
RESIDUOS	6,E-8	16	3,75E-9		
TOTAL (CORREGIDO)	8,5E-8	23			

Todas las razones-F se basan en el cuadrado medio del error residual

### Análisis de Varianza para Instar 2 peso (g)

<i>Fuente</i>	<i>Suma de Cuadrados</i>	<i>Gl</i>	<i>Cuadrado Medio</i>	<i>Razón-F</i>	<i>Valor-P</i>
EFECTOS PRINCIPALES					
A:Línea genética (ISMI)	0,00000605833	3	0,00000201944	1,82	0,1844
B:Lote	1,66667E-9	1	1,66667E-9	0,00	0,9696
INTERACCIONES					
AB	0,00000385833	3	0,00000128611	1,16	0,3563
RESIDUOS	0,0000177667	16	0,00000111042		
TOTAL (CORREGIDO)	0,000027685	23			

Todas las razones-F se basan en el cuadrado medio del error residual

### Análisis de Varianza para Instar 3 peso (g)

<i>Fuente</i>	<i>Suma de Cuadrados</i>	<i>Gl</i>	<i>Cuadrado Medio</i>	<i>Razón-F</i>	<i>Valor-P</i>
EFECTOS PRINCIPALES					
A:Línea genética (ISMI)	0,00019698	3	0,00006566	13,84	0,0001
B:Lote	0,0000178883	1	0,0000178883	3,77	0,0700
INTERACCIONES					
AB	0,0000238301	3	0,00000794338	1,67	0,2126
RESIDUOS	0,0000759349	16	0,00000474593		
TOTAL (CORREGIDO)	0,000314633	23			

Todas las razones-F se basan en el cuadrado medio del error residual

### Análisis de Varianza para Instar 4 peso (g)

<i>Fuente</i>	<i>Suma de Cuadrados</i>	<i>Gl</i>	<i>Cuadrado Medio</i>	<i>Razón-F</i>	<i>Valor-P</i>
EFECTOS PRINCIPALES					
A:Línea genética (ISMI)	0,129698	3	0,0432327	156,63	0,0000
B:Lote	0,0000135	1	0,0000135	0,05	0,8278
INTERACCIONES					
AB	0,000957833	3	0,000319278	1,16	0,3568
RESIDUOS	0,00441619	16	0,000276012		
TOTAL (CORREGIDO)	0,135086	23			

Todas las razones-F se basan en el cuadrado medio del error residual

**Análisis de Varianza para Instar 5 peso (g)**

<i>Fuente</i>	<i>Suma de Cuadrados</i>	<i>Gl</i>	<i>Cuadrado Medio</i>	<i>Razón-F</i>	<i>Valor-P</i>
<b>EFFECTOS PRINCIPALES</b>					
A:Línea genética (ISMI)	8,41466	3	2,80489	10474,93	<b>0,0000</b>
B:Lote	0,00057624	1	0,00057624	2,15	0,1618
<b>INTERACCIONES</b>					
AB	0,000190733	3	0,0000635778	0,24	0,8690
RESIDUOS	0,00428435	16	0,000267772		
<b>TOTAL (CORREGIDO)</b>	<b>8,41972</b>	<b>23</b>			

Todas las razones-F se basan en el cuadrado medio del error residual



### Anexo 3. Longitud de larva

#### Análisis de Varianza para Instar 1 longitud (mm)

<i>Fuente</i>	<i>Suma de Cuadrados</i>	<i>Gl</i>	<i>Cuadrado Medio</i>	<i>Razón-F</i>	<i>Valor-P</i>
<b>EFFECTOS PRINCIPALES</b>					
A:Línea genética (ISMI)	0,306226	3	0,102075	1,38	0,2862
B:Lote	0,0437931	1	0,0437931	0,59	0,4536
<b>INTERACCIONES</b>					
AB	0,318361	3	0,10612	1,43	0,2709
RESIDUOS	1,18752	16	0,0742197		
TOTAL (CORREGIDO)	1,8559	23			

Todas las razones-F se basan en el cuadrado medio del error residual

#### Análisis de Varianza para Instar 2 longitud (mm)

<i>Fuente</i>	<i>Suma de Cuadrados</i>	<i>Gl</i>	<i>Cuadrado Medio</i>	<i>Razón-F</i>	<i>Valor-P</i>
<b>EFFECTOS PRINCIPALES</b>					
A:Línea genética (ISMI)	331,758	3	110,586	1,04	0,4005
B:Lote	101,221	1	101,221	0,95	0,3431
<b>INTERACCIONES</b>					
AB	316,07	3	105,357	0,99	0,4210
RESIDUOS	1696,75	16	106,047		
TOTAL (CORREGIDO)	2445,8	23			

Todas las razones-F se basan en el cuadrado medio del error residual

#### Análisis de Varianza para Instar 3 longitud (mm)

<i>Fuente</i>	<i>Suma de Cuadrados</i>	<i>Gl</i>	<i>Cuadrado Medio</i>	<i>Razón-F</i>	<i>Valor-P</i>
<b>EFFECTOS PRINCIPALES</b>					
A:Línea genética (ISMI)	111,616	3	37,2054	283,42	<b>0,0000</b>
B:Lote	0,00158275	1	0,00158275	0,01	0,9139
<b>INTERACCIONES</b>					
AB	0,913437	3	0,304479	2,32	0,1142
RESIDUOS	2,10034	16	0,131271		
TOTAL (CORREGIDO)	114,632	23			

Todas las razones-F se basan en el cuadrado medio del error residual

#### Análisis de Varianza para Instar 4 longitud (mm)

<i>Fuente</i>	<i>Suma de Cuadrados</i>	<i>Gl</i>	<i>Cuadrado Medio</i>	<i>Razón-F</i>	<i>Valor-P</i>
<b>EFFECTOS PRINCIPALES</b>					
A:Línea genética (ISMI)	5,18025	3	1,72675	7,38	<b>0,0025</b>
B:Lote	0,345984	1	0,345984	1,48	0,2416
<b>INTERACCIONES</b>					
AB	0,803692	3	0,267897	1,14	0,3611
RESIDUOS	3,74388	16	0,233992		
TOTAL (CORREGIDO)	10,0738	23			

Todas las razones-F se basan en el cuadrado medio del error residual

**Análisis de Varianza para Instar 5 longitud (mm)**

<i>Fuente</i>	<i>Suma de Cuadrados</i>	<i>Gl</i>	<i>Cuadrado Medio</i>	<i>Razón-F</i>	<i>Valor-P</i>
<b>EFFECTOS PRINCIPALES</b>					
A:Línea genética (ISMI)	175,698	3	58,5659	301,12	<b>0,0000</b>
B:Lote	0,000656088	1	0,000656088	0,00	0,9544
<b>INTERACCIONES</b>					
AB	0,485703	3	0,161901	0,83	0,4954
RESIDUOS	3,11194	16	0,194496		
TOTAL (CORREGIDO)	179,296	23			

Todas las razones-F se basan en el cuadrado medio del error residual

## Anexo 4. Diámetro torácico

### Análisis de Varianza para Instar 1 diámetro torácico (mm)

<i>Fuente</i>	<i>Suma de Cuadrados</i>	<i>Gl</i>	<i>Cuadrado Medio</i>	<i>Razón-F</i>	<i>Valor-P</i>
<b>EFFECTOS PRINCIPALES</b>					
A:Línea genética (ISMI)	0,00000332	3	0,00000110667	3,35	<b>0,0453</b>
B:Lote	2,4E-7	1	2,4E-7	0,73	0,4064
<b>INTERACCIONES</b>					
AB	0,00000409333	3	0,00000136444	4,13	<b>0,0239</b>
RESIDUOS	0,00000528	16	3,3E-7		
TOTAL (CORREGIDO)	0,0000129333	23			

Todas las razones-F se basan en el cuadrado medio del error residual

### Análisis de Varianza para Instar 2 diámetro torácico (mm)

<i>Fuente</i>	<i>Suma de Cuadrados</i>	<i>Gl</i>	<i>Cuadrado Medio</i>	<i>Razón-F</i>	<i>Valor-P</i>
<b>EFFECTOS PRINCIPALES</b>					
A:Línea genética (ISMI)	0,761538	3	0,253846	19,75	<b>0,0000</b>
B:Lote	0,0101682	1	0,0101682	0,79	0,3869
<b>INTERACCIONES</b>					
AB	0,0253425	3	0,00844751	0,66	0,5901
RESIDUOS	0,205618	16	0,0128511		
TOTAL (CORREGIDO)	1,00267	23			

Todas las razones-F se basan en el cuadrado medio del error residual

### Análisis de Varianza para Instar 3 diámetro torácico (mm)

<i>Fuente</i>	<i>Suma de Cuadrados</i>	<i>Gl</i>	<i>Cuadrado Medio</i>	<i>Razón-F</i>	<i>Valor-P</i>
<b>EFFECTOS PRINCIPALES</b>					
A:Línea genética (ISMI)	4,01316	3	1,33772	60,23	<b>0,0000</b>
B:Lote	0,0106176	1	0,0106176	0,48	0,4992
<b>INTERACCIONES</b>					
AB	0,0832337	3	0,0277446	1,25	0,3250
RESIDUOS	0,355359	16	0,0222099		
TOTAL (CORREGIDO)	4,46237	23			

Todas las razones-F se basan en el cuadrado medio del error residual

### Análisis de Varianza para Instar 4 diámetro torácico (mm)

<i>Fuente</i>	<i>Suma de Cuadrados</i>	<i>Gl</i>	<i>Cuadrado Medio</i>	<i>Razón-F</i>	<i>Valor-P</i>
<b>EFFECTOS PRINCIPALES</b>					
A:Línea genética (ISMI)	3,86851	3	1,2895	19,79	<b>0,0000</b>
B:Lote	0,0551809	1	0,0551809	0,85	0,3711
<b>INTERACCIONES</b>					
AB	0,140808	3	0,046936	0,72	0,5544
RESIDUOS	1,04269	16	0,065168		
TOTAL (CORREGIDO)	5,10719	23			

Todas las razones-F se basan en el cuadrado medio del error residual

**Análisis de Varianza para Instar 5 diámetro torácico (mm)**

<i>Fuente</i>	<i>Suma de Cuadrados</i>	<i>Gl</i>	<i>Cuadrado Medio</i>	<i>Razón-F</i>	<i>Valor-P</i>
<b>EFFECTOS PRINCIPALES</b>					
A:Línea genética (ISMI)	11,757	3	3,91902	6,89	0,0034
B:Lote	0,267515	1	0,267515	0,47	0,5026
<b>INTERACCIONES</b>					
AB	0,759552	3	0,253184	0,45	0,7240
RESIDUOS	9,09743	16	0,56859		
TOTAL (CORREGIDO)	21,8815	23			

Todas las razones-F se basan en el cuadrado medio del error residual

## Anexo 5. Consumo neto de alimento

### Análisis de Varianza para consumo neto de alimento (g)

<i>Fuente</i>	<i>Suma de Cuadrados</i>	<i>Gl</i>	<i>Cuadrado Medio</i>	<i>Razón-F</i>	<i>Valor-P</i>
<b>EFFECTOS PRINCIPALES</b>					
A:Línea genética (ISMI)	540831,	3	180277,	13,55	<b>0,0001</b>
B:Lote	0,000104167	1	0,000104167	0,00	0,9999
<b>INTERACCIONES</b>					
AB	23812,1	3	7937,36	0,60	0,6264
RESIDUOS	212894,	16	13305,9		
<b>TOTAL (CORREGIDO)</b>	<b>777537,</b>	<b>23</b>			

Todas las razones-F se basan en el cuadrado medio del error residual

## Anexo 6. Longitud de capullo y Ancho de capullo

### Análisis de Varianza para Longitud de capullo (mm)

<i>Fuente</i>	<i>Suma de Cuadrados</i>	<i>Gl</i>	<i>Cuadrado Medio</i>	<i>Razón-F</i>	<i>Valor-P</i>
<b>EFFECTOS PRINCIPALES</b>					
A:Línea genética (ISMI)	63,2255	3	21,0752	72,74	<b>0,0000</b>
B:Lote	0,0154725	1	0,0154725	0,05	0,8202
<b>INTERACCIONES</b>					
AB	0,252237	3	0,084079	0,29	0,8318
RESIDUOS	4,6357	16	0,289731		
<b>TOTAL (CORREGIDO)</b>	<b>68,1289</b>	<b>23</b>			

Todas las razones-F se basan en el cuadrado medio del error residual

### Análisis de Varianza para Ancho de capullo (mm)

<i>Fuente</i>	<i>Suma de Cuadrados</i>	<i>Gl</i>	<i>Cuadrado Medio</i>	<i>Razón-F</i>	<i>Valor-P</i>
<b>EFFECTOS PRINCIPALES</b>					
A:Línea genética (ISMI)	15,4061	3	5,13538	57,29	<b>0,0000</b>
B:Lote	0,0708996	1	0,0708996	0,79	0,3870
<b>INTERACCIONES</b>					
AB	0,132497	3	0,0441658	0,49	0,6923
RESIDUOS	1,43415	16	0,0896346		
<b>TOTAL (CORREGIDO)</b>	<b>17,0437</b>	<b>23</b>			

Todas las razones-F se basan en el cuadrado medio del error residual

## Anexo 7. Peso capullo de un capullo y peso de la corteza

### Análisis de Varianza para Peso 1 capullo (g)

<i>Fuente</i>	<i>Suma de Cuadrados</i>	<i>Gl</i>	<i>Cuadrado Medio</i>	<i>Razón-F</i>	<i>Valor-P</i>
<b>EFFECTOS PRINCIPALES</b>					
A:Línea genética (ISMI)	0,28794	3	0,0959799	13,74	<b>0,0001</b>
B:Lote	0,0000437103	1	0,0000437103	0,01	0,9379
<b>INTERACCIONES</b>					
AB	0,00997287	3	0,00332429	0,48	0,7035
RESIDUOS	0,111771	16	0,00698567		
TOTAL (CORREGIDO)	0,409727	23			

Todas las razones-F se basan en el cuadrado medio del error residual

### Análisis de Varianza para Peso 1 corteza (g)

<i>Fuente</i>	<i>Suma de Cuadrados</i>	<i>Gl</i>	<i>Cuadrado Medio</i>	<i>Razón-F</i>	<i>Valor-P</i>
<b>EFFECTOS PRINCIPALES</b>					
A:Línea genética (ISMI)	0,00155812	3	0,000519374	0,30	0,8232
B:Lote	0,00197999	1	0,00197999	1,15	0,2989
<b>INTERACCIONES</b>					
AB	0,00409179	3	0,00136393	0,79	0,5148
RESIDUOS	0,0274785	16	0,00171741		
TOTAL (CORREGIDO)	0,0351084	23			

Todas las razones-F se basan en el cuadrado medio del error residual

## Anexo 8. Porcentaje de capullo bueno seleccionado y Porcentaje de seda bruta

### Análisis de Varianza para % de capullo bueno seleccionado

<i>Fuente</i>	<i>Suma de Cuadrados</i>	<i>Gl</i>	<i>Cuadrado Medio</i>	<i>Razón-F</i>	<i>Valor-P</i>
<b>EFFECTOS PRINCIPALES</b>					
A:Línea genética (ISMI)	3324,74	3	1108,25	8,16	0,0016
B:Lote	82,8222	1	82,8222	0,61	0,4464
<b>INTERACCIONES</b>					
AB	52,1194	3	17,3731	0,13	0,9422
RESIDUOS	2174,3	16	135,894		
TOTAL (CORREGIDO)	5633,98	23			

Todas las razones-F se basan en el cuadrado medio del error residual

### Análisis de Varianza para % seda bruta

<i>Fuente</i>	<i>Suma de Cuadrados</i>	<i>Gl</i>	<i>Cuadrado Medio</i>	<i>Razón-F</i>	<i>Valor-P</i>
<b>EFFECTOS PRINCIPALES</b>					
A:Línea genética (ISMI)	80,0927	3	26,6976	5,49	0,0087
B:Lote	8,83307	1	8,83307	1,82	0,1965
<b>INTERACCIONES</b>					
AB	25,9164	3	8,63879	1,78	0,1920
RESIDUOS	77,7871	16	4,86169		
TOTAL (CORREGIDO)	192,629	23			

Todas las razones-F se basan en el cuadrado medio del error residual

## Anexo 8. Porcentaje de capullo bueno seleccionado y Porcentaje de seda bruta

### Análisis de Varianza para % de capullo bueno seleccionado

<i>Fuente</i>	<i>Suma de Cuadrados</i>	<i>Gl</i>	<i>Cuadrado Medio</i>	<i>Razón-F</i>	<i>Valor-P</i>
<b>EFFECTOS PRINCIPALES</b>					
A:Línea genética (ISMI)	3324,74	3	1108,25	8,16	0,0016
B:Lote	82,8222	1	82,8222	0,61	0,4464
<b>INTERACCIONES</b>					
AB	52,1194	3	17,3731	0,13	0,9422
RESIDUOS	2174,3	16	135,894		
TOTAL (CORREGIDO)	5633,98	23			

Todas las razones-F se basan en el cuadrado medio del error residual

### Análisis de Varianza para % seda bruta

<i>Fuente</i>	<i>Suma de Cuadrados</i>	<i>Gl</i>	<i>Cuadrado Medio</i>	<i>Razón-F</i>	<i>Valor-P</i>
<b>EFFECTOS PRINCIPALES</b>					
A:Línea genética (ISMI)	80,0927	3	26,6976	5,49	0,0087
B:Lote	8,83307	1	8,83307	1,82	0,1965
<b>INTERACCIONES</b>					
AB	25,9164	3	8,63879	1,78	0,1920
RESIDUOS	77,7871	16	4,86169		
TOTAL (CORREGIDO)	192,629	23			

Todas las razones-F se basan en el cuadrado medio del error residual



## Anexo 9. Calificación

### Análisis de Varianza para Calificación (puntos)

<i>Fuente</i>	<i>Suma de Cuadrados</i>	<i>Gl</i>	<i>Cuadrado Medio</i>	<i>Razón-F</i>	<i>Valor-P</i>
EFECTOS PRINCIPALES					
A:Línea genética (ISMI)	7746,13	3	2582,04	12,17	0,0002
B:Lote	0,0416667	1	0,0416667	0,00	0,9890
INTERACCIONES					
AB	459,458	3	153,153	0,72	0,5533
RESIDUOS	3393,33	16	212,083		
TOTAL (CORREGIDO)	11599,0	23			

Todas las razones-F se basan en el cuadrado medio del error residual

## Anexo 10. Color de capullo

### Análisis de Varianza para Color blanco %

<i>Fuente</i>	<i>Suma de Cuadrados</i>	<i>Gl</i>	<i>Cuadrado Medio</i>	<i>Razón-F</i>	<i>Valor-P</i>
<b>EFFECTOS PRINCIPALES</b>					
A:Línea genética (ISMI)	40977,3	3	13659,1	700,99	0,0000
B:Lote	9,12667	1	9,12667	0,47	0,5035
<b>INTERACCIONES</b>					
AB	16,49	3	5,49667	0,28	0,8376
RESIDUOS	311,767	16	19,4854		
TOTAL (CORREGIDO)	41314,7	23			

Todas las razones-F se basan en el cuadrado medio del error residual

### Análisis de Varianza para Color amarillo %

<i>Fuente</i>	<i>Suma de Cuadrados</i>	<i>Gl</i>	<i>Cuadrado Medio</i>	<i>Razón-F</i>	<i>Valor-P</i>
<b>EFFECTOS PRINCIPALES</b>					
A:Línea genética (ISMI)	15733,0	3	5244,34	87,19	0,0000
B:Lote	22,0417	1	22,0417	0,37	0,5534
<b>INTERACCIONES</b>					
AB	42,845	3	14,2817	0,24	0,8690
RESIDUOS	962,427	16	60,1517		
TOTAL (CORREGIDO)	16760,3	23			

Todas las razones-F se basan en el cuadrado medio del error residual

### Análisis de Varianza para Color verde %

<i>Fuente</i>	<i>Suma de Cuadrados</i>	<i>Gl</i>	<i>Cuadrado Medio</i>	<i>Razón-F</i>	<i>Valor-P</i>
<b>EFFECTOS PRINCIPALES</b>					
A:Línea genética (ISMI)	6359,4	3	2119,8	157,44	0,0000
B:Lote	59,535	1	59,535	4,42	0,0517
<b>INTERACCIONES</b>					
AB	62,9483	3	20,9828	1,56	0,2383
RESIDUOS	215,433	16	13,4646		
TOTAL (CORREGIDO)	6697,31	23			

Todas las razones-F se basan en el cuadrado medio del error residual