

VARIANZA ADITIVA, HEREDABILIDAD Y CORRELACIONES EN LA VARIEDAD M1-Fitotecnia DE TOMATE DE CÁSCARA (*Physalis ixocarpa* Brot)

ADDITIVE VARIANCE, HERITABILITY AND CORRELATIONS IN THE M1-Fitotecnia VARIETY OF HUSK TOMATO (*Physalis ixocarpa* Brot)

Mario Moreno-Maldonado¹, Aureliano Peña-Lomelí^{2*}, Jaime Sahagún-Castellanos²,
Juan Enrique Rodríguez-Pérez² y Rafael Mora-Aguilar²

¹ Instituto de Recursos Genéticos y Productividad, Colegio de Postgraduados. Km 36.5 Carr. México- Texcoco, CP. 56230, Montecillo, México. Correo electrónico: lomeli@taurus1.chapingo.mx. Tel y Fax: 01 (595) 952-1642 ² Departamento de Fitotecnia, Universidad Autónoma Chapingo. Km 38.5 Carr. México- Texcoco. CP. 56230 Chapingo, Estado de México. Tel y Fax: 01 (595) 952-1642.

* Autor responsable

RESUMEN

El tomate de cáscara (*Physalis ixocarpa* Brot.) ocupa el quinto lugar en superficie cultivada con especies olerícolas en México; no obstante, la investigación realizada en esta especie es escasa, particularmente la genotécnica, base de incrementos rápidos y baratos en la productividad de los cultivos. Así, el objetivo del presente trabajo fue estimar los parámetros genéticos de la variedad M1-Fitotecnia de tomate de cáscara. Se evaluaron 200 familias de medios hermanos maternos en dos ambientes, con un diseño experimental de bloques al azar con tres repeticiones por ambiente y 16 plantas por unidad experimental. La heredabilidad de los siete caracteres estudiados fluctuó entre 35.3 y 66.4 % y el coeficiente de variación genético aditivo entre 9.3 y 46.1 %. En el caso del rendimiento total, estos parámetros fueron 50.9 y 26.7 %, respectivamente. El número de frutos, rendimiento en el corte uno, rendimiento en el corte dos y peso promedio por fruto fueron los principales componentes del rendimiento total. Se encontraron correlaciones genéticas aditivas altas y positivas del rendimiento total con número de frutos (0.27), rendimiento en el primer corte (0.78), rendimiento en el segundo corte (0.82) y peso promedio por fruto (0.35).

Palabras clave: *Physalis ixocarpa* Brot., parámetros genéticos, selección, mejoramiento.

SUMMARY

Husk tomato (*Physalis ixocarpa* Brot.) ranks fifth in planted land surface among the vegetable crops in México. However, research in this species is still scarce, particularly on plant breeding, which is a rapid and inexpensive way for increasing crop productivity. The objective of this work was to estimate the genetic parameters of the M1-Fitotecnia variety of husk tomato. Two hundred maternal half-sib families were evaluated in two environments, in a randomized complete block experimental design with three replications, and 16 plants per experimental unit. The narrow sense heritability for the seven studied traits varied from 35.3 to 66.4 %. For total yield it was 50.9 %. The genetic additive variation coefficient presented values from 9.3 to 46.1 % with a mean of 26.7 % for total yield. The number of fruits, yield of the first harvest, yield in the second harvest and fruit weight were the most important yield components. The additive genetic correlations of total yield with number of fruits (0.27), yield in the first harvest (0.78), yield in the second harvest (0.82) and the fruit weight (0.35), were the highest in absolute values.

Index words: *Physalis ixocarpa* Brot., genetic parameters, selection, plant breeding.

INTRODUCCIÓN

El tomate de cáscara prácticamente sólo se cultiva y consume en México, donde en los últimos 20 años ha cobrado gran importancia, debido a su uso en la preparación de alimentos típicos (Saray y Loya, 1978). Actualmente esta especie ocupa el quinto lugar en superficie sembrada con cultivos olerícolas, con 41 753 ha en 1998 (SAGAR, 1998).

Las flores de tomate de cáscara son solitarias y hermafroditas, y presentan autoincompatibilidad gametofítica (Pandey, 1957), lo cual propicia que la especie sea una alógama obligada y que sus poblaciones sean heterogéneas heterocigóticas; de esto se puede inferir que la heterosis expresada en híbridos formados con materiales endogámicos pudiera ser alta. Los métodos factibles de ser usados para el fitomejoramiento de esta especie son la selección masal, la selección familiar de medios hermanos y la selección combinada de medios hermanos; se descarta la hibridación clásica por el problema que representa la autoincompatibilidad para generar líneas por autofecundación (Peña y Márquez, 1990).

Tanto para el mejoramiento genético por selección como por hibridación, el fitomejorador, además de conocer los aspectos agronómicos de la especie en que trabaja, debe conocer las características genéticas de las poblaciones objeto del mejoramiento. Dichas características se refieren principalmente a los componentes de la varianza genética (varianza aditiva y varianza de dominancia). Particularmente en tomate, donde existen ocho razas bien definidas (Silvestre, Milpero, Arandas, Tamazula, Manzano, Rendidora, Salamanca y Puebla), hace falta

investigación al respecto (Peña, 1994). En la raza Rendidora se han hecho estimaciones de los componentes de varianza (Peña, 1998), pero no hay trabajos reportados con las otras razas, particularmente de la raza Manzano.

Márquez (1985) mencionó que en la selección se aprovechan los efectos aditivos tanto intra locus como inter loci para mejorar las poblaciones. Señaló asimismo que el procedimiento general consiste en: 1) selección de los mejores individuos de la población; 2) utilización de los individuos seleccionados como progenitores de la siguiente generación; 3) iniciación de un ciclo de selección en la población proveniente del apareamiento de los individuos seleccionados; y 4) realización de varios ciclos adicionales hasta la reducción de la varianza aditiva. Según Falconer (1984), el efecto básico de la selección es cambiar favorablemente las frecuencias génicas, y describe dicho efecto en términos de los parámetros de la población, tales como la media y la varianza. Gardner (1961) señaló que la selección de plantas individuales o de progenies, debe ser efectiva para mejorar el rendimiento en variedades de polinización libre que tengan grandes cantidades de varianza genética aditiva.

Por su parte, Méndez (1971) considera que cuando lo que se desea mejorar es un carácter cuantitativo tal como el rendimiento, la selección no es efectiva si no se eliminan los efectos ambientales en la expresión del carácter, ya que la suposición de la homogeneidad dentro de lotes es falsa.

La genética de un carácter métrico gira alrededor del estudio de su variación, ya que es en términos de ésta como se formulan las preguntas genéticas primarias. La idea básica del estudio de la variación es su partición en componentes atribuibles a diferentes causas. La magnitud relativa de estas componentes determina las propiedades genéticas de la población, en particular el grado de parecido entre parientes. La cantidad de variación se mide y se expresa como la varianza. Las componentes en que se descompone la varianza total son la varianza genotípica, que es la varianza de los valores genotípicos, y la varianza ambiental, que es la varianza de las desviaciones ambientales. La varianza total es la varianza fenotípica, o la varianza de los valores fenotípicos, y es la suma de las diferentes componentes (Falconer, 1984).

La varianza fenotípica es una medida de la variabilidad fenotípica y puede ser descompuesta en las varianzas genotípica, ambiental y de la interacción genotipo-ambiente. En el modelo: $F = G + E$, se considera que las variables G y E son independientes, por lo que la varianza fenotípica (σ^2_F) puede ser descompuesta en varianza genotípica (σ^2_G) y varianza ambiental (σ^2_E). La relación es de la forma: $\sigma^2_F = \sigma^2_G + \sigma^2_E$. En la práctica genotécnica, la estimación de

los componentes de varianza presenta algunas dificultades, ya que frecuentemente los efectos genotípicos están confundidos con los ambientales, lo que implica que sólo la varianza fenotípica pueda ser cuantificada (Falconer, 1984).

La varianza genotípica se origina por las diferencias que existen entre genotipos, por lo que mientras sea mayor el número de loci segregantes, mayor será el número de genotipos diferentes en la población (Molina, 1992). Según Falconer (1984) se compone de varianza aditiva, dominante (o de dominancia) y de interacción (o epistática); de éstas la más importante es la varianza aditiva (varianza de los valores reproductivos), ya que es la causa principal del parecido entre parientes y determinante de las propiedades genéticas observables de la población (heredabilidad y correlación genética aditiva) y de la respuesta positiva a la selección.

La varianza ambiental comprende toda la variación de origen no genético, y gran parte de ésta se encuentra fuera del control del investigador (Falconer, 1984). También se puede decir que la varianza ecológica o ambiental es el componente de la varianza fenotípica debido a las diferencias entre los efectos de los ambientes (Molina, 1992).

La interacción genético-ambiental se interpreta como la medida en que los valores fenotípicos relativos de los genotipos cambian cuando se pasa de un ambiente a otro. Este aspecto junto con la heterogeneidad del suelo, se reconocen como los factores que más dificultan una evaluación genotípica, como consecuencia del enmascaramiento que ejercen sobre el verdadero valor de los genotipos (Sahagún, 1992). La interacción origina una componente de varianza adicional, la cual puede aislarse y medirse únicamente bajo circunstancias altamente controladas (artificiales), lo que implica que bajo condiciones normales la varianza debida a la interacción se considere como una parte de la varianza ambiental (Falconer, 1984).

La heredabilidad de un carácter métrico es una de sus propiedades más importantes, pues expresa la proporción de la varianza total que es atribuible a los efectos medios de los genes y esto es lo que determina el grado de parecido entre parientes (Falconer, 1984). El cociente σ^2_A / σ^2_F expresa el grado en que los fenotipos de los individuos están determinados por los efectos de los genes transmitidos por los progenitores a sus descendientes o bien la regresión de los valores fenotípicos de los descendientes sobre los valores reproductivos de sus progenitores. Representa también una medida de la importancia relativa de la variación heredable respecto a la variación fenotípica. En sentido amplio, la heredabilidad (H^2) es el cociente de la varianza genotípica y la fenotípica; en sentido estricto (h^2) es

el cociente de la varianza aditiva y la fenotípica. La heredabilidad es una propiedad de cada carácter y población y la utilidad de su estimación radica en su sentido predictivo de la respuesta a la selección (Nyquist, 1991).

Otro parámetro importante en relación con la selección es la correlación genética aditiva, cuya causa principal es la pleiotropía y significa el grado en que dos caracteres están influidos por los mismos genes, o por genes estrechamente ligados que determinan caracteres diferentes. El desequilibrio de ligamiento y las desviaciones de dominancia de los genes también pueden causar correlación genética. Sin embargo, en el contexto de selección la correlación genética aditiva es la importante, ya que indica el cambio de un carácter en función de otro, lo que permite hacer predicciones al respecto e incluso hacer selección indirecta (Mode y Robinson, 1959; Falconer, 1984). Los caracteres correlacionados son de interés por tres razones principales. Primero, en conexión con las causas genéticas de correlación a través de la acción pleiotrópica de los genes: la pleiotropía es una propiedad frecuente de los genes mayores. Segundo, en conexión con los cambios producidos por la selección: es importante conocer cómo el mejoramiento de un carácter va a causar cambios simultáneos en otros caracteres. Y tercero, en conexión con la selección natural: la relación existente entre un carácter métrico y la aptitud es el agente principal que determina las propiedades genéticas de dicho carácter en una población natural (Falconer, 1984).

Así como se espera que las heredabilidades cambien después de que se ha llevado a cabo la selección por cierto tiempo, así también se espera que cambien las correlaciones genéticas. Si la selección se ha aplicado simultáneamente a dos caracteres se esperará que la correlación genética entre ellos resulte negativa a la larga, en razón de que los genes pleiotrópicos que afectan a ambos caracteres en la dirección deseada serán afectados fuertemente por la selección y serán conducidos rápidamente hacia la fijación (Falconer, 1984).

Con base en lo anterior, el presente trabajo tiene los siguientes objetivos: estimar la varianza genética aditiva y la heredabilidad de diversos caracteres, así como las correlaciones genéticas entre éstos en la variedad M1-Fitotecnia de la raza Manzano de tomate de cáscara. Mediante la estimación de los parámetros genéticos en esta variedad, se espera contribuir a diseñar estrategias de mejoramiento genético.

MATERIALES Y MÉTODOS

El presente trabajo de investigación se llevó a cabo en el Campo Agrícola Experimental de la Universidad Autó-

noma Chapingo, Chapingo, México y en el Campo Experimental Santa Lucía del INIFAP¹ en el Estado de México.

El Campo Agrícola Experimental de la Universidad Autónoma Chapingo, se encuentra situado a 19° 29' L N y 98° 53' L O, con una altura sobre el nivel del mar de 2250 m. El clima de la zona está clasificado como C(Wo)(W)b(y)g, que corresponde al templado subhúmedo con precipitación media anual de 645 mm y una temperatura promedio anual de 15°C, con heladas tempranas a fines de septiembre y tardías en abril (García, 1973). La topografía del sitio es plana en general. El suelo es profundo de textura media y color marrón grisáceo oscuro. El horizonte A es migajón limoso franco, medianamente rico en materia orgánica y ligeramente alcalino (Cachón y Cuanao, 1976).

El Campo Agrícola Experimental Santa Lucía se ubica a 19° 27' L N y 98° 53' L O, en Coatlinchán, Edo. De México, con un clima similar al de Chapingo. La topografía es plana. El suelo es profundo de textura media, de color grisáceo oscuro. El horizonte A tiene una profundidad mayor a 1 m es de textura media, presenta bloques subangulares finos y tiene buen drenaje.

El material vegetal que se utilizó fue tomate de cáscara de la raza Manzano, variedad M1-Fitotecnia, misma que corresponde al primer ciclo de selección masal de la variedad Ixtlahuالتengo (Peña, 1998). La siembra se realizó en charolas de poliestireno de 200 cavidades en el mes de febrero de 1997.

En el mes de marzo se estableció un lote de selección en el Campo Agrícola Experimental Santa Lucía, México, durante el ciclo primavera-verano de 1997 y bajo condiciones de riego. Los surcos tuvieron 1 m de ancho y la separación entre plantas fue de 0.3. En dicho lote se marcaron al azar 480 plantas que se cosecharon cuando los frutos alcanzaron la maduración fisiológica y que constituyeron 480 familias de medios hermanos maternos (FMHM). De los frutos cosechados por planta se obtuvo la semilla, la cual sirvió para el establecimiento de la población objeto de este estudio en el siguiente ciclo.

Se evaluaron 200 familias en el ciclo primavera-verano de 1998 en dos ambientes (Santa Lucía y Chapingo, México) con un diseño experimental de bloques completos al azar con tres repeticiones. La unidad experimental estuvo constituida por 16 plantas, provenientes de charolas germinadoras y con cepellón. Los experimentos se establecieron en el mes de abril de 1998 en surcos de un metro de

¹ Instituto Nacional de Investigaciones Forestales, Agrícolas y Pecuarias.

anchura, a una distancia entre plantas de 0.3 m y bajo condiciones de riego.

Los caracteres estudiados fueron altura de planta (AP) y número de frutos amarrados (NB), considerado como el número de flores que desarrollaron cáliz y tiraron la corola. Estos caracteres se midieron en 16 plantas por unidad experimental después de la segunda escarda, 40 días después del trasplante. En cada experimento se realizaron dos cortes, el primero a los 70 días posteriores al trasplante y el segundo 20 días después del primero. Los caracteres cuantificados en cada cosecha fueron peso de frutos (PF) y número de frutos (NF) en una muestra de un kilogramo; posteriormente se obtuvieron los datos de peso promedio por fruto (PPF) y rendimiento total por familia (RTF).

Para la estimación de los componentes de varianza genética se utilizó el modelo propuesto por Márquez y Sahagún (1994), para familias de medios hermanos maternos (FMHM), el cual tiene la ventaja de ser más preciso para las estimaciones que el diseño I de Carolina del Norte.

El modelo empleado para el análisis de familias (F), ambientes (A) y repeticiones en cada ambiente (R/A) para los datos promedio por unidad experimental es el siguiente:

$$Y_{ijk} = \mu + A_i + (R/A)_{ij} + F_k + (AF)_{ik} + E_{ijk}$$

Donde: μ = media; A_i = efecto del i-ésimo ambiente; $(R/A)_{ji}$ = efecto de la j-ésima repetición dentro del i-ésimo ambiente; F_k = efecto de la k-ésima familia; $(AF)_{ik}$ = efecto de la interacción entre el i-ésimo ambiente con la k-ésima familia; E_{ijk} = error correspondiente a la observación de la familia k en la repetición j del ambiente i. El análisis de varianza correspondiente se presenta en el cuadro 1 (Knapp *et al.*, 1987; Nyquist, 1991; Molina, 1992; Sahagún, 1993).

Las estimaciones se hicieron bajo el supuesto de herencia diploide, dos alelos por locus, equilibrio Hardy-Weinberg de la población, equilibrio de ligamiento y ausencia de epistasia. Los parámetros genéticos estimados fueron:

a) Varianza aditiva

$$\hat{\sigma}_A^2 = 4\hat{\sigma}_F^2 = \left[\frac{(M_1 - M_2)}{ar} \right]$$

Cuadro 1. Análisis de varianza para a ambientes (A), r repeticiones por ambiente (R/A) y f familias (F). Modelo aleatorio.

FV	GL	CM	PCM	E(CM)	Fc(Ho: $\sigma^2_{FV} = 0$)
A	a-1	C1		$\sigma^2_e + r\sigma^2_{AF} + f\sigma^2_{R/A} + rf\sigma^2_A$	$(C_1 + M_3)/(C_2 + M_3)$
R/A	a(r-1)	C2		$\sigma^2_e + \sigma^2_{R/A}$	C_1/M_3
F	f-1 = gl ₁	M1	PCM ₁	$\sigma^2_e + r\sigma^2_{AF} + ar\sigma^2_F$	M_1/M_2
AF	(a-1)(f-1) = gl ₂	M2	PCM ₂	$\sigma^2_e + r\sigma^2_{AF}$	M_2/M_3
Error	A(a-1)(f-1)	M3	PCM ₃	σ^2_e	

FV = fuentes de variación; GL = grados de libertad; CM = cuadrados medios; PCM = productos cruzados medios; E(CM) = esperanzas de los cuadrados medios con todos los factores aleatorios; Fc = cálculo de F para la hipótesis de que la varianza de la fuente de variación (σ^2_{FV}) es igual a cero, a = 2, r = 3 y f = 200.

b) Coeficiente de variación genética aditiva (%)

$$CVA = \left(\frac{\sigma_A}{\bar{X}} \right) * 100$$

Donde: σ_A = desviación estándar aditiva

\bar{X} = media del carácter

c) Heredabilidad en sentido estricto

$$\hat{h}^2 = \left[\frac{(M_1 - M_2 / ar)}{M_1 / ar} \right]$$

d) Intervalo de confianza para h^2 con 95 % de confiabilidad (ICh^2), con límite inferior = $1 - [(M_1/M_2)F_{1-\alpha/2; gl_2, gl_1}]^{-1}$ y límite superior = $1 - [(M_1/M_2)F_{\alpha/2; gl_2, gl_1}]^{-1}$, donde F es el valor de la distribución de F, $\alpha = 0.05$ y gl_1 y gl_2 los grados de libertad de familias y de la interacción A x F, respectivamente.

También se calculó la amplitud del intervalo de confianza de h^2 (AMIC = límite superior menos límite inferior del intervalo) y la tasa de heredabilidad (TASA = $AMIC/\hat{h}^2$).

De acuerdo con la estructura del análisis de varianza (Cuadro 1) se calcularon también los componentes de covarianza entre los miembros de cada par de caracteres. Así, para familias y dos caracteres X y Y cualesquiera, la covarianza es de la forma: $COVF = (PCM_1 - PCM_2)/ar$. Para los caracteres X y Y la covarianza aditiva es: $COVA_{xy} = 4COVF$. Con esta covarianza se puede estimar la correlación genética aditiva [$\rho_{ga} = COVA_{xy}/(\sigma_A\sigma_{Ay})$] entre cada dos de los caracteres evaluados (Mode y Robinson, 1959; Falconer, 1984). Se utilizó la prueba de t para su significancia (Yamané, 1979).

La obtención de los componentes de varianza se realizó mediante la aplicación del procedimiento VARCOMP de SAS (versión 6.01). Para calcular los productos cruzados medios (PCM = SPC/GL) se obtuvieron las sumas de

productos cruzados X – Y (SPC) tanto para familias como para la interacción A x F, mediante la opción MANOVA de SAS (SAS Institute, 1989).

RESULTADOS Y DISCUSIÓN

El rendimiento promedio por familia (Cuadro 2) en el primer corte (R1) fue mayor que en el corte dos (R2), quizás debido a que al momento del corte uno se presentó el mayor desarrollo del área foliar, mientras que en el corte dos ocurrieron condiciones desfavorables para el desarrollo de los frutos; estas condiciones incluyen el caso de familias muy precoces que al momento del primer corte rindieron al máximo y entraron en senescencia y a la presencia de enfermedades que provocaron decrementos en la producción. En cuanto al número de frutos amarrados (NB) se encontró que éste fue relativamente más bajo que en la variedad CHF1-Chapingo evaluada por Peña (1998), lo cual puede deberse a que la variedad evaluada en el presente trabajo es de bajo rendimiento y no se ha realizado en ella trabajo intensivo de mejoramiento. Con respecto al peso promedio por fruto (PPF) se encontró que aunque la variedad Manzano produce frutos de gran tamaño, éstos son menos pesados (28.1 g) que los frutos de la variedad CHF1-Chapingo (32.2 g) evaluada por Peña (1998).

Cuadro 2. Parámetros genéticos estimados para siete caracteres en toma de cáscara de la variedad M1-Fitotecnia.

Carac- teres	Parámetros genéticos estimados							
	\bar{X} ^o	CV	$\hat{\sigma}_A^2$	CVA	\hat{h}^2	Ich ²	AMIC	TASA
AP ^o	49.6	13.0	21.2	9.2	48.1	36.2 - 57.1	20.9	0.43
NF	6.6	45.1	4.6	32.7	46.2	33.8 - 55.5	21.7	0.46
R1	251.1	48.9	4129.0	25.5	35.3	20.4 - 46.5	26.1	0.73
NF1	49.9	24.8	203.9	28.5	66.4	58.6 - 72.2	13.5	0.20
R2	153.6	54.7	5013.4	46.0	55.8	45.6 - 63.4	17.8	0.31
PPF	21.8	22.6	34.5	26.9	65.7	57.8 - 71.7	13.8	0.21
RTF	404.8	40.3	11749.6	26.7	50.9	39.6 - 59.4	19.7	0.38

^o \bar{X} = media; CV = coeficiente de variación (%); $\hat{\sigma}_A^2$ = estimador de la varianza aditiva; CVA = coeficiente de variación genética aditiva (%); \hat{h}^2 = heredabilidad (%); Ich² = intervalo de confianza para h² (α = 0.05); AMIC = amplitud del Ich²; TASA = AMIC/ \hat{h}^2 .

^oAP = altura de planta (cm); NF = número de frutos amarrados; R1 = rendimiento en el corte uno (gramos por planta); NF1 = número de frutos en el corte uno (en una muestra de un kilogramo); R2 = rendimiento en el corte dos (gramos por planta); PPF = peso promedio por fruto (gramos por fruto); RTF = peso total por familia (gramos por planta).

Los coeficientes de variación (Cuadro 2) fueron relativamente altos comparados con los obtenidos en otros trabajos (Peña, 1998). El más bajo correspondió al carácter altura de planta (AP) y el más alto al rendimiento en el corte dos (R2), lo cual puede deberse a una alta variabilidad natural propia del material motivo de la evaluación y a la caída de frutos por senescencia prematura, o bien a un manejo inadecuado y a la presencia de enfermedades, como ya se mencionó.

Los estimadores de varianza aditiva (Cuadro 2) de seis de los siete caracteres estudiados: altura de planta, número de frutos amarrados, rendimiento en el corte uno, rendimiento en el corte dos, peso promedio por fruto y rendimiento total por familia, comparados con datos preexistentes muestran una mayor $\hat{\sigma}_A^2$ en algunos de los caracteres. Peña (1998) reportó estos caracteres, con varianzas aditivas de 1.5, 4.2, 19959.7, 12652.7, 14.0 y 18179.3, respectivamente, en la variedad CHF1-Chapingo.

El haber encontrado una mayor cantidad de varianza aditiva en la variedad Manzano que en la variedad CHF1-Chapingo, indica que en la primera no se ha realizado mejoramiento genético (sólo se le ha hecho un ciclo de selección, mientras que en la variedad CHF1-Chapingo se han realizado siete ciclos de selección), ya que éste reduce la varianza aditiva, por lo que podría esperarse que si la variedad Manzano se somete a un proceso de mejoramiento su varianza aditiva se reduciría con los ciclos de selección, y también se esperaría una respuesta alta a la selección.

Las estimaciones de varianza aditiva tienen sentido cuando son comparadas con las de otras poblaciones; sin embargo, el uso de los valores obtenidos en una sola población puede ocasionar interpretaciones erróneas, por lo que es preferible comparar sus coeficientes de variabilidad genética aditiva (CVA), principalmente cuando se desean hacer comparaciones de diferentes caracteres (Molina, 1992), los coeficientes de varianza aditiva (Cuadro 2) estimados para los siete caracteres de interés en el presente estudio, indican la existencia de una menor variabilidad genética aditiva en AP y en los caracteres NF, R1, NF1, R2, PPF, PTF y RTF, lo que significa que en éstos se podría basar un programa de mejoramiento genético por selección de familias de medios hermanos maternos o hermanos completos, ya que en estos caracteres se presentó la mayor varianza genética aditiva y el coeficiente de varianza aditiva mayor, lo que permitiría una mejor explotación de la varianza aditiva (Márquez, 1985). En este sentido, algunos trabajos reportan que en poblaciones de maíz con valores de CVA menores a 12 % no se ha obtenido una respuesta alta a la selección masal, aunque sí se ha reducido el CVA mediante la aplicación de ésta (Estrada, 1977; Vargas *et al.*, 1982; Sahagún *et al.*, 1991); lo mismo se ha encontrado en girasol (*Helianthus annuus* L.), principalmente en el contenido de aceite (Escobedo, 1986). En tomate de cáscara, Peña (1998) encontró valores altos de CVA para algunos caracteres como número de frutos amarrados y rendimiento, principalmente.

Los valores de heredabilidad estimados resultaron ser altos para los siete caracteres estudiados de acuerdo con la clasificación de Robinson *et al.* (1951), siendo de la

siguiente magnitud: $27.1\% \leq \hat{h}^2 \leq 57.8\%$, en donde los valores más bajos corresponden a los caracteres AP, NF y R1 y los más altos a NF1, R2, PPF y RTF (Cuadro 2). Estos resultados sugieren que mediante un programa de mejoramiento genético por selección en la variedad M1-Fitotecnia se esperarían avances significativos, siendo posible derivar rápidamente nuevas variedades de tomate de cáscara a partir de ésta. Cabe señalar que tanto la varianza aditiva (σ^2_A) como la heredabilidad (h^2) pudieran estar sobrestimadas, ya que la evaluación de familias de medios hermanos obtenidas de un lote de polinización libre sobrestima la varianza fenotípica (σ^2_F) por contener alguna proporción de hermanos completos (Nyquist, 1991).

Con referencia a la amplitud de los intervalos de confianza para las heredabilidades (AMIC), se observó que ésta fue pequeña para los siete caracteres (Cuadro 2), habiéndose obtenido la menor en el carácter NF1 y la mayor en R1, los cuales presentaron también la menor y mayor tasa de heredabilidad, respectivamente. Esto significa una buena precisión en las estimaciones (Knapp *et al.*, 1987). Para NF1, que fue donde se encontró la mayor heredabilidad, la estimación puntual de h^2 fue de 66.42 %, con intervalo de confianza de 58.69-72.25, y una confiabilidad de 95 %; mientras que para R1 donde se encontró el menor valor de heredabilidad, la estimación puntual de h^2 fue de 35.31 %, el intervalo de confianza estimado fue de 20.45-46.52, con una confiabilidad de 95 %.

Las estimaciones de h^2 indican claramente que es posible obtener nuevas variedades de tomate de cáscara a partir de la variedad M1-Fitotecnia si se somete a un proceso de selección, ya sea masal o familiar de medios hermanos.

Las correlaciones fenotípicas entre los diferentes caracteres fueron altas, positivas y significativas, excepto con el carácter NF1 cuyas correlaciones con los demás caracteres resultaron negativas (Cuadro 3). Las correlaciones genéticas aditivas del carácter AP fueron importantes, aunque negativas, con NF, R1 y RTF, en tanto que para el carácter NF las correlaciones resultaron altas y positivas con R1, NF1, R2 y RTF, y fue alta y negativa con PPF. Para el caso de R1 la correlación fue positiva y alta con R2 y RTF. En el carácter NF1 fue donde se encontró la más alta correlación en valor absoluto con R2, PPF y RTF, aunque negativas. R2 presentó una correlación alta y positiva con PPF y RTF. Lo anterior indica la presencia de genes pleiotrópicos comunes involucrados en dichos caracteres (Mode y Robinson, 1959). Así, se detectó cierta discrepancia entre las correlaciones fenotípicas y genéticas aditivas, tanto en magnitud como en signo, lo cual puede atribuirse al efecto ambiental involucrado en las correlaciones fenotípicas (Robinson *et al.*, 1951; Vargas *et al.*, 1982; Holthaus

y Lamkey, 1995; Betrán y Hallauer, 1996). Frecuentemente las correlaciones dependen de las heredabilidades, de tal modo que si ambos caracteres correlacionados presentan heredabilidades bajas, la correlación fenotípica estará determinada principalmente por la correlación ambiental; pero si tienen heredabilidades altas entonces la correlación genética es la más importante (Falconer, 1984). La utilidad de las correlaciones estriba en la posibilidad de estimar el efecto que tendría la selección con base en un carácter sobre otros caracteres, además de permitir hacer selección indirecta (Falconer, 1984); sin embargo, para el segundo fin debe cumplirse que la correlación genética aditiva sea sustancial y que la heredabilidad del carácter secundario sea mayor que la del primario (Hallauer y Miranda, 1981).

Cuadro 3. Correlaciones (ρ) fenotípicas (arriba de la diagonal) y genético-aditivas (abajo de la diagonal) entre siete caracteres de tomate de cáscara de la variedad M1-Fitotecnia de la raza Manzano. Valores = $\rho(10)^{-2}$

Caracteres	AP ^d	NF	R1	NF1	R2	PPF	RTF
AP		44*	54*	-35*	45*	37*	60*
NF	-57*		58*	-23*	37*	22*	59*
R1	-44*	33*		-37*	37*	36*	88*
NF1	-3	19*	1		-48*	-93*	-50*
R2	-10	12*	29*	-62*		48*	76*
PPF	4	-22*	-9	-98*	62*		49*
RTF	-32*	27*	78*	-40*	82*	35*	

^dAP = altura de planta; NF = número de frutos amarrados; R1 = rendimiento en el corte uno; NF1 = número de frutos en el corte uno; R2 = rendimiento en el corte dos; PPF = peso promedio por fruto; RTF = rendimiento total por familia. * = significancia con $\alpha \leq 0.05$.

En el presente trabajo se encontró que las correlaciones genéticas aditivas de altura de planta (AP) con los caracteres rendimiento en el corte uno (R1), corte dos (R2) y rendimiento total por familia (RTF) fueron negativas, lo que indica que familias con plantas de porte bajo son más rendidoras que las familias con plantas de porte alto. Esto concuerda con lo reportado por Peña (1998) en la variedad CHF1-Chapingo donde las plantas de crecimiento rastrero fueron más rendidoras. La correlación de la altura de planta (AP) con el número de frutos amarrados es alta y negativa, lo cual se atribuye a que a mayor longitud de ramas (mayor altura de planta) se tiene una mayor longitud de entrenudos y que por tanto se presenta una menor cantidad de nudos y en consecuencia una menor cantidad de frutos, ya que el tomate de cáscara produce una flor por nudo. Cabe mencionar que la variedad Manzano es más tardía que otras variedades y aunque presenta frutos más grandes, éstos no son de gran peso y, por tanto, la contribución al rendimiento por el tamaño de fruto se ve contrarrestada por su pequeño número.

En cuanto a las correlaciones genéticas aditivas de RTF con los demás caracteres, estas fueron: negativa con AP y positiva con NF, R1, R2 y PPF, por lo que en un contexto de selección temprana indirecta se podría usar como

criterio de selección una altura de planta menor y un mayor número de frutos. Por otro lado, los principales componentes del rendimiento total (RTF) fueron: número de frutos (NF), rendimiento en el corte uno (R1), rendimiento en el corte dos (R2) y peso promedio de fruto (PPF).

CONCLUSIONES

Existe alta variabilidad genética aditiva en la variedad de tomate de cáscara M1-Fitotecnia. La heredabilidad estimada de los siete caracteres estudiados fue alta y fluctuó entre 35.3 y 66.4 %. El coeficiente de variación aditiva fue relativamente alto para los siete caracteres estudiados, y fluctuó entre 9.3 y 46.1 %. El número de frutos amarrados, el peso por fruto y el rendimiento en los cortes uno y dos, fueron los principales componentes del rendimiento total por familia, ya que sus correlaciones genéticas aditivas (ρ_{ga}) con éste fueron las más altas y positivas. Las ρ_{ga} entre el rendimiento total por familia y la altura de planta (-0.32), número de frutos amarrados (0.27), rendimiento en el corte uno (0.78), rendimiento en el corte dos (0.82) y peso por fruto (0.35) fueron altas, positivas y significativas. Las plantas de porte bajo resultaron ser más rendidoras que las de porte alto, ya que las ρ_{ga} de altura de planta con número de frutos amarrados, rendimiento en el corte uno y rendimiento total por familia, fueron altos y negativos. La alta variabilidad genética aditiva en la población estudiada y la heredabilidad de los siete caracteres analizados, permiten señalar la posibilidad de obtener ganancias genéticas importantes en esos caracteres mediante selección.

BIBLIOGRAFÍA

- Betrán F J, A R Hallauer (1996) Characterization of interpopulation genetic variability in three hybrid maize populations. *J. Heredity* 87:319-328.
- Cachón M, H Cuanalo de la C (1976) Suelos del Área de Influencia de Chapingo, México. Chapingo, México. 79 p.
- Escobedo M A (1986) Respuesta a la selección de progenies S1 y familias de medios hermanos en girasol (*Helianthus annuus* L.). Tesis de Maestría en Ciencias. Colegio de Postgraduados. Montecillo, México. 383 p.
- Estrada M A (1977) Selección masal y modificada mazorca por surco en dos variedades de maíz de la raza Zapalote Chico. Tesis de Maestría en Ciencias. Colegio Superior de Agricultura Tropical. Cárdenas, Tabasco, México. 178 p.
- Falconer D S (1984) Introducción a la Genética Cuantitativa. F. Márquez S. (trad) Editorial CECSA. 14° imp. México. 430 p.
- Gardner C O (1961) An evaluation of effects of mass selection and seed irradiation thermal neutrons on yield of corn. *Crop Sci.* (1):241-245.
- García E (1973) Modificaciones al Sistema de Clasificación Climática de Köppen. Instituto de Geografía, UNAM. México, D. F. pp: 132-138.
- Hallauer A R, J B Miranda Fo (1981) Quantitative Genetics in Maize Breeding. First Edition. Iowa State University Press, Ames, Iowa. 468 p.
- Halthaus J F, K R Lamkey (1995) Population means and genetic variances in selected and unselected Iowa Stiff Stalk Synthetic maize populations. *Crop Sci.* 35:1581-1589.
- Knapp S J, W N Ross, W W Stroup (1987) Precision of genetic variance and heritability estimates from sorghum populations. *Crop Sci.* 27:265-268.
- Márquez S F (1985) Genotecnia Vegetal. Tomo I. Métodos, Teoría y Resultados. AGT Editor, S. A. 357 p.
- Márquez-Sánchez F, J Sahagún-Castellanos (1994) Estimation of genetic variances with maternal half-sib families. *Maydica* 39:197-201.
- Méndez R J (1971) Refinamiento de la técnica de selección masal moderna. *Agrociencia* (6):87-97.
- Molina G J D (1992) Introducción a la Genética de Poblaciones y Cuantitativa (algunas implicaciones en genotecnia). AGT Editor. México, D. F. 349 p.
- Mode C J, H F Robinson (1959) Pleiotropism and the genetic variance and covariance. *Biometrics* 15(4):518-537.
- Nyquist W E (1991) Estimation of heritability and prediction of selection response in plant populations. *Critical Reviews in Plant Science* 10(3):235-322.
- Pandey K K (1957) Genetics of self-incompatibility in *Physalis ixocarpa*. *Experientia* 23(10):862.
- Peña L A (1994) Hibridación en tomate de cáscara. In: Programa y Memoria de Resúmenes de la XL Reunión Anual de la Interamerican Society for Tropical Horticulture. 13-19 de noviembre. Campeche, Campeche, México. 67 p.
- Peña L A (1998) Parámetros Genéticos, Respuesta a la Selección y Heterosis en Tomate de Cáscara (*Physalis ixocarpa* Brot.). Tesis de Doctorado. Colegio de Postgraduados, Montecillo, Edo. de México. 151 p.
- Peña L A, F Márquez S (1990) Mejoramiento genético de tomate de cáscara (*Physalis ixocarpa* Brot.). *Rev. Chapingo* 71-72:84-88.
- Robinson H F, R E Comstock, P H Harvey (1951) Genotypic and phenotypic correlations in corn and their implications in selection. *Agron. J.* 43(6):282-287.
- Sahagún C J (1993) Funcionalidad de cuatro modelos para las evaluaciones genotípicas en series de experimentos. *Rev. Fitotec. Mex.* 16:161-171.
- Sahagún C J (1992) El ambiente, el genotipo y su interacción. *Rev. Chapingo* 79-80:5-12.
- Sahagún C J (1997) Apuntes del curso de Genética Cuantitativa. Maestría en Ciencias en Horticultura. Departamento de Fitotecnia, UACh. Chapingo, México.
- Sahagún C J L, J D Molina G, F Castillo G, J Sahagún C (1991) Efecto de la selección masal en las varianzas genéticas de la variedad de maíz ZAC-58. *Agrociencia Serie Fitotecnia* 2(1):65-79.
- Saray M C R, R Loya J (1978) El cultivo de tomate de cáscara en el Estado de Morelos. *Campo* 54(1040):30-38.
- SAGAR (1998) Anuario Estadístico de la Producción Agrícola de los Estados Unidos Mexicanos. 753 p.
- SAS Institute Inc. (1989) SAS/STAT Use'r guide. Versión 6.01. SAS Institute Inc., Cary, N. Y., USA. 479 p.
- Vargas S J E, J D Molina G, T Cervantes S (1982) Selección masal y parámetros genéticos en la variedad de maíz ZAC-58. *Agrociencia* 48:93-106.
- Yamané T (1979) Estadística. Ed. Harla. México, D. F. 771 p.