

RESPUESTAS ESTIMADAS Y OBSERVADAS DE TRES MÉTODOS DE SELECCIÓN EN TOMATE DE CÁSCARA (*Physalis ixocarpa* Brot.)

ESTIMATED AND OBSERVED GENETIC ADVANCES OF THREE SELECTION METHODS IN HUSK TOMATO (*Physalis ixocarpa* Brot.)

Aureliano Peña Lomelí¹*, José D. Molina Galán², Fidel Márquez Sánchez¹, Jaime Sahagún Castellanos¹, Joaquín Ortiz Cereceres² y Tarcicio Cervantes Santana²

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

* Autor responsable

RESUMEN

En tomate de cáscara (*Physalis ixocarpa* Brot.) la selección masal visual estratificada (SMVE) ha sido un método eficiente para incrementar el rendimiento, pero cada vez es más difícil distinguir los mejores individuos en el lote de selección, por lo que es pertinente evaluar métodos más eficientes con el fin de determinar la mejor opción. El objetivo de este estudio fue predecir la respuesta a la selección con los métodos de SMVE, selección familiar de medios hermanos (SFMH) y selección combinada de medios hermanos (SCMH), en la variedad CHF1-Chapingo de tomate de cáscara, y comparar los valores esperados (RE) con sus correspondientes observados (RO). Con una muestra aleatoria de 200 familias de medios hermanos maternos, evaluadas en tres ambientes durante el ciclo primavera-verano de 1995 y 1996, se estimaron los componentes de varianza para estimar las RE de los tres métodos. El primer ciclo de selección de cada método, la variedad CHF1-Chapingo, y seis poblaciones más, se evaluaron en tres ambientes durante el ciclo primavera-verano de 1996. El primer corte fue más importante que el segundo en relación con la respuesta a la selección. Con base en las RE para el carácter rendimiento en el primer corte, la SFMH y la SCMH fueron respectivamente 34 y 18 % superiores a la SMVE. Con base en RO, la SMVE y la SFMH fueron similares en su eficiencia para incrementar el rendimiento total (2.8 y 2.5 %, respectivamente), en tanto que en la SCMH no hubo ganancia en este carácter (0.2 %). La concordancia entre RE y RO fue alta (> 90 %) para la SMVE y baja (< 30 %) para la SCMH.

Palabras clave: *Physalis ixocarpa* Brot., tomatillo, selección masal, selección familiar, selección combinada, medios hermanos.

SUMMARY

Mass selection in husk tomato (*Physalis ixocarpa* Brot.) has been efficient to increase yield, but it is becoming harder to recognize the best plants in a selection plot; it is then convenient to prove another selection methods to choose the most efficient and practical one. In this work it was estimated the expected genetic advances (EGA) accomplished by mass selection (MS), half-sib families selection (HSFS) and combined half-sib selection (CHSS) in the CHF1-Chapingo variety, and to compare them with their respective observed genetic advances (OGA). The EGA was estimated based on a random sample of 200 maternal half-sib families evaluated in three environments during the Spring-Summer cycle of 1995 and 1996. The first selection cycle of each method, the CHF1-Chapingo variety, and six more populations, were evaluated in three environments during the Spring-

Summer cycle of 1996. The results showed that the first harvest is more important than the second one in relation to the genetic advance. Based on the EGA, the HSFS method was the most efficient and the MS was the least efficient, being HSS and CHSS better than MS in 34 and 18 %, respectively, in the first harvest yield. MS and HSFS were equally efficient in relation to OGA for increasing total yield (2.8 and 2.5 %, respectively), while CHSS was inefficient. There was a high (> 90 %) concordance between EGA and OGA in MS, but it was low (> 30 %) in CHSS.

Index words: *Physalis ixocarpa* Brot., tomatillo, mass selection, half-sib families selection, combined half-sib selection.

INTRODUCCIÓN

El tomate de cáscara (*Physalis ixocarpa* Brot.) tiene importancia nacional, por que se cultiva en 27 de los 32 estados de la República Mexicana y sólo cuatro hortalizas lo superan en superficie: papa (*Solanum tuberosum*), jitomate (*Lycopersicon esculentum* Mill.), chile (*Capsicum annum*) y cebolla (*Allium cepa* L.). El incremento en la superficie cosechada se inició principalmente en la década de los setentas, debido a un aumento significativo en el consumo *per capita* a nivel nacional (3.5 kg actualmente) así como a la exportación hacia los Estados Unidos de Norteamérica y Canadá, principalmente, a partir de la década de los ochentas. La situación anterior ha motivado cambios significativos en la distribución del cultivo; por ejemplo, el Estado de Sinaloa, que no producía tomate de cáscara hasta antes de los ochentas, en 1993 fue el principal productor. El rendimiento promedio nacional de 11.49 t .ha⁻¹ en 1993 es bajo en relación con su potencial productivo, que se estima en 40 t .ha⁻¹ (Peña *et al.*, 1997), lo que indica que es indispensable incrementar tanto la investigación básica como la tecnológica en este cultivo.

No obstante que el tomate de cáscara es originario de México su mejoramiento genético ha sido limitado, y a la fecha sólo existen dos variedades mejoradas (Rendidora y

CHF1-Chapingo), aunque hay numerosas variedades nativas que los propios productores usan y conservan, y otras que las compañías semilleras han incrementado y comercializado (Saray *et al.*, 1978; Peña *et al.*, 1997). La especie se caracteriza por ser gaméticamente autoincompatible y, por tanto, alógama obligada (Pandey, 1957). Por ello la selección masal visual estratificada (SMVE), la selección familiar de medios hermanos (SFMH) y la selección combinada de medios hermanos (SCMH), son los métodos genotécnicos apropiados para su mejoramiento, aunque la formación de híbridos mediante el uso de líneas dihaploides, obtenidas por cultivo de anteras, puede tener también potencial (Peña y Márquez, 1990).

En una especie alógama donde no se ha realizado mejoramiento genético en gran escala, la SMVE es en primera instancia un buen método para obtener avances significativos, sobre todo en caracteres con alta variabilidad genética y heredabilidad. Después es recomendable utilizar métodos que involucren la evaluación de algún tipo de progenie si la variabilidad genética es reducida (Hallauer, 1985). La selección recurrente exitosa debe cambiar la estructura de la variabilidad genética de la población a la que se aplica, por lo que es pertinente estimar periódicamente sus parámetros genéticos con el fin de, en su caso, diseñar estrategias para mantener o aumentar el avance genético (Hallauer y Miranda, 1981). En tomate de cáscara, con la SMVE se ha reducido la varianza aditiva (Pérez-Grajales *et al.*, 1996), y con ello resulta más difícil seleccionar a los mejores individuos. Es pertinente entonces evaluar otros métodos de selección con el fin de identificar los más eficientes y prácticos. Con base en lo anterior, el objetivo del presente trabajo fue comparar la respuesta observada con la respuesta estimada de los métodos de SMVE, SFMH y SCMH en la variedad CHF1-Chapingo. En consistencia con el análisis previo, la hipótesis de trabajo fue que la respuesta más baja, tanto observada como estimada, se obtiene con la SMVE.

La explicación de la respuesta a la selección es el incremento de las frecuencias génicas de los alelos favorables para la mayor o menor expresión de un carácter, cuyo efecto principal es un cambio en la media y en los componentes de varianza genética de la población (Falconer, 1986). Hay dos formas básicas para calcular las respuestas teóricas de las diferentes metodologías de selección: una sustentada en la covarianza entre las frecuencias génicas efectivas y los valores genotípicos de las unidades de selección (Empig *et al.*, 1972), y otra basada en las covarianzas entre parientes, los correspondientes a las unidades de selección y a las diferentes formas del tipo de cultivar que se desea desarrollar, que fueron dadas inicialmente por R. Fisher en 1918 y por S. Wright en 1921, y desarrolla-

das por C. Cockerham, O. Kempthorne y D. S. Falconer (Hallauer y Miranda, 1981).

Existen al menos 19 métodos de selección recurrente propuestos para el mejoramiento de especies vegetales, de los cuales la selección masal y la selección mazorca por surco son los más antiguos. Tales métodos se basan fundamentalmente en la selección de los mejores individuos, de las mejores familias, o de los mejores individuos dentro de las mejores familias de una población (Márquez, 1980; Hallauer, 1985; Nyquist, 1991). La selección masal estratificada (Gardner, 1961), el método de mazorca por surco (Hopkins, citado por Sprague, 1955), correspondiente a la SFMH, y el método de mazorca por surco modificado (Lonnquist, 1964), correspondiente a la SCMH, son quizás los métodos más fáciles, rápidos y baratos para el mejoramiento genético de las especies alógamas, además de ser los más recomendables para el tomate de cáscara (Peña y Márquez, 1990).

En tomate de cáscara no hay estudios que comparen las respuestas a la SMVE, SFMH y SCMH. En maíz (*Zea mays* L.) existen muchos resultados que indican que la respuesta observada promedio para rendimiento es de 3.34, 10.9 y 5.49 %, respectivamente (Hallauer y Miranda, 1981). En el mismo sentido, Márquez (1980) encontró que la respuesta esperada por ciclo de la SFMH es 35 % mayor que la de SMVE y ésta 4 % mayor que la de SCMH, considerando una población hipotética con un grado de dominancia de 1.3, frecuencias génicas de 0.5 y heredabilidad de 0.2. Por otro lado, Gallais (1993), mediante un estudio teórico de la eficiencia de diferentes métodos de selección, encontró que la SMVE es más eficiente que la SFMH en muchas situaciones donde no se cuenta con un campo de invierno para la recombinación, y no necesariamente en caracteres de alta heredabilidad.

Los resultados presentados son contradictorios y, entre otras razones, la explicación pudiera estar en función de los tipos de población considerados en cada caso, la magnitud de la heredabilidad, las relaciones de varianzas fenotípicas, las intensidades de selección, los ambientes de selección y evaluación, la magnitud e importancia relativa de la varianza aditiva respecto a la de dominancia, la interacción genotipo ambiente, la precisión de las estimaciones, el tamaño efectivo de las poblaciones y el equilibrio genético (Nyquist, 1991; Molina, 1992; Sahagún, 1995).

MATERIALES Y MÉTODOS

Estimación de respuestas esperadas a la selección

La población estudiada fue la variedad de tomate de cáscara CHF1-Chapingo, obtenida de la variedad Rendidora mediante cinco ciclos de selección masal y uno de selección familiar de medios hermanos (Peña *et al.*, 1997). La variedad CHF1-Chapingo se estableció por trasplante en el Campo Agrícola Experimental de la Universidad Autónoma Chapingo, Chapingo, Edo. de Méx., en el ciclo primavera-verano de 1994 bajo condiciones de riego, de la cual se derivaron en forma aleatoria y mediante polinización libre las 200 familias de medios hermanos maternos (FMHM) que fueron la base del presente estudio. Las 200 FMHM se evaluaron en el ciclo primavera-verano en tres ambientes del Estado de México: Chapingo 1995 (CH95), Tecamac 1995 (TE95) y Chapingo 1996 (CH96), con un diseño experimental de bloques completamente al azar con dos repeticiones por ambiente. Los experimentos se establecieron por trasplante en las fechas 06/04/95, 11/04/95 y 28/03/96 para CH95, TE95 y CH96, respectivamente. La unidad experimental estuvo constituida por un surco de 22 plantas, separadas a 0.3 m entre ellas y 1 entre surcos.

Los caracteres estudiados fueron: altura a la primera bifurcación del tallo (APB), en cm; altura total de planta (ATP), en cm; longitud de la rama principal (LRP), en cm, medida desde la primera bifurcación hasta el fin de la rama; número de frutos amarrados (NFA), considerado como el número de flores que desarrollaron cáliz y tiraron la corola. Estos cuatro caracteres fueron medidos en 20 plantas por unidad experimental 40 días después del trasplante, al momento de realizar la segunda escarda, y están expresados en promedio por planta. En cada uno de los tres experimentos se realizaron dos cortes de fruto: el primero a los 71, 73 y 76 días después del trasplante y el segundo a los 18, 20 y 21 días después del primero para CH95, TE95 y CH96, respectivamente. Los caracteres cuantificados en cada corte de fruto fueron: peso (g) promedio por fruto en los cortes uno (PF1) y dos (PF2) y promedio de ambos cortes (PPF), se hicieron en una muestra de un kilogramo de fruto por unidad experimental; rendimiento de fruto en gramos por planta en los cortes uno (RC1) y dos (RC2) y total por planta (RTP); y número de frutos por planta en los cortes uno (FP1) y dos (FP2) y totales por planta (FTP), cuyo cálculo se hizo dividiendo el rendimiento por planta entre el peso promedio por fruto correspondiente.

Para la estimación de los componentes de varianza se utilizó la estructura de FMHM (Márquez-Sánchez y Sahagún-Castellanos, 1994). El análisis de varianza correspondiente al modelo aleatorio que representa la evaluación de

f familias (F) en a ambientes (A) y r repeticiones en cada ambiente (R/A) para datos promedio por parcela, se presenta en el Cuadro 1, donde también se presenta el error de muestreo de una muestra aleatoria de 40 FMHM donde se realizaron mediciones individuales con el fin de estimar la varianza fenotípica dentro de familias (Márquez, 1985; Nyquist, 1991; Sahagún, 1993), aunque no fue posible obtener datos individuales en los caracteres PF2, FP2 y RC2 (y por consecuencia tampoco en PPF, FTP y RTP), debido a que en el segundo corte fue difícil identificar los frutos de cada planta, pues muchos ya se habían desprendido y el traslape natural de ramas no permitió ubicar su planta de origen. Las estimaciones se realizaron suponiendo meiosis normal, dos alelos por locus, equilibrio Hardy-Weinberg de la población, equilibrio de ligamiento y ausencia de epistasia. Las varianzas y sus estimadores fueron: aditiva, $\sigma_A^2 = 4 [(M1-M2)/ar]$; fenotípica dentro de familias, $\hat{\sigma}_W^2 = M4$; fenotípica entre familias, $\sigma_{PB}^2 = M1/ar$; ambiental entre parcelas, $\sigma_{BE}^2 = M3 - M4/n$; de interacción AxF, $\sigma_{AF}^2 = (M2-M3) / r$; y fenotípica entre individuos, $\sigma_P^2 = \sigma_F^2 + \sigma_{AF}^2 + \sigma_{BE}^2 + \sigma_W^2$.

Las respuestas absolutas (RA) esperadas para SMVE, SFMH y SCMh se estimaron con las fórmulas: $R_{SMVE} = i (\sigma_A^2 / 2) / \sigma_P$, $R_{SMH} = i_b (\sigma_A^2 / 4) / \sigma_{PB}$ y $R_{SCMH} = [i_b (\hat{\sigma}_A^2 / 8) / \sigma_{PB}] + [i_w (3 \sigma_A^2 / 8) / \sigma_{PW}]$. Las intensidades de selección (i) fueron: para individuos como unidades de selección, $i = 2.063$, correspondiente a una presión de selección (p_i) de 5 %; familias como unidades de selección, $i_b = 1.4$, con $p_b = 20$ %; e individuos dentro de familias, $i_w = 1.271$, con $p_w = 25$ %. Las respuestas relativas se calcularon como porcentaje de RA respecto a la media de la población de familias (Márquez, 1985; Falconer, 1986; Nyquist, 1991).

En el compuesto mecánico balanceado (CMB), integrado con un gramo de semilla de cada FMHM, se hizo un ciclo de selección masal visual estratificada (SMVE) en Chapingo, Méx., en el ciclo primavera-verano de 1995 (se trasplantó el 05/04/95). El lote estuvo constituido por 40 sublotos de 110 plantas cada uno y la selección se realizó al momento del primer corte (70 días después del trasplante), considerando sólo plantas sanas, no erectas y con al menos 30 frutos comercialmente maduros (Peña y Márquez, 1990). La presión de selección fue de 5 % y con el material obtenido se formó un CMB de SMVE. Con las mismas 200 FMHM utilizadas para la estimación de los componentes de varianza se estableció un lote aislado de selección en San Juan, Chapingo, Méx. (08/04/95), en el cual se pre-seleccionaron las mejores 10 plantas de cada familia (sanas, con competencia y vigorosas) a los 65 días

Cuadro 1. Análisis de varianza para *a* ambientes (A), *r* repeticiones por ambiente (R) y *f* familias (F), con datos promedio hasta Ee e individuales para Em.

FV	GL	CM	E(CM)	$F_c (H_0: \sigma_{FV}^2 = 0)$
A	a-1	C1	$\sigma_e^2 + r \sigma_{AF}^2 + f \sigma_{R/A}^2 + rf \sigma_A^2$	$(C_1 + M_3)/(C_2 + M_2)$
R/A	a(r-1)	C2	$\sigma_e^2 + f \sigma_{R/A}^2$	C_2 / M_3
F	f-1	M1	$\sigma_e^2 + r \sigma_{AF}^2 + ar \sigma_F^2$	M_1 / M_2
AF	(a-1)(f-1)	M2	$\sigma_e^2 + r \sigma_{AF}^2$	M_2 / M_3
Ee	a(r-1)(f-1)	M3	$\sigma_e^2 = \sigma_{BE}^2 + \sigma_w^2 / n$	
Em	arf(n-1)	M4	σ_w^2	

FV = fuentes de variación; GL = grados de libertad; CM = cuadrados medios; E(CM) = esperanzas de cuadrados medios con todos los factores aleatorios; F_c = cálculo de F para la hipótesis de que la varianza de la fuente de variación (σ_{FV}^2) es igual a cero; Ee = error experimental con $a = 3$, $r = 2$ y $f = 200$; Em = error de muestreo con $a = 3$, $r = 2$, $f = 40$ y $n = 20$.

Cuadro 2. Estimadores de varianzas aditiva (σ_A^2), fenotípica de individuos (σ_P^2), fenotípica entre familias (σ_{PB}^2), fenotípica dentro de familias (σ_{PW}^2), y res-puesta esperada a la selección masal (R_{SMVE}).

Carácter ¹	Parámetros estimados							
	Media	σ_A^2	σ_P^2	σ_{PB}^2	σ_{PW}^2	R_{SMVE}	R_{SMH}	R_{SCMH}
APB	6.3	1.46	6.56	0.68	4.78	0.59	0.62	0.63
ATP	37.3	12.77	58.01	6.77	34.18	1.73	1.72	1.90
LRP	41.9	11.84	57.19	6.88	31.07	1.62	1.58	1.80
NFA	8.4	4.20	16.20	1.95	10.62	1.08	1.05	1.14
PF1	38.6	27.51	108.36	13.31	69.88	2.73	2.64	2.89
PF2	25.8	9.55		6.35			1.33	
PFP	32.2	13.99		6.63			1.90	
FP1	21.2	24.58	120.47	10.65	91.66	2.31	2.64	2.54
FP2	18.3	18.12		11.09			1.90	
FTP	39.5	34.54		18.53			2.81	
RC1	797.2	19959.66	146887.27	9444.94	120542.54	53.72	71.88	63.34
RC2	498.5	12652.65		8517.95			47.98	
RTP	1295.7	18179.28		12104.32			57.83	

¹APB = Altura a la primera bifurcación; ATP = Altura total de planta; LRP = Longitud de rama principal, expresados en cm; NFA = Número de frutos amarrados; PF1 = Peso por fruto en el corte uno; PF2 = Peso por fruto en el corte dos; PFP = Peso por fruto promedio, expresados en g; FP1 = Frutos por planta en el corte uno; FP2 = Frutos por planta en el corte dos; FTP = Frutos totales por planta; RC1 = Rendimiento en el corte uno; RC2 = Rendimiento en el corte dos; RTP = Rendimiento total por planta, expresados en g.

después del trasplante, eliminándose del lote las plantas no seleccionadas. Las 10 plantas pre-seleccionadas se cosecharon al final del ciclo del cultivo (96 días después del trasplante) y posteriormente, con base en las evaluaciones de las 200 FMHM en las localidades CH95 y TE95, se seleccionaron las cinco plantas de mayor peso de fruto ($p_w = 25\%$) en cada una de las 40 familias de mayor rendimiento total ($p_b = 20\%$). Con un gramo de semilla de cada una de las 200 plantas así seleccionadas se integró el CMB de selección combinada de medios hermanos (SCMH). Con la semilla remanente de las 40 familias de mayor rendimiento se estableció un lote aislado de recombinación (20/09/95) en el Campo Experimental Zacatepec, Mor. del Instituto

Nacional de Investigaciones Forestales Agrícolas y Pecuarias, constituyendo la semilla ahí cosechada el compuesto de primer ciclo de selección familiar de medios hermanos (SFMH), con una presión de selección total de 20 %.

Los tres compuestos derivados de la selección, la variedad CHF1-Chapingo y seis más, se evaluaron en tres ambientes del Estado de México (Chapingo = CH, Santa Lucía = SL y San Juan = SJ) en el ciclo primavera-verano de 1996. Las fechas de trasplante fueron el 8, 9 y 10 de abril, respectivamente para CH, SL y SJ. Se usó un diseño experimental de bloque completos al azar con cuatro repeticiones y unidades experimentales de dos surcos.

En todos los lotes de evaluación, selección y recombinación se usaron surcos de 6.3 m de largo por uno de anchura, trasplantándose una planta cada 30 cm, bajo riego. Los caracteres medidos en los lotes de evaluación de familias, descritos antes, y de compuestos de selección fueron los mismos. La respuesta observada a la selección con cada método se calculó como porcentaje con respecto a la variedad CHF1-Chapingo.

RESULTADOS Y DISCUSIÓN

Estimación de respuestas esperadas a la selección

En el Cuadro 2 se presentan los valores estimados de los parámetros necesarios para predecir la respuesta en el primer ciclo de selección, así como la respuesta esperada de la SMVE, SFMH y SCMH.

Como se mencionó antes, sólo fue posible estimar σ^2_P y σ^2_{PW} en siete de los trece caracteres estudiados, por lo que para los seis restantes no se estimaron la R_{SMVE} y la R_{SCMH} . Lo anterior se debió a que en el segundo corte no fue posible realizar la cosecha individual de las familias tomadas como muestra, ya que al final del ciclo del cultivo las plantas presentaron un mayor entrelazamiento de ramas y caída de frutos a causa de la senescencia tanto natural como inducida por el daño mecánico producido durante el primer corte (Peña *et al.*, 1997). Así, de los siete caracteres donde fue posible comparar la respuesta esperada de los tres métodos, sólo en RC1 parece haber diferencias importantes, en donde la SMVE fue el método menos eficiente, seguido de la SCMH (118 % respecto a SMVE = 100 %), y la SFMH el método más eficiente (134 % respecto a SMVE). Este resultado concuerda con lo reportado por Hallauer y Miranda (1981) en relación con las respuestas promedio por ciclo obtenidas por diferentes investigadores en maíz, y también con lo esperado según Márquez (1980), excepto para la SCMH que se esperaba fuese casi igualmente eficiente que la SMVE. Considerando que en ambos métodos se utilizó la misma presión de selección (5 %) y la misma $\hat{\sigma}_A^2$, la discrepancia podría deberse a la gran diferencia entre σ^2_P y σ^2_{PB} , lo que ocasiona una alta R_{SCMH} entre familias (35.94) que incluso fue mayor que la R_{SCMH} dentro de familias (27.4), debido esto último también a que σ^2_{PW} fue 12.8 veces mayor que σ^2_{PB} , por contener la primera una alta varianza ambiental (σ^2_{WE}) asociada con la heterogeneidad intraparcelar del suelo, y a que es realmente difícil que cada individuo tenga el mismo ambiente intraparcelar (Sahagún, 1995).

El análisis de la R_{SMH} permite establecer que los caracteres del primer corte (PF1, FP1 y RC1) presentan mayor respuesta esperada que sus correspondientes en el segundo

corte, e incluso que PFP y RTP (Cuadro 2), lo que se debe a que presentan también mayor $\hat{\sigma}_A^2$. Se puede decir entonces que el primer corte en tomate de cáscara es el más importante en relación con la respuesta a la selección, por lo que la comparación de la respuesta esperada de los tres métodos estudiados con base en este carácter permite concluir que la SMVE es menos eficiente que la SFMH y la SCMH, resultado que es acorde con la hipótesis planteada al respecto. La SFMH fue el método más eficiente; sin embargo, presenta la desventaja de requerir dos ciclos agrícolas por ciclo de selección, por lo que para realizar un ciclo por año (igual que la SMVE y la SCMH) se requiere hacer la recombinación en el ciclo agrícola otoño-invierno, exigencia relativamente fácil de satisfacer toda vez que el tomate de cáscara normalmente se produce comercialmente en ambos ciclos, aunque en estaciones diferentes.

Comparación de respuestas esperadas y observadas a la selección

La comparación de las repuestas porcentuales esperadas (Cuadro 3) a la SMVE, SFMH y SCMH confirma la conclusión establecida anteriormente al comparar las respuestas esperadas absolutas (Cuadro 2), en el sentido de que al menos para RC1 la SFMH es más eficiente que la SCMH (1.1 % respecto a la media de la población) y que la SMVE (2.3 %); en tanto que la SCMH es más eficiente que la SMVE (1.2 %); estas tendencias se cumplen también para FP1. Las diferencias entre los métodos son relativamente pequeñas, pero debe tenerse en cuenta que la respuesta observada frecuentemente en la SMVE en maíz es de 2 a 4 % (Hallauer, 1985). Aplicar la SFMH en lugar de la SMVE parece razonable, aunque los tres métodos presentan una respuesta esperada (RE) alta. Por otro lado, la RE para APB y NFA es alta, por lo que sería conveniente hacer selección indirecta con base en estos caracteres, previa comprobación de su valor como criterios indirectos, y haciendo dos o más ciclos de selección.

En relación con la respuesta observada (RO) en los tres métodos estudiados (Cuadro 3), la SMVE produjo cambios importantes ($-2 \% \geq RO \geq 2 \%$) en APB, NFA, FP2, FTP, PF2, PFP, FP1, RC1 y RTP, en donde redujo a los cuatro primeros caracteres e incrementó a los cinco últimos. La reducción en la expresión de los caracteres señalados puede ser debida a los criterios empleados para hacer la selección, que fueron alto número de frutos llenos al momento del primer corte (que conduce a plantas más precoces) y plantas no erectas, relacionadas éstas con mayor APB; la selección de plantas con un alto número de frutos al primer corte explica también el cambio alto y positivo en FP1 y RC1. El cambio positivo en PF2 y PFP tiene relación con

Cuadro 3. Respuestas (%)¹ estimada (RE) y observada (RO) a la selección masal visual estratificada (SMVE), familiar de medios hermanos (SFMH) y combinada de medios hermanos (SCMH) de 13 caracteres de tomate de cáscara.

Carácter ²	SMVE		SFMH		SCMH	
	RE	RO	RE	RO	RE	RO
APB	9.4	-2.4	9.8	-12.2	10.0	-26.8
ATP	4.6	0.0	4.6	-1.2	5.1	3.4
LRP	3.9	0.0	3.8	0.0	4.3	5.6
NFA	12.8	-7.1	12.5	-1.6	13.6	-11.1
PF1	7.1	0.8	6.8	-1.9	7.5	-5.7
PF2		12.0	5.1	-3.7		-4.0
PFP		6.0	5.9	-2.7		-5.1
FP1	10.9	10.6	12.4	6.9	12.0	3.7
FP2		-10.7	10.4	7.5		8.7
FTP		-2.0	7.1	7.0		6.3
RC1	6.7	7.3	9.0	3.7	7.9	-2.6
RC2		-1.3	9.6	1.4		2.7
RTP		2.8	4.5	2.5		0.2

¹Respecto a la población base correspondiente. ²APB = Altura a la primera bifurcación; ATP = Altura total de planta; LRP = Longitud de rama principal; NFA = Número de frutos amarrados; PF1 = Peso por fruto en el corte uno; PF2 = Peso por fruto en el corte dos; PFP = Peso por fruto promedio; FP1 = Frutos por planta en el corte uno; FP2 = Frutos por planta en el corte dos; FTP = Frutos totales por planta; RC1 = Rendimiento en el corte uno; RC2 = Rendimiento en el corte dos; RTP = Rendimiento total por planta.

la reducción de FP2 y FTP, al igual que el pequeño cambio en PF1 la tiene con el alto cambio ocasionado en FP1, ya que a mayor número de frutos por planta el peso y tamaño de cada uno de éstos es menor, y viceversa (Peña *et al.*, 1997). La respuesta obtenida en FP1 y en RC1 fue consistente con la obtenida para un corte en promedio de tres (10.1 %) y seis (7.9 %) ciclos de selección en la variedad Rendidora (Martínez y Ortiz, 1992; Pérez-Grajales *et al.*, 1996), lo que puede indicar que la heredabilidad de dichos caracteres es alta, como señala Peña (1998). Finalmente, la respuesta obtenida en RTP fue de 2.8 %, lo que además de indicar que el proceso de selección fue efectivo, también confirma que la selección indirecta hecha con base en el primer corte también fue efectiva para incrementar el RTP.

La SFMH redujo la expresión de los caracteres APB, PF1, PF2 y PFP e incrementó la de FP1, FP2, FTP, RC1 y RTP. Para este método el criterio fue seleccionar las 40 familias de mayor RTP, por lo que estos resultados podrían explicarse por la alta correlación genética aditiva existente entre RTP y FP1, FP2, FTP, RC1, RTP y APB, negativa con éste último y baja con PF1, PF2 y PFP; además, la selección con base en RTP produjo un cambio importante en RC1 pero no en RC2, lo que posiblemente se debe también a que la correlación genética aditiva con el primer carácter es el doble que con el segundo (Peña, 1998). La SFMH fue efectiva para mejorar FP1, FP2 y FTP e incrementar RC1 y RTP en 3.7 y 2.5 %, respectivamente; valores muy inferiores a éstos obtuvieron Smith y Brunson en 1925 (citados por Hallauer y Miranda, 1981) en promedio de 10 ciclos de SFMH para rendimiento de maíz (10.9 %), aunque comparables con los reportados (2.5 %) por Wehner y Cramer (1996) en promedio de 10 ciclos de SFMH en tres poblaciones y cinco caracteres de

pepino (*Cucumis sativus* L.), donde en promedio de las tres poblaciones obtuvieron avances de 6.3 % para precocidad y 2.0 % para rendimiento. Los primeros investigadores utilizaron una presión de selección (ps) de 20 % y los segundos de 12 % (24 de 200 FMHM en los siete primeros ciclos y 40 de 335 en los tres últimos), aunque éstos últimos utilizaron poblaciones integradas por recombinación de materiales mejorados. En el presente trabajo se usó 20 % de ps, por lo que una posibilidad para mejorar la R_{SFMH} es incrementar la ps a 10 %, como lo establece Márquez (1985), aunque se correría el posible riesgo de la endogamia, que en tomate de cáscara pudiera ser alto por ser alógama obligada.

La SCMh produjo cambios en todos los caracteres, excepto en RTP. En este método se seleccionaron las 40 familias de mayor RTP y dentro de éstas las cinco plantas también de mayor RTP. Cabe mencionar que la eliminación de las plantas no seleccionadas en cada familia ocasionó que las plantas seleccionadas tuvieran mayor espaciamiento, lo que pudo causar la selección de plantas tardías (de las 10 pre-seleccionadas se seleccionaron las cinco de mayor peso de fruto) y por ende modificar el rendimiento en la dirección no requerida, al evaluar el material a la densidad de población comercial. Esto parece tener sentido si se observa la RO en RC1 y RC2, que es de la misma magnitud pero de signo contrario, lo que indica que la población seleccionada fue tardía y que la selección con base en RC2 posiblemente no sea efectiva para incrementar RTP, ya que prácticamente no hubo respuesta. Con estos argumentos, los resultados podrían ser explicados también en función de la correlación genética aditiva, pues entre RC2 y RC1 ésta es negativa y entre RC2 y RTP es positiva pero relativamente baja (Peña, 1998).

El material seleccionado en la SCMH fue tardío por la forma de selección, aspecto que pudo ocasionar la baja efectividad de este método. Vale la pena aclarar que el criterio de selección empleado fue necesario, toda vez que el lote para la selección intrafamiliar se estableció simultáneamente con los experimentos de evaluación para la selección interfamiliar, y no era posible saber cuáles serían las mejores familias, por lo que era pertinente garantizar tanto la individualidad de las plantas de cada familia como que su semilla fuera viable. Otra posible explicación de la baja efectividad de la SCMH para incrementar el RTP puede ser la endogamia generada por el apareamiento preferencial entre medios hermanos, ya que en sentido estricto este método en tomate de cáscara (Peña y Márquez, 1990) no corresponde al clásico de selección modificada mazorca por surco en maíz (Lonnquist, 1964; Paterniani, 1967; Webel y Lonnquist, 1967), también conocido como selección combinada de medios hermanos (Márquez, 1980), pues en tomate de cáscara es prácticamente imposible emasculiar todas las flores de cada planta en cada una de las familias y garantizar que sean fecundadas por polen del compuesto utilizado como macho, a menos que la polinización sea manual, labor complicada también. Al respecto de la endogamia, Márquez (1994) señala que su efecto en la selección recurrente en maíz es mínimo, aunque en tomate de cáscara habría que comprobarlo. Otra explicación, posiblemente más plausible, está relacionada con la importancia de σ^2_{WE} , que desafortunadamente no fue posible separar de σ^2_{PW} , ya que es difícil dar a cada planta el mismo ambiente intraparcelar y con esto maximizar la respuesta dentro de familias (Sahagún, 1995), que como ya se dijo en el punto anterior, fue menor a la respuesta interfamiliar esperada.

Haciendo un resumen del análisis de las RO obtenidas con cada método, se puede decir que tanto la SMVE como la SFMH fueron igualmente eficientes para incrementar el RTP y que la SCMH no lo fue, con valores de 2.8 y 2.5 %, respectivamente para los dos primeros métodos. Estas respuestas son de un orden de magnitud similar a las obtenidas en maíz por otros fitomejoradores, pero difieren de lo esperado teóricamente en el sentido de que la SFMH debiera ser más eficiente que la SMVE (Márquez, 1980); ello pudo deberse tanto a la baja **ps** utilizada como a una posible inadaptación provocada por la recombinación hecha en un clima cálido, donde pudo haber ocurrido selección gamética.

Un punto que queda por analizar es el de la concordancia entre la RE y la RO en cada método (Cuadro 3). Para tal fin sólo se discutirán los caracteres frutos por planta y rendimiento, que fueron los principales criterios de selección. La SMVE presentó una concordancia muy buena en FP1 y RC1, lo cual pudiera indicar que el proceso de se-

lección con base en estos caracteres fue bien hecho. La concordancia en la SFMH fue muy buena para FTP (más de 90 % de RO respecto a RE), buena para FP2 (entre 66.6 y 90 %), regular para FP1, RC1 y RTP (entre 33.3 y 66.6 %) y mala para RC2 (menor a 33.3 %), por lo que puede decirse que en general fue de regular a buena, tal vez debido a la posible inadaptación señalada anteriormente. En cuanto a la SCMH, la correspondencia fue mala para FP1 y no existió en RC1, situación atribuible a las causas referidas en el análisis de este método, aunque fue buena para ATP y LRP, hecho que sugiere también que efectivamente se seleccionaron plantas tardías, pues estos caracteres están asociados con plantas grandes y, por tanto, de mayor ciclo biológico.

De manera general, se encontró que la SMVE presentó el mejor ajuste entre la respuesta observada y la esperada; en tanto que la SCMH practicada no cumplió con las expectativas para RTP, RC1 y FP1, aunque sí para ATP, LRP, FP2, FTP y RC2; la SFMH ocupó una situación intermedia. Los resultados indican que es de esperarse mayor eficiencia con la SFMH que con la SMVE, lo cual podría confirmarse si se incrementara la **ps** y se utilizara un ambiente sin restricciones para la recombinación, con un clima en el ciclo otoño-invierno semejante al del ciclo primavera-verano de un clima templado, para reducir el problema de la interacción genotipo ambiente, además de considerar no sólo el RTP de las familias sino también su comportamiento en el primer corte.

No obstante, la consistencia presentada por la SMVE sugiere que es un buen método para el mejoramiento del tomate de cáscara, con la ventaja de ser el más fácil, rápido y barato (aunque tiene la desventaja de ser menos eficiente si se hace en un solo lugar y la interacción genotipo ambiente es importante); por ello, no sería recomendable dejar de usarla, sobre todo si se mejora haciendo selección convergente-divergente o ajuste de datos (Molina, 1983), a menos que se encontrara una localidad con un clima en el ciclo otoño-invierno similar al del ciclo primavera-verano de un clima templado, para hacer la recombinación en la SFMH, en cuyo caso la eficiencia de la SMVE sería menor para caracteres con heredabilidad media entre 0.1 y 0.4 o baja menor a 0.1 (Gallais, 1993).

CONCLUSIONES

Bajo las condiciones en que se realizó el presente trabajo y basándose en los resultados obtenidos y la discusión de los mismos, se concluye que el primer corte es más importante que el segundo en relación con la respuesta a la selección y que por ello es un buen criterio de selección indirecta para incrementar el rendimiento total. La respuesta esperada en las metodologías de selección masal

visual estratificada (SMVE), selección familiar de medios hermanos (SFMH) y selección combinada de medios hermanos (SCMH), fue alta en los caracteres altura a la primera bifurcación (≥ 9.4 %) y número de frutos amarrados (≥ 12.5 %), por lo que estos caracteres podrían ser usados como criterios de selección indirecta. Con base en la respuesta esperada, la SFMH resultó ser el método más eficiente y la SMVE el menos eficiente, ya que en el rendimiento del primer corte la SFMH y la SCMH fueron 34 y 18 % superiores a la SMVE, respectivamente. Con base en la respuesta observada en el primer ciclo de selección de cada método, la SMVE y la SFMH fueron igualmente eficientes para incrementar el rendimiento total (2.8 y 2.5 %, respectivamente) y la SCMH no lo fue. La SMVE presentó alta concordancia (> 90 %) entre la respuesta observada y la esperada en los caracteres usados como criterios de selección, lo que demuestra que es un buen método para el mejoramiento del tomate de cáscara, en contraste con la SCMH que ocupó el último lugar al respecto.

BIBLIOGRAFÍA

- Empig L T, C O Gardner, W A Comptom (1972)** Theoretical gains for different population improvement procedures. MP 26. University of Nebraska, College of Agriculture. 22 p.
- Falconer D S (1986)** Introducción a la Genética Cuantitativa. F. Márquez S. (trad.). Editorial CECSA. 2a. Edición. México. 383 p.
- Gallais A (1993)** Fields of efficiency of breeding methods for *per se* value or combining ability in plant breeding. Agronomie 13: 467-480.
- Gardner C O (1961)** An evaluation of effects of mass selection and seed irradiation with thermal neutrons on yield of corn. Crop Sci. 1: 241-245.
- Hallauer A R (1985)** Compendium of recurrent selection methods and their application. Critical Rev. Plant Sci. 3: 1-33.
- _____, **J B Miranda Fo (1981)** Quantitative Genetics in Maize Breeding. Iowa State University Press, Ames, Iowa. 468 p.
- Lonnquist J H (1964)** A modification of the ear-to-row procedure for the improvement of maize populations. Crop Sci. 4: 227-228.
- Martínez G A, D Ortiz H (1992)** Mejoramiento Genético de tomate de cáscara (*Physalis ixocarpa* Brot.). In: Memoria del XIV Congreso Nacional de Fitogenética. 4-9 de octubre. Tuxtla Gutiérrez, Chis., México. p. 510.
- Márquez S F (1980)** Sistemas de selección combinada, familiar e individual en el mejoramiento genético del maíz (*Zea mays* L.). Fitotecnica 4: 3-83.
- _____, **(1985)** Genotecnia Vegetal: Métodos - Teoría - Resultados. Tomo I. AGT Editor. 1a. Edición. México, D. F. 359 p.
- _____, **(1994)** Problemas con líneas endogámicas. V. Varianzas genéticas y respuesta a la selección bajo autofecundación. Revista Fitotec. Mex. 17: 126-137.
- _____, **J Sahagún-Castellanos (1994)** Estimation of genetic variances with maternal half-sib families. Maydica 39: 197-201.
- Molina G J D (1983)** Selección Masal Visual Estratificada en Maíz. Ed. Colegio de Postgraduados. Chapingo, México. 35 p.
- _____, **(1992)** Introducción a la Genética de Poblaciones y Cuantitativa (algunas implicaciones en genotecnia). AGT Editor. México, D. F. 349 p.
- Nyquist W E (1991)** Estimation of heritability and prediction of selection response in plant populations. Critical Rev. Plant Sci. 10 (3): 235-322.
- Paterniani E (1967)** Selection among and within half-sib families in a brazilian population of maize (*Zea mays* L.). Crop Sci. 7: 212-215.
- Pandey K K (1957)** Genetics of self incompatibility in *Physalis ixocarpa* Brot: a new system. Amer. J. Bot. 44: 879-887.
- Peña L A, F Márquez S (1990)** Mejoramiento genético de tomate de cáscara (*Physalis ixocarpa* Brot.). Rev. Chapingo 71/72: 85-88.
- _____, **J F Santiaguillo H, D Montalvo H, M Pérez G (1997)** Intervalos de cosecha en la variedad CHF1-Chapingo de tomate de cáscara (*Physalis ixocarpa*, Brot.). Rev. Chapingo, Serie Horticultura 3(1): 31-38.
- _____, **(1998)** Parámetros genéticos, respuesta a la selección y heterosis en tomate de cáscara (*Physalis ixocarpa* Brot.). Tesis de Doctorado en Ciencias. Colegio de Postgraduados. Montecillo, Edo. de México. 151 p.
- Pérez-Grajales M, J Sahagún-Castellanos, A Peña-Lomelí (1996)** Estimación de varianza aditiva y heredabilidad en tomate de cáscara (*Physalis ixocarpa* Brot.). In: Memoria del XVI Congreso Nacional de Fitogenética. 6-11 de octubre. Montecillo, Texcoco, Edo. de México. p. 125.
- Sahagún C J (1993)** Funcionalidad de cuatro modelos para las evaluaciones genotípicas en series de experimentos. Rev. Fitotec. Mex. 16:161-171.
- _____, **(1995)** Estimación de la varianza ambiental intraparcelar en el diseño I de Carolina del Norte. Rev. Fitotec. Méx. 18: 107-114.
- Saray M C R, A Palacios A, E Villanueva (1978)** Rendidora: una nueva variedad de tomate de cáscara. El Campo 54(1041): 17-21.
- Sprague G F (1955)** Corn and Corn Improvement. Academic Press Inc.. Publishers New York. N. Y. 774 p.
- Weber O D, J H Lonnquist (1967)** An evaluation of modified ear-to-row selection in a population of corn (*Zea mays* L.). Crop Sci. 7(6): 651-655.
- Wehner T C, C S Cramer (1996)** Ten cycles of recurrent selection for fruit yield, earliness, and quality in three slicing cucumber populations. J. Amer. Soc. Sci. 121(3): 362-366.