# ESTIMACIÓN DE PARÁMETROS GENÉTICOS EN CALABAZA PIPIANA (*Cucurbita argyrosperma* Huber)

# ESTIMATION OF GENETIC PARAMETERS IN PIPIANA SQUASH (*Cucurbita argyrosperma* Huber)

**Miguel Ángel Sánchez Hernández[1,2*], José Apolinar Mejía Contreras[1], Clemente Villanueva Verduzco[3], Jaime Sahagún Castellanos[3], Abel Muñoz Orozco[1], José D. Molina Galán[1]**

[1] Instituto de Recursos Genéticos y Productividad, Colegio de Postgraduados. Km. 36.5 Carr. México-Texcoco. 56230, Montecillo, Edo. de México.[2] Dirección actual: Licenciatura en Zootecnia, Universidad del Papaloapan. Av. Ferrocarril Hidalgo s/n, Ciudad Universitaria. 68400, Loma Bonita, Oaxaca, México. Tel. y Fax: 01 (281) 872-2237. Correo electrónico: mangelsan@hotmail.com [3]Departamento de Fitotecnia, Universidad Autónoma Chapingo. Km. 38.5 Carr. México-Texcoco. 56230, Chapingo, Edo. de México.
** Autor para correspondencia*

## RESUMEN

**Este estudio se hizo con la finalidad de generar información relacionada con parámetros genéticos de dos población es (una con y otra sin selección) de calabaza pipiana (*C. argyrosperma* Huber var. *stenospema* y *C. argyrosperma* Huber var. *argyrosperma*) mediante la estimación para 13 caracteres de: media, varianza (aditiva y de dominancia), coeficiente de variación genética aditiva (CVA), heredabilidad, correlaciones fenotípicas y genéticas aditivas. En 2001 se establecieron dos experimentos en Chapingo, México, con dos densidades de población por experimento: D1 (13 890) y D2 (9 260) plantas/ha de calabaza asociada con maíz (*Zea mays* L.) (50 000 plantas/ha) en surcos alternos de cada cultivo. Los resultados indicaron que en las dos poblaciones los mayores valores de la varianza aditiva se tuvieron en peso de fruto y de semilla. En términos del CVA, dicha variación fue de mayor importancia en: número de frutos por planta, peso de fruto, peso de semilla y grosor de pedúnculo. Las heredabilidades oscilaron entre 17.2 y 62.4 % para la variedad 'Morelos' (VM) y entre 23.0 y 91.9 % para la variedad 'Chapingo' (VCH). Se detectó varianza de dominancia mayores en la variedad 'Morelos' y las correlaciones genéticas más altas entre caracteres ocurrieron entre peso y longitud de semilla (VCH = 0.55**; VM = 0.70**) y longitud de semilla con el grosor de la pulpa en 0.50** para dichas variedades. Las correlaciones fenotípicas más altas se tuvieron entre peso de fruto con ancho de fruto (VCH = 0.82**; VM = 0.85**), y peso de fruto con peso de semilla en VCH = 0.75** y VM = 0.74**, respectivamente.**

**Palabras clave:** *Cucurbita argyrosperma*, heredabilidad, dominancia, sistema 'milpa', mejoramiento genético.

## SUMMARY

**This study was done to generate information related with genetic parameters for two populations (one with and other without selection) of pipiana squash *C. argyrosperma* Huber var. *stenosperma* and *C. argyrosperma* Huber var. *argyrosperma*), regarding: mean, additive variance, dominance variance, heritability, coefficient of additive variation, phenotypic and genotypic correlations of 13 traits. The experiments were conduced at Chapingo, México in 2001, at two plant densities per experiment: D1, 13 890 and D2, 9 260 plants/ha of squash associated with maize (*Zea mays* L.) (50 000 plants/ha), in alternated rows of each plant species. The results indicated that in the two populations the additive variance and the genetic additive variation coefficient (CVA) were higher for fruit seed weight. Heritabilities oscillated from 17.2 to 62.4 % in the 'Morelos' variety (VM), and in 'Chapingo' variety (VCH) they varied from 23.0 to 91.9 %. A higher dominance variation was found in 'Morelos' than in 'Chapingo', and the highest genetic correlations were registered among weight and seed length (VCH = 0.55**; VM = 0.70**), and seed length and flesh thickness of with 0.50** for both varieties. The highest phenotypic correlations among traits occurred for fruit weight and fruit width (VCH = 0.82**; VM = 0.85**) and for fruit weight with seed weight in VCH = 0.75** and VM = 0.74**, respectively.**

**Index words:** *Cucurbita argyrosperma*, heritability, dominance, 'milpa' system, plant breeding.

## INTRODUCCIÓN

La calabaza pipiana (*Cucurbita argyrosperma*), cuyo consumo principal es en forma de semilla, fue domesticada en el sur de México hace aproximadamente 5 200 años A. C., de acuerdo con evidencias arqueológicas de la especie en las cuevas de Tehuacán en Puebla, México, las que sugieren que ya había sido cultivada y seleccionada para mayor tamaño de semilla. Hoy en día se cultiva en muchas regiones del país y gran parte de la producción se realiza en pequeñas parcelas, para autoconsumo o destinada a mercados locales (Nuez *et al.*, 2000). La producción de semilla es muy importante para el consumo nacional. En 1999 se sembró un total de 12 003 ha, con 97 % en condiciones de temporal o secano; se registró una producción de

Recibido: 12 de Mayo del 2004.
Aceptado: 21 de Enero del 2006.

5 794 t cosechadas en 11 309 ha, con rendimiento promedio de 0.512 t/ha (Anónimo, 2001).

Históricamente la calabaza ha formado parte de la dieta de muchos pueblos americanos (Pérez *et al*., 1997; Nuez *et al*., 2000); no obstante, con excepción de las variedades mejoradas para la producción de verdura (*C. pepo* L.), son escasos los esfuerzos encaminados a generar variedades con alto potencial de producción de fruto maduro y semilla. Por lo anterior, en calabaza pipiana se busca obtener cultivares superiores con mayor producción de semilla por fruto, mejor coloración, sabor y grosor de la pulpa, al tiempo de mejorar el hábito de crecimiento de la planta y la distribución de la producción de frutos a lo largo de la guía (Villanueva *et al*., 1998).

Para realizar mejoramiento genético en calabaza, es necesario, además de entender los aspectos biológicos y agronómicos de la especie, conocer las características genéticas de la población en estudio como son los componentes de la varianza genética (aditiva y de dominancia), las correlaciones fenotípicas y genéticas aditivas, el coeficiente de variación genética aditiva y la heredabilidad. A este respecto, Villanueva *et al*. (1998) propusieron se busque una respuesta positiva a la selección y mantener una alta diversidad genética de la población, la cual es una característica deseable en el manejo tradicional de las plantas en los sistemas agrícolas.

Los diseños de apareamiento usados más frecuentemente para estimar componentes de varianza genéticas en poblaciones de plantas de polinización libre han sido los de Carolina del Norte (Comstock y Robinson, 1948; 1952). La estimación de tales componentes se basa en el análisis de varianza y las esperanzas de los cuadrados medios propios del modelo de cada diseño, y se supone que tanto éste como la muestra del material bajo estudio son aleatorios (Hallauer y Miranda, 1981), lo que permite estimar la heredabilidad y la respuesta esperada a la selección para cada una de las diversas metodologías de selección.

Márquez y Sahagún (1994) propusieron un diseño (DFMHM) para estimar componentes de varianza causales con familias de medios hermanos maternos como las que de manera natural se forman en calabaza pipiana. Tal diseño tiene la ventaja de ser más preciso que el Diseño I de Carolina del Norte, aunque también presenta limitaciones, ya que el éxito en la obtención de una estimación confiable de la varianza genética depende de la precisión con la cual las varianzas observables son estimadas. Si el número total de plantas es el mismo para ambos diseños, el componente observable de DFMHM para estimar la varianza genética aditiva es más preciso que el obtenido con el Diseño I de Carolina del Norte (Márquez y Sahagún, 1994).

El objetivo de la presente investigación es estimar para 13 caracteres la media, la varianza (aditiva y de dominancia), el coeficiente de variación genética aditiva, la heredabilidad y las correlaciones fenotípicas y genéticas aditivas de dos poblaciones (con y sin selección) de calabaza pipiana, bajo el supuesto de que los estimadores de parámetros genéticos serán mayores en la variedad 'Chapingo' (sin selección) que en la variedad 'Morelos' (variedad seleccionada), en siembras asociadas con maíz (*Zea mays* L.).

## MATERIALES Y MÉTODOS

### Sitio experimental

El experimento se estableció en 2001 en el Campo Agrícola Experimental de la Universidad Autónoma Chapingo, México, (19º 29' LN y 98º 53' LO, a una altitud de 2240 m). El clima es templado subhúmedo con menos de 5 % de precipitación invernal con respecto al total anual, con poca oscilación térmica y marcha diaria de la temperatura tipo Ganges. En enero se registra la temperatura media mensual más fría (11.8 ºC) y en mayo la más cálida (17.9 ºC). La precipitación media es cercana a 636 mm, y de junio a septiembre ocurren las lluvias más abundantes (García, 1988). El suelo es franco arcillo limoso, pH de 7.0, contenido de materia orgánica de 2 % y 0.1 % de nitrógeno total y 13.5 mg $kg^{-1}$ de fósforo (Olsen); conductividad eléctrica de 0.48 dS $m^{-1}$; humedad del suelo a capacidad de campo de 22.2 % y al punto de marchitez permanente de 11.8 % (Ramos, 2000).

### Material vegetal

La variedad 'Morelos' (VM) (*C. argyrosperma* Huber var. *stenosperma*), provino de Achichipico, Morelos. La descripción de la metodología empleada para la colecta y selección de frutos que constituyeron la población original para su mejoramiento *in situ* mediante selección familial combinada de medios hermanos maternos (SFCMHM), la hicieron Sánchez *et al*. (2000). En 2001 la población se encontraba en el quinto ciclo de selección, ya que durante 1999 y 2000 en el campo del agricultor cooperante se realizó selección masal, bajo el sistema 'milpa' (asociación con maíz), con énfasis en la obtención de material con mayor producción de semilla.

La variedad 'Chapingo' (VCH) (*C. argyrosperma* Huber var. *argyrosperma*) es un material recombinado de colectas realizadas en 1996 en los estados de México, Puebla, Oaxaca, Guerrero, Morelos, Querétaro, Guanajuato y Jalisco. A partir de 1997 esta variedad se estableció en el Campo Agrícola Experimental de la Universidad Autónoma Chapingo con la finalidad de generar una población

adaptada a Valles Altos. La población se avanzó generacionalmente durante cuatro ciclos agrícolas sin selección, por lo que se favoreció sólo la polinización libre y la selección natural. Esto contribuyó a eliminar el material más susceptible a bajas temperaturas, plagas y enfermedades, y al que presentó menor rendimiento de fruto y semilla.

### Establecimiento en campo

Las variedades se establecieron por separado. La siembra se hizo los días 4 (VCH) y 10 (VM) de marzo de 2001, en condiciones de riego. Se sembraron 60 familias de medios hermanos maternos (FMHM) en el sistema milpa en dos densidades de siembra (densidad uno, D1 = 13 890 plantas/ha; y densidad dos, D2 = 9 260 plantas/ha) en el ciclo primavera-verano. Las familias se intercalaron entre maíz H-135 (50 000 plantas/ha), el cual se estableció en surcos separados a una distancia de 1.8 m y con separación entre matas de 0.30 m y tres plantas por mata. El sistema quedó integrado por un surco de maíz y uno de calabaza. Cada surco de calabaza (familia) tuvo una longitud de 12 m y se colocaron once matas (repeticiones), de dos y tres plantas cada una, según la densidad por familia, separadas a 1.20 m. De esta manera, cada hilera de matas en sentido perpendicular al surco de matas constituyó una repetición (bloque). Además, entre cada 15 familias de calabaza se intercaló un surco del híbrido 'Zucchini Tala' (*C. pepo* L.) para cuantificar la variación ambiental existente en el terreno: en un surco de 12 m de largo se colocaron matas de tres (densidad uno; 3 700 plantas/ha) y dos plantas (densidad dos; 2 467 plantas/ha) para estar acorde con la distribución de familias de calabaza pipiana. La distancia entre matas en el híbrido fue de 0.30 m.

### Diseño de tratamientos y diseño experimental

El análisis de la información se hizo con base en una adaptación al modelo de un diseño en bloques al azar, donde las 60 familias fueron los tratamientos. La unidad experimental fue una mata de tres (D1: 13 890 plantas/ha) y dos plantas (D2: 9 260 plantas/ha). El diseño experimental utilizado para estimar los componentes de varianza sirvió como base para la evaluación del híbrido 'Zucchini Tala'.

La selección para cada variedad se realizó entre y dentro de familias, la presión para D1 fue: entre familias de 17 % (60x0.17) (10 familias seleccionadas); mientras que dentro de familias fue de 18 % (33x0.18) (6 mejores plantas). Las mejores 6 plantas de las mejores 10 familias completaron 60 familias (frutos). En D2 se aplicó una presión de selección de 20 (entre familias) y 23 % (dentro de familias), respectivamente; por lo que se eligieron las 5 mejores plantas de las mejores 12 familias para completar 60 frutos. Con lo anterior se aseguró tener material suficiente de cada variedad para continuar con el proceso de selección. Las presiones de selección variaron, debido a que el número de plantas por densidad fue distinto.

### Caracteres estudiados

Peso de fruto (PFR, g) y peso de semilla (PSE, g) se registraron por cada fruto en una balanza; grosor de pulpa (GPU, cm), largo y ancho de fruto (LFR, AFR, cm) al igual que ancho y longitud de semilla (ASE y LSE, cm), medidas en una muestra aleatoria de diez semillas con una regla de 30 cm; grosor de pedúnculo (GPE, cm), con un vernier; número de frutos por planta (NFR), contado al momento de la cosecha. Días a floración masculina y femenina (DFM y DFF) se registraron cuando existía 50 % de plantas con flores abiertas; color de pulpa (CPU) en todos los frutos de cada población se determinó con una escala (1: anaranjado intenso, 2: amarillo intenso, 3: amarillo, 4: amarillo pálido, 5: amarillo verdoso, 6: verde pálido). Para sabor de pulpa (SPU) se degustó un pedazo de pulpa de cada uno de los frutos y se calificó conforme a una escala (1: insípido, 2: medio agrio, 3: agrio, 4: dulce y 5: muy dulce). En el híbrido 'Zucchini' se tomó una muestra de seis matas por surco en cada densidad de dos y tres plantas, según la densidad, para cuantificar peso de fruto y de semilla, largo y ancho de fruto, grosor de pulpa, y longitud y ancho de semilla. En maíz se midió altura de planta (AP) y altura a la mazorca (AMZ) en metros, además de número de mazorcas por hectárea (MZH), humedad del grano (HUM), porcentaje de maíz sano (MS) y dañado (MD), y rendimiento por parcela en kilogramos (RP) y por hectárea (RHA) en toneladas.

### Análisis estadístico

El análisis de varianza de la información obtenida en cada experimento se basó en el modelo: $Y_{ijrp} = \mu + R_r + D_i + F_j + (DF)_{ij} + E_{ijr} + W_{(ijr)p}$, donde: $Y_{ijrp}$ es el valor observado de la planta p en la r-ésima repetición de la j-ésima familia en la i-ésima densidad; $\mu$ es la media general; $R_r$ es el efecto de la r-ésima repetición; $D_i$ es el efecto de la i-ésima densidad; $F_j$ es el efecto de la j-ésima familia; $(DF)_{ij}$ es el efecto de la interacción entre la densidad i y el efecto de la familia j; $E_{ijr}$ es el error de la parcela y $W_{(ijr)p}$ es el error intraparcelar (Cuadro 1).

El análisis de varianza en el híbrido 'Zucchini Tala' para cada experimento correspondió al modelo: $Y_{ijmp} = \mu + D_i + S_{j(i)} + M_{m(ij)} + P_{p(ijm)}$, donde: $Y_{ijmp}$ es el valor observado de la planta p en la mata m del j-ésimo surco de la i-ésima densidad; $\mu$ es la media general, $D_i$ es el efecto de la i-ésima densidad; $S_{j(i)}$ es el efecto del j-ésimo surco

anidado en la i-ésima densidad; $M_{m(ij)}$ es el efecto de la mata m anidada en el j-ésimo surco de la i-ésima densidad; $P_{p(ijm)}$ es el error intraparcelar. La forma del análisis de varianza de este modelo se observa en el Cuadro 2.

### Componentes de varianza

Para estimar componentes de varianza genética se utilizó la estructura de familias de medios hermanos maternos, según la metodología propuesta por Márquez y Sahagún (1994). Por este método se determinó la varianza genética aditiva ($\sigma^2_A$). Se intercaló el híbrido 'Zucchini Tala', genéticamente uniforme, para determinar la varianza ambiental dentro de parcelas ($\sigma^2_{WE}$) y con ello poder estimar la varianza genética dentro de familias, que corresponde a (3/4) $\sigma^2_A + \sigma^2_D$, $\sigma^2_D$ es la varianza de dominancia. De esta manera la varianza aditiva se estimó con base en la relación que tienen $\sigma^2_A$ y varianza entre familias ($\sigma^2_F$), por lo que el estimador de la varianza aditiva es $\hat{\sigma}^2_A = 4\,\hat{\sigma}^2_F$ (Márquez y Sahagún, 1994).

El estimador de la varianza de dominancia fue $\hat{\sigma}^2_D = \hat{\sigma}^2_W - \hat{\sigma}^2_{WE} - (3/4)\,\hat{\sigma}^2_A$, donde $\hat{\sigma}^2_W$ es el estimador de la varianza fenotípica dentro de familias. Las estimaciones se realizaron para cada variedad por separado, al suponer herencia diploide, dos alelos por locus, equilibrio de ligamiento en la población y ausencia de epistasis. La varianza aditiva se estimó como: $\hat{\sigma}^2_A = 4\,[(M_2 - M_4)/(dpr)]$, donde: $M_2$ es el cuadrado medio (CM) de familias; $M_4$ es el CM del error parcelar; d densidades, r repeticiones y p plantas por densidad. La varianza de dominancia se estimó como: $\hat{\sigma}^2_D = [M_5 - M_4^{\Psi}] - 3\,[(M_2 - M_4)/(dpr)]$, donde: $M_5$ es el cuadrado medio del error intraparcelar; $M_4^{\Psi}$ representa el cuadrado medio del error intraparcelar en el híbrido Zucchini. La varianza ambiental intraparcelar se estimó con base en la fórmula: $\hat{\sigma}^2_{WE} = M_4^{\Psi}$. El coeficiente de variación genética aditiva se expresó como: $CVA = \sigma_A / \overline{X}$, donde $\sigma_A$ es la desviación estándar aditiva y $\overline{X}$ es la media del carácter. Heredabilidad en sentido estricto se estimó como el cociente de la varianza de familias ($\sigma^2_F$) y la fenotípica ($\sigma^2_P$) entre familias (Nyquist, 1991), por lo que se representó de la forma: $\hat{h}^2 = [(M_2 - M_4)/(dpr)] / [(M_2)/(dpr)]$. La varianza fenotípica dentro de familias se estimó como $\sigma^2_W = M_5$ y la fenotípica entre familias se calculó con la fórmula: $\sigma^2_P = [(M_2)/(dpr)]$.

*Cuadro 1. Forma del análisis de varianza en calabaza pipiana (C. argyrosperma) para f familias (F), d densidades (D), r repeticiones (R) y p plantas (P) por repetición por familia. Chapingo, Méx., 2001.*

| FV | GL | | CM | PCM | E(CM) | Fc(Ho: $\sigma^2_{FV}=0$) |
|---|---|---|---|---|---|---|
| R | 10 | r–1 | | | | |
| D | 1 | d-1 | $M_1$ | $PCM_1$ | $\sigma^2_w + p\sigma^2_e + pr\sigma^2_{df} + prf\sum f_i^2$ | $M_1/M_3$ |
| F | 59 | f–1 | $M_2$ | $PCM_2$ | $\sigma^2_w + p\sigma^2_e + prd\sigma^2_f$ | $M_2/M_4$ |
| DxF | 59 | (d–1)(f–1) | $M_3$ | $PCM_3$ | $\sigma^2_w + p\sigma^2_e + pr\sigma^2_{df}$ | $M_3/M_4$ |
| E | 1190 | (r–1)(df–1) | $M_4$ | $PCM_4$ | $\sigma^2_w + p\sigma^2_e$ | |
| W | 1980 | $[\sum_i\sum_j\sum_r\sum_p (P_{ijrp} - 1)]$ | $M_5$ | $PCM_5$ | $\sigma^2_w$ | |
| Total | 3299 | $\sum_i \sum_j \sum_r \sum_p P_{ijrp} - 1$ | | | | |

FV=Fuentes de variación, GL=Grados de libertad, CM=Cuadrados medios, PCM=Productos cruzados medios (para el caso de las correlaciones entre dos variables), E(CM)=Esperanzas de cuadrados medios con repeticiones y familias como factores aleatorios y densidades como factor fijo, E=Error parcelar, W=Error intraparcelar, Fc=Cálculo de F para la hipótesis de que la varianza o pseudovarianza ($\sum f_i^2$) de la fuente de variación ($\sigma^2_{FV}$) es igual a cero. $P_{ijrp}$=Número de plantas en la parcela ijrp.

*Cuadro 2. Forma del análisis de varianza en el híbrido 'Zucchini Tala' para d densidades (D), s surcos (S), m matas (M) y p plantas (P) por mata por surco. Chapingo, Méx., 2001.*

| FV | GL | | CM | PCM | E(CM) | Fc(Ho: $\sigma^2_{FV}=0$) |
|---|---|---|---|---|---|---|
| D | 1 | d-1 | $M_1$ | $PCM_1$ | $\sigma^2_{we} + p\sigma^2_e + psm\sum f_i^2$ | $M_1/M_3$ |
| S/D | 10 | (s–1) d | $M_2$ | $PCM_2$ | $\sigma^2_{we} + p\sigma^2_e + pm\sigma^2_{s/d}$ | $M_2/M_3$ |
| M/(S/D) | 60 | (m-1) sd | $M_3$ | $PCM_3$ | $\sigma^2_{we} + p\sigma^2_e$ | |
| P/( M/S/D) | 108 | $[\sum_i \sum_j \sum_m \sum_p (P_{ijmp} - 1)]$ | $M_4^{\Psi}$ | $PCM_4$ | $\sigma^2_{we}$ | |
| Total | 179 | $\sum_i\sum_j \sum_m \sum_p P_{ijmp} - 1$ | | | | |

FV=Fuentes de variación; GL=Grados de libertad; CM=Cuadrados medios; PCM=Productos cruzados medios (para el caso de las correlaciones entre dos variables); E(CM)=Esperanzas de cuadrados medios con surcos y matas como factores aleatorios y densidades como factor fijo; Fc=Cálculo de F para la hipótesis de que la varianza de la fuente de variación ($\sigma^2_{FV}$) es igual a cero; $^{\Psi}$=Error intraparcelar; $\sum f_i^2$=Pseudovarianza para la fuente de variación densidades; $P_{ijmp}$=Número de plantas en la parcela, ijmp.

Se calcularon los componentes de la covarianza entre cada par de caracteres siguiendo la estructura del análisis de varianza (Cuadro 1). Por ejemplo, para familias y dos caracteres X y Y la covarianza es de la forma: $COV_F = [(PCM_2 - PCM_4)/(dpr)]$. Para los caracteres X y Y, la covarianza aditiva es: $COVA_{xy} = 4\ COV_F$. Con esta covarianza se puede estimar la correlación genética aditiva [$r_{ga} = COVA_{xy}/(\sigma_{Ax} \cdot \sigma_{Ay})$] entre cada par de caracteres (Falconer, 1989).

Las correlaciones genéticas aditivas ($r_{ga}$) se probaron mediante una prueba de t ($P \leq 0.05$) (Steel y Torrie, 1960; Yamané, 1979). Los componentes de varianza se obtuvieron mediante el procedimiento VARCOMP de SAS (SAS Institute, 1989). Los productos cruzados medios se obtuvieron mediante la opción MANOVA del procedimiento GLM de SAS (SAS Institute, 1989). Se realizó una prueba de comparación de medias de Tukey ($P \leq 0.05$) para familias en las variables que mostraron significancia estadística.

## RESULTADOS Y DISCUSIÓN

### Análisis de varianza para los caracteres evaluados

En la variedad 'Chapingo' (VCH) se encontraron significancias ($P \leq 0.05$) entre familias (F) en los 13 caracteres estudiados, al igual que en la variedad 'Morelos' (VM). En la comparación de medias para peso de semilla se encontró que en la VM la familia 27 (PSE: 103.4 g/planta), y en la VCH la familia 19 (PSE: 142.1 g/planta) fueron estadísticamente superiores al resto de los tratamientos. En relación con la estimación de componentes de varianza, el encontrar significancia estadística para familias indica que existe varianza genética aditiva.

Las densidades (D) tuvieron efecto significativo ($P \leq 0.01$) para 10 caracteres en la VCH, y para seis caracteres en la VM; en esta última también hubo significancia ($P \leq 0.05$) en tres caracteres. Tales efectos de las densidades indican que al cambiar el número de plantas por hectárea de la densidad uno (13 890) a la densidad dos (9 260), se modificó el comportamiento de las variables morfológicas probablemente porque aumentó la competencia entre plantas por agua, nutrimentos, luz y espacio, como lo señaló Donald (1963). Según Bidwell (1990), las plantas en condiciones de competencia no sólo deben de ser capaces de sobrevivir sino de presentar un desarrollo más vigoroso y rápido y de producir doseles foliares más grandes y densos.

Las repeticiones fueron significativas ($P \leq 0.05$) sólo en dos caracteres de la VCH, al igual que la VM, pero no en grosor de pedúnculo y pulpa, ni en sabor de pulpa. Por tanto, se justifica emplear bloques para tener un mejor control de la variación ambiental, dada principalmente por suelo y manejo del cultivo.

La interacción densidades por familia (DxF) solamente no fue significativa ($P \leq 0.05$) en dos caracteres de la VCH, que son longitud y ancho de semilla. En la VM no se detectó significancia ($P \leq 0.05$) de la interacción DxF en cuatro caracteres. Es decir, el uso de los recursos disponibles por la planta varió entre las familias (Cuadro 3).

En el híbrido 'Zucchini Tala' se registraron diferencias estadísticas ($P \leq 0.01$) para surcos en cinco (variedad 'Morelos') y cuatro caracteres (variedad 'Chapingo'). Las densidades también produjeron diferencias ($P \leq 0.01$) en cuatro y dos caracteres, respectivamente. Las diferencias estadísticas encontradas en este material genéticamente homogéneo, se atribuyen a efectos ambientales. Estas estimaciones no solo reflejan heterogeneidad intraparcelar

*Cuadro 3. Valores medios y coeficientes de variación en 13 caracteres para dos poblaciones de calabaza pipiana* (C. argyrosperma). *Chapingo, Méx. 2001.*

| Carácter | Variedad Chapingo (VCH) | | | Variedad Morelos (VM) | | | CV (%) | |
|---|---|---|---|---|---|---|---|---|
| | D1 | D2 | Media | D1 | D2 | Media | VCH | VM |
| PFR | 1838.0 b | 1996.0 a | 1917.0 | 1744.0 a | 1680.0 b | 1712.0 | 28.5 | 25.0 |
| GPE | 2.4 b | 2.7 a | 2.6 | 2.5 a | 2.3 b | 2.4 | 23.4 | 21.1 |
| LFR | 14.9 b | 15.7 a | 15.3 | 13.1 a | 13.0 a | 13.1 | 20.1 | 21.4 |
| AFR | 17.1 b | 17.8 a | 17.5 | 16.5 a | 16.3 a | 16.4 | 15.6 | 14.7 |
| GPU | 2.3 a | 2.3 a | 2.3 | 2.3 a | 2.2 b | 2.3 | 17.2 | 19.6 |
| CPU | 3.7 a | 3.8 a | 3.8 | 3.2 a | 3.2 a | 3.2 | 32.6 | 41.4 |
| SPU | 2.1 a | 2.0 b | 2.1 | 2.9 a | 2.6 b | 2.8 | 32.1 | 44.5 |
| LSE | 2.4 b | 2.5 a | 2.5 | 2.5 a | 2.5 a | 2.5 | 9.8 | 10.4 |
| ASE | 0.9 a | 0.9 a | 0.9 | 0.9 a | 0.8 b | 0.9 | 10.9 | 9.9 |
| PSE | 81.1 b | 87.0 a | 84.1 | 68.0 a | 62.0 b | 65.0 | 41.2 | 39.0 |
| NFR | 1.3 b | 1.5 a | 1.4 | 1.3 a | 1.2 b | 1.3 | 24.1 | 22.5 |
| DFM | 88.2 b | 89.1 a | 88.7 | 88.1 b | 88.3 a | 88.2 | 4.3 | 0.8 |
| DFF | 93.2 b | 94.0 a | 93.6 | 93.1 b | 93.2 a | 93.2 | 5.6 | 0.9 |

Valores con la misma letra dentro de hileras para D1 y D2 son iguales entre si (Tukey 0.05), D1=Densidad uno (13 890 plantas $ha^{-1}$); D2=Densidad dos (9 260 plantas $ha^{-1}$); CV=Coeficiente de variación en promedio de densidades de siembra; PFR=Peso de fruto (g); GPE=Grosor de pedúnculo (cm); LFR=Largo de fruto (cm); AFR=Ancho de fruto (cm); GPU=Grosor de pulpa (cm); CPU=Color de pulpa; SPU=Sabor de pulpa; LSE=Longitud de semilla (cm); ASE=Ancho de semilla (cm); PSE=Peso de semilla (g); NFR=Número de frutos por planta; DFM=Días a floración masculina; DFF=Días a floración femenina.

del suelo, sino también muestran fallas que se cometen al no darle un mismo ambiente a cada uno de los individuos dentro de parcelas (heterogeneidad que se puede presentar en la profundidad de siembra, ataque de plagas y enfermedades, control de malezas y aplicación de fertilizantes) y aún por problemas de muestreo y fallas en las mediciones realizadas (Sahagún, 1995a).

En la estimación de componentes de varianza es frecuente la baja precisión (Hallauer y Miranda, 1981; Sahagún, 1995a, b). Las estimaciones de la varianza entre familias fueron positivas y significativas en los trece caracteres, en ambas variedades. Las fuentes de variación repeticiones, densidades y densidades por familia (DxF), registraron estimaciones negativas y significativamente diferentes de cero, principalmente en los caracteres largo de fruto, color de pulpa, largo de fruto y número de frutos por planta. Los componentes de varianza por definición son positivos; pero cuando resultan con signo negativo, el considerarlas como cero puede tener implicaciones al estimar una suma de componentes de varianza, ya que ésta es menor cuando se incluye el componente negativo que cuando se considera cero (Searle, 1971).

### Medias y coeficientes de variación

En promedio de densidades la variedad 'Chapingo' (VCH) superó a la 'Morelos' (VM) en 11 de los 13 caracteres estudiados (Cuadro 3). El peso de fruto (PFR) fue de 1 917 g/planta en la VCH y de 1 712 g/planta en la VM; el peso de semilla fue mayor en la VCH (84.1 g/planta), que en la VM (65 g/planta).

En la variedad 'Morelos' la familia 27, que rindió 2 050.6 g/planta de fruto y 103.4 g/planta de semilla, fue estadísticamente superior en estos caracteres al resto de los tratamientos. En la variedad 'Chapingo' la familia 19, que rindió 2 564.8 g/planta de fruto y 142.1 g/planta de semilla, también fue estadísticamente superior al resto de las familias. Esto ocurrió así porque dichos caracteres fenotípicamente se correlacionaron en las dos variedades ($P \leq 0.01$) con $r = 0.75^{**}$ (Cuadro 5).

Otros caracteres como largo de fruto, ancho de fruto y grosor de pulpa tuvieron un comportamiento similar al peso de fruto y semilla y se vieron más favorecidos en la VCH (Cuadro 3). Lo anterior se explica por la adaptación que se le dio a esta variedad durante cuatro ciclos agrícolas a la altitud de 2 240 m y a temperaturas frías menores a 18 °C; mientras que la variedad 'Morelos' no había sido expuesta a tal ambiente, y su sitio de adaptación es a 1 690 msnm con temperaturas superiores a 21 °C y precipitación promedio anual de 911 mm (Anónimo, 2002).

Los coeficientes de variación resultaron más altos en la variedad adaptada 'Chapingo'; que en la no adaptada 'Morelos' en ocho caracteres, con excepción de largo de fruto, grosor, color y sabor de pulpa y longitud de semilla (Cuadro 3). Esto se atribuye a que la VCH no ha sido sometida a selección artificial sino solamente a selección natural. En contraste, el fitomejoramiento aplicado antes a la variedad 'Morelos' disminuyó la variación original presente en la especie (Cuadro 3).

Los coeficientes de variación en general fueron bajos presentándose los más altos en los principales componentes del rendimiento como peso de semilla con valores de 41.2 y 39.0 % para el material adaptado y no adaptado, respectivamente y peso de fruto con coeficientes de 28.5 y 25.0 % para las poblaciones señaladas. Los coeficientes de variación más bajos se registraron en los caracteres días a floración masculina (DFM) y femenina (DFF) con valores menores a 6 % (Cuadro 3).

### Varianza genética aditiva y coeficientes de variabilidad genética aditiva

La varianza genética aditiva ($\hat{\sigma}^2_A$) fue superior en 12 de los 13 caracteres estudiados en la variedad 'Chapingo'; sólo en sabor de pulpa la variación fue similar a la de la variedad 'Morelos' (Cuadro 4). La menor variación aditiva encontrada para la mayoría de los caracteres medidos en la última variedad es consistente con los menores coeficientes de variación que registró. Así, el carácter peso de fruto mostró la mayor variación genética aditiva en las dos poblaciones, con un valor de $\hat{\sigma}^2_A = 39\,172$ (VCH) y $\hat{\sigma}^2_A = 9\,633$ (VM); por su parte, el peso de semilla fue de $\hat{\sigma}^2_A = 97.3$ y $\hat{\sigma}^2_A = 55.1$ en las poblaciones indicadas. La menor variación aditiva se registró para las variables longitud (LSE) y ancho de semilla (ASE), respectivamente (Cuadro 4). El haber encontrado una mayor cantidad de varianza aditiva en la VCH que en la VM, indica que en la primera no se ha realizado mejoramiento genético (mientras que en la segunda se han realizado cinco ciclos), ya que éste reduce la varianza aditiva.

Una forma más práctica de analizar la variación aditiva de una población se basa en el coeficiente de variación genética aditiva (CVA) en lugar de la varianza aditiva (Molina, 1992). La mayor variación genética aditiva ocurrió para número de frutos por planta sobre todo en la variedad 'Chapingo' (CVA= 28.2 %). Esto tiene que ver en gran medida con el origen tan diverso de las colectas que conforman tal variedad y que promediaron 1.4 frutos/planta (Cuadro 4); en la variedad 'Morelos' dicha variación fue menor (1.3 frutos/planta), por lo que se puede seguir

seleccionando en las dos poblaciones con base en este carácter (Cuadro 4). No es extraño que en una cucurbitácea como pepino (*Cucumis sativus* L.) el factor que más demora el progreso de la selección por rendimiento es el número relativamente bajo de frutos por planta, ya que en cultivares establecidos a densidades entre 170 000 y 250 000 plantas/ha, se obtuvo un promedio de 1.25 frutos por planta; las plantas raramente produjeron tres frutos, sólo en ocasiones produjeron dos y algunas veces no se cosechó fruto alguno (Lower *et al*., 1982).

Largo de fruto (LFR) es un carácter más variable que el ancho del fruto (AFR) en las dos poblaciones. La variedad 'Chapingo' presentó CVA de 11.7 % para peso de semilla y 10.3 % en peso de fruto. Por su parte, la variedad 'Morelos' presentó CVA de 11.4 % en peso de semilla y de 5.7 % para peso de fruto (Cuadro 4). En términos de selección se esperaría que la variedad 'Chapingo' generase ganancias genéticas superiores en peso de fruto y de semilla, ya que además de presentar una mayor variación aditiva para dichos caracteres, también presenta promedios en peso de fruto y peso de semilla superiores a los de la variedad 'Morelos' (Cuadro 4).

### Varianza de dominancia

Las estimaciones de la varianza de dominancia ($\sigma^2_D$) fueron más altas en la variedad 'Morelos', con excepción de la variable ancho de fruto (VCH $\sigma^2_D$ = 5.1; VM $\sigma^2_D$ = 4.0) debido a que en el proceso de selección realizada con anterioridad en dicha variedad se ha aprovechado de manera importante la variación aditiva, de modo que los efectos de dominancia comienzan a manifestarse. En contraste, en la variedad 'Chapingo' las estimaciones de la varianza de dominancia fueron menores; algunas de ellas resultaron negativas, como en el caso del peso de fruto ($\hat{\sigma}^2_{AD}$ = -481 795) y largo de fruto ($\hat{\sigma}^2_{AD}$ = -2.3). Aunque tales resultados son de naturaleza no interpretativa (Searle, 1971), coinciden con la información generada por Meneses *et al*. (2002) quienes en una población de calabaza (*C. pepo* L.) encontraron valores de dominancia negativos para las variables peso de fruto y peso de semilla, por lo que señalaron que prácticamente la varianza genética total para tales caracteres estuvo determinada por efectos aditivos de los genes, lo que es muy favorable para el éxito en la aplicación de cualquier esquema de selección.

La obtención de estimadores de varianzas de dominancia negativos en la variedad 'Chapingo', es atribuible en parte a que la estimación de la varianza de dominancia en este diseño requiere estimar la varianza ambiental dentro de parcelas; la estimación de dicha varianza se efectuó con el híbrido de calabacita 'Zucchini Tala', el cual pudo causar una sobreestimación de la variación ambiental dentro de parcelas. Dicha sobreestimación pudo haber dado lugar a la obtención de estimadores de varianza de dominancia negativos, a lo que se agrega el uso de un número de familias relativamente bajo (60 familias), ya que en otro cultivo de polinización abierta como el maíz, Márquez y Hallauer (1970) recomendaron usar al menos 192 familias.

*Cuadro 4. Parámetros genéticos estimados para 13 caracteres en dos poblaciones de calabaza pipiana* (C. argyrosperma). *Chapingo, Méx. 2001.*

| Carácter | $\bar{X}$ | | CV | | $\hat{\sigma}^2_A$ | | CVA | | $h^2$ | | $\hat{\sigma}^2_D$ | |
|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|
| | VCH | VM | VCH | VM | VCH | VM | VCH | VM | VCH | VM | VCH | VM |
| PFR | 1917.0 | 1712.0 | 28.5 | 25.0 | 39172.0 | 9633.0 | 10.3 | 5.7 | 62.1 | 41.5 | -481795.0 | 72298.0 |
| GPE | 2.6 | 2.4 | 23.4 | 21.1 | 0.1 | 0.1 | 13.6 | 8.3 | 76.6 | 57.8 | - | - |
| LFR | 15.3 | 13.1 | 20.1 | 21.4 | 3.4 | 1.2 | 12.1 | 8.3 | 78.1 | 62.4 | -2.3 | 0.8 |
| AFR | 17.5 | 16.4 | 15.6 | 14.7 | 0.8 | 0.4 | 5.3 | 3.7 | 58.4 | 41.7 | 5.1 | 4.0 |
| GPU | 2.3 | 2.3 | 17.2 | 19.6 | 0.1 | 0.1 | 11.9 | 5.7 | 91.9 | 46.8 | 0.1 | 0.1 |
| CPU | 3.8 | 3.2 | 32.6 | 41.4 | 0.1 | 0.1 | 5.4 | 5.2 | 23.0 | 17.2 | - | - |
| SPU | 2.1 | 2.8 | 32.1 | 44.5 | 0.1 | 0.1 | 9.8 | 7.2 | 50.4 | 21.7 | - | - |
| LSE | 2.5 | 2.5 | 9.8 | 10.4 | 0.1 | 0.1 | 3.6 | 2.9 | 58.6 | 50.0 | 0.1 | 0.1 |
| ASE | 0.9 | 0.9 | 10.9 | 9.9 | 0.1 | 0.1 | 9.6 | 3.3 | 72.6 | 50.0 | 0.1 | 0.1 |
| PSE | 84.1 | 65.0 | 41.2 | 39.0 | 97.3 | 55.1 | 11.7 | 11.4 | 57.6 | 49.4 | 61.2 | 200.0 |
| NFR | 1.4 | 1.3 | 24.1 | 22.5 | 0.2 | 0.03 | 28.2 | 14.0 | 71.8 | 41.4 | - | - |
| DFM | 88.7 | 88.2 | 4.3 | 0.8 | 1.4 | 1.0 | 1.3 | 1.1 | 59.3 | 45.2 | - | - |
| DFF | 93.6 | 93.2 | 5.6 | 0.9 | 3.7 | 2.0 | 2.0 | 1.5 | 56.0 | 51.2 | - | - |

$\bar{X}$ : Media, CV=Coeficiente de variación (%); $\hat{\sigma}^2_A$ =Estimador de varianza aditiva; CVA=Coeficiente de variación genética aditiva (%); $h^2$ =Estimador de heredabilidad (%); $\hat{\sigma}^2_D$ =Estimador de varianza de dominancia; VCH=Variedad 'Chapingo'; VM=Variedad 'Morelos'; PFR=Peso de fruto (g); GPE=Grosor de pedúnculo (cm); LFR=Largo de fruto (cm), AFR=Ancho de fruto (cm); GPU=Grosor de pulpa (cm); CPU=Color de pulpa; SPU=Sabor de pulpa; LSE=Longitud de semilla (cm); ASE=Ancho de semilla (cm); PSE=Peso de semilla (g); NFR=Número de frutos por planta; DFM=Días a floración masculina; DFF=Días a floración femenina.

Lo anterior también pudo deberse a la falta de apareamiento aleatorio y disponibilidad de polen durante el proceso de polinización realizado por varias especies de insectos, principalmente *Peponapis* spp. y *Xenoglosa* spp. para la formación de las familias, ya que en calabaza para verdura (*C. pepo* L.) en la etapa de antesis, aunque se ha estimado una producción de 10 000 a 11 000 granos de polen por flor masculina sólo 500 permanecen viables al momento de que la flor cierra varias horas después, por lo que una reducción en el número de granos de polen podría generar una disminución en el número de semillas por fruto (Corbet, 1997; Montes y Eguiarte, 2002; Stanghellini *et al*., 2002).

## Heredabilidad

Las estimaciones de heredabilidad ($\hat{h}^2$) resultaron superiores en la variedad 'Chapingo', con valores de 23 a 91.9 % (Cuadro 4). Los valores más altos ocurrieron en caracteres de fruto como: grosor de pulpa (91.9 %), largo (78.1 %) y peso de fruto (62.1 %). Los caracteres de semilla sobresalientes en dicha variedad (VCH) son: ancho (72.6 %), longitud (58.6 %) y peso (57.6 %). En la variedad 'Morelos', las heredabilidades fueron más bajas (17.2 a 62.4 %), y los principales componentes del rendimiento estuvieron directamente relacionados con caracteres de fruto y de semilla; así, largo de fruto (62.4 %), peso de fruto (41.5 %), longitud de semilla (50 %), ancho (50 %) y peso de la semilla (49.4 %) son caracteres cuantitativos de heredabilidad intermedia (Cuadro 4). Meneses *et al.* (2002) encontraron en *C. pepo* L. estimaciones de heredabilidad que oscilaron de 28.9 (color de pulpa) hasta 88.8 % para peso de fruto.

Se muestra así el enorme potencial de variabilidad genética que existe en esta especie, sobretodo en la población no seleccionada (variedad 'Chapingo'), ya que en la variedad 'Morelos' la misma selección ha reducido la variabilidad genética, como se indicó anteriormente, y con ello las estimaciones de heredabilidad obtenidas. De acuerdo con Pérez *et al*. (2000), lo anterior deberá tomarse con cautela ya que aunque las estimaciones de heredabilidad sean altas en una especie, esto no es garantía de que la respuesta a la selección sea grande. Para que esto suceda es necesario que la variabilidad genética existente en la población original permita la formación de una proporción de individuos o grupos de individuos cuya media tenga una superioridad sobre la media de la población, que al ser multiplicada por la heredabilidad el resultado todavía sea grande.

## Correlaciones fenotípicas y genéticas aditivas

Las correlaciones fenotípicas más altas para las dos variedades se registraron en los caracteres peso de fruto y de semilla. Además, las asociaciones fenotípicas registradas entre caracteres en ambas poblaciones (dato uno: variedad 'Chapingo'; dato dos: variedad 'Morelos') fueron muy similares. Peso de semilla se asoció de forma significativa ($P \leq 0.01$) con peso de fruto (0.75**, 0.74**), ancho de fruto (0.66**, 0.67**) y longitud de semilla (0.53**, 0.58**). En peso de fruto las correlaciones fenotípicas más altas con otros caracteres fueron con ancho de fruto (0.82**, 0.85**), largo de fruto (0.64**, 0.59**) y grosor de la pulpa (0.57**, 0.68**) (Cuadro 5).

Berenji y Papp (2000) reportaron en *C. pepo* L. una correlación intermedia entre peso de fruto y peso de semilla (0.57**); señalaron que para aumentar el rendimiento es altamente deseable mejorar la polinización y con ello incrementar el número de semillas por fruto, que estén bien llenas y sean de gran tamaño. Estos autores, también argumentaron que los agricultores requieren cultivares de calabaza con frutos grandes, pesados y con elevadas cantidades de pulpa, los cuales son de gran utilidad en la alimentación de ganado, en donde se utiliza el fruto entero sin remover sus semillas porque éstas podrían mejorar la calidad nutritiva del forraje.

Las correlaciones genéticas más altas se tuvieron entre peso de fruto y de semilla, aunque numéricamente la variedad 'Chapingo' presentó valores distintos a los de la variedad 'Morelos', al igual que sucedió con las correlaciones fenotípicas. Así, peso de semilla se asoció genéticamente en mayor medida con longitud de semilla (0.55**, 0.70**), ancho de fruto (0.46**, 0.31**), peso de fruto (0.35**, 0.26**) y grosor de pulpa (0.30**, 0.40**). Además, longitud de semilla se correlacionó positivamente (0.50**) en las dos variedades con grosor de pulpa (Cuadro 5). La información presentada sugiere que genéticamente el peso de semilla está altamente influenciado por su longitud, la cual es una característica propia de la especie; además, los frutos anchos, con pulpa gruesa y con un peso alto, aportan una mayor producción de semilla en dichos frutos.

El grosor de pedúnculo fenotípicamente se correlacionó altamente con peso de fruto y de semilla y genéticamente mostró una correlación de 0.26** con peso de semilla para la variedad 'Chapingo' y de 0.38** para la 'Morelos' (Cuadro 5). En esta última variedad el grosor del pedúnculo es un indicador morfológico que maneja el agricultor en la selección de los frutos que sembrará de un ciclo agrícola al siguiente.

Se encontró discrepancia en muchas de las correlaciones fenotípicas y genéticas aditivas, tanto en magnitud como en signo y en significancia, en las dos poblaciones

*Cuadro 5. Coeficiente de correlación fenotípica (arriba de la diagonal) y genético aditivas (debajo de la diagonal) en 13 caracteres para dos variedades de calabaza pipiana* (C. argyrosperma). *Chapingo, México, 2001*.

| Carácter | PFR | GPE | LFR | AFR | GPU | CPU | SPU | LSE | ASE | PSE | NFR | DFM | DFF |
|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|---|
| PFR ¶ | | 0.55** | 0.64** | 0.82** | 0.57** | -0.18 | -0.18 | 0.54** | 0.42** | 0.75** | 0.03 | -0.02 | -0.11 |
| † | | 0.58** | 0.59** | 0.85** | 0.68** | -0.15 | 0.15 | 0.60** | 0.38** | 0.74** | -0.02 | -0.07 | -0.02 |
| GPE ¶ | 0.20 | | 0.26** | 0.50** | 0.33** | -0.09 | -0.22 | 0.32** | 0.15** | 0.47** | -0.02 | 0.08 | 0.06 |
| † | 0.17 | | 0.33** | 0.57** | 0.44** | -0.09 | 0.11 | 0.38** | 0.14** | 0.50** | -0.05 | -0.09 | -0.05 |
| LFR ¶ | 0.47** | -0.10 | | 0.26** | 0.26** | -0.05 | -0.08 | 0.26** | 0.31** | 0.42** | 0.04 | 0.04 | -0.06 |
| † | 0.26** | 0.05 | | 0.26** | 0.22** | -0.07 | 0.08 | 0.28** | 0.25** | 0.43** | 0.01 | -0.07 | -0.03 |
| AFR ¶ | 0.43** | 0.05 | 0.10 | | 0.53** | -0.18* | -0.19** | 0.59** | 0.40** | 0.66** | 0.02 | -0.07 | -0.14 |
| † | 0.31** | 0.20 | -0.08 | | 0.73** | -0.15* | 0.13* | 0.65** | 0.35** | 0.67** | -0.06 | -0.04 | -0.01 |
| GPU ¶ | 0.31** | 0.34** | 0.16 | 0.46** | | -0.15* | -0.14 | 0.33** | 0.19** | 0.40** | -0.02 | 0.05 | -0.12 |
| † | 0.37** | 0.06 | 0.04 | 0.41** | | -0.12* | 0.14* | 0.42** | 0.20** | 0.51** | -0.07 | -0.01 | -0.02 |
| CPU ¶ | -0.57** | -0.34** | -0.10 | -0.41* | -0.49* | | 0.06 | 0.01 | 0.01 | 0.03 | -0.003 | 0.09 | 0.02 |
| † | -0.18 | -0.02 | -0.30** | -0.29* | 0.21 | | -0.47** | -0.07 | -0.10 | -0.04 | 0.006 | -0.03 | 0.04 |
| SPU ¶ | 0.48** | -0.23 | -0.01 | 0.79** | -0.10 | 0.17 | | -0.15* | -0.08 | -0.08* | 0.06 | -0.05 | -0.02 |
| † | 0.48** | -0.19 | 0.52** | 0.22 | 0.12 | 0.36** | | 0.07 | 0.04 | 0.30 | 0.02 | 0.01 | -0.08 |
| LSE ¶ | 0.35** | 0.14 | 0.06 | 0.36** | 0.50** | 0.08 | 0.42** | | 0.57** | 0.53** | 0.01 | 0.04 | -0.06 |
| † | 0.27** | 0.16 | 0.08 | 0.43** | 0.50** | 0.06 | 0.43** | | 0.46** | 0.58** | -0.01 | -0.07 | 0.05 |
| ASE ¶ | 0.37** | 0.12 | 0.25 | 0.37** | 0.22 | -0.29 | 0.25 | 0.19 | | 0.39** | 0.01 | -0.02 | -0.12 |
| † | 0.19 | 0.23 | 0.05 | 0.33** | 0.39** | -0.43 | 0.63** | 0.36 | | 0.34** | -0.01 | -0.03 | 0.02 |
| PSE ¶ | 0.35** | 0.26** | 0.27** | 0.46** | 0.30** | -0.63* | 0.26** | 0.55** | 0.32** | | 0.04 | 0.03 | -0.06 |
| † | 0.26** | 0.38** | 0.25 | 0.31** | 0.40** | -0.14 | 0.32** | 0.70** | 0.39** | | -0.08 | -0.10 | -0.01 |
| NFR ¶ | 0.16 | 0.14 | 0.10 | -0.01 | -0.03 | 0.18 | 0.22 | -0.04 | 0.04 | 0.23 | | 0.09 | 0.02 |
| † | -0.10 | -0.21 | 0.18 | -0.10 | -0.10 | -0.57** | 0.15 | 0.12 | 0.32** | 0.17 | | -0.05 | 0.05 |
| DFM¶ | 0.04 | 0.17 | -0.005 | 0.04 | -0.06 | 0.08 | -0.33 | 0.11 | -0.06 | 0.23 | 0.05 | | 0.53** |
| † | 0.005 | 0.12 | -0.01 | 0.07 | 0.56 | 0.35 | -0.25 | 0.02 | 0.04 | -0.13 | -0.01 | | 0.54** |
| DFF ¶ | -0.06 | 0.14 | -0.05 | -0.07 | 0.04 | -0.12 | -0.46 | -0.05 | -0.17 | -0.02 | 0.01 | 0.16 | |
| † | -0.12 | -0.05 | -0.04 | -0.11 | 0.06 | 0.21 | 0.16 | 0.05 | 0.02 | -0.21 | 0.15 | 0.02 | |

*,**=Significancia estadística al 0.05 y 0.01 de probabilidad de error, respectivamente; ¶=Variedad 'Chapingo' (hilera 1); †=Variedad 'Morelos' (hilera 2); PFR=Peso de fruto (g); GPE=Grosor de pedúnculo (cm); LFR=Largo de fruto (cm); AFR=Ancho de fruto (cm); GPU=Grosor de pulpa (cm); CPU= Color de pulpa; SPU=Sabor de pulpa; LSE=Longitud de semilla (cm); ASE=Ancho de semilla (cm); PSE=Peso de semilla (g); NFR=Número de frutos por planta; DFM=Días a floración masculina; DFF=Días a floración femenina.

estudiadas. Tal comportamiento se atribuye al efecto ambiental involucrado en la determinación de las correlaciones fenotípicas (Moreno *et al*., 2002).

## CONCLUSIONES

Las medias de parámetros genéticos por carácter fueron mayores en la variedad 'Chapingo' (VCH) en 11 de 13 caracteres, que en la variedad 'Morelos' (VM). El peso de fruto (PFR) por localidad promedió 1 917 en VCH y 1 712 g/planta en VM. El peso de semilla (PSE) de VCH fue 84.1 y de 65 g/planta en VM. En la variedad 'Morelos' la familia 27 presentó la media más alta en peso de fruto, con 2 050.6 y de peso de semilla con 103.4 g/planta. La familia 19 (PFR: 2 564.8; PSE: 142.1 g/planta) fue la más sobresaliente en la variedad 'Chapingo'.

Se observó una mayor variación aditiva ($\sigma^2_A$) en las dos variedades ('Chapingo' y 'Morelos') en peso de fruto y semilla. Se detectó variación de dominancia en la variedad 'Morelos', en donde las variables de peso superaron a las registradas en la variedad 'Chapingo'. Esta última variedad tuvo valores negativos en peso ($\sigma^2_D$ = -481 795) y largo de fruto ($\sigma^2_D$ = -2.3). Las estimaciones de heredabilidad ($\hat{h}^2$) en la variedad 'Morelos' oscilaron entre 17.2 y 62.4 %, y entre 23 y 91.9 % para la variedad 'Chapingo'. En peso de semilla la $h^2$ se consideró como intermedia para la variedad 'Morelos' ($\hat{h}^2$ = 49.4) y 'Chapingo' ($\hat{h}^2$ = 57.6 %).

Las correlaciones fenotípicas más altas y significativas ($P \leq 0.01$) ocurrieron entre peso y ancho de fruto (VCH = 0.82**; VM = 0.85**) y entre peso de fruto y de semilla, con 0.75** para las dos variedades. La correlación genética aditiva entre peso de fruto y de semilla fue de 0.35** para la variedad 'Chapingo' y de 0.26** para la variedad 'Morelos'. Las correlaciones genéticas aditivas más altas se tuvieron entre peso y longitud de semilla de 0.55** para VCH y de 70** para VM. Además, longitud de semilla y grosor de pulpa tuvieron una correlación de 0.50** en las dos variedades.

## BIBLIOGRAFÍA

**Anónimo (2001)** Anuario Estadístico de la Producción Agrícola de los Estados Unidos Mexicanos. Centro de Estadística Agropecuaria de la Secretaría de Agricultura, Ganadería y Desarrollo Rural. Tomo II. 765 p.

**Anónimo (2002)** Anuario Estadístico del Estado de Morelos. INEGI (ed). Aguascalientes, México. 493 p.

**Berenji J D Papp (2000)** Interrelations among fruit and seed characteristics of oil pumpkin. Acta Hort. 510:101-104.

**Bidwell R G S (1990)** Fisiología Vegetal. AGT Editor, S.A. México D. F. 784 p.

**Comstock R E, H F Robinson (1948)** The components of genetic variance in populations of biparental progenies and their use in estimating the average degree of dominance. Biometrics 4(4):254-266.

**Comstock R E, H F Robinson (1952)** Estimation of average dominance of genes. *In*: Heterosis. J W Gowen (ed). Iowa State University Press. Ames, Iowa. pp:494-516.

**Corbet S A (1997)** Role of pollinators in species preservation, conservation, ecosystem stability and genetic diversity. Acta Hort. 437:219-227.

**Donald C M (1963)** Competition among crop and pasture plants. Adv. Agron. 15:1-118.

**Falconer D S (1989)** Introducción a la Genética Cuantitativa. Traducido del inglés al español por Fidel Márquez Sánchez. 2a Ed. Compañía Editorial Continental. México D. F. 383 p.

**García E (1988)** Modificaciones al Sistema de Clasificación Climática de Köppen para Adaptarlos a las Condiciones de la República Mexicana. 4a. Ed. UNAM, México D. F. 217 p.

**Hallauer A R, J B Miranda (1981)** Quantitative Genetics in Maize Breeding. Iowa, State University Press, Ames, Iowa. 468 p.

**Lower R L, J Nienhuis, C H Miller (1982)** Gene action and heterosis for yield and vegetative characteristics in a cross between a gynoecious pickling cucumber inbred and a *Cucumis sativus* var. hardwickii line. J. Amer. Soc. Hort. Sci. 107 (1):75-78.

**Márquez S F, R A Hallauer (1970)** Influence of sample size on the estimation of genetic variances in a synthetic variety of maize. I. Grain yield. Crop Sci. 10:357-360.

**Márquez S F, J Sahagún C (1994)** Estimation of genetic variances with maternal half-sib families. Maydica 39:197-201.

**Meneses M I, C Villanueva V, J Sahagún C, T Roque V, C L Merrick (2002)** Componentes de varianza genética y respuesta a la selección combinada en calabaza (*Cucurbita pepo* L.) bajo el sistema milpa. Rev. Chapingo S. Hort. 8(1):5-23.

**Molina G J D (1992)** Introducción a la Genética de Poblaciones y Cuantitativa (Algunas Implicaciones en Genotecnia). AGT Editor. México D. F. 349 p.

**Montes H S, L E Eguiarte (2002)** Genetic structure and indirect estimates of gene flow in three taxa of *Cucurbita* (Cucurbitaceae) in western Mexico. Amer. J. Bot. 89(7):1156-1163.

**Moreno M M, A Peña L, J Sahagún C, J E Rodríguez P, R Mora A (2002)** Varianza aditiva, heredabilidad y correlaciones en la variedad M1-Fitotecnia de tomate de cáscara (*Physalis ixocarpa* Brot.). Rev. Fitotec. Mex. 25(3):231-237.

**Nuez F, J Ruiz J, V Valcárcel V, P Fernández de C (2000)** Colección de Semillas de Calabaza del Centro de Conservación y Mejora de la Agrodiversidad Valenciana. Monografías INIA. Agrícola No. 4. Madrid, España. 158 p.

**Nyquist W E (1991)** Estimation of heritability and prediction of selection response in plant populations. Crit. Rev. Plant Sci. 10(3):235–322.

**Pérez G M, F Márquez S, A Peña L (1997)** Mejoramiento Genético de Hortalizas. Universidad Autónoma Chapingo. Chapingo, México. 380 p.

**Pérez G M, J Sahagún C, A Peña L, F Alvarado N, A Aguilar G (2000)** Estimación de varianza aditiva y heredabilidad en dos poblaciones de tomate de cáscara (*Physalis ixocarpa* Brot.). Rev. Fitotec. Mex. 23:49-58.

**Ramos M C (2000)** Propiedades físicas y químicas de los suelos del CAE Chapingo tablas: San Martín y Xaltepa. Universidad Autónoma Chapingo. Chapingo, México. 129 p.

**Sahagún C J (1995a)** Estimación de la varianza ambiental intraparcelar en el Diseño I de Carolina del Norte. Rev. Fitotec. Mex. 18(2):107-114.

**Sahagún C J (1995b)** Estimación de la varianza ambiental intraparcelar en el Diseño II de Carolina del Norte. Rev. Fitotec. Mex. 18(2):115-122.

**Sánchez H M A, C Villanueva V, J Sahagún C, C L Merrick (2000)** Variación genética y respuesta a la selección combinada en una variedad criolla de calabaza pipiana (*Cucurbita argyrosperma* Huber var. *stenosperma*). Rev. Chapingo S. Hort. 6(2):221-240.

**SAS Institute Inc (1989)** SAS/STAT User's Guide. Version 6.01. SAS Institute Inc., Cary, N. C., USA. 479 p.

**Searle S R (1971)** Topics in variance component estimation. Biometrics 27:1–76.

**Stanghellini M S, J R Schultheis, J T Ambrose (2002)** Pollen mobilization in selected Cucurbitaceae and the putative effects of pollinator abundance on pollen depletion rates. J. Amer. Soc. Hort. Sci. 127(5):729-736.

**Steel R G D, J H Torrie (1960)** Principles and Procedures of Statistics. Mc Graw-Hill. Book Co. Inc. New York, USA. 481 p.

**Villanueva V C, L C Merrick, A Martínez M, J A Martínez R, I Meneses M, E Nájera M, M L Rodríguez M, M A Sánchez H, J L Vildozola T (1998)** Landraces in Mexico. *In*: Cucurbitaceae '98. J D Mc Creight (ed). ASHR Press. Alex., Va. pp:38-42.

**Yamané T (1979)** Estadística. Ed. Harla. México D. F. 771 p.