

PARÁMETROS GENÉTICOS DE TOMATE DE CÁSCARA (*Physalis ixocarpa* Brot.) VARIEDAD VERDE PUEBLA

GENETIC PARAMETERS OF HUSK TOMATO (*Physalis ixocarpa* Brot.) CV VERDE PUEBLA

Aureliano Peña Lomelí^{1*}, Apolinar Mejía Contreras², Mauricio Enrique Rodríguez Pérez², Aquiles Carballo Carballo,² Juan Enrique Rodríguez Pérez¹ y Mario Moreno Maldonado²

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

* Autor responsable

RESUMEN

El objetivo del presente trabajo fue estimar los parámetros genéticos de la variedad Verde Puebla de tomate de cáscara (*Physalis ixocarpa* Brot.). Se evaluaron 100 familias de medios hermanos maternos en Chapingo, Tecamac y Santa Lucía, Edo. de México, en el ciclo primavera-verano del 2000, en un diseño experimental de bloques completos al azar con tres repeticiones y 11 plantas por unidad experimental. La heredabilidad de los siete caracteres estudiados fluctuó entre 31.9 y 68.7 %, y el coeficiente de variación genético aditivo entre 13.7 y 29.6 %, con 57.2 y 29.6 % para rendimiento total. Se encontraron correlaciones genéticas aditivas altas y positivas del rendimiento total con número de frutos amarrados (0.86), rendimiento en el primer corte (0.97), rendimiento en el segundo corte (0.98) y número de frutos cosechados por planta (0.88), por lo que éstos se consideran los componentes más importantes del rendimiento.

Palabras clave: *Physalis ixocarpa* Brot., varianza genética, coeficiente de variación genético aditivo, heredabilidad, correlación genética aditiva.

SUMMARY

In this study the genetic parameters of husk tomato (*Physalis ixocarpa* Brot.) cv. Verde Puebla were estimated. A set of 100 half-sib families was evaluated in Chapingo, Tecamac y Santa Lucía, State of México, in the Spring-Summer season 2000, using a randomized complete block design with three replications, and 11 plants per experimental plot. Heritability of the seven characters studied ranged from 31.9 to 68.7 %; the genetic additive variation coefficient varied between 13.7 and 29.6 %, and 57.2 and 29.6 % for total yield. Total yield showed high and positive genetic additive correlations with number of fruits (0.86), first harvest yield (0.97), second harvest yield (0.98), and number of harvested fruits per plant (0.88), thus indicating that these traits were the most important yield components.

Index words: *Physalis ixocarpa* Brot., genetic variance, genetic additive variation coefficient, heritability, genetic additive correlation.

INTRODUCCIÓN

El mejoramiento genético de las plantas nace cuando el hombre recolecta por primera vez las semillas que había sembrado *ex profeso* en parcelas alrededor de su hábitat; es de suponerse que de éstas se escogieron para la siguiente siembra las semillas provenientes de los mejores individuos, en relación con sus necesidades. En cierto modo, el mejoramiento de las plantas consiste en la aptitud para percibir diferencias en el grado en que los caracteres útiles se presentan en las plantas de interés, lo que permite seleccionar y multiplicar los tipos de mayor valor agronómico (Márquez, 1985).

La genética de un carácter métrico gira alrededor del estudio de su variación, ya que es en términos de ésta como se formulan las preguntas genéticas primarias. La idea básica del estudio de la variación es su partición en componentes atribuibles a diferentes causas. La magnitud relativa de estos componentes determina las propiedades genéticas de la población, en particular el grado de parecido entre parientes (Falconer, 1984).

El conocimiento de los componentes de varianza genética asociados con cualquier población de interés, es un elemento fundamental para decidir, no solamente sobre la deseabilidad de que tal población pueda ser objeto de un programa de mejoramiento genético, sino también sobre la estrategia que se debe seguir a fin de que resulte más acorde con la estructura de la variabilidad genética que muestre tal población (Sahagún, 1992).

La estimación de los componentes de varianza genética se puede realizar mediante los diseños genéticos o diseños de apareamiento, los cuales son planes de cruzamiento

entre los individuos de una población con el objetivo de estudiar teóricamente los efectos y las varianzas genéticas que se presentan en las progenies (variables causales), para relacionar aquéllos con los datos empíricos de tales progenies (variables observables) y poder estimar los parámetros genéticos que interesen. Generalmente éstas son las varianzas genéticas, ambientales y fenotípicas, que permiten obtener estimaciones de la heredabilidad y hacer predicciones de la respuesta a la selección (Márquez y Sahagún, 1994).

El concepto de heredabilidad se puede interpretar como el grado en que los progenitores transmiten sus características a la progenie. En el contexto del mejoramiento genético, el término heredabilidad más bien se utiliza como un indicador de la magnitud de importancia que tiene la variabilidad ambiental en la expresión del carácter bajo estudio. La heredabilidad de un carácter métrico es una de sus propiedades más importantes. Expresa la proporción de la varianza total que es atribuible a los efectos medios de los genes, y esto es lo que determina el grado de parecido entre parientes; en sentido estricto, se define como el cociente de la varianza genética aditiva sobre la varianza fenotípica. La heredabilidad no es una propiedad de un carácter únicamente, sino también lo es de una población y de las circunstancias ambientales a las que están sujetos los individuos, pues su valor depende de todas las componentes de varianza, por lo que un cambio en cualquiera de éstos la afectará (Falconer, 1984).

Otro parámetro importante en relación con la selección es la correlación genética aditiva, cuya causa principal es la pleiotropía y significa el grado en que dos caracteres están influidos por los mismos genes. El desequilibrio de ligamiento y las desviaciones de dominancia de los genes también pueden causar correlación genética. En el contexto de selección, la correlación genética aditiva es la importante, ya que indica el cambio de un carácter en función de otro y permite hacer predicciones al respecto e incluso selección indirecta para caracteres no visibles fácilmente o de baja heredabilidad (Mode y Robinson, 1959; Falconer, 1984).

Los caracteres correlacionados son de interés por tres razones principales: primero, en conexión con las causas genéticas de correlación a través de la acción pleiotrópica de los genes; segundo, en conexión con los cambios producidos por la selección; y tercero, en conexión con la selección natural. La relación existente entre un carácter métrico y la aptitud reproductiva es la causa principal que determina las propiedades genéticas de dicho carácter en una población natural (Falconer, 1984).

En los estudios genéticos es necesario distinguir dos causas de correlación entre los caracteres: la causa genética y la causa ambiental. La causa genética es principalmente la pleiotropía, aunque el ligamiento es también una causa transitoria de correlación, particularmente en las primeras generaciones de poblaciones derivadas de cruza entre estirpes divergentes. El grado de correlación producido por la pleiotropía expresa la magnitud por medio de la cual dos caracteres están influenciados por los mismos genes. El ambiente es una causa de correlación en lo que se refiere a que dos caracteres estén influenciados por las mismas diferencias de condiciones ambientales. La correlación que resulta de causas ambientales es el efecto total de todos los factores ambientales que varían; algunos tenderán a causar correlación positiva, otros correlación negativa (Falconer, 1984).

El tomate de cáscara (*Physalis ixocarpa* Brot.) es una especie originaria de México, donde ocupa el quinto lugar en superficie cultivada con especies olerícolas; no obstante, la investigación realizada es escasa, particularmente la genotécnica, base del mejoramiento genético de un cultivo. En el presente trabajo se plantearon los dos objetivos siguientes: determinar la variabilidad genética aditiva en la variedad Verde Puebla de tomate de cáscara, y estimar la heredabilidad y las correlaciones genéticas aditivas y fenotípicas entre diversos caracteres.

MATERIALES Y MÉTODOS

La presente investigación se efectuó en tres ambientes: Chapingo, Tecamac y Santa Lucía de Prías, localizados en el Estado de México. El Campo Agrícola Experimental de la Universidad Autónoma Chapingo (UACH) se encuentra situado a 19° 29' LN y 98° 53' LW, y a 2260 m de altitud; su clima es C (Wo) (W) b (y) g (García, 1973); y el suelo es profundo de textura media y color marrón grisáceo oscuro (Cachón y Cuanalo, 1976). El Campo Experimental Tecamac del Colegio de Postgraduados está a una altitud de 2294 m y su clima corresponde a BSIK'W (W) (i') (García, 1973); su suelo es arcilloso, plano y color negro. El Campo Agrícola Experimental Valle de México (Santa Lucía) se ubica a 19° 27' LN y 98° 53' LW, con un clima similar al de Chapingo (García, 1973); el suelo es profundo, de textura media y de color grisáceo oscuro.

El material vegetal utilizado fue tomate de cáscara de la raza Puebla, variedad Verde Puebla, obtenida por selección en San Mateo, Tecamachalco, Puebla (Peña *et al.*, 1998). El incremento de semilla para la generación de familias de medios hermanos maternos (FMHM) se realizó en Chapingo, Méx. La siembra de la población original se hizo el 2 de septiembre de 1999 en charolas de

poliestireno de 200 cavidades, y el trasplante a los 23 d después de la siembra, en macetas de polietileno con sustrato inerte de tezontle, con fertigación durante todo el ciclo de cultivo y en condiciones de invernadero; esta siembra constituyó el lote de selección de 200 plantas.

Para realizar la polinización se seleccionaron los botones florales de aspecto hinchado, con inicio de aparición de pétalos; éstos se cubrieron con bolsas de papel "glassine" y se engraparon; a la mañana siguiente se recolectó el polen de las flores que no fueron seleccionadas y se procedió a polinizar los botones florales previamente seleccionados que ya habían abierto; posteriormente se cubrieron las flores polinizadas con las mismas bolsas de papel glassine, y se etiquetaron para su identificación. Se tomaron 100 plantas en forma aleatoria para constituir las 100 FMHM, en las cuales se cosecharon los frutos que alcanzaron la madurez fisiológica y se obtuvo la semilla de éstos, que se usó luego para el establecimiento del ciclo de evaluación.

Las 100 FMHM obtenidas por polinización artificial, fueron evaluadas en el ciclo de primavera-verano del 2000 en tres localidades (Chapingo, Tecamac y Santa Lucía, Estado de México) bajo un diseño experimental de bloques completos al azar con tres repeticiones. La unidad experimental estuvo constituida por un surco de 3 m de largo y 1.2 m de ancho, con 11 plantas separadas a una distancia de 0.3 m, las cuales provinieron de charolas germinadoras con cepellón. Los tres experimentos fueron conducidos bajo condiciones de riego y se establecieron por trasplante el 16, 17 y 21 de junio en Chapingo, Tecamac y Santa Lucía, respectivamente.

Los caracteres estudiados fueron altura de planta (ALP), medida en cm de la zona basal hasta la rama más alta, y número de frutos amarrados (NFA), como el número de flores que desarrollaron cáliz ("bolsa") y tiraron la corola. Estos caracteres se midieron en las 11 plantas de cada unidad experimental después de la segunda escarda, 40 d después del trasplante. En cada experimento se hicieron dos cortes, el primero a los 70 d después del trasplante y el segundo 20 d después del primero. Los caracteres cuantificados en cada corte fueron: peso promedio (g) por fruto en el primero (PPFC1) y segundo (PPFC2) cortes, estimado con base en una muestra de 10 frutos; rendimiento (g) promedio por planta en el corte uno (RC1) y dos (RC2), obtenido al dividir el rendimiento por familia entre el número de plantas; número de frutos por planta en el corte uno (NFC1) y dos (NFC2). Posteriormente, se calcularon los datos de peso promedio por fruto de los dos cortes (PPF = (PPFC1 + PPFC2)/2), rendimiento total por planta (RTP = RC1 + RC2), y número total de frutos co-

sechados por planta en ambos cortes (NFC = NFC1 + NFC2).

Los componentes de varianza genética se estimaron con base en el modelo propuesto por Márquez y Sahagún (1994) para FMHM. La forma del análisis estadístico realizado se presenta en el Cuadro 1 (Knapp *et al.*, 1987; Nyquist, 1991; Molina, 1992; Sahagún, 1993 y 1994). Las estimaciones se hicieron bajo el supuesto de herencia diploide, dos alelos por *locus*, equilibrio Hardy-Weinberg de la población, equilibrio de ligamiento y ausencia de epistasia, del modo siguiente:

Cuadro 1. Estructura del análisis de varianza y covarianza para l localidades (L), r repeticiones dentro de localidad (R/L) y f familias (F), con modelo aleatorio.

FV	GL	CM	PCM	E(CM)	Fc (Ho: $\sigma^2_{FV=0}$)
L	l-1	C ₁		$\sigma^2_e + r\sigma^2_{LF} + f\sigma^2_{RL} + rf\sigma^2_L$	(C ₁ + M ₃)/(C ₂ + M ₂)
R/L		C ₂		$\sigma^2_e + f\sigma^2_{R/L}$	C ₂ / M ₃
			l(r-1)		
F	f-1	M ₁	PCM ₁ =gl ₁	$\sigma^2_e + r\sigma^2_{LF} + lr\sigma^2_F$	M ₁ / M ₂
LxF	(l-1)(f-1)	M ₂	PCM ₂ =gl ₂	$\sigma^2_e + r\sigma^2_{LF}$	M ₂ / M ₃
Error	l(rf)(f-1)	M ₃	PCM ₃	σ^2_e	

FV = Fuentes de variación; GL = Grados de libertad; CM = Cuadrados medios; PCM = Productos cruzados medios; E(CM) = Esperanzas de los cuadrados medios con todos los factores aleatorios; Fc = Cálculo de F para la hipótesis de que la varianza de la fuente de variación (σ^2_{FV}) es igual a cero (l = 3, r = 3 y f = 100); C1 = Cuadrado medio de localidades; C2 = Cuadrado medio de repeticiones dentro de localidades.

a) **Varianza aditiva** $(\hat{\sigma}_A^2) = 4 \hat{\sigma}_{Fam}^2 = 4 \left[\frac{(M_1 - M_2)}{lr} \right]$; donde: $\hat{\sigma}_{Fam}^2$ = Varianza estimada entre familias; M₁ = Cuadrado medio uno; M₂ = Cuadrado medio dos; l = Localidades; y r = Repeticiones.

b) **Coefficiente de variación genética aditiva, en %** (CVGA) = $\left(\frac{\hat{\sigma}_A}{\bar{x}} \right) \times 100$; donde: $\hat{\sigma}_A$ = Desviación estándar aditiva; y \bar{x} = Media fenotípica del carácter.

c) **Heredabilidad en sentido estricto** (h^2) = $\frac{\hat{\sigma}_A^2}{\hat{\sigma}_p^2}$; donde: $\hat{\sigma}_A^2$ = Varianza aditiva, $\hat{\sigma}_p^2$ = Varianza fenotípica.

d) **Intervalo de confianza para h^2 con 95 % de probabilidad (ICh²).** Con:

$$LI = 1 - [(M_1 - M_2) F_{1-\alpha/2; gl_2, gl_1}]^{-1} y$$

$$LS = 1 - [(M_1 - M_2) F_{\alpha/2; gl_2, gl_1}]^{-1};$$

donde: LI es el límite inferior del intervalo; LS el límite superior; F es el valor de la distribución de F, $\alpha = 0.05$; gl los grados de libertad de familias; y gl₂ los grados de libertad para la interacción L x F. También se calculó la amplitud del intervalo de confianza de $h^2 = AMIC = \text{límite superior} - \text{límite inferior del intervalo}$; y la tasa de heredabilidad = TASA = $AMIC / \hat{h}^2$ (Knapp *et al.*, 1987).

De acuerdo con la estructura del análisis de varianza (Cuadro 1) se calcularon también los componentes de covarianza entre los miembros de cada par de caracteres X y Y. La covarianza es de la forma: $COV_F = (PCM_1 - PCM_2) / lr$, donde para los caracteres X y Y la covarianza aditiva es: $COVA_{xy} = 4COV_F$. Con esta covarianza se puede estimar la correlación genética aditiva [$\rho_{ga} = COVA_{xy} / (\sigma_{Ax}\sigma_{Ay})$] entre cada par de los caracteres evaluados (Mode y Robinson, 1959; Falconer, 1984). Se utilizó la prueba de t para estimar su significancia estadística (Yamané, 1979). Los componentes de varianza y covarianza fueron obtenidos con los procedimientos VARCOMP y MANOVA de SAS, respectivamente (SAS, 1989).

RESULTADOS Y DISCUSIÓN

Se registraron diferencias estadísticas significativas ($P \leq 0.05$) entre localidades y familias en los siete caracteres estudiados, mientras que en la interacción L x F sólo las hubo en los caracteres RC1, RC2, RTP y NFC (Cuadro 2). Lo anterior implica que tanto los ambientes como las familias evaluados presentan respuesta diferente en los caracteres estudiados.

La ausencia de significancia ($P \leq 0.05$) para la interacción L x F, indica que los valores relativos de los caracteres estudiados en las familias no cambian de un ambiente a otro, en concordancia con lo reportado por Peña (2003) en la variedad CHF1-Chapingo, quien encontró que para la interacción sólo hubo significancia en dos de 13 caracteres (altura a primera bifurcación y peso de frutos en el corte uno). Además, en un estudio de parámetros de estabilidad de 12 variedades de tomate de cáscara realizado por Santiaguillo *et al.* (1996 a y b), todos los materiales fueron estables y consistentes. Así, la ausencia de significancia de la interacción L x F pudiera indicar que para estos caracteres las familias son estables, porque varían en proporción con las variaciones del ambiente.

El rendimiento en el primer corte fue menor que en el segundo (Cuadro 3), debido tal vez a que entre el primero y segundo corte el cultivo desarrolló más área foliar. El número de bolsas o frutos amarrados (5.58) y de frutos

Cuadro 2. Cuadrados medios y componentes de varianza estimados para siete caracteres estudiados en tomate de cáscara, variedad Verde Puebla.

FV	gl	RC1	RC2	RTP	PPF	ALP	NFA	NFC
Cuadrados medios								
L	2	498740*	16812286*	21122067*	3215.8*	5244.6*	2354.5*	22424.3*
R(L)	6	74188*	218789*	82664*	318.2*	752.2*	74.0*	130.8*
F	99	10443*	27961*	47181*	108.4*	116.5*	6.3*	47.4*
LxF	198	7115*	17555*	20214*	50.1	36.5	2.7	22.0*
Error	594	5982	11328	15270	48.6	37.3	2.3	16.2
Componentes de varianza								
L	2	1411	55290	70114	9.7	15.0	7.6	74.3
R(L)	6	682	2074	673	2.7	7.1	0.7	1.1
F	99	369	1156	2996	6.5	8.9	0.4	2.8
LxF	198	377	2075	1648	0.5	-0.2	0.1	1.9
Error	594	5982	11328	15270	48.6	37.3	2.3	16.1

RC1 = Rendimiento en el primer corte (g/planta); RC2 = Rendimiento en el segundo corte (g/planta); RTP = Rendimiento total de los dos cortes (g/planta); PPF = Peso promedio por fruto en los dos cortes (g); ALP = Altura de planta (cm); NFA = Número de frutos (bolsas) amarrados antes del primer corte; NFC = Número total de frutos cosechados por planta; * = Significancia con $\alpha \leq 0.05$; FV = Fuentes de variación; gl = Grados de libertad.

Cuadro 3. Parámetros genéticos estimados a través de ambientes, en 100 familias de medios hermanos maternos de la variedad Verde Puebla de tomate de cáscara, para siete caracteres.

Caracteres	Parámetros genéticos estimados							
	\bar{X}	CV	$\hat{\sigma}_A^2$	CVG _A	\hat{h}^2 (%)	Ich ²	AMIC	TASA
RC1	147.4	52.5	1478.9	26.1	31.9	30.8 - 31.4	1.50	0.05
RC2	235.1	45.3	4625.1	28.9	37.2	36.2 - 36.8	1.38	0.04
RTP	382.4	32.3	11985.5	29.6	57.2	56.5 - 56.9	0.94	0.02
PPF	33.8	20.6	25.9	15.0	53.8	53.1 - 53.9	1.02	0.02
ALP	43.4	14.1	35.5	13.7	68.7	68.1 - 68.4	0.69	0.01
NFA	5.6	27.2	1.6	22.8	57.1	56.9 - 57.3	0.93	0.02
NFC	11.7	11.3	11.3	28.7	53.6	22.6 - 23.0	1.02	0.02

cosechados (11.69) fueron menores a los reportados por Peña (2003) en la variedad CHF1-Chapingo (8.4 y 39.5, respectivamente) y por Moreno *et al.* (2002) en la variedad M1-Fitotecnia (6.6 y 49.9, respectivamente). Esto puede deberse a que el fruto de la raza Puebla es más grande y más pesado que en las variedades CHF1-Chapingo y M1-Fitotecnia (Peña *et al.*, 1998).

Para los estimadores de varianza aditiva (Cuadro 3) de los siete caracteres estudiados, en PPF y ALP resultaron altos comparados con datos reportados por Peña (2003) en la variedad CHF1-Chapingo (14.0 y 12.8, respectivamente). Cabe señalar que la magnitud *per se* de $\hat{\sigma}_A^2$ puede no ser buen indicador para hacer comparaciones entre poblaciones, pues éstas tienen medias diferentes y su uso puede conducir a interpretaciones erróneas; por ello, es preferible comparar los coeficientes de variación genética aditiva (CVG_A), principalmente cuando se desea hacer comparaciones entre diferentes caracteres (Molina, 1992).

Con excepción del número de frutos amarrados, los caracteres evaluados (Cuadro 3) mostraron mayor magnitud en el CVG_A que los reportados en la variedad CHF1-Chapingo por Peña (2003), con valores de RC1 = 17.7, RC2 = 22.6, RTP = 10.4, PPF = 11.6, ALP = 9.6 y NFC = 14.9. Lo mismo sucedió en los caracteres RC1 (25.2), RTP (26.7) y ALF (9.27), reportados por Moreno *et al.* (2002) en la variedad M1-Fitotecnia de la raza Manzano. Lo anterior se puede atribuir a que en la variedad Verde Puebla no se ha aplicado mejoramiento genético intenso, mientras que la variedad CHF1-Chapingo es producto de siete ciclos de selección; si la variedad Verde Puebla se sometiera a un proceso de mejoramiento semejante, sería de esperar que su varianza aditiva se redujera conforme se avancen los ciclos de selección, así como una buena respuesta al mejoramiento genético.

Los coeficientes de varianza genética aditiva estimados para los siete caracteres evaluados (Cuadro 3), indican que es posible realizar mejoramiento genético por selección de familias de medios hermanos maternos, lo cual permitiría una mejor explotación de la varianza aditiva como sugiere Márquez (1985). Algunos investigadores reportan que en poblaciones de maíz (*Zea mays* L.) con valores de CVG_A menores a 12 % no se ha obtenido una alta respuesta a la selección masal, aunque se ha reducido el CVG_A mediante la aplicación de ésta (Vargas *et al.*, 1982). Se deduce entonces que para el rendimiento total de tomate de cáscara, con un CVG_A de 29.6 %, es recomendable realizar selección con base en familias de medios hermanos o de hermanos completos, con las cuales se tiene un mejor control ambiental y se podría explotar más intensamente la varianza aditiva. En la variedad CHF1-Chapingo de tomate de

cáscara, Peña (2003) obtuvo altos valores de CVG_A para algunos caracteres como número de frutos amarrados y rendimiento principalmente, aún después de siete ciclos de selección.

Los valores de heredabilidad estimados resultaron ser altos para los siete caracteres estudiados, de acuerdo con la clasificación de Robinson *et al.* (1951) y Hallauer (1974), que es de $27.1\% \leq \hat{h}^2 \leq 57.8\%$, y cuyos valores más bajos ocurrieron en RC1 y RC2. En comparación con los valores reportados por Peña (2003) y Moreno *et al.* (2002), en general los aquí estimados resultaron más altos, lo que sugiere que mediante un programa de mejoramiento genético riguroso, por selección de familias de medios hermanos maternos en esta variedad, se esperarían avances significativos en la formación de otras variedades mejoradas de tomate de cáscara.

Respecto a la amplitud de los intervalos de confianza (AMIC) para las heredabilidades, se observó que éstos son mayores en seis de los siete caracteres estudiados (Cuadro 3), en comparación con los obtenidos por Moreno *et al.* (2002). La menor AMIC se obtuvo en ALP y la mayor en RC1, caracteres que presentaron la menor y mayor tasa de heredabilidad, respectivamente. Esto último indica buena precisión en las estimaciones (Knapp *et al.*, 1987); es decir, que para el mejor de los casos (ALP), donde la estimación puntual de h^2 fue de 68.7 %, el valor verdadero de h^2 estará entre 60.15 y 77.96 % ($\alpha = 0.05$), en tanto que para el peor de ellos (RC1), donde la estimación puntual de h^2 fue de 31.9 %, el valor verdadero de h^2 estará entre 13.49 y 52.12 % ($\alpha = 0.05$). En rendimiento se obtuvo menor h^2 en RC1 y RC2 respecto a RTP, con una estimación puntual de 31.9, 37.2 y 57.2 %, respectivamente.

La mayoría de las correlaciones fenotípicas entre los diferentes caracteres fueron positivas y significativas (Cuadro 4). Lo mismo ocurrió en las correlaciones genéticas aditivas, lo que sugiere la presencia de genes pleiotrópicos comunes involucrados en dichos caracteres (Mode y Robinson, 1959). También se detectó cierta discrepancia entre las correlaciones fenotípicas y genéticas aditivas, tanto en magnitud como en signo, lo cual puede atribuirse al efecto ambiental involucrado en las correlaciones fenotípicas (Robinson *et al.*, 1951; Vargas *et al.*, 1982; Halhaus y Lamkey, 1995; Betrán y Hallauer, 1996). Con frecuencia las correlaciones entre caracteres dependen del grado de heredabilidad; si ésta es baja, la correlación fenotípica estará determinada principalmente por la correlación ambiental, pero si las heredabilidades son altas la correlación genética es la más importante (Falconer, 1984). La utilidad de las correlaciones estriba en la posibilidad de estimar el efecto que tendría la selección con base en un carácter

sobre otros caracteres, además de permitir hacer selección indirecta (Falconer, 1984); sin embargo, para el segundo fin debe cumplirse que la correlación genética aditiva sea sustancial y que la heredabilidad del carácter secundario sea mayor que la del primario (Hallauer y Miranda, 1981).

Cuadro 4. Correlaciones fenotípicas a través de ambientes (arriba del diagonal) y genético-aditivas (debajo del diagonal) entre siete caracteres de tomate de cáscara variedad Verde Puebla.

	RC1	RC2	RTP	PPF	ALP	NFA	NFC
RC1		0.14	0.47*	0.06	0.06	0.43*	0.44*
RC2	0.97*		0.94*	0.08	0.43*	0.65*	0.87*
RTP	0.97*	0.98*		0.09	0.40*	0.73*	0.93*
PPF	0.25*	0.40*	0.33*		0.23*	-0.12	-0.19
ALP	-0.13	-0.17	-0.15	0.41*		0.33*	0.74*
NFA	0.88*	0.88*	0.86*	-0.21*	-0.28*		0.43*
NFC	0.59*	0.98*	0.88*	-0.19	-0.39*	0.89*	

* = Significancia con $\alpha = 0.05$; RC1 = Rendimiento en el primer corte (g/planta); RC2 = Rendimiento en el segundo corte (g/planta); RTP = Rendimiento total de los dos cortes (g/planta); PPF = Peso promedio por fruto en los dos cortes (g); ALP = Altura de planta (cm); NFA = Número de frutos (bolsas) amarradas antes del primer corte; NFC = Número total de frutos cosechados por planta.

En la presente investigación se observó que la correlación genética aditiva de rendimiento en el primer corte (RC1) con peso promedio de fruto (PPF) fue baja, porque las familias con rendimiento alto presentan un peso promedio de fruto menor, lo cual es debido a que entre más frutos tenga la planta el tamaño de éstos es más pequeño. El rendimiento en el segundo corte (RC2) presentó las mayores correlaciones con los caracteres RC1, RTP, NFA y NFC, lo que indica que hay una fuerte asociación de estos caracteres; sin embargo, con ALP presentó una asociación negativa baja (misma que también fue negativa entre ALP y RC1, RTP, NFA y NFC), lo que sugiere que familias con plantas de porte alto (erectas) tienden a ser menos rendidoras que las familias con plantas de porte bajo (rastreras), aunque con frutos de mayor tamaño, como lo indica la correlación entre ALP y PPF. Esto concuerda con lo reportado por Peña (2003) y Moreno *et al.* (2002) en el sentido de que las plantas de crecimiento rastrero fueron más rendidoras que las de porte erecto.

Para PPF sólo las correlaciones con NFA y NFC fueron negativas, lo que indica que las plantas con menor número de bolsas y frutos tenderán a presentar un mayor peso promedio de frutos, atribuible a que en las plantas con pocos frutos éstos tendrán menor competencia y dispondrán de más fotoasimilados para su llenado. Por otro lado, los principales componentes del rendimiento total fueron: rendimiento en el primero y segundo cortes, número de frutos amarrados antes del primer corte y número total de frutos cosechados por planta, debido a que éstos presentaron las correlaciones genéticas aditivas más altas con dicho carácter (Cuadro 4).

La familia 4 (FMHM-4) fue la de menor rendimiento total y la de mayor la familia 7 (FMHM-7), en promedio de los tres ambientes (Cuadro 5). La familia 7 presentó una superioridad marcada en todos los caracteres sólo con relación al grupo de bajo rendimiento (grupo inferior), aunque fue superior a todos los grupos en RC1, RC2, RTP y NFC, lo que posiblemente se debió a su mejor comportamiento en los dos cortes, en comparación con las otras familias. Por lo anterior, es recomendable continuar con el mejoramiento genético de dicha familia, ya que podría constituirse en una nueva variedad.

Cuadro 5. Características de la clasificación de familias en los caracteres+ estudiados a través de ambientes.

Clasificación ⁺⁺	RC1	RC2	RTP	PPF	ALP	NFA	NFC
FMHM-4	5.6	11.1	16.7	4.9	31	3	3.4
Grupo inferior	14.8	20.0	34.9	15.4	43	2	2.6
Grupo medio	165.0	220.0	385.0	34.8	41	3	11.1
Grupo superior	285.3	808.6	1093.9	32.3	46	10	35.1
FMHM-7	296.9	931.3	1228.1	30.9	42	10	39.7

+Caracteres: RC1 = Rendimiento en el primer corte (g/planta); RC2 = Rendimiento en el segundo corte (g/planta); RTP = Rendimiento total de los dos cortes (g/planta); PPF = Peso promedio por fruto en los dos cortes (g); ALP = Altura de planta (cm); NFA = Número de frutos (bolsas) amarradas antes del primer corte y NFC = Número total de frutos cosechados por planta. ++ Clasificación: FMHM-4 = Familia de menor rendimiento; Grupo inferior = Promedio de las 10 FMHM de menor rendimiento; Grupo medio = Promedio de las 10 FMHM de rendimiento medio; Grupo superior = Promedio de las 10 FMHM de mayor rendimiento; FMHM-7 = familia de mayor rendimiento.

CONCLUSIONES

La variabilidad genética aditiva presente en la población Verde Puebla de tomate de cáscara fue relativamente alta para los siete caracteres estudiados, con un coeficiente de variación genética aditiva que fluctuó entre 13.7 y 29.6 %. La heredabilidad estimada de los siete caracteres estudiados fluctuó entre 31.9 y 68.7 %, por lo que es posible obtener avances importantes mediante la aplicación de un programa de mejoramiento genético intensivo por selección. Las correlaciones genéticas aditivas entre el rendimiento total por planta y número de frutos amarrados antes del primer corte (0.86), número total de frutos cosechados (0.88), rendimiento en el primer corte (0.97) y rendimiento en el segundo corte (0.97), fueron las más altas, positivas y significativas ($P \leq 0.05$), por lo que son sus principales componentes.

BIBLIOGRAFÍA

- Betrán F J, A R Hallauer (1996) Characterization of interpopulation genetic variability in three hybrid maize populations. *J. Heredity* 87: 319-328.
- Cachón V M, H Cuanalo de la C (1976) Suelos del Área de Influencia de Chapingo, México. Chapingo, México. 79 p.

- Falconer D S (1984)** Introducción a la Genética Cuantitativa. Trad. F. Márquez S. Ed. CECSA. 14^o Imp. México. 430 p.
- García E (1973)** Modificaciones al Sistema de Clasificación Climática de Köppen. Instituto de Geografía, UNAM México, D. F. 217 p.
- Hallauer A R (1974)** Heritability of prolificacy in maize. *J. Heredity* 65: 163-168.
- Hallauer A R, J B Miranda F (1981)** Quantitative Genetics in Maize Breeding. First Ed. Iowa State University Press, Ames, Iowa. 468 p.
- Haltaus J F, K R Lamkey (1995)** Population means and genetic variances in selected and unselected Iowa Stiff Stalk Synthetic maize populations. *Crop Sci.* 35: 1581-1589.
- Knapp S J, W N Ross, W W Stroup (1987)** Precision of genetic variance and heritability estimates from sorghum populations. *Crop Sci.* 27: 265-268.
- Márquez S F (1985)** Genotecnia Vegetal. Tomo I. Métodos, Teoría y Resultados. AGT Editor, S. A. México. 357 p.
- Márquez S F, J Sahagún C (1994)** Estimation of genetic variances with maternal half-sib families. *Maydica* 39: 197-201.
- Mode C J, H F Robinson (1959)** Pleiotropism and the genetic variance and covariance. *Biometrics* 15 (4): 518-537.
- Molina G J D (1992)** Introducción a la Genética de Poblaciones y Cuantitativa (algunas implicaciones en genotecnia). AGT Editor, México, D. F. 349 p.
- 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.
- Nyquist W F (1991)** Estimation of heritability and prediction of selection response in plant populations. *Crit. Rev. Plant Sci.* 10 (3): 235-322.
- Peña L A (2003)** Características y parámetros genéticos de la variedad CHF1-Chapingo de tomate de cáscara (*Physalis ixocarpa* Brot.). *In: Algunos Aportes Científicos y Tecnológicos de la UACH.* Coordinación de Revistas Institucionales (ed.). Dirección General de Investigación y Posgrado, Universidad Autónoma Chapingo. Chapingo, Méx. pp: 41-46
- Peña L A, J D Molina G, T Cervantes S, F Márquez S, J Sahagún C, J Ortiz C (1998)** Heterosis intervarietal en tomate de cáscara (*Physalis ixocarpa* Brot.). *Rev. Chapingo S. Hortic.* 4 (1): 45-49.
- Robinson H F, R E Comstock, P H Harvey (1951)** Genotypic and phenotypic correlations in corn and their implications in selection. *Agron. J.* 43 (6): 282-287.
- Sahagún C J (1992)** El ambiente, el genotipo y su interacción. *Rev. Chapingo* 79-80: 5-12.
- Sahagún C J (1993)** Funcionalidad de cuatro modelos para las evaluaciones genotípicas en series de experimentos. *Rev. Fitotec. Mex.* 16: 161-171.
- Sahagún C J (1994)** Evaluación de genotipos en series de experimentos: diferencias en parámetros genéticos generados en dos modelos. *Rev. Fitotec. Méx.* 17: 116-125.
- Santiaguillo H J F, J Sahagún C, A Peña L, J A Cuevas S (1996a)** Estabilidad del rendimiento de tomate de cáscara (*Physalis ixocarpa* Brot.) I: Criterio de medidas de dispersión. *Rev. Chapingo S. Hortic.* 2(2): 135-139.
- Santiaguillo H J F, J Sahagún C, A Peña L, J A Cuevas S (1996b)** Estabilidad del rendimiento de tomate de cáscara (*Physalis ixocarpa* Brot.) II: Regresión de genotipos sobre índices ambientales. *Rev. Chapingo S. Hortic.* 2(2): 141-146.
- SAS (1989)** Statistical Analysis System Version 6.11. SAS/STAT user's guide. SAS Institute Inc. Carey, N. Y., USA. 479 p.
- Vargas S J E, J D Molina G, T Cervantes S (1982)** Selección masal y parámetros genéticos en la variedad de maíz ZAC 58. *Agrociencia* 48: 93-106.
- Yamané T (1979)** Estadística. Ed. Harla. México, D. F. 771 p.