



Revista Fitotecnia Mexicana

ISSN: 0187-7380

revfitotecniamex@gmail.com

Sociedad Mexicana de Fitogenética, A.C.

México

Pérez Grajales, Mario; Sahagún Castellanos, Jaime; Peña Lomelí, Aureliano; Alvarado Navarro, Francisco; Aguilar Gudino, Armando
Estimación de varianza aditiva y heredabilidad en dos poblaciones de tomate de cáscara (*Physalis ixocarpa* Brot.)
Revista Fitotecnia Mexicana, vol. 23, núm. 1, enero-junio, 2000, pp. 49-57
Sociedad Mexicana de Fitogenética, A.C.
Chapingo, México

Disponible en: <http://www.redalyc.org/articulo.oa?id=61023105>

- Cómo citar el artículo
- Número completo
- Más información del artículo
- Página de la revista en redalyc.org

redalyc.org

Sistema de Información Científica
Red de Revistas Científicas de América Latina, el Caribe, España y Portugal
Proyecto académico sin fines de lucro, desarrollado bajo la iniciativa de acceso abierto

ESTIMACIÓN DE VARIANZA ADITIVA Y HEREDABILIDAD EN DOS POBLACIONES DE
TOMATE DE CÁSCARA (*Physalis ixocarpa* Brot.)

ESTIMATION OF THE ADDITIVE VARIANCE AND HERITABILITY IN TWO POPULA-
TIONS OF HUSK TOMATO (*Physalis ixocarpa* Brot.)

Mario Pérez Grajales¹, Jaime Sahagún Castellanos¹, Aureliano Peña Lomeli¹, Francisco Alvarado Navarro² y Armando Aguilar Gudino²

RESUMEN

El objetivo del presente trabajo fue estudiar el cambio en la varianza aditiva y la heredabilidad de los caracteres peso y número de frutos después de seis ciclos en selección de la variedad "Rendidora" de tomate de cáscara (*Physalis ixocarpa* Brot.). Para realizar las estimaciones se empleó la metodología de medios hermanos maternos recientemente propuesta. Después de seis ciclos de selección, la media de rendimiento mostró un cambio estadístico significativo promedio de 300 g/planta con una ganancia por ciclo de 9.08%. Este cambio en la media poblacional debe estar asociado con un cambio en la frecuencia de los genes deseables toda vez que la estimación del coeficiente de varianza aditiva del material mejorado (SBI200-93) que fue de 17.42% para peso de frutos y de 16.43% para número de frutos, fue menor que el de la población original Rendidora con 37.05 y 42.66% para peso y número de frutos, respectivamente. Esta situación general es compatible con un modelo de acción génica aditiva y una frecuencia génica de al menos 0.5; aunque otros modelos pudieran ser compatibles también. Para peso y número de frutos las estimaciones de heredabilidad en sentido estrecho con base en una media fueron 0.65 y 0.51, respectivamente, en Rendidora y 0.23 y 0.26 en SBI200-93. La superioridad de las estimaciones obtenidas en Rendidora con relación a las correspondientes obtenidas en SBI200-93 es consistente con lo observado en las varianzas aditivas.

PALABRAS CLAVE ADICIONALES

Physalis ixocarpa Brot., mejoramiento genético vegetal, componentes de varianza, selección recurrente, avance genético.

SUMMARY

The objective of this paper was to study the change in the additive variance and heritability of weight (yield) and number of fruits of the variety of husk tomato (*Physalis ixocarpa* Brot.) Rendidora after six cycles of selection. Estimations were based on the method of maternal half sibs. After six cycles of selection the yield underwent a statistically significant increase of 300 g/plant, with selection cycle⁻¹ gain of about 9.08%. This increase must be related to a change of the frequency of desirable genes, evidenced by a change in the estimate of the coefficient of the additive variance from 37.05% to 17.42%. For fruit number, the change was from 42.66% to 16.43%. This general results are consistent with a situation of a high proportion of additive gene action and a gene frequency of at least 0.5, although some other models could be compatible with these data. Narrow sense heritability on a mean basis estimates for yield and fruit number were 0.65 and 0.51, respectively, for Rendidora and 0.23 and 0.26 for the improved population. The superiority of the estimates for Rendidora is consistent with the observed estimates for the additive variance.

ADDITIONAL INDEX WORDS

Physalis ixocarpa Brot., plant breeding, genetic variances, recurrent selection, genetic gain.

¹ Universidad Autónoma Chapingo. Depto. de Fitotecnia.
56230 Chapingo, Estado de México. Tel. y Fax: 01(595) 2-1642.

² FIRA. 21000 Mexicali, Baja California.

INTRODUCCIÓN

El tomate de cáscara (*Physalis ixocarpa*, Brot.) es una especie olerícola que ha adquirido gran importancia en México. En los últimos 15 años ha tenido un incremento considerable en la superficie cultivada, de 18,814 ha en 1980, 24,954 en 1990, a 34,263 en 1993 (SARH, 1994). Ocupa el quinto lugar de la superficie dedicada a la actividad olerícola y su demanda en México es creciente. Ciudades como Texcoco, Estado de México, tienen un consumo per cápita anual de 17.11 kg. (Gómez *et al.*, 1991). También se ha incrementado la elaboración de productos procesados y su exportación a países vecinos desde 1992.

Por otra parte, debido al fenómeno de autoincompatibilidad gametofítica, el mejoramiento genético del tomate de cáscara se ha basado en la selección. Es así como se ha generado la variedad ChF1-Chapingo obtenida después de seis ciclos de selección del cultivar "Rendidora". Teóricamente, la varianza genética aditiva de caracteres se modifica al realizarse el proceso de selección. Al respecto, no se ha realizado estudio alguno en tomate de cáscara que apoye objetivamente las decisiones sobre estrategias genotécnicas a seguir. Específicamente, en el presente estudio se estima y determina el cambio en la varianza aditiva y la heredabilidad de los caracteres peso y número de frutos; ello para evaluar la pertinencia de los métodos de selección utilizados en el trabajo de mejoramiento genético por selección en tomate de cáscara hasta ahora realizado.

REVISIÓN DE LITERATURA

Heredabilidad

La heredabilidad es un término que se ha usado para indicar el grado en que el fenotipo refleja al genotipo para un carácter particular en

una población de plantas; pero lo más importante es la proporción de variación genotípica observada en la planta y que es reflejada en la descendencia (Reyes, 1985). La heredabilidad puede expresarse en dos formas: (1) Como el cociente de la varianza genotípica (σ^2_G) entre la varianza fenotípica (σ^2_P), que representa la parte proporcional de la varianza fenotípica u observada atribuible a los efectos totales de los genes de una población, y (2) Como el cociente de la varianza genética aditiva (σ^2_A) entre la varianza fenotípica atribuible a los efectos aditivos de los genes de la población (Molina, 1992).

La varianza aditiva de una población es la varianza de los valores aditivos de los individuos de la población y es estimada como la suma de cuadrados de los valores aditivos ponderados por sus frecuencias de ocurrencia (Molina, 1992). La magnitud de la varianza aditiva mantiene una relación directa con el parecido entre parientes y es, por lo tanto, el principal determinante de las propiedades genéticas de la población y de la respuesta de ésta a la selección. Más aún, es la única componente que puede ser estimada directamente a partir de las observaciones hechas en la población (Falconer, 1986).

Estimación de varianzas

Comstock y Robinson (1948) formularon el Diseño I de Carolina del Norte para estimar el grado de dominancia promedio de una población. Definen a la varianza aditiva como la parte de la varianza genotípica debida a la regresión del valor genotípico sobre el número de genes deseables en el genotipo. Por su parte, la varianza de dominancia es la varianza de las desviaciones de regresión. Para aplicar el Diseño I de Carolina del Norte, se parte del apareamiento de cada uno de m machos tomados al azar de la población con f hembras (también tomadas al azar) para obtener familias de me-

dios hermanos paternos (MHP) y familias de hermanos completos (HC). Para cada macho se toma una muestra particular de f hembras. Después, mediante un experimento o una serie de experimentos de campo se evalúa las familias. Posteriormente, con base en el método de análisis de varianza se estima las componentes de varianza observables, debidas a diferencias entre machos (σ_m^2) y a diferencias de hembras dentro de machos (σ_{fm}^2) y de éstas sus varianzas causales: aditiva y de dominancia.

Buscando nuevas alternativas para estimar componentes de varianza causales, Márquez y Sahagún (1994) propusieron un método para la estimación de componentes de varianza con familias de medios hermanos maternos (DFMHM), como las que de manera natural se forman en tomate de cáscara. Este diseño tiene la ventaja de ser más preciso que el diseño I de Carolina del Norte; aunque también presenta limitaciones. 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, la componente observable de DFMHM para estimar a la varianza genética aditiva es más precisa que la obtenida con el diseño I de Carolina del Norte (Márquez y Sahagún, 1994).

Estimaciones de varianzas genéticas y heredabilidad

Las estimaciones de varianzas genéticas y heredabilidades a que se hará referencia no corresponden al tomate de cáscara debido a la falta de estudios relacionados con los temas en esta especie. No obstante, los trabajos realizados en otras especies enriquecen la discusión de los resultados que se llegue a obtener.

Fegan (1970), al evaluar cuatro razas de maíz (*Zea mays* L.) típicas de la Costa del Perú y

algunas generaciones derivadas de ellas, encontró que para caracteres vegetativos, los efectos genéticos aditivos fueron los que en mayor proporción contribuyeron a la variación entre medias de generaciones. En cambio, para rendimiento la mayor contribución a la varianza entre generaciones estuvo determinada por los efectos de interacción interloci.

Arévalo *et al.* (1974) realizaron la estimación de parámetros genéticos para once caracteres de cebada maltera (*Hordeum vulgare* L.). Mediante el análisis de cruza dialélicas detectaron que la varianza aditiva (σ_A^2) fue de más importancia que la varianza dominante (σ_D^2), excepto para rendimiento, área foliar de hoja bandera y espigas por planta. En estos caracteres se presentó el mayor grado de sobredominancia y consecuentemente se observaron los menores porcentajes de heredabilidad en sentido estrecho (h^2) y amplio (H^2). Los valores estimados para rendimiento fueron

$$\sigma_A^2 = 2.262; \sigma_D^2 = 3.984; h^2 = 0.096; H^2 = 0.266$$

Estrada (1977), en dos poblaciones de maíz de la raza "Zapalote chico", encontró que la varianza aditiva fue mayor que la varianza de dominancia, argumentando que la varianza de dominancia fue muy reducida debido a la acción de la selección natural hacia los individuos más resistentes a la acción del viento en la región del Istmo de Tehuantepec. Vargas *et al.* (1982) evaluaron los cambios producidos por diez ciclos de selección masal visual estratificada para rendimiento en maíz en la población original y en el compuesto del décimo ciclo de selección de la variedad Zacatecas 58, encontrando que el avance obtenido por ciclo de selección fue de 3.75% en promedio de dos ambientes y que la varianza aditiva disminuyó y la de dominancia aumentó; así mismo, disminuyó la heredabilidad, posiblemente por la acumula-

ción de mayor número de genes de interacción positiva con el ambiente de selección. Los valores estimados para rendimiento fueron los siguientes: Zac 58 original, $\sigma_A^2 = 34.55$ y $\sigma_D^2 = 33.87$; en el compuesto del décimo ciclo de selección Zac. 58 SM10, $\sigma_A^2 = 15.34$ y $\sigma_D^2 = 149.52$; y las heredabilidades: Zac 58 original = 7.467 y Zac 58. SM10=1.767. Por otra parte, Williams *et al.* (1965), al utilizar el diseño I de Carolina del Norte para estimar parámetros genéticos en una población de maíz, obtuvieron valores de heredabilidad de 53% para rendimiento, 54% para longitud de mazorca y 79%, para diámetro de mazorca. Zapata *et al.* (1986) estimaron parámetros genéticos y de estabilidad de caracteres agronómicos de maíces OPACO-2 modificados, encontrando que para rendimiento y días a floración, los efectos aditivos parecieron ser más importantes que los no aditivos.

MATERIALES Y MÉTODOS

Para obtener las familias de MHM, en 1994 se establecieron dos lotes aislados de selección masal en el Campo Experimental de la Universidad Autónoma Chapingo siguiendo la metodología propuesta por Peña y Márquez (1990). En un lote se sembró la variedad original Rendidora y en el otro el material mejorado SB1200-93, obtenido de Rendidora después de seis ciclos de selección masal. De estos lotes se tomó sendas muestras al azar de 80 plantas. La semilla de cada planta constituiría una familia de MHM.

En un lote de un agricultor cooperante del Municipio de San Andrés Chiautla, México, se delineó cuatro bloques de 80 parcelas cada uno; dos bloques para las 80 familias de Rendidora y los dos restantes para las de SBI200-93. En cada caso, el grupo de 80 familias fue subdividido en cuatro grupos de 20 parcelas contiguas. En cada bloque se asignaron al azar los grupos

de familias a los grupos de parcelas y en cada grupo de parcelas la asignación de las familias se hizo al azar. De esta manera se generó una estructura de grupos dentro de bloques. Cada unidad experimental estuvo formada por un surco de 6.6 m de largo y 1 m de ancho con una planta cada 30 cm. La parte agronómica del experimento se realizó en la forma acostumbrada para el cultivo en la zona.

A los 80 días después del trasplante se cuantificó por planta el número de frutos (NOFRU) y peso (en gramos) de frutos (PEFRU) con características comerciales. Se consideraron dos categorías de plantas, erectas y rastreras, y se hizo un conteo de ellas en cada unidad experimental.

La forma general del análisis de varianza para las dos repeticiones de las 80 familias de cada población se describe en el Cuadro 1.

Siguiendo la metodología descrita por Márquez y Sahagún (1994), para la estimación de la varianza aditiva a partir de la información del Cuadro 1, se generaron los estimadores de los componentes de la varianza para número y peso de frutos en la forma:

$$\sigma_{f/g}^2 = (M3 - M2)/m, \sigma_W^2 = \sigma_{WE}^2 + \sigma_{WG}^2 = M1$$

Las estimaciones de varianza aditiva (σ_A^2) y de las heredabilidades en sentido estrecho con base en una media (h_m^2) y en base a plantas individuales (h_p^2) se hicieron utilizando los estimadores:

$$\sigma_A^2 = 4\sigma_{f/g}^2, h_m^2 = \frac{\sigma_A^2}{\sigma_{f/s}^2 + \sigma_c^2}, \text{ y } h_p^2 = \frac{\sigma_A^2}{\sigma_W^2 + \sigma_c^2 + \sigma_{f/s}^2},$$

respectivamente.

Para evitar la comparación de los valores absolutos de las varianzas genéticas aditivas (Molina, 1992), y que pudiesen conducir a conclusiones erróneas respecto a su magnitud relativa se calcularon los coeficientes de variación genética aditiva (CVA) dividiendo la desviación estándar aditiva entre la media del carácter estudiado.

Con respecto al hábito de crecimiento sólo se calcularon las frecuencias de cada tipo de plantas (erectas y rastreras) en cada población.

RESULTADOS Y DISCUSIÓN

Tanto para el NOFRU como para PEFRU el análisis de varianza detectó significancia estadística para familias en las dos poblaciones estudiadas (Cuadro 2). Esto es un indicador de la existencia de variabilidad genética del tipo aditivo que por una parte, explica por qué a partir de Rendidora se pudo formar un material superior y, por otra, sugiere la posibilidad de continuar obteniendo poblaciones aún más rendidoras a partir de SBI200-93.

Varianza aditiva

Las estimaciones de la varianza aditiva que se obtuvieron en ambas poblaciones en cada una de las dos variables se muestran en el Cuadro 3. Es notable que en ambas variables la estimación de los coeficientes de variación aditiva fue menor en SBI200-93; para NOFRU y PEFRU respectivamente, en 1/3 y 1/2 de las obtenidas en Rendidora. En general, los resultados obtenidos coinciden con lo esperado en términos de que por efecto de la selección, se tenga un incremento en las frecuencias de los genes deseables que, a su vez, determinan cambios en las varianzas (Arévalo, 1974; Estrada, 1977; Fegan, 1970; Vargas, 1979).

En teoría, la dirección del cambio de la magnitud de la varianza aditiva no depende sólo de los cambios de las frecuencias génicas sino también del tipo de acción génica prevaleciente (Falconer, 1986). Con un modelo de acción génica aditiva, para un *locus* con dos alelos la varianza aditiva alcanza su máximo cuando las frecuencias génicas son $p = q = 0.5$, así, en este modelo si en un principio las frecuencias de los genes deseables fueron bajas (menores que 0.5), una selección eficiente debería causar un incremento en la varianza aditiva; si, en cambio, la frecuencia génica fuera mayor que 0.5 y si la selección incrementara la frecuencia del gene deseable la varianza aditiva debería tender a bajar. En el caso de dominancia completa la varianza aditiva alcanza su máximo cuando $p = 0.25$, así para la selección efectiva realizada en una población cuya frecuencia génica fuera menor que 0.25, el efecto en términos de cambios de varianza aditiva sería su incremento.

Después de seis ciclos de selección practicada en la variedad Rendidora, la media de rendimiento mostró un cambio significativo de 300 g/planta, de 552.68 g a 851.86 g, esto significa una ganancia de 54.5% en los seis ciclos de selección y 9.08% por ciclo. Considerando que en la producción de tomate de cáscara se utiliza una densidad de población de 33 300 plantas/ha, el incremento en rendimiento de 300 g/planta con los seis ciclos de selección masal visual estratificada se traduce en 9.99 ton/ha con una ganancia por ciclo de 1.66 ton/ha y en términos económicos esta ganancia es aún más importante. Este cambio en la media poblacional debe estar asociado con un cambio en la frecuencia de los genes deseables toda vez que la estimación de la varianza aditiva de SBI200-93 que fue de 22038 para peso de fruto y de 23 para número de frutos, fue menor que la de la población original. Esta situación general es compatible con un modelo de acción génica aditiva y una frecuencia génica de al menos 0.5 para aditividad o al menos 0.25 para dominan-

Cuadro 1. Forma general del análisis de varianza correspondiente a la evaluación de familias (f) de medios hermanos, tomando n datos de plantas individuales.

Fuente de variación	Grados de libertad	Cuadrados medios	Esperanza de cuadrados medios ¹
Bloques (B)	r-1		
Grupos (G)/B	(g-1)r		
Familias (F)/G	(f-1)g	M3	$\sigma^2_{WE} + \sigma^2_{WG} + n\sigma^2_e + rn\sigma^2_{f/g}$
B(F/G)	(r-1)(f-1)g	M2	$\sigma^2_{WE} + \sigma^2_{WG} + n\sigma^2_e$
Error intraparcelar	(n-1)rgf	M1	$\sigma^2_{WE} + \sigma^2_{WG}$
Total	rgfn-1		

¹ σ^2_{WE} y σ^2_{WG} son la varianza intraparcelar ambiental y genética, respectivamente. σ^2_e es la varianza del error interparcelas y $\sigma^2_{f/g}$ es la varianza de familias dentro de grupos.

Cuadro 2. Cuadrados medios del número de frutos (NOFRU) y del peso de frutos (PEFRU) de las familias de medios hermanos maternos de las poblaciones Rendidora y SBI 200-93.

Fuente de variación	NOFRU		PEFRU (g)	
	Rendidora	SBI200-93	Rendidora	SBI200-93
Familias (F)/Grupos (G)	777.65*	754.89**	619873**	623024**
Bloques (F/G)	269.98	581.47	305365	457734
Error intraparcelar	83.92	110.94	86857	103337

* Significativo ($\alpha=0.01$) ** Altamente significativo ($\alpha=0.01$)

Cuadro 3. Estimaciones de varianza aditiva (σ^2_A) y de heredabilidad en sentido estrecho con base en una media (h^2_m) y con base en plantas individuales (h^2_p).

Parámetro estimado	NOFRU		PEFRU (g)	
	Rendidora	SBI200-93	Rendidora	SBI200-93
σ^2_A	67.80	23.10	41934.36	22038.00
CVA (%)	42.66	16.43	37.05	17.42
h^2_m (%)	65.00	23.00	51.00	26.00
h^2_p (%)	60.00	16.00	38.00	17.00
\bar{X}	19.30	29.25	552.68	851.86

cia completa. Aunque otros modelos también pudieran ser compatibles con esta situación particular, ésta es la más racional desde el punto de vista de los autores. En efecto, el que Rendidora sea una variedad sobresaliente por su rendimiento apoya la existencia de una frecuencia de genes deseables de al menos de 0.25 a 0.5.

En estimación de componentes de varianza es frecuente la baja precisión con que se hace (Márquez y Hallauer, 1970; Hallauer y Miranda, 1981; Sahagún, 1995a, 1995b). Entre los factores que afectan la calidad de la estimación está el tamaño de muestra de progenitores. En el presente estudio se utilizaron 80 familias de hermanos maternos y dentro de cada familia en cada unidad experimental se evaluaron 15 plantas. En lo que al número de familias se refiere, el efecto del tamaño de muestra queda de manifiesto en los resultados de este estudio. Cuando el análisis se realizó en cada uno de los grupos de 20 familias se generó la estimación para cada uno de los parámetros: σ^2_A , h^2_m y h^2_p . En el Cuadro 4 se observan tres estimaciones negativas de σ^2_A : dos en SBI200-93 en el mismo grupo, una en cada variedad y la tercera en Rendidora en la variable peso de fruto. Las heredabilidades correspondientes también tuvieron estimaciones negativas.

No se tiene conocimiento acerca del número óptimo de familias. Ciertamente, la precisión debe mejorar en la medida en que éste número sea mayor. Sin embargo, en cultivos hortícolas como el tomate de cáscara, idealmente este número no debe ser muy elevado por la alta demanda de recursos y trabajo involucrados. La necesidad de realizar investigación para determinar tamaños de muestra óptimos es evidente.

Las estimaciones de la varianza aditiva hubieran tenido mayor significado si se hubieran podido obtener estimaciones de la varianza de dominancia. De esta manera hubiera sido posible determinar la importancia relativa de los tipos de acción génica prevaleciente en los materiales estudiados. Sin embargo, la carencia de un estimador de la varianza ambiental intraparcelar no permitió la estimación de la varianza de dominancia como fue propuesto por Márquez y Sahagún (1994). No obstante esta confusión entre variación de dominancia y variación ambiental intraparcelar, es posible estimar la heredabilidad en sentido estrecho para ambos caracteres, ya que la varianza fenotípica sí es estimable.

Cuadro 4. Estimaciones de varianza aditiva (σ^2_A) y heredabilidad con base en una media (h^2_m) y en plantas individuales (h^2_p) en cuatro grupos de cada una de dos poblaciones.

Grupo	Variable	σ^2_A		h^2_m		h^2_p	
		R	SB	R	SB	R	SB
1	NOFRU	30.81	86.24	31.7	56.0	23.7	59.0
1	PEFRU	-7034.16	67708.27	-12.0	66.0	-18.1	65.0
2	NOFRU	134.52	7.06	85.5	8.0	113.2	5.0
2	PEFRU	110772.60	39181.62	79.2	43.0	93.1	35.0
3	NOFRU	75.84	13.42	82.2	16.0	53.1	9.0
3	PEFRU	36275.12	9283.0	62.7	13.0	32.9	6.0
4	NOFRU	24.56	-14.27	39.5	-18.0	24.6	-9.0
4	PEFRU	29725.96	-28018.10	37.4	-37.0	24.8	-16.0

R=Rendidora, SB = SBI200-93,

Heredabilidades con base en una media y en plantas individuales

Para las variables NOFRU y PEFRU las estimaciones de heredabilidad en sentido estrecho con base en una media que se obtuvieron con el análisis de toda la información experimental fueron 0.65 y 0.51, respectivamente, en Rendidora, y 0.23 y 0.26 en SBI200-93. Estos valores de heredabilidad reflejan, al menos en parte, lo que sucedió en la varianza aditiva. La superioridad de las estimaciones obtenidas en Rendidora con relación a las correspondientes obtenidas en SBI200-93 es consistente con la observada en las varianzas aditivas.

Por ser éste el único estudio sobre el tópico en tomate de cáscara, se carece de información adicional que pueda servir como punto de referencia para contrastar los resultados aquí derivados con respecto a la heredabilidad. Sin embargo, los resultados que obtuvo Sahagún C., L. (1990) en siete variables en maíz en un estudio del tipo aquí desarrollado son de la misma naturaleza que los aquí obtenidos.

Con relación a las heredabilidades estimadas con base en plantas individuales, como era de esperarse, en general fueron menores que las correspondientes estimadas con base en una media (Cuadro 4). Con respecto a las magnitudes de las estimaciones de heredabilidad, éstas, de acuerdo con la clasificación hecha por Robinson (1965), fueron altas, mayores que 0.30 en ambas variables en el caso de Rendidora y medias, entre 0.10 y 0.30, para el caso de SBI200-93. Estos valores *per se* indican la proporción de la varianza fenotípica que es explicada en términos de la variabilidad existente entre los valores reproductivos de los individuos de las poblaciones. Debe tenerse en cuenta que aunque las estimaciones de la heredabilidad son relativamente altas, esto no es garantía de que la respuesta de 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 ó grupos de individuos cuya media tenga una superioridad sobre la media de la población tal que al ser multiplicada por la heredabilidad el resultado todavía sea grande.

Hábito de crecimiento

Los porcentos de plantas semierectas y rastreras en Rendidora fueron 13.3 y 86.7%, respectivamente, y en SBI200-93 fueron de 38.9 y 61.1%, respectivamente. Desde que se inició la selección en la variedad Rendidora se hizo con base en rendimiento y de manera secundaria hacia plantas semierectas de manera que esto se ve reflejado no sólo en el incremento en el rendimiento sino en un mayor porcentaje de plantas de este tipo que proporcionan un mejor arquetipo para incrementar la calidad de la producción comercial de esta especie.

CONCLUSIONES

Respecto a la varianza aditiva, en el material mejorado las estimaciones del coeficiente de variación aditiva fueron de 17.42 y 16.43% para PEFRU y NOFRU, respectivamente. En el material original los valores de estas estimaciones fueron 37.07 y 42.66%. Esta situación general es compatible con un modelo de acción génica aditiva y una frecuencia génica de al menos 0.5.

La tendencia de los resultados de heredabilidad fueron similares a los anteriores. En el material mejorado los valores fueron 26 y 23% para PEFRU y NOFRU, respectivamente y 51% y 65% en el material original. Esto sugiere que el mejoramiento por selección realizado en la Universidad Autónoma Chapingo ha sido efectivo, en lograr cambiar las frecuencias de los genes deseables y paralelamente, se ha incrementado el porcentaje de plantas erectas de 13.3

a 38.9 del material original al mejorado, respectivamente.

BIBLIOGRAFÍA

- Arévalo N., M., J. Molina G., y A. Martínez G. 1974. Estimación de parámetros genéticos para once caracteres de cebada maltera (*Hordeum vulgare* L.), mediante el análisis de cruas dialélicas. *Agrociencia* 6: 97-110.
- Comstock, R. E. and 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* 4:254-266.
- Estrada M., A. 1977. Selección masal y selección modificada de mazorca por surco en dos variedades de la raza zapalote chico. Tesis de Maestría. Colegio Superior de Agricultura Tropical. Cárdenas. Tabasco. 164 p.
- Falconer, D.S. 1986. Introducción a la Genética Cuantitativa. Trad. de la 2a. Ed. en inglés en 1981. F. Márquez S. CECSA. México. 383 p.
- Fegan E., W. 1970. Estimación de efectos genéticos aditivos, dominantes y epistáticos (aditivos x aditivos) en cuatro razas de maíz de la Costa del Perú. Tesis de Maestría. Colegio de Postgraduados. Chapingo, México. 140 p.
- Gómez C., M.A., R. Schwentesius R. y A. Merino S. 1991. El consumo de hortalizas en México. Centro de Investigaciones Económicas, y Sociales y Tecnológicas de la Agroindustria y de la Agricultura Mundial. Universidad Autónoma Chapingo. Reporte de Investigación 07. 51 p.
- Hallauer, A. R. and J. B. Miranda. 1981. Quantitative Genetics in Maize Breeding. Iowa State University, Ames, Iowa. 468 p.
- Márquez S., F. and A. R. Hallauer. 1970. Influence of sample size on the estimation of genetic variances in a synthetic variety of maize. I. Grain yield. *Crop Sci.* 10:357-361.
- Márquez S., F. and J. Sahagún C. 1994. Estimation of genetic variances with maternal half-sib family. *Maydica* 39:197-201.
- Molina G., J. D. 1992. Introducción a la Genética de Poblaciones y Cuantitativa (algunas implicaciones en genotecnía). AGT Editor, México, D.F. 349 p.
- Peña L., A. y F. Márquez S. 1990. Mejoramiento genético de tomate de cáscara. *Chapingo*. 71-72: 84-88.
- Reyes C., P. 1985. Fitogenotécnia Básica y Aplicada. AGT Editor. México, D.F. 460 p.
- Robinson H., F. 1965. Quantitative genetics in relation to breeding in the centennial of mendelism. *Indian J. of Genetics and Plant Breed.* 25: 171-187.
- Sahagún C., J. 1995a. Estimación de la varianza ambiental intraparcelar en el diseño I de Carolina de Norte. *Rev. Fitotecnía. Méx.* 18: 107-114.
- . 1995b. Estimación de la varianza ambiental intraparcelar en el diseño II de Carolina de Norte. *Rev. Fitotecnía. Méx.* 18: 115-122.
- SARH. 1994. Anuario Estadístico de la Producción Agrícola de los Estados Unidos Mexicanos. Tomo I y Vol. II. México. 320 p.
- Vargas S., J. E., J. D. Molina G. y T. Cervantes S. 1982. Efecto de la selección masal en los parámetros genéticos en la variedad de maíz Zac. *Agrociencia* 48: 93-106.
- Williams J. C., L. M. Penny, and G. F. Sprague. 1965. Full-sib and half-sib estimates of genetic variance in an open pollinated variety of corn. *Crop Sci.* 5 (2): 125-129.
- Zapata A., R. J. y A. Carballo Q. 1986. Parámetros genéticos y de estabilidad de caracteres agronómicos en maíces opaco-2 modificados. *Agrociencia* 63: 77-86.