

CONTROL GENETICO DEL CARACTER NUMERO DE FRUTOS POR PLANTA Y SUS COMPONENTES EN UN CRUZAMIENTO DIALELICO ENTRE CULTIVARES DE TOMATE "CHONTO", *Lycopersicon esculentum* Mill

Jorge E. Urrego P.*

Franco A. Vallejo C.**

COMPENDIO

Se realizó el análisis genético del carácter número de frutos por planta y sus componentes utilizando un cruceamiento dialélico entre siete cultivares de tomate "chonto" (Angela Gigante, Licapal-21, Raminho, Olho Roxo, 1258, 1465, y 1507). El análisis genético-estadístico se efectuó utilizando la metodología desarrollada por Hayman (1954a, 1954b). No se detectó evidencia de epistasis para ninguno de los caracteres estudiados y los datos experimentales se ajustaron al modelo aditivo-dominante. La acción génica aditiva y no aditiva participaron en forma conjunta y significativa en la expresión de los caracteres número de frutos por planta y número de inflorescencias por planta. Solamente la acción génica no aditiva participó en forma significativa en la expresión del carácter número de frutos por inflorescencia. Se detectó la presencia de sobredominancia en los tres caracteres estudiados. Se pudieron estimar los límites de selección para el carácter número de frutos por planta (34.12 y 3.15) y para el carácter número de frutos por inflorescencia (4.37 y 0.29) para padres completamente dominantes y recesivos, respectivamente. Para el carácter número de inflorescencias por planta, no fue posible estimarlos debido a la baja correlación presentada entre el grado de dominancia y el valor medio de los progenitores.

ABSTRACT

Genetic analysis for fruits per plant, clusters per plant and fruits per cluster characters was carried out using a diallel crossing between seven "chonto" tomato cultivars (Angela Gigante, Licapal-21, Raminho, Olho Roxo, 1258, 1465 and 1507). Was made a genetic-statistic analysis using the methodology developed by Hayman (1954a, 1954b). There was no evidence of epistasis in any of characters studied and the experimental data are adjusted to the additive-dominant model. Additive gene action and non-additive gene action participate jointly and highly significant manner, in the fruits per plant, and clusters per plant characters expression. Fruits per cluster character is conditioned mainly by the non-additive gene action. It is detected the presence of sobredominance in three studied characters. It's could estimate selection limits to the fruits per plant (34.12 and 3.15) and to the fruits per cluster (4.37 and 0.29). For cluster per plant character, it wasn't possible to estimate them because of low correlation showed between dominance degree and mean value of character.

1. INTRODUCCION

La investigación genética es la mejor alternativa para tomar decisiones relacionadas con las estrategias de mejoramiento de los diferentes caracteres cuantitativos. Permite conocer la habilidad combinatoria de los progenitores, y los tipos de acción génica que controlan el carácter, grado medio de dominancia, heredabilidad, correlaciones genotípicas y fenotípicas, distribución de los genes dominantes y recesivos en los progenitores, número mínimo de genes que exhiben dominancia en los

progenitores y estimar el límite de selección para dichos caracteres.

Los cruzamientos dialélicos son los sistemas de apareamiento más utilizados en los programas de mejoramiento vegetal ya que permiten el conocimiento de las propiedades genéticas intrínsecas del material en estudio, permitiendo, además detectar progenitores y cruzamientos superiores (Sprague y Tatum, 1942).

El análisis de los cruzamientos dialélicos,

* Estudiante de Pre-grado. Universidad Nacional de Colombia, Palmira

** Profesor Asociado. Universidad Nacional de Colombia, Palmira.

para plantas autóгамas, se fundamenta en dos metodologías básicas: la de Hayman (1954, a y b) complementada más adelante por el mismo autor (1958 a y 1960 a), por Mather y Jinks (1971) y la de Griffing (1956). (Vallejo, 1976).

La metodología propuesta por Hayman (1954, a y b) fue desarrollada para ser utilizada en cruzamientos dialélicos que incluyen líneas homocigotas únicamente, siendo por lo tanto, usada ampliamente en plantas autóгамas. Las varianzas y covarianzas estimadas en la Tabla dialélica son utilizadas para obtener los componentes de la varianza genética, los parámetros genéticos y también para efectuar el análisis gráfico a través de la regresión lineal. Este análisis permite estudiar el control genético de los caracteres, clasificar los progenitores teniendo en cuenta el grado de dominancia y estimar el límite de selección. El método de Hayman (1954 a y b) fue desarrollado inicialmente para el modelo genético fijo, en donde, los progenitores y sus híbridos correspondientes constituyen toda la población estudiada. La metodología fue ampliada por Hayman (1960 a) para el caso en donde las líneas puras constituyen una muestra aleatoria (modelo genético aleatorio).

La metodología de Hayman está basada en un modelo genético con las siguientes restricciones: progenitores homocigotos, segregación diploide, ausencia de diferencias entre cruzamientos recíprocos, los genes no alélicos deben presentar segregación independiente, ausencia de alélismo múltiple, los genes deben estar distribuidos independientemente entre los progenitores (Hayman 1954, a y b).

Según Mather y Jinks (1971), la metodología de Hayman es la más completa y satisfactoria para un conjunto completo de cruzamientos dialélicos. Sharma et al (1975) establecieron comparaciones entre el método de Hayman y el de Griffing y concluyeron que ambos fueron igualmente eficientes en la determinación de los principales tipos de acciones génicas, en diversas especies estudiadas.

El presente trabajo se realizó con el objetivo general de analizar genéticamente el carácter número de frutos por planta y sus componentes (número de inflorescencias por planta y número de frutos por inflorescencia) en un cruzamiento dialélico entre cultivares de tomate tipo chonto. Como objetivos específicos se definieron los siguientes: a) determinar la presencia o ausencia de epístasis en las líneas parentales, así como estudiar la posibilidad de utilizar el modelo aditivo-dominante, b) determinar el tipo de acción génica que controla la manifestación de estos tres caracteres, c) estudiar la distribución de los genes dominantes y recesivos en los progenitores, d) estimar el número mínimo de genes que exhiben dominancia en los progenitores y e) estimar el límite de selección para dichos caracteres.

2. PROCEDIMIENTO EXPERIMENTAL

El estudio se desarrolló en la Facultad de Ciencias Agropecuarias de Palmira entre 1989-A y 199-A. El material experimental estuvo constituido por siete cultivares de tomate chonto, como progenitores, y sus correspondientes 21 híbridos F_1 , sin incluir los recíprocos.

Los progenitores fueron los siguientes: 1. Angela Gigante, cultivar del grupo Santa Cruz, desarrollado por el Instituto Agronómico de Campinas (Brasil), frutos triloculares y con peso promedio de 130 gramos; 2. Licapal-21, selección individual efectuada por el Instituto Colombiano Agropecuario en una población de tomate chonto denominada "mata verde", frutos bi-triloculares y con peso promedio de 70 gramos; 3. Raminho, selección practicada por el Instituto Pernambucano Agropecuario (Brasil) en una población local del mismo nombre, frutos biloculares y con peso promedio de 100 gramos; 4. Olxo Roxo, selección efectuada por el Instituto Pernambucano Agropecuario (Brasil) en una población local del mismo nombre, frutos bi-triloculares y con peso promedio de 120-150 gramos; 5. Introducción 1258, mate-

rial originario de Florida (Valle-Colombia), fruto bilocular y peso promedio de 70 gramos; 6. Introducción 1475, material de origen desconocido, fruto bilocular y peso promedio de 82 gramos y 7. Introducción 1597, material originario de Restrepo (Valle-Colombia), fruto bilocular y peso promedio de 80 gramos.

El material experimental se sembró en condiciones de campo, utilizando un diseño experimental de bloques al azar, con cinco repeticiones. La parcela experimental estuvo constituida por siete plantas, sembradas en surco sencillo con distancias de 1.20 metros entre surcos 0.40 metros entre plantas; se evaluaron cinco plantas individuales por parcela, en libre competencia. El manejo de campo fue semejante al de un cultivo comercial, teniendo en cuenta las recomendaciones del Instituto Colombiano Agropecuario.

Se evaluaron los caracteres número de frutos por planta, número de inflorescencias por planta y número de frutos por inflorescencia.

Para cada uno de los caracteres se efectuó el análisis de varianza, con base en los valores promedios. Para los caracteres que presentaron diferencias al nivel del 5 o/o o 1 o/o de probabilidad para la fuente de variación genotipos, se realizó el análisis genético-estadístico de acuerdo con la metodología de Hayman (1954 a y b).

Se consideró una tabla dialélica $p \times p$, donde Y_{ii} y Y_{ij} con $i = 1, \dots, p$ y $j = 1, \dots, p$, constituyen los progenitores y los híbridos F_1 resultantes del cruzamiento del i -ésimo padre con la j -ésima madre, respectivamente. Se consideró también que $Y_{ij} = Y_{ji}$. En la tabla dialélica se considera el conjunto de progenitores (diagonal), el conjunto de cada línea de la tabla y el conjunto de las medias de cada línea de la tabla (\bar{Y}_i):

De acuerdo con la tabla dialélica, se estimaron las siguientes estadísticas, para cada uno de los bloques:

1. Varianza de los progenitores (V_{o1o}):

$$V_{o1o} = (1/p - 1) [\sum_i Y_{ii}^2 - (\sum_i Y_{ii})^2 / p]$$

2. Varianza de la progenie del progenitor i (V_i):

$$V_i = (1/p - 1) [\sum_j Y_{ij}^2 - (\sum_j Y_{ij})^2 / p]$$

3. Media de las varianzas de la progenie del progenitor i (V_{ili}):

$$V_{ili} = (1/p) \sum_i V_i$$

4. Covarianza de la progenie del progenitor i con el padre no recurrente (W_i):

$$W_i = (1/p - 1) [\sum_j Y_{ij} Y_{jj} - (\sum_j Y_{ij})(\sum_j Y_{jj}) / p]$$

5. Media de las covarianzas entre la progenie del progenitor i con el padre no recurrente (W_{o1oi}):

$$W_{o1oi} = (1/p) \sum_i W_i$$

6. Varianza de las medias de la progenie del progenitor i (V_{oli}):

$$V_{oli} = (1/p - 1) [\sum_i Y_i^2 - (\sum_i \bar{Y}_i)^2 / p]$$

7. Diferencia entre la media de los progenitores y la media de sus progenies y progenitores $(M_{li} - M_{1o})^2$:

$$(M_{li} - M_{1o})^2 = (1/p) [(\sum_i Y_{ii}) - (\sum_i T_i) / p]^2$$

Con el fin de verificar si los datos experimentales se ajustan al modelo aditivo-dominante (ausencia de epistasis) se realizó el análisis de varianza o la prueba de homogeneidad de los valores ($W_i - V_i$). En los casos en que hipótesis de homogeneidad era aceptada, se prosiguió al análisis, haciendo la regresión de los W_i en V_i , usando el modelo lineal simple de la forma ($W_i = a + b V_i$) y se construyó la parábola limitante ($W_i^2 = V_{o1o} \cdot V_i$). En ausencia de interacción no alélica y distribución independiente de genes entre los progenitores, W_i y V_i estarán relacionadas por una línea de regresión con b aproximadamente

igual a 1.

En caso de sobredominancia, la recta interceptará al eje de las ordenadas (W_i) debajo del origen; en caso de dominancia completa, en el origen, y en caso de dominancia incompleta, encima del origen. En ausencia de dominancia, la recta será tangente a la parábola.

La forma como están distribuidos los progenitores a lo largo de la recta de regresión, indica la distribución de los genes dominantes y recesivos en los genotipos parentales. Los que poseen mayor proporción de genes dominantes se encontrarán más cerca al punto de origen y presentarán valores menores de W_i y V_i ; los que posean mayor número de genes recesivos estarán alejados del punto de origen, con mayores valores de W_i y V_i , cercanos a la intercepción de la línea de regresión con la parábola limitante.

Se determinó la correlación (r) entre el grado de dominancia de cada progenitor ($W_i + V_i$) y su comportamiento medio (Y_i). El signo y la magnitud del coeficiente de correlación se usó para evaluar el sentido de actuación de los genes dominantes.

Cuando el coeficiente de correlación (r) presentaba valores significativos y próximos de 1, se procedió a estimar los límites de selección, sustituyendo los valores máximos y mínimos de W_i y V_i en la ecuación $Y_i = a + b(W_i + V_i)$, obtenidos de la siguiente manera:

$$W_i = a + b V_i$$

$$V_i = (W_i - a) / b \quad (1)$$

Como: $W_i^2 = V_{o1o} \times V_i$

$W_i = \pm [V_{o1o} (W_i - a) / b]^{1/2}$; en esta ecuación se obtiene un valor máximo (W_i') y un valor mínimo (W_i''), los cuales se sustituyen en la ecuación (1) y se obtienen valores máximos y mínimos para V_i . Así, se obtendrá:

$$Y_i = a + b (W_i \text{ máximo} + V_i \text{ máximo})$$

$$Y_i = a + b (W_i \text{ mínimo} + V_i \text{ mínimo})$$

Posteriormente se procedió a la estimación de los componentes de la variación, así:

1. Componente genético relacionado con la acción génica aditiva (\hat{D}):

$$\hat{D} = V_{o1o} - \hat{E}$$

\hat{E} = Cuadrado medio del residuo (error experimental), en el presente caso \hat{E} es el cuadrado medio de la interacción genotipo x bloque.

2. Componente genético relacionado con la varianza debida a los desvíos de la dominancia de los genes con efectos positivos (\hat{H}_1):

$$\hat{H}_1 = V_{o1o} - 4W_{o1o} + 4V_{i1i} - (3p - p) \hat{E}/p$$

p = número de progenitores

3. Componente genético relacionado con la varianza debida a los desvíos de dominancia de los genes con efectos negativos (\hat{H}_2):

$$\hat{H}_2 = 4V_{i1i} - 4V_{o1o} - 2\hat{E}$$

4. Componente genético relacionado con las frecuencias relativas de genes dominantes y recesivos en la población parental (\hat{F}). Si los alelos dominantes fuesen más frecuentes que los alelos recesivos, \hat{F} será positivo.

$$\hat{F} = 2V_{o1o} - 4W_{o1o} - 2(p - 2) \hat{E}/p$$

5. Componente genético relacionado con las frecuencias relativas de genes dominantes y recesivos en cada progenitor (\hat{F}_1):

$$\hat{F} = 2(V_{o1o} + W_{o1o} + V_{i1i} - W_i - V_i) - 2(p-2)\hat{E}/p$$

6. Componente genético relacionado con la acción génica dominante (\hat{h}^2); refleja el cuadrado de la diferencia entre la media de los progenitores y la media general de las p^2 combinaciones posibles de la tabla dialélica.

$$\hat{h}^2 = 4(M_{1i} - M_{1o})^2 - 4(p - 1) \hat{E}/p^2$$

Para estimar la significancia de los componentes de la variación genética, se determina

ron las respectivas desviaciones estandar, de acuerdo con la metodología de Hayman (1954, b). El cálculo de la desviación estandar comprendió básicamente tres pasos:

1. Cálculo de la varianza (S^2):

$$S^2 = 1/2 \text{ Var } (W_i - V_i)$$

Como norma general, si el valor del componente genético dividido por su desviación estandar excede el valor de 1.96, el componente es significativamente diferente de cero.

2. Cálculo de multiplicadores:

$$C_{\hat{D}} = (p^5 + p^4) / p^5 = 1.1429$$

$$C_{\hat{H}_1} = (p^5 + 41p^4 - 12p^3 + 4p^2) / p^5 = 6.6239$$

$$C_{\hat{H}_2} = 36p^4 / p^5 = 5.1429$$

$$C_{\hat{F}} = (4p^5 + 20p^4 - 16p^3 + 16p^2) / p^5 = 6.5773$$

$$C_{\hat{h}^2} = (16p^4 + 16p^2 - 32p + 16) / p^5 = 2.3200$$

$$C_{\hat{E}} = p^4 / p^5 = 0.1429$$

3. Cálculo de la desviación estandar:

$$S_{\hat{D}} = (S^2 \times C_{\hat{D}})^{1/2}$$

$$S_{\hat{H}_1} = (S^2 \times C_{\hat{H}_1})^{1/2}$$

$$S_{\hat{H}_2} = (S^2 \times C_{\hat{H}_2})^{1/2}$$

$$S_{\hat{F}} = (S^2 \times C_{\hat{F}})^{1/2}$$

$$S_{\hat{h}^2} = (S^2 \times C_{\hat{h}^2})^{1/2}$$

$$S_{\hat{E}} = (S^2 \times C_{\hat{E}})^{1/2}$$

Los componentes de la variación genética se utilizaron para estimar los parámetros genéticos:

1. Grado medio de dominancia (g m d):

$$(\hat{H}_1 / \hat{D})^{1/2}$$

2. Producto de las frecuencias medias de los alelos de efectos positivos y negativos en loci con dominancia: $\hat{H}_2 / 4\hat{H}_1$. Tiene un valor máximo teórico de 0.25, cuando la frecuencia de alelos positivos y negativos es igual a 0.50.

3. Relación entre el número de alelos dominantes y alelos recesivos:

$$(4\hat{D}\hat{H}_1)^{1/2} + \hat{F} / (4\hat{D}\hat{H}_1)^{1/2} - \hat{F}$$

Cuando está próximo de 1, indica que la distribución de genes dominantes y recesivos en los progenitores es uniforme.

4. Número mínimo de genes o bloques génicos que exhiben dominancia en los progenitores: \hat{h}^2 / \hat{H}_2

Se usaron las evaluaciones $(\hat{H}_1 / \hat{D})^{1/2}$, la significancia de \hat{H}_2 y la diferencia $(\hat{D} - \hat{H}_1)$ para estimar el grado de dominancia.

5. Heredabilidad en sentido estrecho:

$$\hat{h}_e = \frac{1/2\hat{D} + 1/2\hat{H}_1 + 1/2\hat{H}_2 - 1/2\hat{F}}{1/2\hat{D} + 1/2\hat{H}_1 + 1/4\hat{H}_2 - 1/2\hat{F} + \hat{E}}$$

6. Heredabilidad en sentido amplio:

$$\hat{H} = \frac{1/2\hat{D} + 1/2\hat{H}_1 - 1/4\hat{H}_2 - 1/2\hat{F}}{1/2\hat{D} + 1/2\hat{H}_1 - 1/4\hat{H}_2 - 1/2\hat{F} + \hat{E}}$$

3. RESULTADOS Y DISCUSION

En los valores promedios para los caracteres número de frutos por planta, número de inflorescencias por planta y número de frutos por inflorescencias, los progenitores y sus correspondientes híbridos presentaron variabilidad (Cuadro 1), lo cual se confirmó a través del análisis de varianza (Cuadro 2).

El análisis de varianza relacionado con la prueba de homogeneidad de los valores ($W_i - V_i$) no presentó diferencias significativas para ninguno de los caracteres estudiados (Cuadro 3), lo cual permitió la aceptación de la hipótesis de homogeneidad y la aplicación de la metodología de Hayman.

3.1. Número de frutos por planta

La regresión de W_i sobre V_i con

Cuadro 1

Valores promedios para los diferentes caracteres evaluados en una población dialélica compuesta por siete progenitores y sus respectivos híbridos F₁ (sin recíprocos) de tomate "chonto" *Lycopersicon esculentum* Mill

Genotipo	Número de frutos por planta	No. de inflorescencias por planta	No. de frutos por inflorescencia
Angela Gigante- 100 (1)	24.28	6.90	3.54
Licapal- 21 (2)	29.06	7.06	4.12
Raminho (3)	26.96	6.82	3.96
Olho Roxo (4)	16.08	5.02	3.22
1258 (5)	27.20	7.82	3.46
1475 (6)	25.56	6.56	3.94
1507 (7)	17.76	6.68	2.66
1 x 2	26.50	6.42	4.14
1 x 3	30.46	7.60	4.00
1 x 4	24.44	6.56	3.72
1 x 5	26.72	6.62	4.08
1 x 6	21.56	6.62	3.22
1 x 7	22.28	6.60	3.40
2 x 3	32.00	7.32	4.40
2 x 4	23.86	7.02	3.70
2 x 5	29.98	8.02	3.74
2 x 6	22.42	6.86	3.28
2 x 7	26.90	6.40	4.22
3 x 4	24.42	6.70	3.70
3 x 5	27.10	7.56	3.60
3 x 6	24.88	6.16	4.04
3 x 7	27.19	6.00	4.62
4 x 5	23.54	6.06	3.90
4 x 6	16.66	4.90	3.44
4 x 7	14.32	5.26	2.74
5 x 6	21.42	5.98	3.64
5 x 7	25.18	7.72	3.26
6 x 7	21.10	5.22	4.06

Cuadro 2

Cuadrados medios del análisis de varianza, con base en los valores promedios para los caracteres, número de frutos por planta, número de inflorescencias por planta y número de frutos por inflorescencia en una población dialélica de tomate "chonto", *Lycopersicon esculentum* Mill

Fuente de variación	Grados de libertad	No. frutos/planta	No. inflorescencias/planta	No. frutos/inflorescencia
Bloques	4	3.1013 ^{ns}	0.3729 ^{ns}	0.4117 ^{ns}
Genotipo	48	89.9583 ^{**}	3.3359 ^{**}	1.0374 ^{**}
Error	192	8.7290	0.3490	0.3192
Total (Corr.)	244			
Media general ($\bar{Y}..$) =		24.27	6.59	3.71
Desv. standard (s) =		2.95	0.59	0.56
Coef. de variac./($S/\bar{Y}..$) =		12.17	9.07	15.24

ns = Efecto no significativo

** = Efecto altamente significativo (nivel del 1 o/o)

Cuadro 3

Cuadrados medios del análisis de varianza para los valores ($W_i - V_i$), prueba de homogeneidad, para los caracteres número de frutos por planta, número de inflorescencias por planta y número de frutos por inflorescencia, en una población dialélica de tomate "Chonto" *Lycopersicon esculentum* Mill

Fuente de variación	Grados de libertad	No. de frutos/planta	No. de inflorescencias/planta	No. de frutos/inflorescencia
Bloques	4	153.1411 ^{ns}	0.7301*	0.1941 ^{ns}
Tratamiento	6	45.5465 ^{ns}	0.0811 ^{ns}	0.0995 ^{ns}
Error	24	50.0668	0.2463	0.0768
Total (Corr.)	34			

ns = Efecto no significativo

* = Efecto significativo (nivel 5 o/o)

$\hat{B} = 0.756 + 0.122$ (Figura 1), no difirió estadísticamente de 1 ($P = 5$ o/o), pero sí de cero ($p = 1$ o/o), demostrando que un modelo aditivo-dominante es adecuado, no existiendo evidencia de acción génica epistática.

La alta correlación negativa ($r = -0.866^{**}$) entre los grados de dominancia de los progenitores ($W_i + V_i$) y su comportamiento promedio (Y_i) indica que los alelos dominantes favorecen el mayor número de frutos por planta. Los progenitores con mayor número de frutos por planta (Licapal-21, 1258, Raminho 1475 y Angela Gigante) se localizaron próximos a la extremidad inferior del segmento de la recta (Figura 1), lo cual indica que el mayor número de frutos por planta está asociado con alta proporción de genes dominantes.

Los cultivares con menor número de frutos por planta (Olho Roxo y 1507) se localizaron en la extremidad superior de la recta (Figura 1), lo cual explica que el menor número de frutos por planta está asociado con mayor cantidad de genes recesivos.

Según la posición de los progenitores en la recta (Figura 1), la mayor cantidad de genes dominantes favorables, para mayor número de frutos por planta, se encontró en el siguiente orden: Raminho, 1475, Angela Gigante, 1258, Licapal-21, 1507 y Olho Roxo, respectivamente.

Según Hayman (1954 a y b) y Toledo y Kiihl (1982), cuando es significativa la correlación entre ($W_i + V_i$) y Y_i , indica que el efecto de dominancia es, principalmente, unidireccional y permite estimar el límite de selección para todos los genes dominantes y recesivos. Tales límites pudieron ser estimados, para el número de frutos por planta, y corresponden a 34.12 frutos por planta para los genes dominantes y 3.15 frutos por planta para los genes recesivos, respectivamente (Figura 2).

El componente genético aditivo ($\hat{D} = 21.671^{**} \pm 2.282$) y el componente relacionado con la acción génica dominante, con efectos posi-

vos, ($\hat{H}_1 = 343.615^{**} \pm 5.493$ (Cuadro 4) indican que tanto los desvíos aditivos de los genes como los dominantes contribuyeron a la expresión del número de frutos por planta, aunque la magnitud de ambos muestra que la variación debida a los desvíos dominantes tuvo mayor contribución a la expresión del carácter número de frutos por planta.

El hecho de que el componente genético relacionado con los desvíos de genes con efectos negativos (\hat{H}_2) difiere significativamente de cero, indica la existencia de algún grado de dominancia. El valor negativo ($\hat{D} - \hat{H}_1 = -12.944$) indica sobredominancia, lo que se puede confirmar por el valor de $(\hat{H}_1 / \hat{D})^{1/2} = 1.264$ (Cuadro 5) y por el hecho de que la recta de la regresión intercepta el eje de las ordenadas por debajo del origen.

El grado medio de dominancia obtenidográficamente, a través de la fórmula $(g m d) = 2(\overline{AB} / \overline{OB})^{1/2} = 2.207$ también confirmó la mayor participación de la acción génica sobredominante (Hayman, 1958 y Park y Davis, 1976).

La relación entre el número de alelos dominantes y alelos recesivos está en proporción aproximada de 1:1, en la población parental. La estimación del número de genes con dominancia, para éste carácter, no pudo ser realizada en virtud de que \hat{h}^2 no fue significativamente diferente de cero.

3.2. Número de inflorescencias por planta

Para este carácter no se presentó evidencia de epistasis, una vez que el coeficiente de regresión ($\hat{B} = 0.892 \pm 0.228$), (Figura 3) no difirió significativamente de 1 a un nivel de confianza ($P = 5$ o/o), pero sí de 0 ($P = 5$ o/o), lo que demuestra que la adecuación del modelo aditivo-dominante.

El coeficiente de correlación ($r = -0.448$ n s) entre los grados de dominancia de los progenitores ($W_i + V_i$) y los valores promedios de los progenitores (Y_i), no fue estadísticamen-

Cuadro 4

Componentes genéticos y error experimental relacionados con la varianza de los caracteres, número de frutos por planta, número de inflorescencias por planta y número de frutos por inflorescencia, en tomate "Chonto", *Lycopersicon esculentum* Mill

Caracter	Componentes de variación ± desviación estandard					
	\hat{D}	\hat{H}_2	\hat{H}_2	\hat{F}	\hat{h}^2	\hat{E}
1. Número de frutos por planta	21.671** ± 2.282	34.615** ± 5.493	25.302** ± 4.804	- 2.222 ns ± 5.474	0.297 ns ± 3.251	8.729** ± 0.807
2. Número de inflorescencia por planta	0.651** ± 0.096	1.461** ± 0.232	1.418** ± 0.204	- 0.303 ns ± 0.231	- 0.919 ns ± 0.137	0.349** ± 0.034
3. Número de frutos por inflorescencia	0.131 ns ± 0.107	1.080** ± 0.257	0.910** ± 0.226	0.112 ns ± 0.256	0.124 ns ± 0.152	0.319** ± 0.038

ns = Efecto no significativo

** = Efecto altamente significativo (nivel 1 o/o)

Progenitores	W_i	V_i
(1) Angela Gigante	7.526	14.326
(2) Licapal-21	9.808	18.840
(3) Raminho	7.074	12.932
(4) Olho Roxo	20.116	32.126
(5) Tipo 1258	9.764	16.364
(6) Tipo 1475	10.174	12.320
(7) Tipo 1507	24.002	30.398

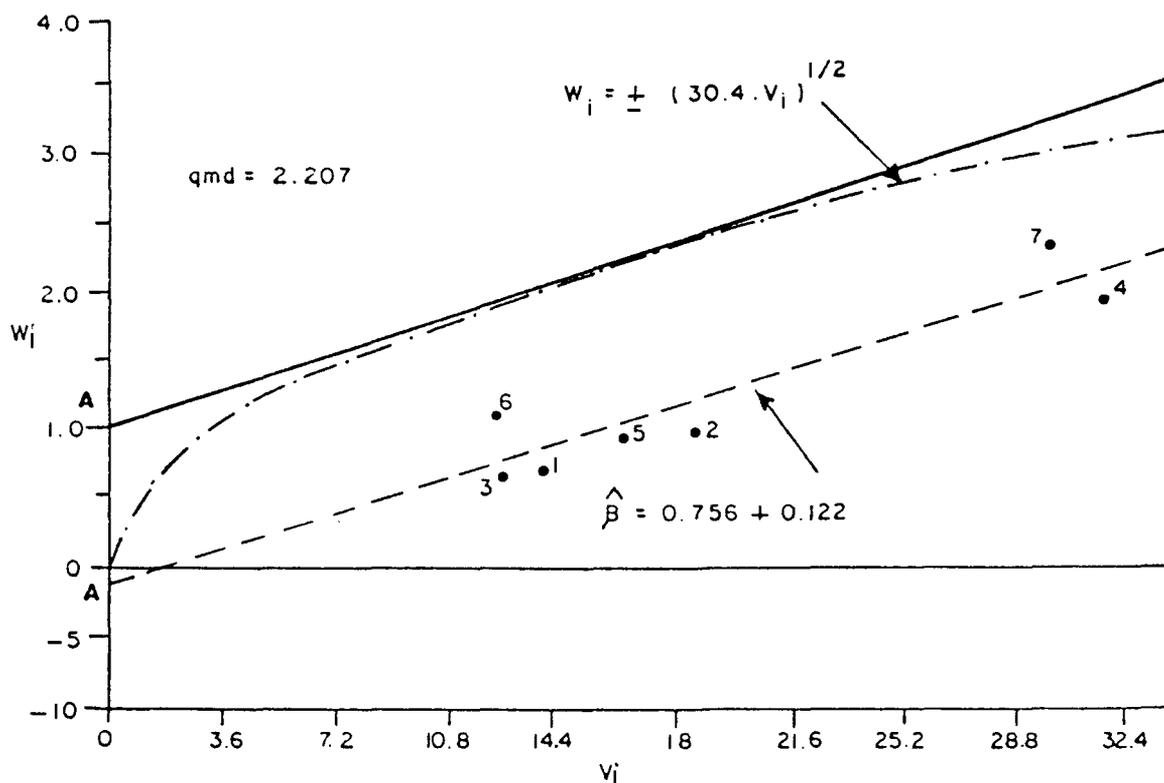


Fig. 1. Regresión entre W_i vs V_i y parábola limitante para el carácter número de frutos por planta

Progenitores	$(W_i + V_i)$	Y_i
(1) Angela Gigante	21.852	24.28
(2) Licapal-21	28.648	29.06
(3) Raminho	20.006	26.96
(4) Olho Roxo	52.242	16.08
(5) Tipo 1258	26.128	27.20
(6) Tipo 1475	22.494	25.56
(7) Tipo 1507	54.400	17.76

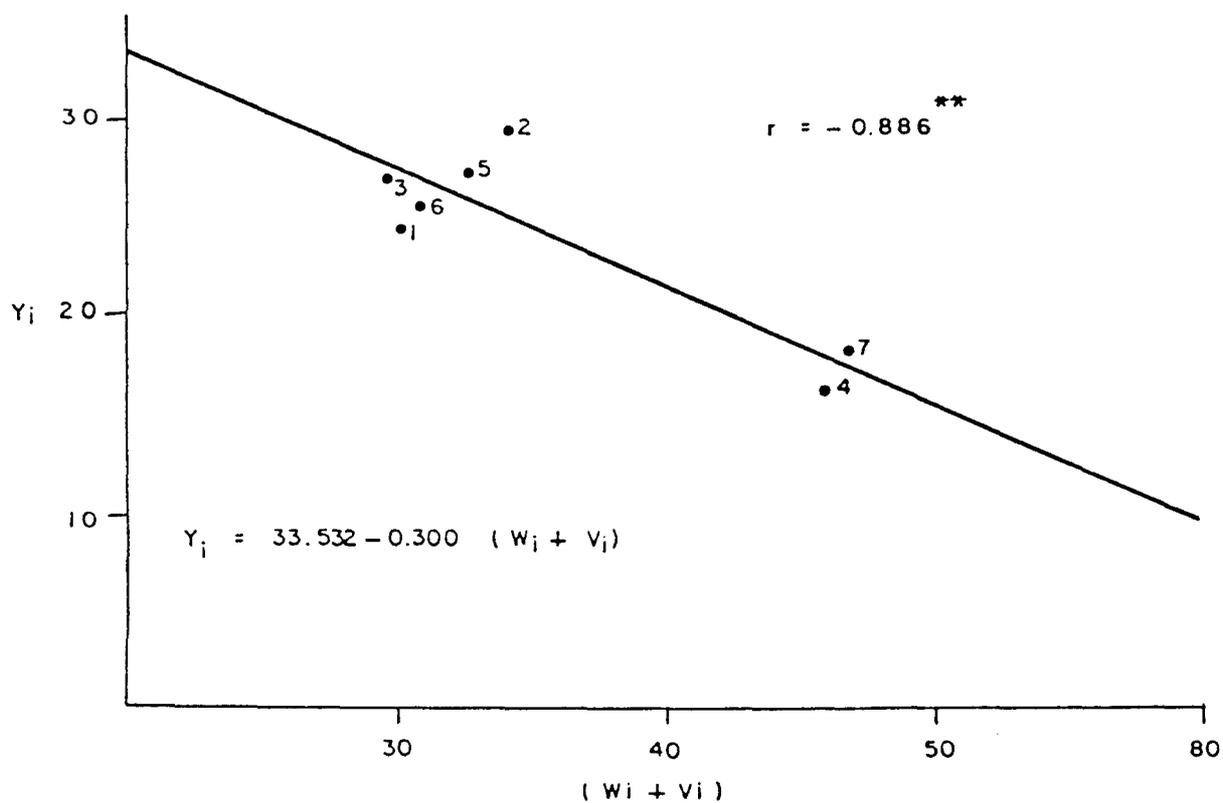


Fig. 2. Regresión entre Y_i vs $(W_i + V_i)$ para el carácter número de frutos por planta

Progenitores	W_i	V_i
(1) Angela Gigante	0.124	0.374
(2) Licapal-21	0.266	0.644
(3) Raminho	0.284	0.756
(4) Olho Roxo	0.868	1.008
(5) Tipo 1258	0.502	0.988
(6) Tipo 1475	0.474	0.776
(7) Tipo 1507	0.640	1.072

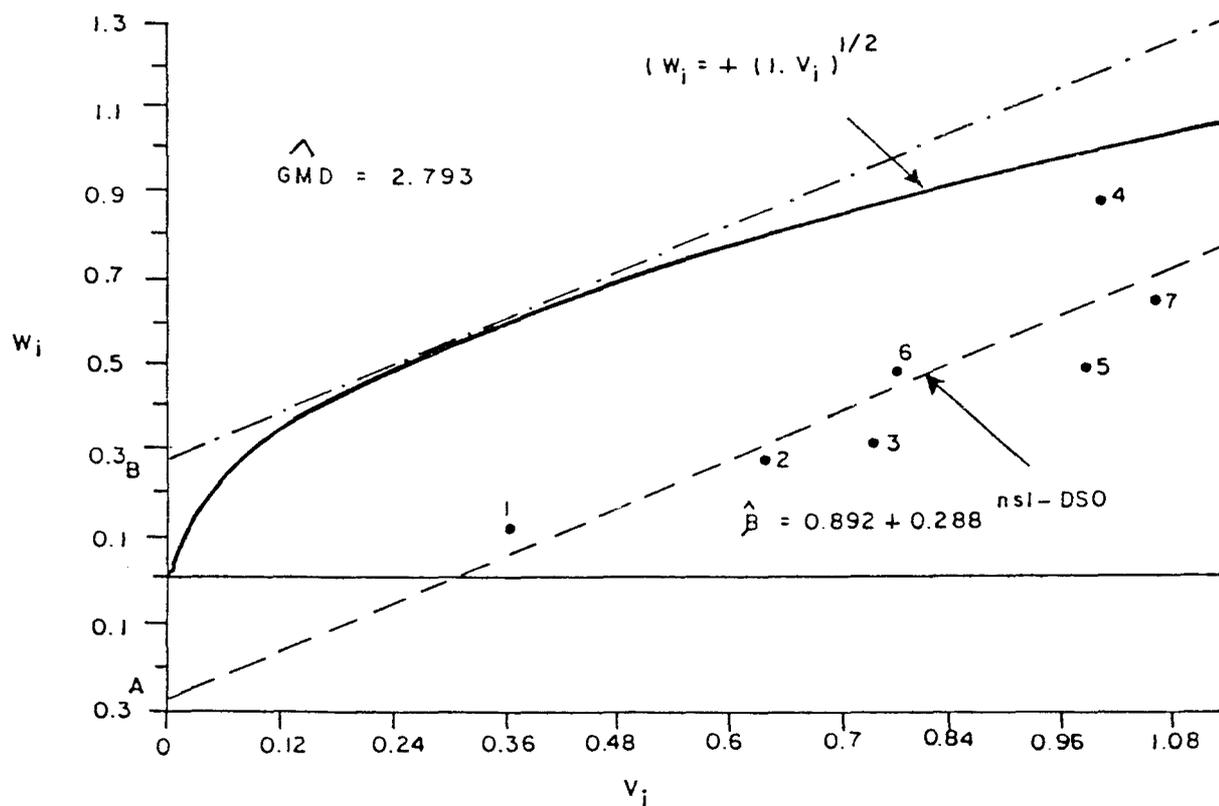


Fig. 3. Regresión entre W_i vs V_i y parábola limitante para el carácter número de inflorescencias por planta

te significativo y por lo tanto no permite estimar los límites de selección para este carácter debido a la ausencia de dominancia unidireccional para mayor o menor número de inflorescencias por planta.

Debido a lo anterior, en la Figura 3 se observa la clasificación relativa de los progenitores, sin ninguna tendencia, en cuanto a proporción de genes dominantes y recesivos, así: Angela Gigante, progenitor que produjo el mayor número de inflorescencias por planta, se encuentra próximo a la extremidad inferior de la recta y en la parte superior de la recta se encuentra un grupo variable de progenitores, Olho Roxo que presentó el menor número de inflorescencias, 1258 que presentó el mayor número de inflorescencias y 1507 con un valor intermedio.

Los componentes ($\hat{D} = 0.651^{**} \pm 0.096$) y ($\hat{H} = 1.461^{**} \pm 0.232$) indican que tanto la varianza debida a los efectos aditivos y dominantes contribuyeron significativamente a la expresión del carácter número de inflorescencias por planta.

El hecho de que el componente \hat{H}_2 difirió significativamente de cero indica la existencia de algún grado de dominancia y el hecho de que ($\hat{D} - \hat{H} = -0.810$) fue menor que cero (Cuadro 5), indica sobredominancia; lo que se puede confirmar por el valor de $(\hat{H}_1/D)^{1/2} = 1.49$ y por la intercepción de la recta por debajo del origen (Figura 3).

El grado medio de dominancia a través del gráfico ($2(\overline{AB}/\overline{OB})^{1/2} = 2.793$) confirmó nuevamente la presencia de sobredominancia para este carácter.

La relación de alelos dominantes y alelos recesivos fue de aproximadamente 1.5:1 (Cuadro 5) mostrando una leve asimetría que se reflejó, también, a través de las frecuencias de los genes de efectos positivos y negativos ($\hat{H}_2/4\hat{H}_1 = 0.243$) muy similar a 0.25 que se presenta cuando la frecuencia de alelos positivos y negativos es igual a 0.5. La estimación del número de genes con dominancia, no pudo rea-

lizarse en virtud de que \hat{h}^2 no fue significativamente diferente de cero.

3.3. Número de frutos por inflorescencia

No se encontró evidencias de epistasia para el carácter número de frutos por inflorescencias. La correlación ($r = -0.861^{**}$) entre el grado medio de dominancia ($W_i + V_i$) y los valores promedios de los progenitores (Y_i) sugirió la presencia de alelos dominantes actuando en sentido de aumentar el número de frutos por inflorescencia. Los progenitores Angela Gigante, 1258, 1475, Raminho y Licapal 21, poseedores de los mayores valores promedios para el carácter número de frutos por inflorescencia, se ubicaron en la extremidad inferior de la recta (Figura 4), indicando que poseen mayor cantidad de genes dominantes favorables para alto número de frutos por inflorescencia.

El componente genético debido a los desvíos aditivos ($\hat{D} = 0.131^{ns} + 0.107$), estadísticamente no fue diferente de cero, lo cual sugiere que éste componente no tiene incidencia significativa en la expresión del carácter. El componente genético debido a los desvíos dominantes con efectos positivos ($\hat{H}_1 = 1.080^{**} \pm 0.257$) fue, significativamente, diferente de cero, lo cual demuestra la gran importancia de este componente en la expresión del número de frutos por inflorescencia.

El hecho de que el componente genético \hat{H}_2 difirió significativamente de cero indica la existencia de algún grado de dominancia, y el hecho de que ($\hat{D} - \hat{H}_1 = -0.949$) fue menor que cero (Cuadro 5) indica la presencia de sobredominancia, lo que se puede confirmar por el valor de $(\hat{H}_1/\hat{D})^{1/2} = 2.871$ y por la intercepción de la recta de regresión por debajo del origen.

Los alelos con cierto grado de dominancia predominan, en número, sobre los recesivos en una proporción de 1.35:1.

Existió pequeña asimetría entre las frecuencias de alelos positivos y negativos lo cual se verificó a través del valor $\hat{H}_1/4\hat{H}_2 = 0.211$, me-

Cuadro 5

Parámetros genéticos derivados de los componentes de varianza de los caracteres, número de frutos por planta, número de inflorescencias por planta y número de frutos por inflorescencia en tomate "Chonto", *Lycopersicon esculentum* Mill

Caracter	Parámetros genéticos						
	$(\hat{H}_1/\hat{D})^{1/2}$ ^a	\hat{h}^2/\hat{H}_2 ^b	$(4\hat{D}\hat{H}_1)^{1/2} + F/(4\hat{D}\hat{H}_1)^{1/2} \hat{F}^c$	$\hat{H}_2/4\hat{H}_1$ ^d	$(\hat{D}-\hat{H}_1)$	\hat{h}_e^e	\hat{H}^f
No. frutos/planta	1.264	0.012	0.922	0.183	- 12.944	0.524	0.724
No. inflor./planta	1.49	0.013	1.439	0.243	- 0.810	0.415	0.710
No. frutos/infloresc.	2.871	0.136	1.350	0.211	- 0.949	0.147	0.503

- a. Grado medio de dominancia
- b. Número mínimo de genes que exhiben dominancia
- c. Razón del número de alelos dominantes para alelos recesivos
- d. Proporción de genes con efectos positivos y negativos en los padres
- e. Heredabilidad en sentido amplio

Progenitores	W_i	V_i
(1) Angela Gigante	0.070	0.260
(2) Licapal-21	0.046	0.396
(3) Raminho	- 0.076	0.430
(4) Olho Roxo	0.074	0.608
(5) Tipo 1258	0.116	0.302
(6) Tipo 1475	- 0.052	0.346
(7) Tipo 1507	0.404	0.856

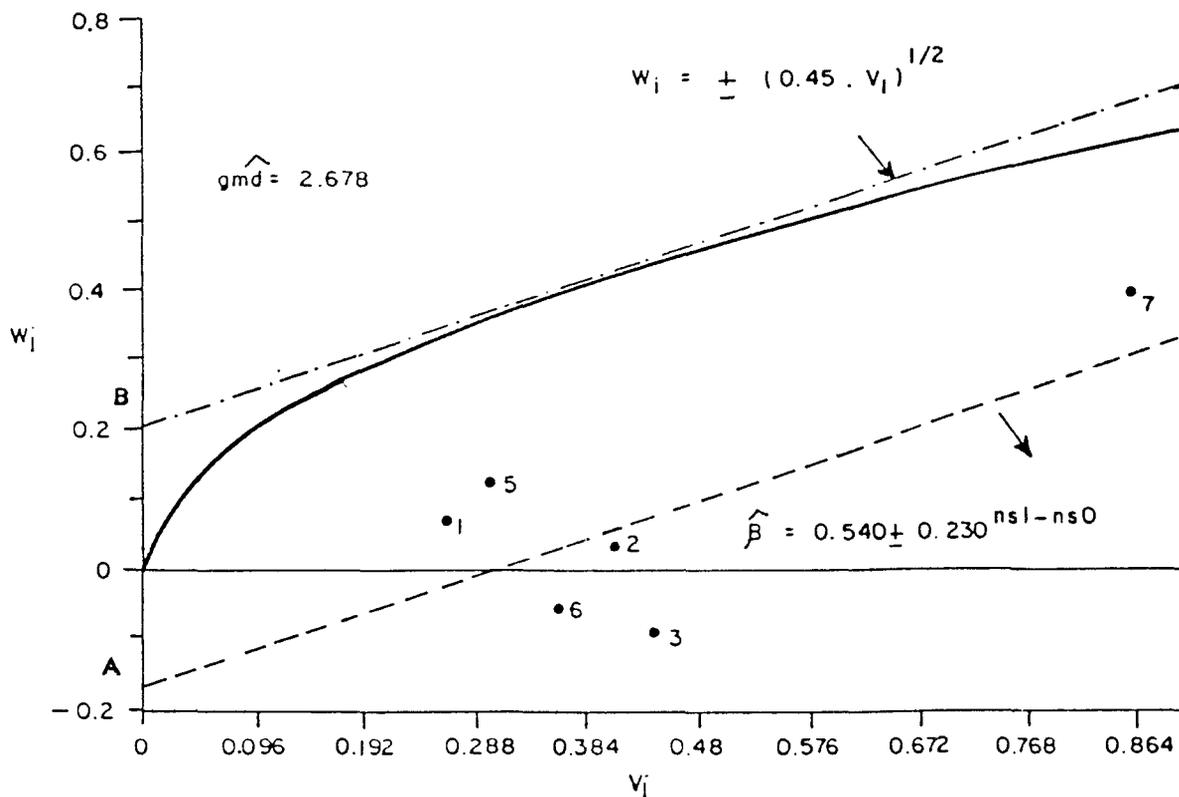


Fig. 4. Regresión entre W_i vs V_i y parábola limitante para el carácter número de frutos por inflorescencia

Progenitores	$(W_i + V_i)$	Y_i
(1) Angela Gigante	0.330	3.54
(2) Licapal- 21	0.442	4.12
(3) Raminho	0.354	3.96
(4) Olho Roxo	0.682	3.22
(5) Tipo 1258	0.418	3.46
(6) Tipo 1475	0.294	3.94
(7) Tipo 1507	1.260	2.66

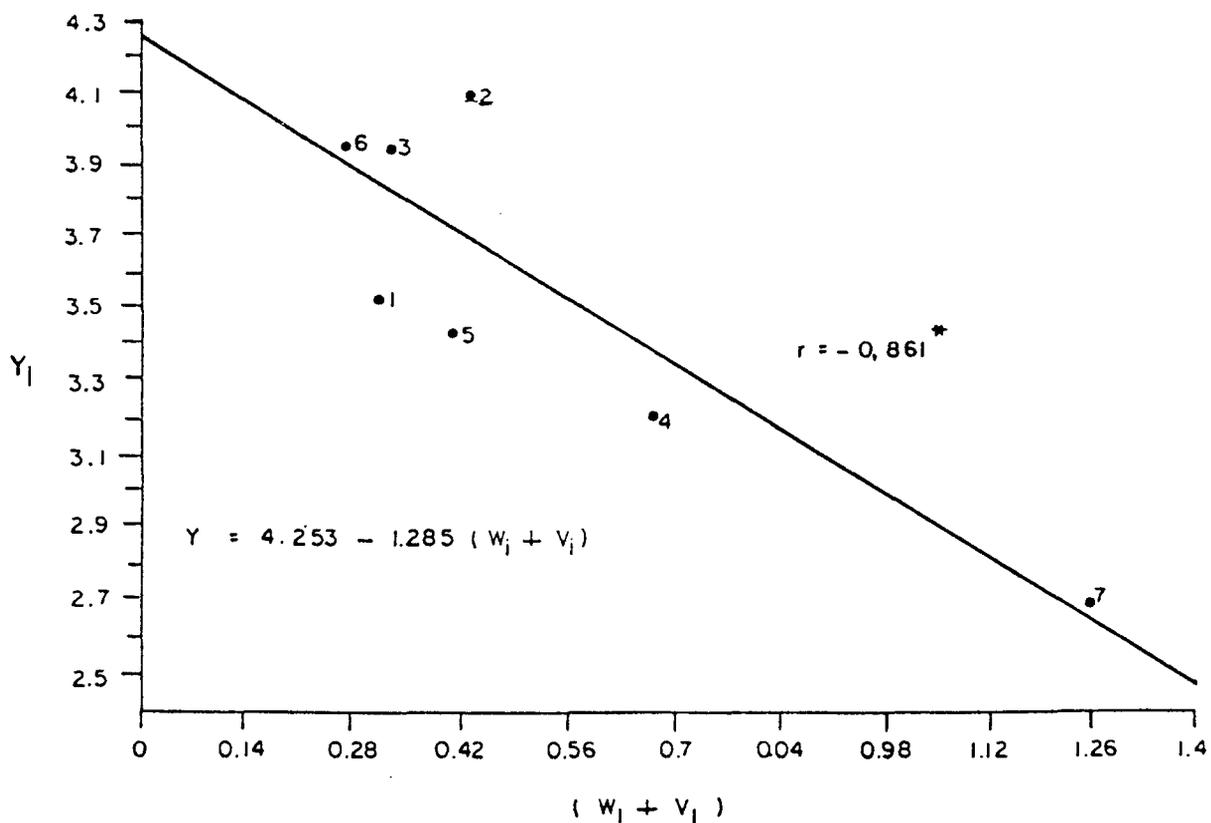


Fig. 5 Regresión entre Y_i vs $(W_i + V_i)$ para el carácter número de frutos por inflorescencia.

nor que 0.25. El número de bloques génicos con efecto dominante, no se pudo establecer debido a la ausencia de significancia del componente genético \hat{h}^2 .

4. CONCLUSIONES

4.1. No se detectó evidencia de epistasis, para ninguno de los caracteres estudiados y los datos experimentales se ajustaron al modelo aditivo-dominante.

4.2. Los valores estimados de los grados medios de dominancia, revelaron la presencia de sobredominancia para los caracteres número de frutos por planta, número de inflorescencias por planta y número de fruto por inflorescencia. Para el carácter número de inflorescencias por planta no se presentó dominancia unidireccional.

4.3. La acción génica aditiva y no aditiva participaron en forma conjunta y significativa en la manifestación de los caracteres número de frutos por planta y número de inflorescencias por planta, indicando que cualquier sistema de selección o la exploración de la heterosis pueden ser usadas como estrategias para mejorar estos caracteres. El carácter número de frutos por inflorescencia estuvo condicionado principalmente por la acción génica no aditiva (dominancia), indicando que la exploración de la heterosis es la mejor alternativa para mejorar este carácter.

4.4. Los límites de selección para el carácter número de frutos por planta fueron 34.12 y 3.15, para padres completamente dominantes y recesivos, respectivamente. Para el carácter número de frutos por inflorescencia fueron 4.37 y 0.29. Para el carácter número de inflorescencia por planta no fue posible estimarlos debido a la baja correlación presentada entre el grado de dominancia y el valor medio de los progenitores.

5. BIBLIOGRAFIA

1. GRIFFING, B. Concept of general and specific combining ability in relation to diallel-crossing systems. *Aust. J. Biol. Sci.* Vol. 9. No. 4. p. 463-493. 1956.
2. HAYMAN, B. I. The analysis of variance of diallel tables. *Biometrics*, Vol. 10. p. 235-44. 1954 a.
3. HAYMAN, B. I. The theory and analysis of diallel crosses. *Genetics*, Vol. 39. p. 809 1954 b.
4. HAYMAN, B. I. The theory and analysis of diallel crosses II. *Genetics*, Vol. 43. No. 1. p. 63-85. 1958 a.
5. HAYMAN, B. I. The theory and analysis of diallel crosses III. *Genetics*, Vol. 45, p. 155-172. 1960 a.
6. MATHER, K. and J. L. JINKS. *Biometrical genetics*. 2ed. London: Chapman and Hall, 1971. 382 p.
7. MARK, H. G. and D. W. DAVIS. Inheritance of interlocular cavitation in a six-parent diallel cross in snap beans, *Phaseolus vulgaris* L. *J. Am. Soc. Hort. Sci.* Vol. 191. No. 2. p. 184-189. 1976.
8. SHARMA, D.; S. S. BHADOURIA and H. C. MALIK. Genetic parameters and their implications in breeding high-yielding varieties of wheat. *Indian J. Agric. Sci.* Vol. 45. No. 7, p. 311-316. 1975.
9. SPRAGUE, G. F. and L. A. TATUM. General versus specific combining ability in single crosses of corn. *J. Amer. Soc. Agron.* Vol. 34. p. 923-932. 1942.
10. TOLEDO, J. F. F. e S. KIIHL. Métodos de análise dialélica do model genético in controle das características dias para floracao e número de folhas trifoliadas en soya. *Pesqui Agropecu Bras.* Vol. 17, No. 5, p. 745-755. 1982.
11. VALLEJO, F. A. Heredabilidad de los componentes del rendimiento en tomate, *Lycopersicon esculentum* Mill. Bogotá: Universidad Nacional de Colombia - Instituto Colombiano Agropecuario, 1976. 93p. (Tesis M. Sc.).