

ANALISIS GENETICO DE LOS CARACTERES DIAS A FLORACION Y NUMERO DE LOCULOS POR FRUTO EN TOMATE

Franco A. Vallejo C. ¹ - José A. Huepa B. ²

COMPENDIO

Se realizó el análisis de Hayman utilizando un cruzamiento dialélico entre diez progenitores de tomate: Angela Gigante, Motelle, A-3020, Raminho A, Raminho B, Santa Clara, Tropic, L-1510, Lanoso y Olho Roxo. No se detectó evidencias de epístasis o sobredominancia 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. Se pudo estimar el límite de selección únicamente para el número de lóculos por fruto (9.04 y 1.46) para padres completamente dominantes y recesivos respectivamente.

Palabras claves : *Lycopersicon esculentum* Mill, Mejoramiento, Acción génica

ABSTRACT

GENETIC ANALYSIS ON DAYS TO FLOWERING AND NUMBER OF LOCULES PER FRUIT IN TOMATO CULTIVARS

Hayman genetic analysis was performed on a diallel cross of ten tomato cultivars (Angela Gigante, Motelle, A-3020, Raminho A, Raminho B, Santa Clara, Tropic, L-1510, Lanoso and Olho Roxo). These ten cultivars and their 45 F₁ hybrids (no distinction was made between reciprocal crosses) were tested in 1995 in Palmira, Colombia. No evidence of either epistasis or overdominance was founded for any of the characters studied. The additive and non additive gene effects were highly significant in the expression of the characters analyzed. The selection limits could be estimated only for number of locules per fruit (9.04 and 1.46). It was not possible to estimate the limits of selection for days to flowering because of the low correlation observed between dominance degree mean value of character and mean performance of progenitors.

Keys Words : *Lycopersicon esculentum* Mill, Breeding, Gene action

INTRODUCCION

La escogencia del método de mejoramiento genético radica en la cantidad y calidad de la variación existente en la población. La calidad discrimina entre variación genética y variación ambiental, las cuales son parte integral de la variación fenotípica. El fenotipo es el punto de partida en todos los procedimientos estadísticos-genéticos, usados para la estimación de los parámetros que definen la acción génica y así mismo, es el único valor tangible para el mejorador de plantas. De allí que, mientras mayor sea la información sobre las contribuciones relativas de los diferentes tipos de efectos genéticos y sus respectivas varianzas, mayor será la precisión en la selección de los mejores genotipos de la población. Por ello, la estimación de los componentes aditivos, dominantes y epistáticos de la varianza genética, constituye valiosa información para los trabajos de selección (Vega, 1987).

Los cruzamientos dialélicos son sistemas de apareamiento que permiten conocer las propiedades genéticas intrínsecas del material en estudio, posibilitando además detectar progenitores y cruzamientos superiores (Sprague y Tatum, 1942).

El análisis de los cruzamientos dialélicos, para plantas autógamas, se fundamenta en las metodologías propuestas por Hayman (1954 a y b) y complementadas por el mismo autor (1958 y 1960) y por Mather y Jinks (1971) y Griffing (1956), (Vallejo, 1994).

La metodología propuesta por Hayman (1954 a y b) se basa 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 alelismo

¹ Ph.D., Profesor Titular, Universidad Nacional de Colombia, Sede Palmira. A.A. 237; ²Estudiante del Programa de Maestría en Fitomejoramiento. Universidad Nacional de Colombia, Sede Palmira.

múltiple, los genes se deben distribuir independientemente entre los progenitores. Permite obtener componentes de varianza genética, parámetros genéticos y efectuar el análisis gráfico a través de la regresión lineal, clasificar los progenitores teniendo en cuenta el grado de dominancia y estimar el límite de selección.

El presente trabajo se realizó con el objetivo general de analizar genéticamente los caracteres días a floración y número de lóculos por fruto en un cruzamiento dialélico entre diez cultivares de tomate. Como objetivos específicos se definieron: determinar la presencia o ausencia de epistasia en los progenitores, determinar el tipo de acción génica que controla la manifestación de estos caracteres, estudiar la distribución de los genes dominantes y recesivos en los progenitores y estimar el límite de selección para dichos caracteres.

PROCEDIMIENTO EXPERIMENTAL

Material Parental

El material parental estuvo constituido por diez cultivares de tomate:

1. **Raminho A:** Selección practicada por el Instituto Pernambucano de Investigación, Brasil, en una población local del mismo nombre. Los frutos son predominantemente biloculares, de forma ovalada, coloración verde-pálida uniforme, con peso de 100 g aproximadamente. Es de maduración tardía y resistente a *Stemphyllium solani*.
2. **Santa Clara:** Desarrollada por el Instituto Agronómico de Campinas, Brasil. Los frutos son biloculares, de forma cuadrada, color rojo intenso, de maduración estándar. Resistente a *Verticillium sp.* raza 1, *Fusarium* raza 1 y *Stemphyllium*. De gran aceptación por los agricultores del Valle del Cauca debido a su alto potencial de rendimiento, (hasta de 50 t/ha).
3. **Tropic:** variedad de origen norteamericano, con gran potencial de rendimiento. El fruto es plurilocular, redondo, ligeramente achatado, liso y firme, maduración estándar. Resistente a *Fusarium* raza 1, *Verticillium* raza 1 y *Alternaria sp.*
4. **Angela Gigante:** Desarrollada por el Instituto Agronómico de Campinas, Brasil. Los frutos son bi o triloculares, peso promedio de 130 g, coloración uniforme, ápice cóncavo y buena resistencia al transporte. Resistente a *Fusarium* raza 1, *Stemphyllium solani* y a diversos tipos de virus.
5. **Olho Roxo:** Seleccionado por el Instituto Pernambucano de Investigación, Brasil, en una población

local del mismo nombre. Los frutos son bi o triloculares, con peso medio de 130 a 160 g. Resistente a *Stemphyllium sp.*

6. **Motelle:** Producido por el I.N.R.A., Francia. Fruto plurilocular, redondeado y 70 g de peso promedio. Es resistente a *Verticillium albo-atrum* (gene Ve), a *Fusarium oxysporum f. lycopersici* razas 1 y 2 (genes I, I₂), a *Stemphyllium solani* (gene Sm) y a nemátodos, *Meloidogyne incognita* y *M. javanica* (gene Mi).
7. **Lanoso:** material con alta pubescencia, frutos muy grandes, pluriloculares, tolerante a plagas y enfermedades, crecimiento determinado, cosecha tardía.
8. **Línea A 3020:** material de origen africano. Fruto plurilocular, crecimiento indeterminado. Presenta resistencia al virus T.S.W.V.
9. **Línea 1510:** Tipo chonto, originario de Dagua, Colombia. Fruto bilocular con peso promedio de 73 g.
10. **Raminho B:** Selección realizada en la Universidad Nacional de Colombia Sede Palmira, en la población de Raminho A.

Obtención de los híbridos F₁

Se realizó el cruzamiento dialélico, en un solo sentido, entre los diez cultivares de tomate seleccionados.

Evaluación Experimental

La evaluación de los híbridos F₁ y los progenitores se realizó en el lote experimental de la Universidad Nacional de Colombia Sede Palmira. Se utilizó el diseño experimental de bloques completos al azar con tres repeticiones. La parcela experimental estuvo constituida por 10 plantas, sembradas en surco sencillo, con distancias de 1.0 m entre surcos y 0.40 m entre plantas. Se evaluaron tres plantas individuales por parcela. El experimento se manejó en forma similar a un cultivo comercial de tomate. Se evaluaron los caracteres días a floración y número de lóculos.

Análisis Genético - Estadístico

El análisis de varianza se hizo para cada uno de los caracteres, con base en los valores promedios. Se estimaron los siguientes parámetros genéticos:

$$\text{Volo}, \hat{V}_r, \hat{D}, \hat{H}_1, \hat{H}_2, \hat{F}, \hat{h}^2, \hat{E}, \sqrt{\hat{H}_1} / \hat{D}, \hat{H}_2 / 4\hat{H}_1,$$

$\left(\sqrt{4\hat{D}\hat{H}_1 + \hat{F}} / \sqrt{4\hat{D}\hat{H}_1 - \hat{F}} \right) y \hat{h}^2 / \hat{H}_2$ cuyo significado es explicado por Hayman (1954b).

Se realizó la prueba de homogeneidad para los valores de $(\hat{W}_i - \hat{V}_i)$ y luego la regresión de los valores $(\hat{W}_i \text{ en } \hat{V}_i)$.

Se dibujó la parábola limitante ($\hat{W}_i = \pm \sqrt{Volo \times \hat{V}_i}$), según la metodología de Jinks y Hayman (Jinks 1954; Hayman 1954b).

Para la interpretación del grado medio de dominancia se usaron los valores $\sqrt{\hat{H}_1 / \hat{D}}$, prueba de significancia de \hat{H}_2 , diferencia ($\hat{D} - \hat{H}_1$) y el análisis gráfico. Para analizar el sentido de actuación de los genes dominantes se utilizaron el signo y la magnitud del coeficiente de correlación \hat{r} de ($\hat{W}_i - \hat{V}_i$) con el valor promedio de la línea parental (\hat{Y}_i)

RESULTADOS Y DISCUSION

El material parental presentó variabilidad significativa para los caracteres días a floración y número de lóculos por fruto (Cuadro 1).

CUADRO 1. Promedio en días a floración y número de lóculos por fruto para los 10 progenitores de tomate *Lycopersicon esculentum* Mill

Progenitores	CARACTERES	
	Días a floración	Número lóculos/fruto
Angela Gigante	21.72	2.53
Motelle	19.00	2.13
A-3020	23.28	3.93
Raminho A	19.28	2.53
Raminho B	25.17	2.00
Santa Clara	20.11	2.87
Tropic	19.33	7.27
L-1510	21.83	3.87
Lanoso	30.94	4.27
Olho Roxo	31.00	2.67
DMS (5%)	5.29	0.96

El análisis de varianza relacionado con la prueba de homogeneidad de los valores ($\hat{W}_i - \hat{V}_i$) no presentó diferencias significativas para ninguno de los caracteres estudiados, lo cual permitió la aceptación de la hipótesis de homogeneidad y la aplicación de la metodología de Hayman.

Los componentes genéticos, error experimental y parámetros genéticos relacionados con la varianza de los caracteres días a floración y número de lóculos por

fruto, se encuentran en los Cuadros 2 y 3 y las representaciones gráficas en las figuras 1, 2 y 3.

Días a floración

La regresión de \hat{W}_i en \hat{V}_i ($\hat{B} = 1.11^{**} \pm 0.61$) no difirió estadísticamente de uno ($\alpha = 5\%$) pero difiere significativamente de cero ($\alpha = 1\%$). Esto sugiere la ausencia de acción génica epistática y por lo tanto la validez del modelo aditivo-dominante. La baja correlación, no significativa, ($\hat{r} = 0.43^{n.s.}$) entre ($\hat{W}_i - \hat{V}_i$) y \hat{Y}_i no permitió estimar los límites de selección para este carácter.

El componente genético aditivo ($\hat{D} = 22.44^{**} \pm 7.37$) y el componente relacionado con la acción génica dominante, con efectos positivos ($\hat{H}_1 = 36.28^{**} \pm 15.69$) indican que tanto los desvíos aditivos de genes como los dominantes contribuyeron en forma altamente significativa a la expresión del carácter días a floración. Considerando la magnitud de ambos componentes, se observa que la sobredominancia tuvo mayor contribución a la expresión de dicho carácter ($\hat{D} - \hat{H}_1 = 13.84$ y $\left(\sqrt{\hat{H}_1 / \hat{D}} = 1.27\right)$ lo cual se refleja en la intersección de la recta de regresión ubicada por debajo del origen (Figura 1).

La relación entre el número de alelos dominantes y recesivo está en proporción de 1.4: 1, en la población parental. La frecuencia de genes con efecto positivo y negativo $\hat{H}_2 / 4\hat{H}_1 = 0.23$ la cual fue muy cercana a 0.25. La estimación del número de genes con dominancia, no se pudo realizar en virtud de que \hat{h}_2 no fue significativamente diferente de cero.

Número de lóculos por fruto

La regresión de (\hat{W}_i en \hat{V}_i) originó un coeficiente de $\hat{B} = 0.95^{**} \pm 0.10$ el cual no difirió estadísticamente de uno ($\alpha = 5\%$), pero sí de cero ($\alpha = 1\%$), sugiriendo la ausencia de epistasia y que el modelo aditivo-dominante es adecuado para analizar genéticamente este carácter.

Se presentó alta correlación significativa y positiva $\hat{r} = 0.86^{**}$ entre los grados de dominancia de los progenitores ($\hat{W}_i + \hat{V}_i$) y su comportamiento promedio (\hat{Y}_i) indicando que los alelos que actúan en el sentido de incrementar este carácter son predominantemente recesivos.

El progenitor Tropic, con mayor número de lóculos por fruto, se encuentra ubicado en la extremidad superior de la recta, indicando que éste cultivar posee alta

CUADRO 2. Componentes genéticos y error experimental relacionados con la varianza de los caracteres días a floración y número de lóculos por fruto, en tomate *Lycopersicon esculentum* Mill

Carácter	Componentes genéticos y Error Experimental					
	\hat{D}	\hat{H}_1	\hat{H}_2	\hat{F}	\hat{h}_2	\hat{E}
Días a floración	22.44 ** ± 7.37	36.28 ** ± 15.69	32.83 ** ± 13.34	9.05 ± 17.00	0.44 ± 8.92	1.06 ^{n.s.} ± 2.22
Número de lóculos/fruto	2.45 * ± 0.11	1.22 ** ± 0.23	0.76 ** ± 0.02	0.53 ** ± 0.25	0.55 ** ± 0.13	0.44 ^{n.s.} ± 0.03

n.s. = No significativo

** = Significativo a nivel de probabilidad del 1%

CUADRO 3. Parámetros genéticos derivados de los componentes de varianza de los caracteres días a floración y número de lóculos por fruto, en tomate *Lycopersicon esculentum* Mill

Carácter	Parámetros genéticos						
	$\sqrt{\hat{H}_1 / \hat{D}}$	\hat{h}_2 / \hat{H}_2	$\sqrt{4\hat{D}\hat{H}_1 + \hat{F}} / \sqrt{4\hat{D}\hat{H} + \hat{F}}$	$\hat{H}_2 / 4\hat{H}$	$(\hat{D} - \hat{H}_1)$	\hat{h}_e	\hat{h}_a
	(a)	(b)	(c)	(d)	(e)	(f)	(g)
Días a floración	1.27	0.01	1.38	0.24	-13.84	0.48	0.94
Número de lóculos/fruto	0.70	0.72	2.56	0.16	1.27	0.76	0.95

a = Grado medio de dominancia

b = Número mínimo de genes que exhiben dominancia

c = Proporción de número de alelos dominantes para alelos recesivos

d = Proporción de genes con efecto positivo y negativo en los padres

e = Diferencia entre efectos aditivos y dominantes positivos

f = Heredabilidad en sentido estrecho

g = Heredabilidad en sentido amplio

proporción de genes recesivos favorables para este carácter. Los progenitores con menor número de lóculos por fruto (Motelle, Santa Clara, Raminho A, Raminho B, Angela Gigante, A-3020 y Olho Roxo) están situados en el extremo inferior de la recta indicando que poseen alta proporción de genes dominantes no favorables para la manifestación del carácter (figura 3).

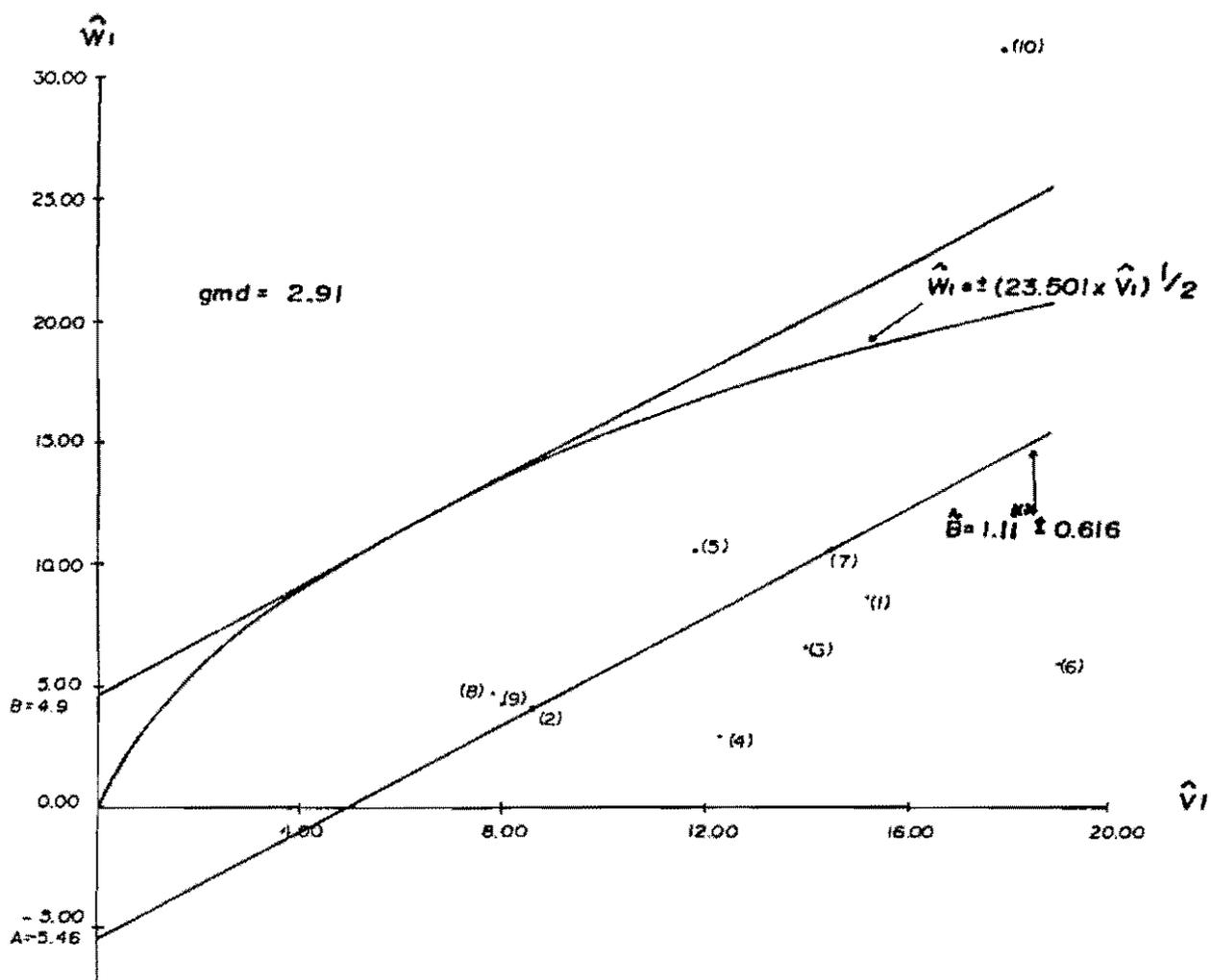
Según Haymann (1954 a y b), Toledo y Kiihl (1982) cuando la correlación entre $(\hat{W}_i - \hat{V}_i)$ y \hat{Y}_i es significativa, indica que el efecto de dominancia es unidireccional y por lo tanto permite estimar el límite de selección para todos los genes dominantes y recesivos. Tales límites se estimaron en 9.04 y 1.46 lóculos por fruto, para genes recesivos favorables y genes dominantes no favorables.

El comportamiento genético aditivo

($\hat{D} = 2.45 ** \pm 0.11$) el componente genético relacionado con la acción génica dominantes con efecto positivo $\hat{H}_1 = 1.22 ** \pm 0.23$ muestran que tanto los desvíos aditivos de los genes como los dominantes, contribuyen significativamente a la expresión del número de lóculos por fruto.

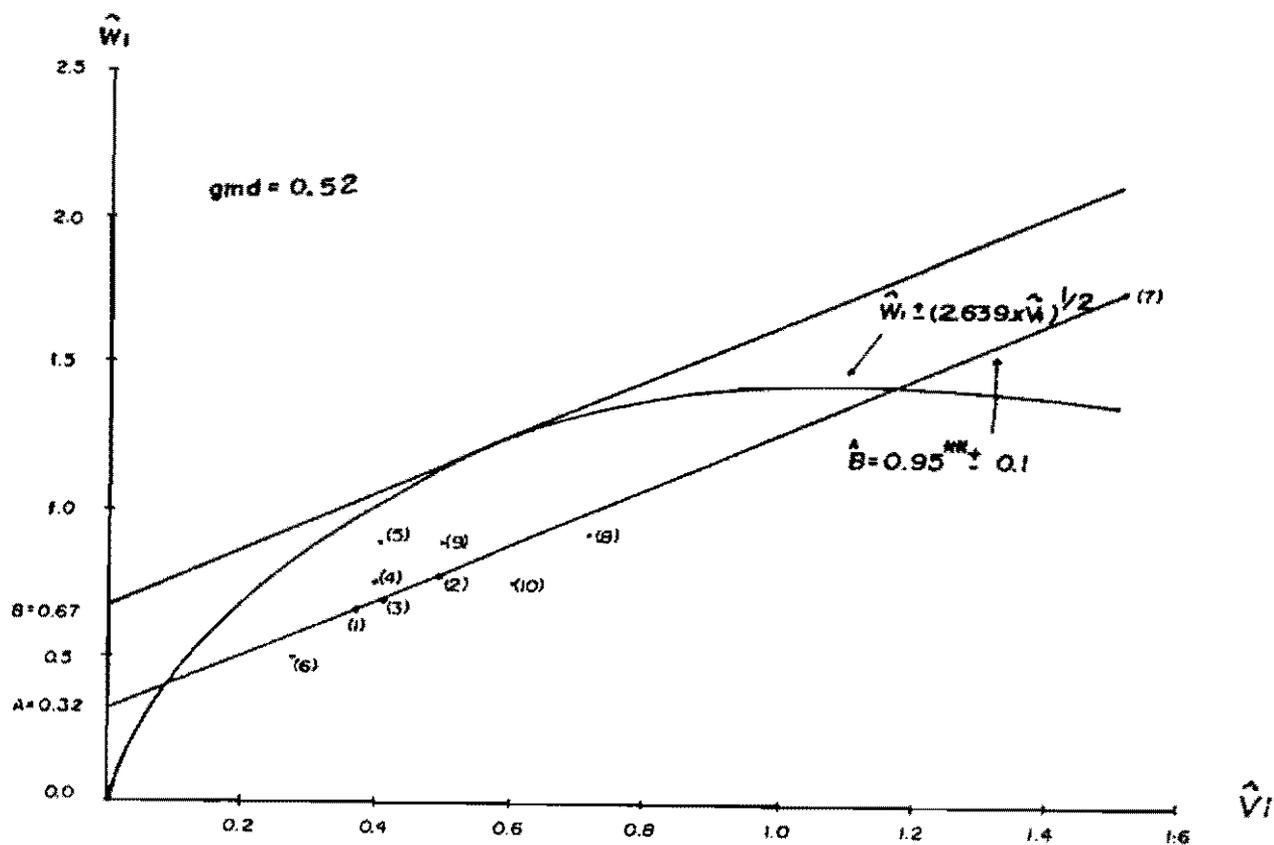
El componente $\hat{F} = 1.53 ** \pm 0.25$ indica mayor cantidad de genes dominantes en la mayoría de los progenitores (siete progenitores están ubicados en el extremo inferior de la recta de regresión) con relación a los genes recesivos presentes en dichos progenitores.

El análisis de los valores $(\hat{H}_2, (\hat{D} - \hat{H}_1), \sqrt{\hat{D} / \hat{H}_1})$ permite identificar la presencia de dominancia parcial



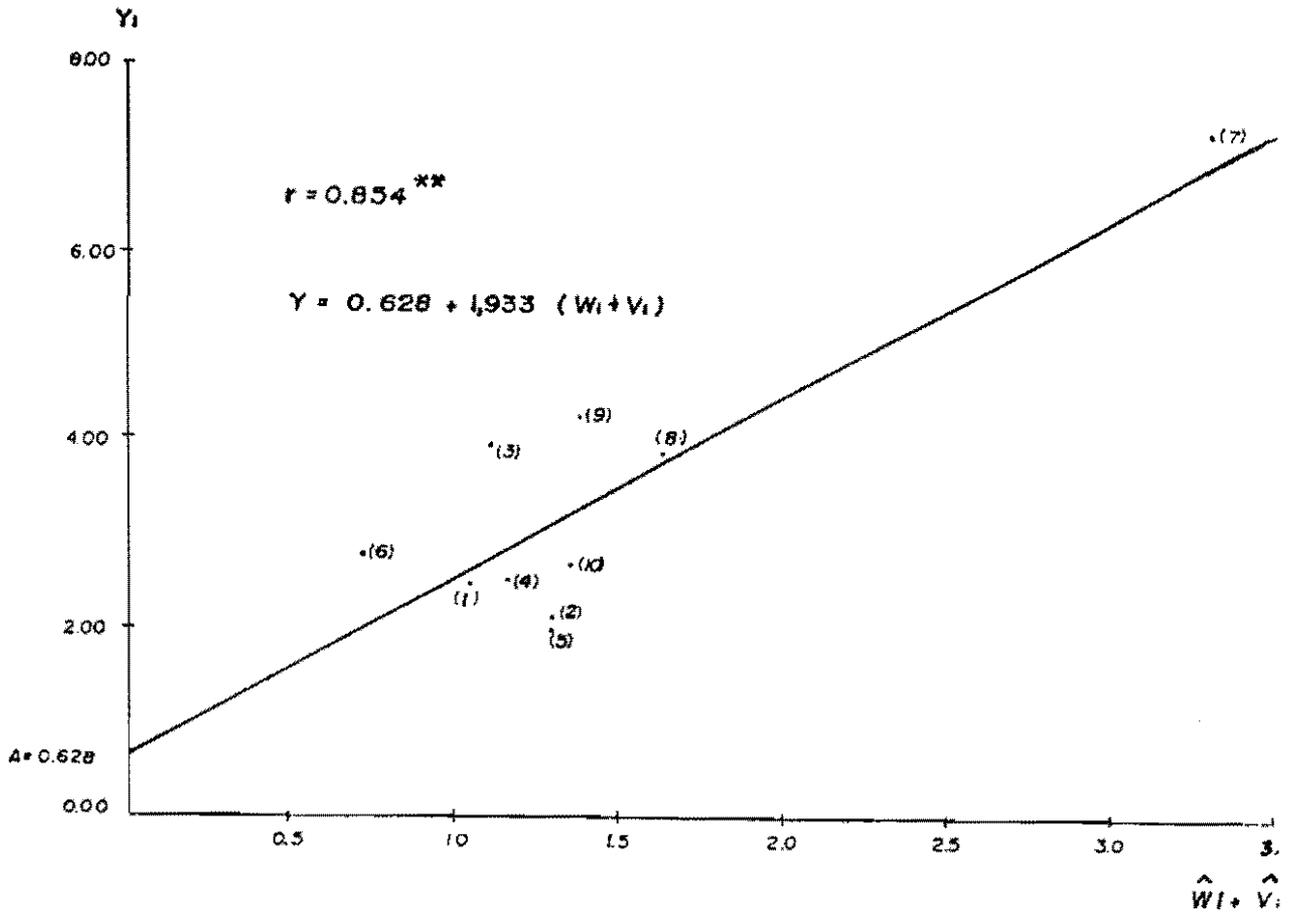
PROGENITORES	\hat{V}_i	\hat{W}_i
(1) Angela Gigante	15.90	8.69
(2) Motelle	8.36	4.23
(3) A-3020	14.10	6.96
(4) Raminho - A	12.27	3.12
(5) Raminho - B	11.90	10.56
(6) Santa Clara	18.94	8.01
(7) Troplo	14.58	10.10
(8) L 1510	7.99	4.92
(9) Lanoso	8.08	4.42
(10) Olho Roxo	18.03	31.63

FIGURA 1. Regresión entre \hat{W}_i Vs \hat{V}_i y parábola limitante para el carácter días a floración



PROGENITORES	\hat{V}_i	\hat{W}_i
(1) <i>Angela Gigante</i>	0.36	0.69
(2) <i>Mafelle</i>	0.49	0.83
(3) <i>A - 3020</i>	0.42	0.69
(4) <i>Raminho - A</i>	0.40	0.77
(5) <i>Raminho - B</i>	0.42	0.90
(6) <i>Santa Clara</i>	0.28	0.45
(7) <i>Tropia</i>	1.51	1.79
(8) <i>L. 15 10</i>	0.72	0.93
(9) <i>Lanoso</i>	0.50	0.89
(10) <i>Olho Roxo</i>	0.61	0.76

FIGURA 2. Regresión entre \hat{W}_i vs \hat{V}_i y parábola limitante para el carácter No. de lóculos por fruto



PROGENITORES	$(\hat{W}_i + \hat{V}_i)$	Y_i
(1) Angela Gigante	1.06	2.53
(2) Motelle	1.32	2.13
(3) A-3020	1.11	3.93
(4) Raminho - A	1.17	2.53
(5) Raminho - B	1.31	2.00
(6) Santa Clara	0.73	2.87
(7) Tropic	3.29	7.27
(8) L-1510	1.65	3.87
(9) Lanoso	1.39	4.27
(10) Oito Roxo	1.37	2.67

FIGURA 3. Regresión entre \hat{Y}_i Vs $(\hat{W}_i + \hat{V}_i)$ para el carácter número de lóculos por fruto

en el control genético del carácter, lo cual se confirma por la intersección de la recta de regresión por encima del origen (figura 2).

El parámetro $(\hat{H}_2 / 4\hat{H}_1) = 0.16$ fue inferior al valor 0.25 lo cual muestra una asimetría entre genes

dominantes con efecto negativo y positivo, en favor de éstos últimos. La relación entre alelos dominantes y recesivos estuvo en proporción de 2.56:1, en la población parental.

BIBLIOGRAFIA

GRIFFING, B. Concept of general and specific combining ability in relation to diallel-crossing systems. *Aust. J. Biol. Sci.* 9(4): 463 - 493. 1956.

HAYMAN, B.I. The analysis of variance of diallel tables. *Biometrics*. 10(8): 235-244. 1954a.

_____. The theory and analysis of diallel cross. *Genetics*. 39(1): 789-809. 1954b.

_____. The theory and analysis of diallel cross. *Genetics*. 43(1): 63-85. 1958.

_____. The theory and analysis of diallel cross. *Genetics*. 45(1): 115-172. 1960.

JINKS, J.L. The analysis of continuous variation in a diallel cross of *Nicotina rustica* varieties. *Genetics*. 39:767-788. 1954.

MATHER, K. and JINKS, J.L. *Biometrical genetics*. 2 ed. London: Chapman and Hall, 1971. 382 p.

SPRAGUE, G. F and TATUM, L.A. General vs specific combining ability in single crosses of corn. *J. Amer. Soc. of Agron.* 34(10): 923-932. 1942.

TOLEDO, J.F.F. e KIHL, S. Métodos de análise dialética do modelo genético em controle das características dias para floração e número de folhas trifoliadas em soja. *Pesq. Agrop. Brasil.* 17(5): 745-755. 1982.

VALLEJO, F.A. Heredabilidad de los componentes del rendimiento en tomate, *Lycopersicon esculentum* Mill. *Acta Agron.* 44(1/4):83-92. 1994.

VEGA, P. Introducción a la teoría de genética cuantitativa. Caracas Universidad Central de Venezuela, 1987. 398 p.