

SELECCION DE LINEAS PROMISORIAS DE PIMENTON, *Capsicum annuum* L., A PARTIR DE UN CRUZAMIENTO DIALELICO

Franco Alirio Vallejo C.¹ - Hernán Ceballos L.² -
Myrian del Carmen Salazar V.³

COMPENDIO

De los 21 híbridos, formados en un cruzamiento dialélico entre siete progenitores, 19 avanzaron hasta la generación F_4 . Los 19 híbridos, originaron 107 líneas F_4 . Las líneas F_4 y los siete progenitores (Roque 8, IAC-7, Morviones, Pimenta Verde Agronómico, Pimenta Amarelo y Red Pepper) se sembraron en un diseño de bloques completos al azar con tres repeticiones. Con el fin de seleccionar las mejores familias y líneas se estableció un índice de selección a partir de los valores promedios estandarizados y multiplicados por la correlación genética del carácter con el rendimiento. Se encontró suficiente variabilidad genética entre los 114 genotipos evaluados. El valor de heredabilidad, basado en promedios de líneas F_4 , varió entre cero para número de lóculos por fruto y 0.64 para peso promedio de fruto. Se encontraron correlaciones positivas y significativas entre el rendimiento y otros caracteres agronómicos. De acuerdo con los parámetros de selección, las mejores familias fueron: PAM x YOL, PVA x PAM, MOR x IAC, MOR x RED, IAC x YOL, PAM x RED y MOR x PAM. Las mejores líneas fueron: L96, L95, L74, L86, L66, L89, L71, L57, L63, L101, L79 y L58.

Palabras Clave: Pimentón, Cruzamiento dialélico, Selección de líneas, Heredabilidad, Correlaciones fenotípicas y genotípicas

SELECTION OF PROMISING LINES OF SWEET PEPPER, *Capsicum annuum* L., IN DIALLELIC POPULATION

ABSTRACT

Selection of promising lines of sweet pepper, *Capsicum annuum* L., from diallel crosses derived from seven parents was carried out in Palmira, Valle-Colombia. F_2 plants from 19 of the 21 original F_1 crosses were planted and advanced to F_4 . The 19 families thus obtained were represented by a varying number of F_4 lines. The seven progenitors (Roque 8, IAC-7, Morviones, Pimenta Verde Agronómico, Pimenta Amarelo y Red Pepper) and 107 F_4 lines were evaluated in a randomized complete block design with three replications. A selection index was established using as weight the standardized mean values of each variable multiplied by its genetic correlation with yield. There was genetic variability between the 114 genotypes evaluated for most of the variables considered. Significant positive correlations were found among several traits and yield. Number of locus per fruits was the only exception. According to the selection index and the evaluation of individual genotypes the best families were: PAM x YOL, PVA x PAM, MOR x IAC, MOR x RED, IAC x YOL, PAM x RED y MOR x PAM; and the best F_4 lines were: L96, L95, L74, L86, L66, L89, L71, L57, L63, L101, L79 y la L58.

Keywords: Sweet pepper, Diallel crosses, Lines selected, Heritability, Genotypic and phenotypic correlations.

INTRODUCCION

La producción y consumo de pimentón se ha incrementado en los últimos años en Colombia. Entre enero de 1990 y agosto de 1994, se importaron 10.222 kg de

semilla de variedades y 14 de semilla híbrida; las principales variedades importadas fueron California Wonder (61.4%), Keystan Resistant Giant No.3 (15.2%), Cubanell (8.5%) y Yolo Wonder (4.9%). En 1994 se sembraron 575 hectáreas (Lema, 1995).

¹ Ph.D., Profesor Titular. Universidad Nacional de Colombia, Sede Palmira A.A. 237 ² Ph.D. Profesor Asociado Universidad Nacional de Colombia, Sede Palmira A.A. 237. ³ Estudiante de Maestría Universidad Nacional de Colombia, Sede Palmira A.A. 237.

La importación de semilla ha creado una dependencia casi total que, ha impedido la creación de materiales nacionales, adaptados a nuestras condiciones y necesidades (Jaramillo, 1990). La importación ha favorecido, además, la desaparición de variedades locales y las bajas producciones debido a la poca adaptación a las condiciones tropicales. El cultivo afronta una serie de problemas relacionados con el bajo potencial de rendimiento, extrema susceptibilidad a plagas, enfermedades y a condiciones adversas de clima, suelo y otros factores (Jaramillo 1989; Lobo, 1989).

Los trabajos de mejoramiento genético en pimentón, en el país, son incipientes y en su mayoría se refieren a estudios relacionados con introducción y adaptación de materiales extranjeros a zonas tradicionales de producción.

La obtención de una variedad comercial de pimentón es una labor que requiere muchos esfuerzos de parte de los investigadores por cuanto éstos necesitan conocer las necesidades o condiciones de las regiones donde se va a utilizar la variedad y la diversidad genética disponible, además de contar con los recursos financieros necesarios.

El presente trabajo tuvo como objetivo general: evaluar y seleccionar líneas promisorias provenientes de la hibridación entre progenitores adaptados e introducidos con miras a su posterior comercialización. Como objetivos específicos se plantearon los siguientes: Obtener líneas F₄ mediante el método SSD, estimar la heredabilidad entre líneas F₄ para caracteres de interés agronómico y estimar las correlaciones fenotípicas y genéticas entre los caracteres estudiados.

PROCEDIMIENTO EXPERIMENTAL

El estudio se realizó en la Universidad Nacional de Colombia, Sede de Palmira, en dos etapas:

1 Etapa: Avance de la familias F₂ a F₄ utilizando el método SSD. Las plantas F₂ se originaron a partir de un cruzamiento dialélico entre siete progenitores (Cuadro 1). Durante el avance generacional se perdieron 2 de los 21 híbridos (Roque 8 x Red Pepper e IAC-7 x Pimentao Amarelo). De los híbridos restantes se obtuvieron 107 líneas F₄.

2 Etapa: Las 107 líneas F₄ y los 7 progenitores se evaluaron en campo, utilizando un diseño experimental de bloques completos al azar, con tres repeticiones. La unidad experimental estuvo constituida por 6 plantas, sembradas en surco sencillo, a 1.0 m entre surcos y 0.5 m entre plantas. El ensayo se manejó de igual forma que en un cultivo comercial y se evaluaron individualmente las cuatro plantas centrales, para los siguientes caracteres: producción por planta, número de frutos por planta, peso promedio de fruto, número de lóculos por fruto, peso promedio de lóculo, días a cosecha y altura de planta.

Para el análisis de la información se siguió la siguiente metodología:

1. Análisis de variancia

Los estimadores de los componentes de variancia se obtuvieron a partir de la esperanza de los cuadrados medios en el análisis de variancia (Cuadro 2). Para evaluar la precisión del trabajo se obtuvo el coeficiente de variación utilizando el cuadrado medio del error y el promedio general de la población.

CUADRO 1. Cruzamiento dialélico que dió origen a las 19 familias y 107 líneas F₄ en *Capsicum annum* L.

PROGENITORES	ROQ	MOR	PVA	IAC	PAM	YOL	RED
ROQUE		ROQxMOR	ROQxPVA	ROQxIAC	ROQxPAM	ROQxYOL	ROQxRED
MORVIONES	7		MORxPVA	MORxIAC	MORxPAM	MORxYOL	MORxRED
PIMIENTA VERDE							
AGRONOMICO	11	6		PVaxIAC	PVAXPAM	PVaxYOL	PVaxRED
IAC-7	12	8	2		IACxPAM	IACxYOL	IACxRED
PIMENTAO AMARELO	6	7	2	0		PAMxYOL	PAMxRED
YOLO WONDER	12	1	1	8	5		YOLx RED
RED DEPPER	0	5	5	1	3	5	

* Valores debajo de la diagonal indica al número de líneas evaluadas por cruzamiento

CUADRO 2. Análisis de variancia, variancia genética y heredabilidad para los caracteres evaluados en *Capsicum annum* L.

FUENTE DE VARIACION	GRADOS DE LIBERTAD	CUADRADOS MEDIOS
Repetición (r)	(r - 1)	$\sigma e^2 + n \sigma^2 r$
Genotipo (n)	(n - 1)	$\sigma e^2 + r \sigma^2 G$
Progenitores (P)	(P - 1)	$\sigma e^2 + r \sigma^2 P$
Progenitores Vs Líneas	1	
Líneas (l)	(n - P - 1)	$\sigma e^2 + r \sigma^2 \text{líneas}$
Error	(r - 1) (n - 1)	σe^2
TOTAL	(r X n)	
COEFICIENTE DE VARIACION (C.V)% = ((c.m. error) / Xp) x 100		
VARIANCIA GENETICA		
Líneas	$\sigma^2 \text{Líneas} = ((\text{c.m. Líneas} - \text{c.m. error}) / r)$	
HEREDABILIDAD		
Líneas	$h^2 \text{ Líneas} = ((\sigma^2 \text{Líneas} / (\text{c.m. Líneas} / r)) \times 100$	

2. Estimadores de utilidad en el análisis

2.1 Variancia genética entre líneas:

$$\delta^2 \text{Líneas} = \frac{(\text{C.M. Líneas}) - (\text{C.M. error})}{(r)}$$

En donde: r = número de repeticiones

2.2. Heredabilidad en sentido amplio basada en promedio de líneas

$$h^2 = \{[(\delta^2 \text{Líneas} / (\text{C.M. Líneas} / r)) \times 100]\}$$

2.3 Correlaciones

El grado de asociación entre los caracteres se estimó usando las covariancias y variancias apropiadas. Las correlaciones fenotípicas y genotípicas se calcularon según Falconer(1977).

$$r_f = [(Cov_f xy) / (\delta_f x \delta_f y)]$$

En donde:

- r_f = Correlación fenotípica entre las variables x, y.
- $Cov_f x, y$ = Covariancia fenotípicas de las variables x, y
- $\delta_f x, y$ = Desviaciones estandar de las variables x ó y

y

$$r_g = [(Cov_g xy) / (\delta_g x \delta_g y)]$$

donde:

- r_g = Correlación genética entre las variables x ó y
- $Cov_g x, y$ = Covariancia genéticas de las variables x ó y
- $\delta_g x, y$ = Desviaciones estandar de las variables x ó y

La significancia de las correlaciones genéticas se estimó con la fórmula (Falconer, 1.977):

$$\bar{\sigma} r(g) = \frac{1 - r^2}{\sqrt{2}} \sqrt{\frac{(\bar{\sigma} h^2 x)(\bar{\sigma} h^2 y)}{[h^2 x h^2 y]}}$$

donde:

- $\delta r(g)$ = error estándar de la correlación genética
- δh^2 = error de la heredabilidad de las variables x ó y
- h^2 = Heredabilidad de las variables x ó y

El error estándar de la heredabilidad se calculó utilizando el modelo propuesto por Hallauer y Miranda (1.981):

$$\sigma_{hxy} = \frac{\sqrt{2/r^2 [(M_3^2/df+2) + (M_4^2/df+2)]}}{M_3/r}$$

En donde:

- r = Número de repeticiones
- M₃ y M₄ = Cuadrados medios de las líneas y error, respectivamente
- df = Grados de libertad del respectivo C.M.

3. Procedimiento de selección

Los criterios de selección fueron genotipos con alto rendimiento, buen formato de fruto y alto peso promedio de fruto. Se realizaron dos procedimientos, independientes entre sí, para seleccionar las mejores líneas F₄: Selección escalonada e índice de selección. Para el análisis de los caracteres evaluados se tuvo en cuenta lo siguiente:

- El carácter rendimiento se evaluó en forma conjunta con los componentes primarios: número de frutos por planta y peso promedio de fruto.
- El carácter número de lóculos del fruto se evaluó en forma conjunta con el carácter peso promedio de lóculos, debido a que éste depende del primero.
- Los caracteres altura de planta y días a cosecha se evaluaron en forma simultánea con los otros caracteres.

3.1 Selección Escalonada

Se seleccionaron las mejores familias (cruzamientos) con base en los promedios de los caracteres de interés. Luego se escogieron las mejores líneas dentro de las familias seleccionadas. En algunos casos se seleccionaron líneas con un buen formato de fruto y peso promedio alto, aunque el rendimiento no difiriera mucho del promedio de los progenitores, debido a que éstos son caracteres de gran importancia comercial.

3.2 Índice de Selección

Estandarización de los valores: se realizó con el fin de disminuir los efectos de factores no controlados en la variación de los datos obtenidos para las variables evaluadas. Se utilizó la siguiente relación:

$$[(X_i - X_p) / \delta]$$

Donde:

- X_i = Promedio del genotipo i de la variable a estandarizar

- X_p = Promedio general de las líneas de la variable a estandarizar

- δ = Desviación estándar de la variable.

- Determinación de un valor de acuerdo a la importancia agronómica de los caracteres evaluados en los materiales seleccionados como son alto rendimiento (10), peso promedio por fruto (10), número de lóculos (8), plantas altas y de buena cobertura y distribución del follaje (3.5), y materiales con un periodo vegetativo no muy largo (4.5). Estableciéndose el siguiente criterio o índice de selección:

INDICE DE SELECCIÓN = (Rendimiento x 10) + (Peso promedio de fruto x 10) + (Número de lóculos x 8) + (Altura de planta x 3.5) - (días a cosecha x 4.5)

Los pesos de índice de selección teórico para las variables peso promedio de fruto, altura de planta y días a cosecha se modificaron para tener en cuenta su respectiva correlación genética con rendimiento. Esta modificación consistió en multiplicar los pesos del índice teórico por la respectiva correlación genética del carácter con rendimiento. El carácter número de lóculos no se tuvo en cuenta en el índice de selección final debido a su bajo valor de heredabilidad y a su baja correlación genética y fenotípica, lo cual sugiere que es un carácter de herencia independiente.

RESULTADOS Y DISCUSION

Los valores promedios para los diferentes caracteres, de las 19 familias difirieron muy poco de los obtenidos por sus progenitores (Cuadro 3). El análisis de variancia (Cuadro 4) mostró diferencias altamente significativas entre genotipos en los caracteres estudiados, excepto para número de lóculos por fruto. La variación entre repeticiones solo presentó diferencias altamente significativas para peso promedio de fruto, peso por lóculo y altura de planta. Los coeficientes de variación oscilaron entre 6.74% para días a cosecha y 43.37% para número de frutos por planta. Los coeficientes de variabilidad relativamente altos se debieron, en parte, a que se trabajó con parcelas experimentales con alta heterogeneidad. Los valores fueron similares a los obtenidos en el trabajo de Salazar (1.988).

De acuerdo con la descomposición fenotípica de la suma de cuadrados en todos los caracteres evaluados, el mayor porcentaje de la variabilidad correspondió a la fuente de variación líneas por familia (mayor del 45% en todos los casos). Los resultados mostraron buena variabilidad genética para los caracteres evaluados que puede explotarse por el fitomejorador en futuros programas de selección.

Los valores de heredabilidad, basadas en promedios de líneas F₄, oscilaron entre 0 para número de lóculos

CUADRO 3. Promedios y pruebas de significancias de las familias evaluadas en *Capsicum annuum* L.

CRUZAMIENTOS	FAMILIAS	NO. LINEAS	IND. SELECCION	REND. t/ha	NO. FRUTOS	PESO PROM. FRUTO	NO. LOCULOS	PESO LOCULO	ALTURA PLANTA	DIAS A COSECHA
PAM x YOL	FAM 17**	5	19.65	16.63	6.08	110.56	3.36	33.23	41.71	106.53
IAC x RED	FAM 16	1	11.28	11.46	4.44	105.05	3.00	35.01	46.99	100.00
PVA x PAM	FAM 12**	2	9.35	14.36	6.18	91.38	3.11	29.60	45.10	106.50
MOR x IAC	FAM 7**	8	6.23	14.47	6.82	85.98	3.10	27.82	42.78	107.50
MOR x RED	FAM 10**	5	5.99	14.86	6.38	92.59	3.09	30.23	39.20	111.93
IAC x YOL	FAM 15**	8	4.39	13.78	6.54	84.75	3.13	27.25	42.06	106.41
PVA x YOL	FAM 13	1	2.67	15.23	8.41	73.18	2.91	25.91	43.75	110.33
MOR x PAM	FAM 8**	7	2.60	14.05	8.50	74.95	2.98	23.66	41.73	103.43
PAM x RED	FAM 18**	3	2.56	14.29	9.22	69.32	3.11	21.50	47.81	106.66
ROQ x PVA	FAM 2	11	2.33	14.79	8.79	69.39	2.96	23.49	46.37	108.36
YOL x RED	FAM 19	5	-0.32	13.06	7.44	72.28	3.12	23.60	45.28	106.73
PVA x IAC	FAM 11	2	-4.08	13.09	8.09	67.06	2.75	24.62	40.53	106.33
MOR x PVA	FAM 6	6	-5.08	13.29	8.33	63.20	3.06	20.93	43.24	109.55
ROQ x IAC	FAM 3	12	-5.29	11.26	6.35	72.16	3.08	23.48	42.58	106.05
ROQ x YOL	FAM 5	12	-9.15	11.09	7.00	66.27	3.02	22.07	38.42	104.89
ROQ x MOR	FAM 1	7	-9.98	12.60	9.17	57.03	2.96	19.46	42.64	111.71
PVA x RED	FAM 14	5	-10.31	10.83	6.96	63.41	2.97	21.38	41.56	107.26
MOR x YOL	FAM 9	1	-11.04	9.46	6.00	66.34	2.94	22.50	44.11	107.00
ROQ x PAM	FAM 4	6	-11.77	10.81	7.44	60.16	2.94	20.61	42.07	108.50
TOTAL		107								
PROMEDIOS										
PROGENITORES				13.14	6.50	85.54	3.02	28.52	41.99	105.33
FAMILIAS				13.13	7.27	76.06	3.03	25.07	43.05	107.14
FAMILIAS SELECCIONADAS				14.64	7.10	87.07	3.13	27.61	42.91	106.99
PRUEBA DE SIGNIFICANCIA										
DMS 5%	2 vs 2		6.44	1.51	21.74	0.39	7.03	7.80	8.17	
	2 vs 6.5		5.21	2.49	17.58	0.32	5.68	6.31	6.60	
	2 vs 11.5		4.94	2.36	16.66	0.30	5.39	5.98	6.26	
	6.5 vs 6.5		3.57	1.71	12.06	0.22	3.90	4.33	4.53	
	6.5 vs 11.5		3.16	1.51	10.67	0.19	3.45	3.83	4.01	
	11.5 vs 11.5		2.69	1.28	9.07	0.16	2.93	3.25	3.41	

** Familias seleccionadas

de fruto y 0.64 para peso promedio de fruto. Estos valores fueron relativamente altos (con excepción del número de lóculos por fruto), lo cual permite suponer buena respuesta a la selección.

Las correlaciones genéticas fueron generalmente altas y presentaron la misma tendencia que las correlaciones fenotípicas (basadas en promedios de líneas F_4) para

los caracteres de interés como son rendimiento, peso promedio de fruto, altura de planta y días a cosecha (Cuadro 5). Los valores más altos se obtuvieron para rendimiento con peso promedio de fruto (0.68**), rendimiento con peso promedio de lóculo (0.77**), rendimiento con altura de planta (0.89**), número de frutos con altura de planta (0.79**), número de frutos con días

CUADRO 4. Cuadrados medios, partición de la suma de cuadrados, variancias genéticas y heredabilidades para 114 genotipos de *Capsicum annum* L.

FUENTE DE VARIACION	GRADOS DE LIBERTAD	RENDIMIENTO t/ha	NO. FRUTOS/PLANTA	PESO PROM. FRUTO	NO. LOCULO/ PLANTA	PESO PROM./LOCULO	ALTURA PLANTA	DIAS A COSECHA
REPETICION	2	55.77	12.93	3306.24**	0.09	329.21**	1642.42**	30.32
GENOTIPO	113	45.92**	10.61**	1046.64**	0.11	93.85**	76.26**	76.31**
Progenitores	6	18.60	4.99	1154.98**	0.12	95.03**	23.65	39.89
Ps.vs.Lín.	1	0.16	150.12	2644.23**	0.02	369.67**	6.03	72.82
Líneas	106	47.82**	10.88**	1025.44**	0.07	91.27**	79.90**	78.40**
ERROR	226	32.42	7.39	369.06	0.12	38.59	47.5	52.1
C.V. %		43.37	37.65	25.07	11.43	24.57	16.04	6.74

PARTICION DE LA SUMA DE CUADRADOS FENOTIPICA ENTRE GENOTIPOS								
Progenitores		2.15%	2.5%	5.86%	5.58%	5.38%	1.65%	2.78%
Ps. vs. Lín.		0.01%	1.26%	2.24%	0.24%	3.40%	0.07%	0.84%
Líneas		69.11%	65.94%	46.85%	66.86%	52%	77.19%	76.72%

VARIANCIAS GENÉTICAS								
Líneas		5.13	1.16	218.79	0	17.56	10.80	8.77

HEREDABILIDADES								
Líneas	±	0.32 ± 0.15	0.32 ± 0.148	0.64 ± 0.14	0	0.58 ± 0.14	0.41 ± 0.147	0.34 ± 0.149

** Nivel de significancia al 1%

* Nivel de significancia al 5%

a cosecha (0.67**) y peso promedio de fruto con peso promedio de lóculo (1.0**), resultados similares fueron reportados por Vallejo (1.987).

El rendimiento mostró buena asociación genética y fenotípica con la mayoría de los caracteres evaluados. Una planta de pimentón con alto número de frutos tenderá a tener un rendimiento alto ($r_g = 0,68^{**}$) y una altura de planta adecuada ($rg=0.89^{**}$).

Sin embargo, plantas con alto número de frutos, tienden a mostrar bajo peso promedio de fruto ($rg = -0.71^{**}$). La correlación fenotípica de días a cosecha con los otros caracteres fue es baja y en ningún caso significativa, lo cual implica que en un programa de mejoramiento de pimentón los mejores materiales en cuanto a rendimiento y sus componentes, altura de planta y formato de fruto pueden también ser precoces. Resultados similares reportó Vallejo en (1.987).

El grado de asociación del número de lóculos por fruto con otros caracteres, tanto fenotípica como genética-

mente, fue bajo y no significativo, sugiriendo que es un carácter independiente (Cuadro 5).

Las correlaciones fenotípicas entre progenitores y sus progenies fueron bajas (Cuadro 5 diagonal), excepto para rendimiento (0.23**), peso promedio (0.19**) y número de lóculos (0.32**); para el caso de los valores bajos no se puede preveer el comportamiento de las progenies en función del comportamiento fenotípico de los progenitores, a pesar que estadísticamente estas correlaciones fueron altamente significativas.

Selección de materiales

Selección escalonada

De acuerdo con las necesidades de los agricultores en Colombia, con base en el valor promedio, se seleccionaron las mejores 7 familias (Cuadro 3), [siempre haciendo énfasis en los caracteres de importancia comercial y además que dichos valores fueron superiores al promedio general entre las 19 familias evaluadas]. Las familias más sobresalientes se derivaron de los

CUADRO 5. Correlaciones fenotípicas basadas en promedios de progenies (encima diagonal), genéticas entre los promedios de los 114 genotipos (debajo diagonal), y la correlación fenotípica basada en observaciones individuales entre el promedio de los progenitores y las líneas que conforman las familias (diagonal) en *Capsicum annum L.*

FENOTÍPICA GENÉTICAS	RENDIMIENTO	NUMERO FRUTOS/PLANTA	PESO PROM. FRUTO	NUMERO LOCULOS	PESO LOCULO	ALTURA PLANTA	DÍAS A COSECHA
Rendimiento	0.23**	0.51**	0.49**	0.12n.s.	0.50**	0.35**	0.00n.s.
Número frutos/planta	0.029n.s.	0.08n.s.	-0.45**	-0.23*	-0.42**	0.33**	0.11n.s.
Peso prom./frutos	0.68**	-0.71**	0.19**	0.40**	0.96**	0.00n.s.	-0.15n.s.
Número lóculos/fruto	0	0	0	0.32**	0.15n.s.	-0.11n.s.	-0.05n.s.
Peso lóculo	0.77**	-0.67**	1.00**	0	0.08n.s.	0.03n.s.	-0.12n.s.
Altura planta	0.89**	0.79**	0.02n.s.	0	0.04n.s.	-0.22**	0.07n.s.
Días a cosecha	0.66**	0.67**	0.09n.s.	0	-0.11**	0.16**	0.04n.s.

** Nivel de significancia al 1%

* Nivel de significancia al 5%

cruzamientos entre Morviones X IAC-7, Morviones X Pimentao Amarelo, Morviones X Red Pepper, Pimentao Verde Agronómico X Pimentao Amarelo, IAC-7 X Yolowonder, Pimentao Amarelo X Yolowonder, Pimentao Amarelo X Red Pepper.

De acuerdo con los parámetros establecidos se seleccionaron las 12 mejores líneas dentro de las mejores familias (Cuadro 6). Estas líneas, por encontrarse con alto grado de homocigosis (líneas F_4), se pueden llevar a ensayos de rendimiento más amplios, y de ahí seleccionar las mejores y ofrecerlas a la industria de semillas.

La diferencia mínima significativa (DMS) al 5% para las familias evaluadas fue mucho mayor que al comparar entre líneas F_4 (Cuadro 3).

Índice de selección

En el Cuadro 3, se puede observar que de las 19 familias evaluadas, 10 tuvieron un comportamiento superior al promedio de las familias, de las cuales se seleccionaron las mejores 7: PAM X YOL, PVA X PAM, MOR X IAC, MOR X RED, IAC X YOL, PAM X RED, MOR X PAM, mientras que familias como IAC X RED a pesar de tener un buen índice de selección, no fue seleccionada por poseer un número muy bajo de líneas por familia.

Utilizando el índice de selección correspondiente, se escogieron las mejores 25 líneas dentro de las familias

(Cuadro 6), de estas 25 líneas se seleccionaron las 12 mejores. Esta última selección se llevó a cabo, no sólo teniendo en cuenta el rendimiento de cada línea, sino buscando que en un mismo material se conjuguen los caracteres de interés comercial como son el formato del fruto, peso promedio del fruto superior a los 70 g., la altura de planta con buena distribución del follaje para protegerse de problemas fisiogénicos como el golpe de sol y período vegetativo no superior al promedio de los progenitores. Finalmente, no se eligieron entre una y dos líneas, por familia seleccionada, para garantizar variabilidad genética entre los materiales seleccionados.

Las líneas seleccionadas fueron las siguientes: L96 y L95 cuyos progenitores son PAM X YOL; L86 y L89 cuyos progenitores son IAC X YOL; L71 y L74 cuyos progenitores son MOR X RED; L66 cuyos progenitores son MOR X PAM; L57 y L58 cuyos progenitores son MOR X IAC; L79 cuyos progenitores son PVA X PAM y finalmente la L101 cuyos progenitores son PAM X RED.

En las familias seleccionadas (Cuadros 3 y 6) en cuatro ocasiones actuó como progenitor el material Pimentao Amarelo, en tres Morviones; en dos ocasiones IAC-7 y Yolowonder y sólo en un caso los progenitores Red Pepper y Pimentao Verde Agronómico, lo cual sugiere que en un programa de mejoramiento para pimentón se podrá obtener grandes ganancias en selección cuando se utilicen como progenitores materiales como Pimentao Amarelo, Morviones, IAC-7 y Yolowonder.

CUADRO 6. Mejores 25 líneas seleccionadas en *Capsicum annuum* L.

FAMILIAS	LÍNEAS	INDICE SELECCIÓN	REND. t/ha	NUMERO DE FRUTOS	PESO PROM. FRUTOS	NUMERO LOCULOS	PESO LOCULO	ALTURA DE PLANTA	DIAS A COSECHA
PAM x YOL	96**	38.91	19.40	5.36	139.75	3.55	40.34	45.55	104.00
PAM x YOL	95**	29.85	17.49	5.52	123.98	3.61	34.86	47.55	104.33
MOR x RED	74**	27.83	19.01	5.89	129.68	3.00	43.23	39.33	113.33
MOR x IAC	57**	24.55	21.09	9.55	89.39	3.00	29.92	46.11	105.33
MOR x RED	71**	22.58	19.85	7.52	106.02	3.11	34.28	35.44	106.00
IAC x YOL	86**	21.12	15.76	5.50	112.72	3.33	33.52	37.39	95.33
MOR x PAM	66**	17.63	12.33	4.22	124.62	3.44	35.92	40.55	99.00
PAM x YOL	97	16.82	15.71	5.83	106.87	2.94	36.59	37.83	101.00
PVA x PAM	79**	16.61	15.49	6.44	93.67	3.00	31.22	51.19	103.66
IAC x YOL	89**	16.05	17.40	8.33	88.59	3.50	25.48	50.00	109.66
MOR X PAM	63**	15.95	17.62	9.33	80.37	3.00	26.79	42.11	95.33
PAM x YOL	99	14.49	16.58	6.77	102.89	3.22	31.81	37.00	107.00
MOR x IAC	58**	13.73	18.49	9.61	76.84	3.16	24.32	43.89	104.33
MOR x PAM	67	13.26	19.40	13.50	75.23	3.16	23.48	36.00	100.33
IAC x YOL	87	11.77	14.56	5.94	99.97	3.22	31.44	44.08	108.00
IAC x YOL	91	11.53	16.67	7.22	90.47	2.89	32.91	46.41	114.33
PAM x RED	101**	11.30	14.06	8.16	90.86	3.33	25.66	52.94	108.33
PAM X RED	100	8.20	17.27	11.00	64.05	3.11	20.62	49.16	106.00
MOR x IAC	60	7.32	14.97	6.44	93.98	3.30	28.59	40.55	112.00
MOR X IAC	61	7.15	13.80	5.33	102.86	3.16	32.26	38.66	111.66
IAC x YOL	90	6.14	13.76	6.61	83.33	2.94	28.66	44.66	103.66
MOR x IAC	62	4.87	12.89	6.25	83.48	3.00	27.83	46.91	104.66
MOR x PAM	64	4.22	15.99	9.33	69.58	3.00	23.19	44.44	108.33
IAC x YOL	93	4.02	13.76	6.77	79.45	3.08	25.68	43.63	104.33
MOR x IAC	59	3.97	12.24	5.33	92.93	3.00	32.11	43.16	107.33
PROMEDIOS									
25 Líneas			16.22	7.27	96.06	3.16	30.43	43.38	105.49
12 mejores líneas			17.33	7.12	104.71	3.25	32.13	44.34	104.05
Progenitores			13.14	6.50	85.54	3.02	28.52	41.99	105.33

** Líneas seleccionadas

A partir de los dos métodos de selección usados en el presente trabajo puede observarse que tanto a nivel de familias como de líneas hubo un 100% de concor-

dancia entre las familias y líneas seleccionadas con base en los valores promedios y por índice de selección.

BIBLIOGRAFIA

FALCONER, D.S. 1.977. Introducción a la genética cuantitativa. México: Continental. 430 p.

HALLAUER, A.R. and J. B., MIRANDA. 1.981. Quantitative genetics in maize breeding. Iowa State University. 468 p.

JARAMILLO, J. 1.989. Impacto de la investigación sobre hortalizas en Colombia. En: 4. Memorias. Congreso y Exposición Nacional de la industria Hortofrutícola. p 33-77.

..... 1.990. Importación de semillas de hortalizas en Colombia. Diez años después. En: Semillas. Vol 14, no. 2; p. 17-20

LEMA, R. 1.995. Comercialización de semillas importadas de cilantro, *Coriandrum sativum* L., zapallo, *Cucurbita moschata*, pimentón

Capsicum annuum L. en el departamento del Valle. Tesis de Maestría en Ciencias Agrarias. Santafé de Bogotá: Universidad Nacional de Colombia, Facultad de Agronomía. 185 p.

LOBO, M. 1.989. Situación hortícola nacional. Revista Asiava. No 29. p33.

SALAZAR, M. 1.988. Producción y evaluación de 21 híbridos F1 de pimentón *Capsicum annuum* L. a través de la habilidad combinatoria: Tesis Ing. Agr. Palmira: Universidad Nacional de Colombia. 199 p.

VALLEJO C., F.A. 1.987. Estimación de parámetros genéticos para caracteres de fruto e planta de *Capsicum chinense* Jacq. Tesis de doctorado. Universidade de Sao Paulo. Piracicaba. 87 p