

Avance generacional y selección de líneas promisorias de tomate (*Lycopersicon esculentum* Mill) tipos chonto y milano

D. Baena G.,¹ F. A. Vallejo C.² y E. I. Estrada S.²

COMPENDIO

En el trabajo se utilizaron los métodos convencionales de mejoramiento por hibridación: Genealógico (pedigrí), masal (poblacional) y Descendencia de Semilla Única (SSD). De 17 cruzamientos biparentales se seleccionaron siete y las poblaciones F_2 se sembraron separadamente. Se aplicó selección fenotípica interpoblacional por caracteres agronómicos, de rendimiento y calidad de fruto. Para el avance en las siguientes generaciones se preservaron dos poblaciones básicas, una tipo chonto y la otra tipo milano. Los datos recolectados se utilizaron para desarrollar una propuesta metodológica sobre la estimación de la variabilidad genética en F_2 . En F_4 se hizo selección preliminar de las líneas de mejor desempeño y posterior reselección aplicando dos criterios de muestreo: deliberado y aleatorio. En F_5 se hizo un avance generacional, con baja presión de selección sobre las líneas derivadas de los diferentes métodos. De igual manera, se aplicó selección fenotípica moderada sobre las líneas disponibles mediante consenso de criterios de selección (SELFENO). La varianza aditiva remanente para rendimiento en F_6 fue relativamente similar entre métodos de mejoramiento (24-36%). En peso promedio de fruto estuvo por encima del 70% de la varianza fenotípica, para líneas derivadas por pedigree, masal y SELFENO y del 40% para SSD. Los ensayos de rendimiento en F_7 para líneas tipo chonto y F_6 para tipo milano permitieron seleccionar diez genotipos promisorios del primer formato y cinco del segundo. La selección fenotípica por consenso (SELFENO) aportó el mayor número de líneas promisorias tipo chonto seleccionadas en F_7 (6/10), con índices de producción destacados: número de frutos por planta (43), peso promedio de fruto (113 g) y rendimiento por planta (4.839 g).

Palabras claves: fitomejoramiento, tomate, chonto, milano, pedigree, bulk, SSD, muestreo, selección.

ABSTRACT

The work had as objective to carry out the generations advance and selection of promissory lines F_6 - tomato F_7 , *Lycopersicon esculentum* Mill, types chonto and kite, using the conventional methods of genetic improvement for hybridization: genealogical (or pedigree), mass (population or bulk) and Single Seed Descent (SSD). Of the 17 bi-parents crossings realized, seven and the populations derived F_2 of them was selected and they were sowed separately. Phenotypic selection was applied inter - population for agronomic characters, of yield and fruit quality. For the advance in the following generations two basic populations, a type chonto and the other type kite were preserved. The data collected were used to develop a methodological proposal on the estimate of the genetic variability in F_2 . In F_4 it was made preliminary selection of the lines of better acting and later re-selection applying two sampling approaches: deliberate and random. In F_5 a generational advance was made, with low selection pressure on the derivative lines of the different methods. In a same way, moderate phenotypic selection was applied on all the available lines. This selection was carried out by means of consent of selection approaches (SELFENO). The additive variance for yield in F_6 , was relatively similar among methods of improvement (24-36%). In weight fruit average it was above 70% of the phenotypic variance, for lines derived by pedigree, mass and SELFENO and of 40% for SSD. The yield tests in F_7 for lines type chonto and F_6 for type kite, allowed to select ten promissory genotypes of the first format and five of the second. The phenotypic selection for consent (SELFENO) contributed the biggest number of lines promissory type chonto selected in F_7 (6/10), with outstanding production indexes: number of fruits for plant (43), weigh fruit average (113 g) and yield for plant (4839 g).

Key words: inbreeding, tomato, chonto, kite, pedigree, bulk, SSD, sampling, selection.

INTRODUCCIÓN

El tomate *Lycopersicon esculentum* Mill es la hortaliza más destacada en el ámbito mundial, con aproxi-

madamente 3.6 millones de hectáreas. En Suramérica se cultivan cerca de 147.000 hectáreas, de las cuales 13.500 corresponden a Colombia (FAO, 2002). En el Valle del Cauca (URPA, 2001) se siembran aproximadamente 1.600 hectáreas para una producción de 32.088 toneladas.

No obstante su trascendental importancia en la economía agrícola regional y nacional, el tomate afronta

1. Profesor Asociado. Estudiante del Doctorado en Ciencias Agropecuarias. Universidad Nacional de Colombia, Sede Palmira. A.A. 237.
2. Profesor Titular y Asociado. Universidad Nacional de Colombia. Sede Palmira. A.A. 237.

numerosos problemas relacionados con oferta limitada de cultivares nacionales de mayor capacidad de adaptación a los agro-ecosistemas con vocación hortícola, pérdidas considerables en precosecha como consecuencia del ataque de plagas como cogollero *Tuta absoluta*, pasador del fruto *Neoleucinodes elegantalis*, mosca blanca *Bemisia tabaci*, mosca del cogollo *Prodiplosis longifilla* y enfermedades como tizón tardío (*Phytophthora infestans*), mildeo o moho (*Cladosporium fulvum* Cooke), tizón temprano [*Alternaria dauci f. sp. solani* (Ell. Et Mart Neerg)], peca bacteriana [*Pseudomonas syringae* pv. *tomato* (Okabe) Alstatt] y mancha bacteriana (*Xanthomonas campestris* pv. *vesicatoria*).

Otros problemas igualmente importantes se relacionan con pérdidas considerables en post-cosecha debido a limitaciones del mercado, carencia de infraestructura para el almacenamiento, incipiente desarrollo de la agroindustria y poca oferta de cultivares, altos costos de producción asociados con el empleo de cultivares exigentes en insumos y labores, permanente incertidumbre sobre los precios del mercado para el productor, altos costos del insumo semilla, debido a que la casi totalidad de cultivares disponibles son importados.

La obtención por la vía del mejoramiento genético, de cultivares nacionales de alto rendimiento y calidad biológica, resistentes a factores bióticos y abióticos, de gran aceptación por agricultores y consumidores, de adecuado comportamiento post-cosecha y acondicionados a los conceptos modernos de sostenibilidad de los sistemas de producción, es una estrategia para lograr en el mediano plazo solución a los principales problemas del cultivo.

Con base en las consideraciones anteriores el presente trabajo se propuso dar cumplimiento a los siguientes objetivos:

- Realizar un análisis descriptivo de los lineamientos a tener en cuenta en el proceso de obtención de poblaciones básicas en tomate.
- Proponer una metodología para la selección del tamaño óptimo de muestra para estimar varianza genética en F_2 (P_0).
- Contribuir al desarrollo de variedades de tomate chonto y milano para las condiciones del Valle del Cauca, mediante la obtención de líneas avanzadas (F_6) de alto rendimiento y calidad de fruto.
- Realizar un análisis comparativo de la eficiencia de tres de los métodos convencionales de mejoramiento

genético por hibridación en tomate [Genealógico, Descendencia de Semilla Única (S.S.D.) y Poblacional].

METODOLOGÍA EXPERIMENTAL

Localización y duración

Los ensayos de campo se realizaron durante el período 1996-2000, con una a dos siembras por año, utilizando los lotes experimentales de la Universidad Nacional de Colombia-Sede Palmira: Lote de cultivos en el municipio de Palmira, a una altitud de 1.010 m.s.n.m., con una temperatura promedio anual de 23.5°C, humedad relativa del 72% y precipitación promedio anual de 1.250 mm y lotes ubicados en el Centro Experimental CEUNP, ubicado en el municipio de Candelaria (Valle del Cauca), con altura aproximada de 1.000 m.s.n.m, temperatura promedio de 24°C, humedad relativa del 60%, precipitación anual aproximada de 1.028 mm.

Técnica experimental

En 1996 se realizó la siembra de los parentales Motelle, Angela Gigante, Raminho (Selecciones A y B), Santa Clara, Olho Roxo, Lanoso, Licapal-21, Tropic, Línea 302E, Línea 305E, Línea 308E, Línea 310E (Cuadro 1) y se estableció el bloque de cruzamientos biparentales (Cuadro 2). El diagrama de la Figura 1 describe las etapas experimentales del trabajo.

De las 17 combinaciones híbridas F_1 sometidas a prueba se seleccionaron 7, las cuales se avanzaron a F_2 mediante siembra de 450 plantas de cada una (9 surcos con 50 plantas por surco), espaciadas por dos surcos de los respectivos parentales. En F_2 se hizo selección fenotípica inter-poblacional por porte de planta (semideterminado con altura menor de 1.60 m en chonto y menor de 1.20 m en milano), formato de fruto (tipo chonto o milano), producción a primera cosecha (4 o más frutos en el primer racimo con peso promedio superior a 120 g en tipo chonto y 220 g en tipo milano).

Las poblaciones **P₃-Angela Gigante x Raminho A** - tipo chonto y **P₅-Tropic x 310E** tipo milano, fueron finalmente seleccionadas (Cuadro 3) para continuar con el avance generacional utilizando tres de los métodos convencionales de mejoramiento genético: Genealógico o pedigrí, masal o poblacional y SSD (Single Seed Descent) (Cuadros 4, 5 y 6).

Para cada población (P_3 y P_5) y método de mejoramiento se seleccionaron en F_4 las 10 mejores líneas para ser probadas en F_5 con la concepción de modelo

Cuadro 1. Principales características de los progenitores utilizados en el programa de cruzamientos.

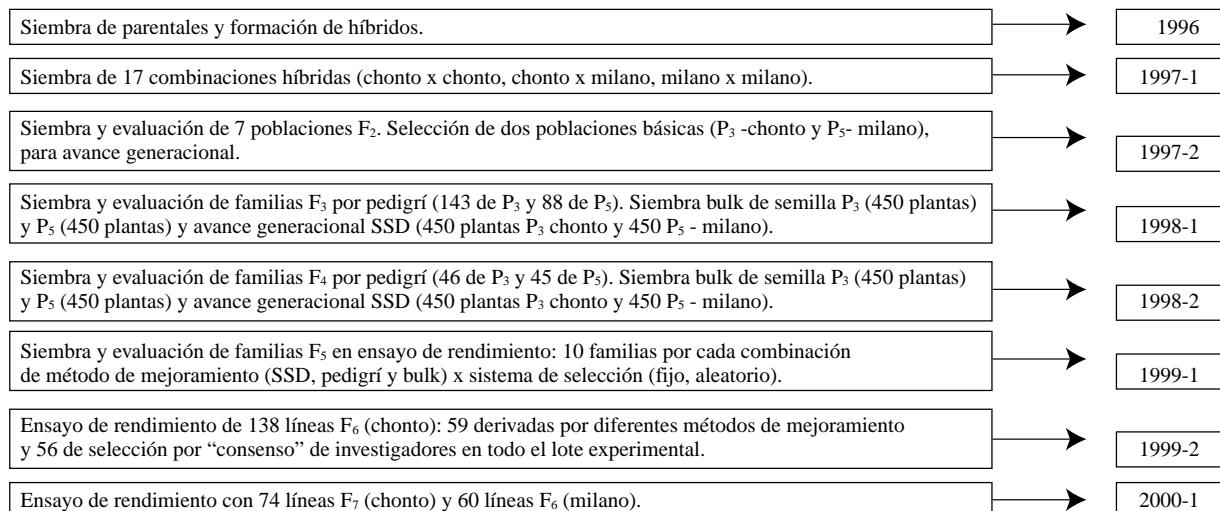
PARENTAL	DESCRIPCIÓN
ANGELA GIGANTE	Cultivar del grupo Santa Cruz, desarrollado por el Instituto Agronómico de Campinas (Brasil), frutos triloculares, peso promedio de fruto de 130 g.
MOTELLE	Introducción del INRA (Francia). Fruto plurilocular. Con resistencia múltiple a <i>Verticillium</i> (Ce), <i>Fusarium</i> razas 1 y 2, <i>Stemphylium</i> y a los nemátodos <i>Meloidogyne javanica</i> y <i>Meloidogyne incognita</i> .
OLHO ROXO	Selección efectuada por el Instituto Pernambucano Agropecuario de Brasil. Es un cultivar experimental obtenido a partir de selección practicada en la población Olho Roxo, cultivada y mantenida por los agricultores de Pernambuco, Brasil. Resistente a <i>Stemphylium</i> . Fruto con peso de 120-150 g.
RAMINHO	Selección practicada por el Instituto Pernambucano Agropecuario de Brasil, en la población local de su mismo nombre. Los frutos se caracterizan por la coloración verde pálido y por su uniformidad, y son predominantemente biloculares y de forma ovalada, con peso promedio de 100 g. Es resistente a <i>Stemphylium</i> y su maduración es tardía.
SANTA CLARA	Cultivar de follaje denso y frondoso, con fruto de forma redonda. Se introdujo en 1989, por ser uno de los cultivares más resistentes a enfermedades.
LINEA 308-E	Planta indeterminada de fruto globoso con buen grosor de pulpa, gran cantidad de frutos por planta, con peso de 215 g. redondos de diámetro aproximado de 7.5 cm, con rendimiento de 1.5 kg / planta. Resistente al virus del mosaico del tabaco TMV.
LINEA 310-E	Planta indeterminada de fruto globoso, con hombros verdes muy vistosos. Frutos con peso aproximado de 162 g de 7.5 cm de diámetro y rendimiento de 1.5 kg / planta.

Cuadro 2. Etapas desarrolladas en la producción de líneas promisorias de tomate.

Híbrido	Parental 1	Tipo*	Parental 2	Tipo	Sel. F ₂ +	Autores
1	Motelle	m	x	Angela Gigante	ch	P ₁
2	Licapal-21	m	x	Raminho	ch	P ₂
3	Motelle	m	x	Raminho	ch	Vallejo, 1993
4	Angela Gigante	ch	x	Raminho A	ch	P ₃
5	Angela Gigante	ch	x	Raminho B	ch	Vallejo, 1993
6	Lanoso	m	x	Olho Roxo	ch	Huepa y Vallejo (1996)
7	Motelle	m	x	Olho Roxo	ch	Huepa y Vallejo (1996)
8	Santa Clara	ch	x	Lanoso	m	Huepa y Vallejo (1996)
9	Santa Clara	ch	x	Angela Gigante	ch	P ₄
10	Línea 302-E	m	x	Raminho A	ch	Baena, Estrada y Vallejo(1996)
11	Línea 302-E	m	x	Raminho B	ch	Baena, Estrada y Vallejo(1996)
12	Línea 305-E	m	x	Raminho A	ch	Baena, Estrada y Vallejo(1996)
13	Línea 305-E	m	x	Raminho B	ch	Baena, Estrada y Vallejo(1996)
14	Trópic	m	x	302-E	m	Baena, Estrada y Vallejo(1996)
15	Trópic	m	x	305-E	m	P ₅
16	Trópic	m	x	308-E	m	P ₆
17	Trópic	m	x	310-E	m	P ₇

+ Combinaciones híbridas seleccionadas para siembra en F₂.

* m= milano, ch = chonto

**Figura 1. Etapas desarrolladas en la producción de líneas promisorias de tomate.**

Cuadro 3. Criterios utilizados para seleccionar líneas promisorias de tomate en cada una de las generaciones segregantes

Característica	Chonto	Milano
Altura de planta(m)	< 1.6	<1.2
Altura a primer racimo (cm)	25 – 30	15-20
Arquitectura de planta	Compacta	Compacta
Número de racimos comerciales	7-8	5-6
Número de frutos por racimo	5-6	4-5
Número de frutos por planta	40-50	25-30
Peso promedio de fruto (g)	>120	> 220
Rendimiento por planta(kg)	>4.5	>4.5
Maduración	Uniforme	Uniforme
Sanidad	Sobresaliente	Sobresaliente

Cuadro 4. Avance generacional y selección de líneas promisorias de tomate por el método genealógico (pedigrí).

F ₂	P ₃ (Chonto x Chonto)	P ₅ (Milano x Milano)
F ₃	Siembra de 143 familias con 10 plantas por familia. Cosecha de las 21 mejores familias y de 1 a 4 plantas por familia para constituir 46 familias F ₄ .	Siembra de 88 familias con 10 plantas por familia. Cosecha de las 21 mejores familias y de 1-a plantas por familia para constituir 45 familias F ₄ .
F ₄	Siembra de 46 familias con 10 plantas por familia. Selección de las 26 mejores familias y de 1-4 mejores plantas por familia para un total de 67 nuevas familias F ₅ .	Siembra de 45 familias con 10 plantas por familia. Selección de las 21 mejores familias y de 1-4 plantas /familia, para un total de 38 familias F ₅
F ₅	Ensayo de rendimiento con 20 familias y 32 plantas por familia con 2 repeticiones en un diseño de parcelas subdivididas	Ensayo de rendimiento con 20 familias y 32 plantas por familia con 2 repeticiones en un diseño de parcelas subdivididas

Cuadro 5. Avance generacional y selección de líneas promisorias de tomate por el método masal (poblacional o bulk).

F ₂	P ₃ (Chonto x Chonto)	P ₅ (Milano x Milano)
F ₃	Siembra de 450 plantas del masal de semilla Cosecha de las 84 mejores plantas y formación del masal de semilla	Siembra de 450 plantas del masal de semilla Cosecha de las 80 mejores plantas y formación del masal de semilla
F ₄	Siembra de 450 plantas del masal de semilla. Cosecha individual de las mejores 77 plantas .	Siembra de 450 plantas del masal de semilla. Cosecha individual de las mejores 59 plantas
F ₅	Se abren progenies en ensayo de rendimiento con 20 familias y 32 plantas por familia con 2 repeticiones en un diseño de parcelas subdivididas	Se abren progenies en ensayo de rendimiento con 20 familias y 32 plantas por familia con 2 repeticiones en un diseño de parcelas subdivididas

Cuadro 6. Avance generacional y selección de líneas promisorias de tomate por el método SSD (Single Seed Descent).

F ₂	P ₃ (Chonto X Chonto)	P ₅ (Milano x Milano)
F ₃	Avance generacional de las 450 plantas de la población base. Cosecha y beneficio de semilla de un fruto de cada planta	Avance generacional de las 450 plantas de la población base Cosecha y beneficio de semilla de un fruto de cada planta
F ₄	Avance generacional de las 450 plantas de la población base. Cosecha individual de las mejores 60 plantas .	Avance generacional de las 450 plantas de la población base. Cosecha individual de las mejores 60 plantas
F ₅	Se abren progenies en ensayo de rendimiento con 20 familias y 32 plantas por familia con 2 repeticiones en un diseño de parcelas subdivididas	Se abren progenies en ensayo de rendimiento con 20 familias y 32 plantas por familia con 2 repeticiones en un diseño de parcelas subdivididas

de efectos fijos. Además, se hizo una selección aleatoria de 10 líneas con la concepción de modelo de efectos aleatorios.

En F₅ el Grupo de Fitomejoradores del Programa de Hortalizas aplicó selección individual por CONSENSO

(SELFENO) sobre las 59 mejores plantas del lote experimental de la población P₃ (tipo chonto), independiente del método de mejoramiento seguido en generaciones anteriores. Estas líneas, más el conjunto de las 59 mejores líneas F₅ derivadas de cada método de mejoramiento

to, se sembraron en un ensayo de rendimiento en F_6 . De nuevo se aplicó selección sobre las 74 mejores plantas del lote para constituir 74 nuevas familias en F_7 .

Las 74 familias F_7 de P_3 y las 60 líneas F_6 de P_5 se evaluaron en ensayos de rendimiento, en lotes experimentales independientes, a mediados del año 2000.

Metodología de análisis

En las poblaciones F_2 (de P_3 y P_5) y en los ensayos de rendimiento realizados en las generaciones F_5 , F_6 y F_7 se evaluaron caracteres asociados con rendimiento como número de frutos por planta, producción por planta, peso promedio de fruto, formato de fruto y tipo de maduración.

En F_2 se calcularon estimadores de varianza: fenotípica, ambiental y varianza genética, se calcularon además valores de heredabilidad en sentido amplio y coeficientes de variación fenotípica, genética y ambiental para cada uno de los caracteres evaluados. Por simulación Montecarlo (Baena, 2001) se estimó el tamaño óptimo de la población de plantas a sembrar en F_2 , utilizando como criterio el sesgo entre la varianza estimada y la varianza poblacional.

Para la comparación entre métodos de mejoramiento se estimó el componente de varianza aditiva interfamiliar disponible en F_6 (procedimiento RANDOM de SAS) y la ganancia realizada desde F_2 hasta F_6 y F_7 .

RESULTADOS Y DISCUSIÓN

Análisis descriptivo del proceso de obtención de poblaciones básicas

El éxito del mejoramiento por hibridación en tomate depende de la adecuada selección de los parentales. Si hay un evidente contraste entre ellos, se espera que sus combinaciones híbridas manifiesten un alto grado de heterosis con posibilidades de ser explotadas en la producción de semilla comercial. Los cultivares utilizados en el presente estudio fueron probados previamente en sistemas de cruzamientos dialélicos con resultados promisorios para habilidad combinatoria general y específica (Vallejo, 1993; Hueya y Vallejo, 1996).

De las 17 combinaciones híbridas probadas, siete fueron retenidas para el avance generacional a F_2 por su valor potencial para rendimiento, tamaño de fruto, porte de planta y fundamentalmente formato de fruto. Estas combinaciones deben evaluarse con otro número significativo de híbridos experimentales y comerciales, durante varios años, antes de decidirse por el híbrido con mayores perspectivas comerciales.

El avance generacional hasta F_5 se realizó en lotes del Centro Experimental de la Universidad Nacional de Colombia, Sede Palmira, CEUNP. Estos lotes presentan limitaciones para el cultivo del tomate en algunas épocas del año, dado su nivel freático superficial y el drenaje insuficiente. En épocas secas tienen una marcada tendencia a la compactación haciendo más difícil las labores de desyerbe, aporque y control de arvenses. La selección en ambientes adversos, como en este caso, generalmente conlleva la obtención de cultivares de alto desempeño en ambientes favorables.

En procura de mejorar el proceso de selección en ambientes adversos conviene caracterizar los lotes experimentales para aumentar la confiabilidad de los ensayos que allí se realicen, facilitando la escogencia del diseño experimental apropiado para el control de las fuentes de heterogeneidad sistemática presentes en el lote.

Estrategias para caracterizar la variabilidad genética en poblaciones básicas F_2

Uno de los interrogantes que suele plantearse el fitomejorador en el momento de establecer una población base (P_0) con fines de selección se relacionan con el número de plantas que debe sembrar para reunir la mayor proporción posible de la variabilidad genética presente en la población. Es evidente que en la medida en que el tamaño poblacional sea mayor, existe una probabilidad más alta de identificar genotipos deseables; no obstante, para cultivos donde la unidad de selección está constituida por una planta cuyo costo de producción es relativamente alto (caso tomate, pimentón...), el número de plantas a sembrar estará sujeto al presupuesto disponible y a la superficie de los lotes experimentales.

Por simulación se demostró que el tamaño de la población base puede reducirse sustancialmente si el fitomejorador dispone de alguna información preliminar sobre la cantidad de varianza genética esperada en P_0 (σ^2_G). El tamaño óptimo poblacional será aquel donde el sesgo entre la variación estimada S_x y la variación esperada (σ_G) sea mínimo.

Para rasgos cuantitativos como rendimiento y número de frutos por planta, en tomate tipo chonto se demostró que tamaños poblacionales entre 110 y 140 plantas (Figuras 2 y 3) son suficientes para estimar la variabilidad genética presente en una población F_2 , independiente del coeficiente de variación fenotípica y de la heredabilidad de los caracteres.

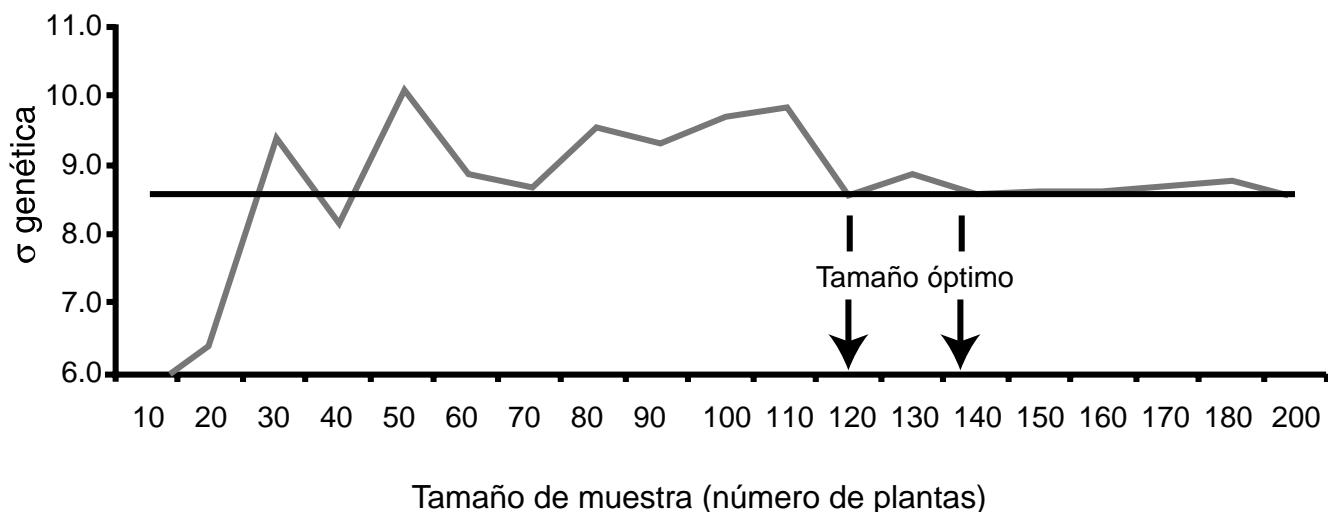


Figura 2. Comportamiento de la desviación estándar genética (σ) para el número de frutos por planta en función del tamaño de muestra (número de plantas).

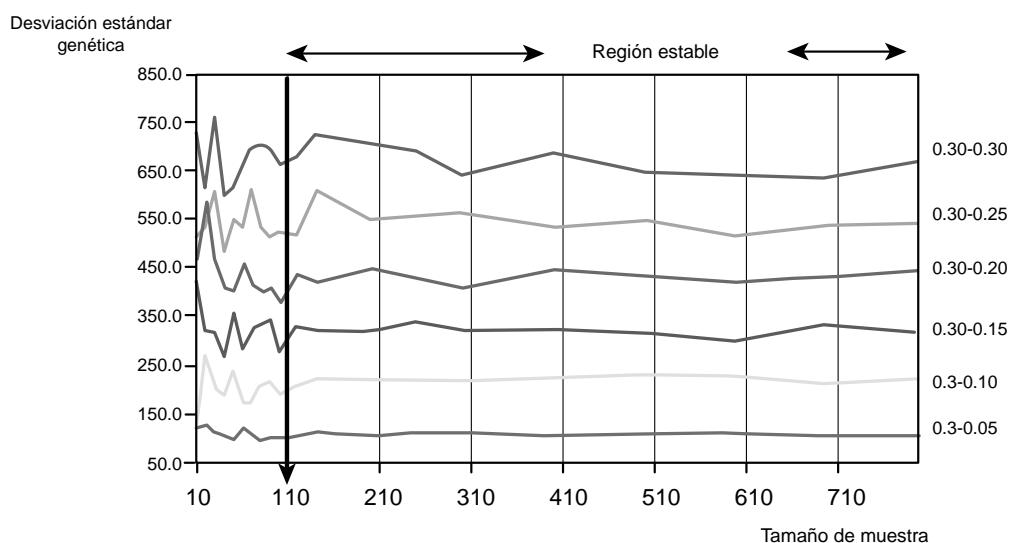


Figura 3. Relación entre desviación estándar genética (σ) para rendimiento de tomate por planta, en función del tamaño de muestra (número de plantas), para diferentes combinaciones de h y CV.

Algunas consideraciones sobre la producción de líneas avanzadas de tomate (tipos chonto y de mesa)

En términos de resultados tangibles, la presente investigación hace entrega al Programa de Hortalizas de la Universidad Nacional de Colombia-Sede Palmira, de semilla F₇ de 10 líneas de tomate tipo chonto y semilla F₇ de 5 líneas de tomate tipo milano o de mesa, las cuales fueron seleccionadas por rendimiento, calidad de fruto y caracteres relacionados con vigor, arquitectura de planta, tamaño y formato de fruto, tipo de maduración, entre otros. El formato de fruto fue uno

de los caracteres que indujeron la eliminación de líneas de excelente desempeño productivo.

Si bien la selección por sanidad fue motivo de especial atención en cada avance generacional, la presencia de plagas como el cogollero *Tuta absoluta*, el pasador del fruto (“el rosado”), *Neoleucinodes eleagantalis*, la mosca del cogollo *Prodiplosis longifila* y las especies de mosca blanca *Bemisia tabaci* y *Trialeurodes vaporariorum*, para las cuales no se tienen genes de resistencia incorporados a los cultivares comerciales (y en particular a las líneas seleccionadas), crean la necesidad de canalizar de manera inmediata

todos los esfuerzos de investigación hacia la búsqueda de variedades resistentes utilizando métodos convencionales de mejoramiento genético (introgresión genética utilizando especies silvestres como *L. hirsutum* con genes de resistencia) y técnicas de ingeniería genética.

Dos aspectos a considerar en el montaje de ensayos de rendimiento en generaciones avanzadas, con un alto grado de homocigosis, tienen que ver con el tamaño de la unidad experimental, el cual debe estar entre 5 y 10 plantas dispuestas en un surco, preferiblemente con 5 a 6 repeticiones por genotipo y con el efecto de bordes. Cuando se evalúan genotipos con arquitectura de planta muy similar como en los casos de chonto o milano, la competencia interfamiliar es mínima, lo que reduce sustancialmente los efectos de bordes y cabeceras. Se recomienda dejar 3-4 sitios sin sembrar entre la cabecera de una parcela y su vecina más cercana, para facilitar no sólo su identificación sino las labores de manejo y prevenir cualquier efecto de vecindad.

Las líneas seleccionadas en F_6 , tanto por el equipo de Fitomejoradores del Programa de Hortalizas (Líneas SELFENO identificadas con el código D) como las retenidas por los diferentes métodos de mejoramiento, se agruparon en las siguientes categorías:

Categoría	Características	No. de líneas
A	Rendimiento superior a 4.000g /planta	18
B	Rendimiento entre 3.500 y 4.000g /planta y con destacado peso de fruto o número de frutos	39
C	Otros criterios como arquitectura de planta, sanidad....	15

El comportamiento de las líneas seleccionadas en F_7 se describe en los Cuadros 7 y 8. En el banco de trabajo del Programa de Investigación se almacena semilla de estos genotipos con miras a continuar su evaluación en ensayos posteriores.

Seis de las líneas corresponden a genotipos seleccionados por el equipo de Fitomejoradores del Programa de Investigación en Hortalizas (identificadas con códigos D), independiente del método de mejoramiento utilizado; tres son líneas derivadas por el método SSD y sólo una por pedigrí.

Es evidente que el trabajo conjunto de varios especialistas en los procesos de selección fenotípica (SELECCIÓN POR CONSENSO = SELFENO), previo acuerdo de los criterios a emplear, resulta altamente eficiente en la discriminación de los genotipos de mejor desempeño.

En P_5 (tipo milano), la selección hecha en F_6 a partir de los resultados obtenidos (Cuadro 8) condujo a

Cuadro 7. Rendimiento potencial de tomate y componentes en líneas seleccionadas en F_7 de P_3 (cinco cosechas).

Línea	Peso promedio (g / fruto)	No frutos por planta	Rendimiento (g / planta)
D48	124	40	4960
D12	123	48	5904
D50	110	44	4840
D45	108	40	4320
D13	106	40	4240
D52	106	45	4770
SF3	105	32	3360
SA7	104	32	3328
6-27-7-4	101	36	3636
SF2	95	60	5700

Cuadro 8: Comportamiento medio de las líneas seleccionadas de tomate en la F_6 de P_5 (cinco cosechas).

Línea	Método	Criterio de selección	Peso fruto		
			primer racimo (g)	No frutos planta	Rend por planta(g)
1	Masal	Fijo	358	15	4230
2	SSD	Aleatorio	340	18	4830
3	SSD	Aleatorio	335	20	5280
4	Masal	Aleatorio	328	18	4182
5	Pedigree	Aleatorio	301	23	4950

la discriminación de cinco líneas promisorias por rendimiento, tamaño de fruto y número de frutos por planta. El desempeño de estos genotipos en futuros ensayos de rendimiento determinará su valor potencial para convertirse en las primeras variedades de tomate de mesa del Programa de Hortalizas de la Universidad Nacional de Colombia, Sede Palmira.

Análisis comparativo de los métodos convencionales de mejoramiento genético en tomate

Los resultados (Cuadro 9) confirmaron que el empleo de uno u otro método de mejoramiento es una decisión asociada con diversos factores, independiente de las bondades que, en teoría, se le atribuyen a cada sistema.

El porcentaje de varianza aditiva remanente para el carácter rendimiento por planta en F_6 fue relativamente similar entre métodos de mejoramiento (24%-36%). Para número de frutos por planta el método pedigrí exhibió el mayor porcentaje de varianza aditiva remanente (16%), mientras que la variación genética interfamiliar en los demás métodos fue cero. El peso promedio de fruto en F_6 presentó acentuada variación de tipo aditivo por encima del 70% de la varianza fenotípica, para las líneas derivadas por pedigrí, masal y SELFENO y del 40% para SSD. Estos resultados demuestran que la baja presión de selección en F_5 para los caracteres rendimiento por planta y peso de fruto tuvo marcada influencia sobre el número de líneas retenidas en F_6 y en consecuencia sobre la pronunciada variación interfamiliar.

Cuadro 9. Estimación de la varianza aditiva remanente en la generación F₆ de la población P₃ de tomate tipo chonto para cada método de mejoramiento genético.

Método	Pedigrí	Masal	SSD	Selfenotípica
No. líneas	10	31	19	57
Rendimiento (g/ planta)				
CMEE	170718.2	337249.4	556369.7	443847.9
CM Líneas (Método1)	401900	784971.9	1004207	809326.9
Varianza ambiental(σ^2_E)	170718.2	337249.4	556369.7	443847.9
Varianza Genética($\sigma^2_A \approx \sigma^2_A$)	967691	177267	175822	184390
Varianza Fenotípica σ^2_F	267488	514516	732192	628238
% Varianza aditiva (*)	36	34	24	29
Número de frutos/planta				
CMEE	14.23	28.29	34.8	32.6
CM Líneas(Método1)	20.9	23.45	32.4	25.45
Varianza ambiental (σ^2_E)	14.23	28.29	34.8	32.6
Varianza genética ($\sigma^2_A \approx \sigma^2_A$)	2.79	0	0	0
Varianza fenotípica σ^2_F	17.02	26.37	33.86	28.99
% Varianza aditiva (*)	16	0	0	0
Peso promedio de fruto (g)				
CMEE	15.59	44.14	107.5	74.87
CM Líneas (Método1)	282.7	392.3	299.29	440.65
Varianza ambiental (σ^2_E)	15.59	44.14	107.5	74.87
Varianza genética ($\sigma^2_A \approx \sigma^2_A$)	111.8	137.8	75.3	184.5
Varianza fenotípica σ^2_F	127.4	182.0	182.8	259.4
% Varianza aditiva (*)	87	75	41	71

$$(*) \frac{100\sigma^2_A}{\sigma^2_F}$$

De lo anterior se desprende que los niveles de varianza aditiva en F₆ no permiten tomar una decisión objetiva sobre el método de mejoramiento más adecuado a emplear.

En lo que concierne a la ganancia realizada Δ_G en F₆ (Cuadro 10), para peso promedio de fruto, estuvo por encima del 37% (SSD) hasta el 54% en pedigrí, pasando de un peso medio de 80 g en F₂ hasta valores superiores a 109 g en F₆. El aumento significativo en peso de fruto se logró en detrimento del número de frutos por planta (reducción entre 20 y 35%), dado que las dos características están inversamente correlacionadas. El rendimiento por planta presentó ganancias negativas (-10%) o insignificantes (3.2%) para los métodos SSD y masal respectivamente e incrementos por encima del 18% en los métodos pedigrí (24%) y SELFENO (18%), con excepción de la línea derivada por pedigrí. Llama la atención que ninguna línea obtenida por el método masal haya sido seleccionada en F₇.

En F₇ las líneas seleccionadas mantuvieron el peso promedio de fruto por encima de 100 g con ganancia final superior al 26%, se recuperó el número de frutos por planta a valores por encima de los 36 frutos por planta y por consiguiente se mejoró el rendimiento por planta, con promedios alcanzados para número de frutos por planta (43), peso promedio de fruto (113 g) y rendimiento por planta (4.839 g/ planta).

De acuerdo con el número de líneas promisorias seleccionadas en F₇ y los promedios alcanzados para número de frutos por planta (43), peso promedio de fruto (113 g), rendimiento por planta (4.839 g/ planta), se deduce que la selección fenotípica por consenso (SELFENO) es una estrategia de selección altamente eficiente y confirma las bondades del trabajo en equipo intra e interdisciplinario, el cual deberá enriquecerse con la participación activa de productores, distribuidores y consumidores aun en etapas tempranas del proceso de selección.

Cuadro 10: Ganancias obtenidas en F_6 y F_7 para rendimiento de tomate y componentes, tomando como base la generación F_2 de la población P_3 (chonto). Comparación entre métodos de mejoramiento genético.

	No. líneas	Peso fruto(g)	*ΔG(%)	No. frutos	ΔG(%)	Rendimiento (g/planta)	ΔG(%)
$F_2=P_0$	450	80	-	43	-	3.375	-
F_6	Pedigrí	10	54	34	-21	4.200	24
	Selfeno	57	46	34	-20	3.980	18
	SSD	19	37	28	-35	3.023	-10
F_7	Masal	31	36	32	26	3.482	3.2
	Pedigrí	1	26	36	-16	3.636	8
	Selfeno	6	41	43	0	4.839	43
	SSD	3	27	41	-5	4.129	22
	Masal	-	-	-	-	-	-

$$\Delta G = 100 \frac{\bar{F}_6 - \bar{F}_2}{\bar{F}_2}$$

(*)

$$\Delta G = 100 \frac{\bar{F}_7 - \bar{F}_2}{\bar{F}_2}$$

BIBLIOGRAFÍA

- Baena, Diosdado. Introducción a la Investigación de Operaciones. Palmira, Universidad Nacional de Colombia, Sede Palmira. 2001. (Impreso universitario).
- FAO. FAOSTAT. Estadística Databases, Agricultura, Cultivos primarios, tomate (www.fao.gov.co). 2002.
- Gobernación del Valle del Cauca, Unidad Regional de Planeación Agropecuaria, URPA. Hortalizas, superficie sembrada en el primer semestre del año 2001.
- Huepa, Armando y Franco Alirio Vallejo, Análisis genético del carácter peso promedio de fruto y sus componentes en un cruce-

miento dialélico entre cultivares de tomate *Lycopersicon esculentum* Mill: Universidad Nacional de Colombia, Sede Palmira. Tesis M.Sc. en Producción Vegetal, 1996.

Vallejo, Franco Alirio. Estudios Genéticos Básicos para la creación de nuevos cultivares de tomate, *Lycopersicon esculentum* Mill, adaptados a las condiciones de Colombia. Universidad Nacional de Colombia, Facultad de Ciencias Agropecuarias, Palmira, 1993. 338 p.

_____. Mejoramiento genético y producción de tomate en Colombia. Universidad Nacional de Colombia, Sede Palmira, 1999. 216p.