

ENSEÑAR LA EXPLOTACIÓN DE LA
TIERRA, NO LA DEL HOMBRE

UNIVERSIDAD AUTÓNOMA CHAPINGO

DEPARTAMENTO DE FITOTECNIA

**CAMBIOS OCASIONADOS EN LOS PARÁMETROS
GENÉTICOS POR LA SELECCIÓN PARTICIPATIVA
EN UNA VARIEDAD LOCAL DE CALABAZA
(*Cucurbita pepo* L.) TIPO 'ROUND ZUCCHINI'**

TESIS

**QUE COMO REQUISITO PARCIAL
PARA OBTENER EL GRADO DE**

**MAESTRO EN CIENCIAS
EN HORTICULTURA**

PRESENTA:

JOSÉ ANTONIO AYALA ESTEBAN

BIBLIOTECA CENTRAL U. A. CH

CHAPINGO, MÉXICO, JUNIO DE 2002



DIRECCION ACADEMICA
DEPTO. DE SERVICIOS ESCOLARES
OFICINA DE EXAMENES PROFESIONALES



BIB 97717

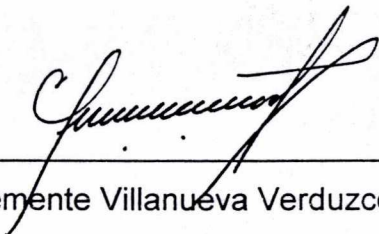
**CAMBIOS OCASIONADOS EN LOS PARÁMETROS GENÉTICOS POR LA
SELECCIÓN PARTICIPATIVA EN UNA VARIEDAD LOCAL DE CALABAZA**

(*Cucurbita pepo* L.) TIPO 'ROUND ZUCCHINI'

Tesis realizada por **José Antonio Ayala Esteban** bajo la dirección del Comité
Asesor indicado, aprobada por el mismo y aceptada como requisito parcial para
obtener el grado de:

MAESTRO EN CIENCIAS EN HORTICULTURA

DIRECTOR: _____


Dr. Clemente Villanueva Verduzco

ASESOR: _____


Dr. Jaime Sahagún Castellanos

ASESOR: _____


Dr. Aureliano Peña Lomelí

**CAMBIOS OCASIONADOS EN LOS PARÁMETROS GENÉTICOS POR LA
SELECCIÓN PARTICIPATIVA EN UNA VARIEDAD LOCAL DE CALABAZA**
(Cucurbita pepo L.) TIPO 'ROUND ZUCCHINI'

El jurado que revisó y aprobó el examen de grado de **José Antonio Ayala Esteban**, autor de la presente tesis de Maestría en Ciencias en Horticultura estuvo constituido por:

PRESIDENTE: _____


Dr. Clemente Villanueva Verduzco

ASESOR: _____


Dr. Jaime Sahagún Castellanos

ASESOR: _____


Dr. Aureliano Peña Lomelí

**EL MÁS SINCERO AGRADECIMIENTO A THE McKNIGHT FUNDATION DE
MINESSOTA, E. U. A. POR LAS FACILIDADES OTORGADAS Y EL APOYO
ECONÓMICO DESTINADO PARA QUE ESTE TRABAJO LLEGASE A BUEN
TÉRMINO.**

AGRADECIMIENTOS

A la Universidad Autónoma Chapingo, en especial al Programa de Maestría en Ciencias en Horticultura del Departamento de Fitotecnia por darme la oportunidad de hacer mis estudios de Maestría.

Al Consejo Nacional de Ciencia y Tecnología (CONACYT), por el apoyo brindado durante la realización de mis estudios de maestría.

Al Dr. Clemente Villanueva Verduzco, por su invaluable dedicación, por su decidido apoyo en mi formación académica y por su amistad.

Al Dr. Jaime Sahagún Castellanos, por su apoyo y asesoría en el análisis estadístico y sugerencias hechas al presente trabajo de investigación.

Al Dr. Aureliano Peña Lomelí, por su valiosa cooperación en la revisión de esta tesis así como por las sugerencias realizadas a la misma.

A mis compañeros de generación: Chucho, Sweetia e Inés.

DEDICATORIA

A mis padres:

CRESCENCIANO AYALA VALENCIA Y ANDREA ESTEBAN HERNÁNDEZ

Por darme la oportunidad de conocer la vida, por su apoyo y cariño que en todos momentos me han brindado; por sus acertados consejos que me dieron para tomar el mejor camino y por brindarme la oportunidad de realizar uno de sus tantos sueños.

A MIS HERMANOS: A todos mis hermanos y muy especialmente a mi hermana Martha L. por la confianza que ha depositado en mi y por todo su apoyo moral y económico que me ha brindado en todo momento.

Sinceramente José Antonio Ayala Esteban

DATOS BIOGRÁFICOS

El autor, nació en el Municipio de Tihuatlán Estado de Veracruz, se graduó como Técnico Agropecuario en el Centro de Bachillerato Tecnológico agropecuario No. 163 Ext. Tihuatlán, Ver. más tarde se recibió como Ingeniero Agrónomo especialista en Fitotecnia en la Universidad Autónoma Chapingo.

En el 2000, ingresa al Programa de Maestría en ciencias en Horticultura en la Universidad Autonoma Chapingo.

ÍNDICE

	Pag.
ÍNDICE DE CUADROS	xi
ÍNDICE DE FIGURAS	xiv
 1. INTRODUCCIÓN GENERAL	 1
 2. CAMBIOS EN LOS PARÁMETROS GENÉTICOS EN UNA VARIEDAD LOCAL DE CALABAZA (<i>Cucurbita pepo</i> L.) POR EFECTO DE LA SELECCIÓN PARTICIPATIVA <i>in situ</i>	 5
2.1. RESUMEN	5
2.2. ABSTRACT	7
2.3. INTRODUCCIÓN	9
2.4. REVISIÓN DE LITERATURA	11
2.4.1. Estimación de parámetros genéticos	11
2.4.2. La variación	13
2.4.3. Varianza fenotípica	14
2.4.4. Varianza genotípica	15
2.4.5. Varianza ambiental	16
2.4.6. Varianza epistática	17
2.4.7. Heredabilidad	18
2.4.8. El mejoramiento de calabazas en México	20
2.4.9. Trabajos de selección del grupo calabaza del "Proyecto Milpa"	 22
2.5. MATERIALES Y MÉTODOS	24
2.5.1. Conducción del experimento	24
2.5.2. Material vegetal	25
2.5.3. Análisis estadístico	29
2.5.4. Componentes de varianza	31

2.6. RESULTADOS Y DISCUSIÓN	35
2.6.1. Análisis de varianza para los caracteres evaluados	35
2.6.2. Medias fenotípicas y coeficientes de variación	36
2.6.3. varianza genética aditiva	39
2.6.4. Varianza de dominancia	43
2.6.5. Coeficiente de variabilidad genética aditiva	43
2.6.6. Heredabilidad	45
2.7. CONCLUSIONES	47
2.8. LITERATURA CITADA	49

3. RESPUESTAS OBSERVADAS Y ESTIMADAS A LA SELECCIÓN PARTICIPATIVA EN UNA VARIEDAD LOCAL DE CALABAZA (<i>Cucurbita pepo</i> L.) TIPO 'ZUCCHINI ROUND'	54
3.1. RESUMEN	54
3.2. ABSTRACT	56
3.3. INTRODUCCIÓN	58
3.4. REVISIÓN DE LITERATURA	60
3.4.1. Selección	60
3.4.2. Respuesta a la selección	61
3.4.3. Resultados de la selección participativa en calabaza	65
3.5. MATERIALES Y MÉTODOS	66
3.5.1. Respuesta esperada a la selección	71
3.5.2. Respuesta observada a la selección	71
3.6. RESULTADOS Y DISCUSIÓN	74
3.6.1. Respuesta esperada a la selección combinada	74
3.6.2. Respuesta observada a la selección	76
3.6.3. Medias por ciclo de selección	81
3.7. CONCLUSIONES	84
3.8. LITERATURA CITADA	85

4. CORRELACIONES FENOTÍPICAS Y GENÉTICAS, ESTIMADAS EN UNA VARIEDAD LOCAL DE CALABAZA (<i>Cucurbita pepo</i> L.)	87
4.1. RESUMEN	87
4.2. ABSTRACT	89
4.3. INTRODUCCIÓN	91
4.4. REVISIÓN DE LITERATURA	93
4.5. MATERIALES Y MÉTODOS	98
4.5.1. Material vegetal	98
4.5.2. Selección combinada	99
4.5.3. Diseño experimental	100
4.5.4. Estimación de la correlación fenotípica	101
4.5.5. Estimación de la correlación genética	101
4.6. RESULTADOS Y DISCUSIÓN	104
4.6.1. Correlaciones fenotípicas	104
4.6.2. Correlaciones genéticas	106
4.7. CONCLUSIONES	109
4.8. LITERATURA CITADA	111
 5. MEJORAMIENTO GENÉTICO PARTICIPATIVO DE LA CALIDAD DEL FRUTO MADURO EN UNA VARIEDAD LOCAL DE CALABAZA (<i>Cucurbita pepo</i> L.) EN TÉRMINOS DE COLOR Y SABOR DE LA PULPA	 113
5.1. RESUMEN	113
5.2. ABSTRACT	115
5.3. INTRODUCCIÓN	116
5.4. REVISIÓN DE LITERATURA	118
5.4.1. Importancia del cultivo	118
5.4.2. Estados productores de calabaza	122
5.4.3. Usos	122

5.4.4. Valor nutritivo de las calabazas	124
5.4.5. Resultados de la selección para calidad de fruto maduro en calabaza	128
5.5. MATERIALES Y MÉTODOS	129
5.5.1. Material genético	129
5.5.2. Obtención del material experimental	129
5.5.3. Evaluación del material genético	130
5.5.4. Toma de datos	131
5.5.5. Regresión lineal simple	132
5.5.6. Tamaño óptimo de muestra	133
5.6. RESULTADOS Y DISCUSIÓN	135
5.6.1. Frecuencias fenotípicas	135
5.6.1.1. Color de pulpa	135
5.6.1.2. Sabor de pulpa	138
5.6.2. Tamaño óptimo de muestra	143
5.7. CONCLUSIONES	146
5.8. LITERATURA CITADA	148
6. CONCLUSIONES GENERALES	151
7. ANEXO	153

ÍNDICE DE CUADROS

CAMBIOS EN LOS PARÁMETROS GENÉTICOS DE UNA VARIEDAD LOCAL DE CALABAZA (*Cucurbita pepo* L.) POR EFECTO DE LA SELECCIÓN PARTICIPATIVA *in situ*

	Pag.
Cuadro 1. Análisis de varianza para f familias (F) y n plantas por familia (P)	29
Cuadro 2. Análisis de varianza para s surcos y n plantas por surco	30
Cuadro 3. Cuadrados medios y componentes de varianza estimados para nueve caracteres de una variedad local de calabaza tipo 'Round Zucchini'. Los Reyes Acatlixhuayan, México. Primavera - Verano de 2000 y 2001	38
Cuadro 4. Cuadrados medios y componentes de varianza estimados para nueve caracteres en 'Zucchini Tala' intercalada en una variedad local de calabaza tipo 'Round Zucchini'. Los Reyes Acatlixhuayan, México. Primavera - Verano del 2001	40
Cuadro 5. Parámetros genéticos para nueve caracteres durante dos ciclos de selección combinada en una variedad local de calabaza tipo 'Round Zucchini'. Los Reyes Acatlixhuayan, México Primavera - Verano de 2000 y 2001	42
Cuadro 6. Componentes de varianza genética aditiva (σ_A^2), de dominancia (σ_D^2) y sus porcentajes (%) en relación con la varianza genética total para siete caracteres en una variedad local de calabaza tipo 'Round Zucchini'. Los Reyes Acatlixhuayan, México Primavera - Verano del 2001	44

RESPUESTAS OBSERVADAS Y ESTIMADAS A LA SELECCIÓN PARTICIPATIVA EN UNA VARIEDAD LOCAL DE CALABAZA (*Cucurbita pepo* L.) TIPO 'ROUND ZUCCHINI'

	Pag.
Cuadro 1. Análisis de varianza para f familias (F) y n plantas por familia (R)	70
Cuadro 2. Análisis de varianza del modelo estadístico de regresión lineal simple: $Y_i = \beta_0 + \beta_1 X_i + \varepsilon_i$. $H_0: \beta_1 = 0$ en oposición a $H_a: \beta_1 \neq 0$	71
Cuadro 3. Estimadores de varianza aditiva (σ^2_A), fenotípica de individuos (σ^2_O), fenotípica entre familias (σ^2_{PB}), fenotípica dentro de familias (σ^2_{PW}) y respuesta esperada a la selección combinada de medios hermanos (R_{SC}). Los Reyes Acatlixhuayan, México. Primavera - Verano de 2000	76
Cuadro 4. Avance genético promedio por ciclo y acumulado en 5 ciclos de selección respecto a la variedad original en una variedad local de calabaza (<i>Cucurbita pepo</i> L.) tipo 'Round Zucchini'. Los Reyes Acatlixhuayan, México. 1997-2001	78
Cuadro 5. Promedios de nueve caracteres estudiados en una variedad local de calabaza tipo 'Round Zucchini' durante cinco ciclos de selección. Los Reyes Acatlixhuayan, México 1997 – 2001	83

CORRELACIONES FENOTÍPICAS Y GENÉTICAS, ESTIMADAS EN UNA VARIEDAD LOCAL DE CALABAZA (*Cucurbita pepo* L.)

	Pag.
Cuadro 1. Análisis de varianza para f familias (F) y n plantas por familia (P)	101
Cuadro 2. Correlaciones fenotípicas y genéticas entre caracteres evaluados en calabaza (<i>C. pepo</i> L.) tipo 'Round Zucchini' en Los reyes Acatlixhuayan, México. Primavera - Verano de 2000	105

Cuadro 3. Correlaciones fenotípicas (primera hilera) y genéticas (segunda hilera) entre caracteres evaluados en calabaza (<i>C. pepo</i> L.) tipo 'Round Zucchini' en Los reyes Acatlixhuayan, México. Primavera - Verano de 2001	108
---	-----

MEJORAMIENTO GENÉTICO PARTICIPATIVO DE LA CALIDAD DEL FRUTO MADURO EN UNA VARIEDAD LOCAL DE CALABAZA (*Cucurbita pepo* L.) EN TÉRMINOS DE COLOR Y SABOR DE LA PULPA

	Pag.
Cuadro 1. Superficie cosechada, producción y valor de la producción del cultivo de la calabaza en México, 1999	121
Cuadro 2. Principales estados productores de calabacita para verdura durante el año agrícola 1999	121
Cuadro 3. Estados productores de calabaza para fruto maduro, durante el año agrícola 1999	123
Cuadro 4. Composición de 100 g de diferentes partes comestibles de calabaza	125
Cuadro 5. Composición por 100 g de porción fresca de hojas comestibles	127
Cuadro 6. Cambios en las frecuencias fenotípicas relativas para calidad de fruto maduro (color de pulpa) en una variedad criolla de calabaza tipo 'Round Zucchini', por efecto de la selección. Los Reyes Acatlixhuayan, México 1997 – 2001	136
Cuadro 7. Cambios en las frecuencias fenotípicas para calidad de fruto maduro (sabor de pulpa) en una variedad criolla de calabaza tipo 'Round Zucchini', por efecto de la selección. Los Reyes Acatlixhuayan, México 1997 – 2001	141
Cuadro 8. Media, desviación estándar y tamaño de muestra para siete caracteres en una variedad local de calabaza tipo 'Round Zucchini'. Los Reyes Acatlixhuayan, México 1997 – 2001	144

Cuadro 3. Correlaciones fenotípicas (primera hilera) y genéticas (segunda hilera) entre caracteres evaluados en calabaza (<i>C. pepo</i> L.) tipo 'Round Zucchini' en Los reyes Acatlixhuayan, México. Primavera - Verano de 2001	108
---	-----

MEJORAMIENTO GENÉTICO PARTICIPATIVO DE LA CALIDAD DEL FRUTO MADURO EN UNA VARIEDAD LOCAL DE CALABAZA (*Cucurbita pepo* L.) EN TÉRMINOS DE COLOR Y SABOR DE LA PULPA

	Pag.
Cuadro 1. Superficie cosechada, producción y valor de la producción del cultivo de la calabaza en México, 1999	121
Cuadro 2. Principales estados productores de calabacita para verdura durante el año agrícola 1999	121
Cuadro 3. Estados productores de calabaza para fruto maduro, durante el año agrícola 1999	123
Cuadro 4. Composición de 100 g de diferentes partes comestibles de calabaza	125
Cuadro 5. Composición por 100 g de porción fresca de hojas comestibles	127
Cuadro 6. Cambios en las frecuencias fenotípicas relativas para calidad de fruto maduro (color de pulpa) en una variedad criolla de calabaza tipo 'Round Zucchini', por efecto de la selección. Los Reyes Acatlixhuayan, México 1997 – 2001	136
Cuadro 7. Cambios en las frecuencias fenotípicas para calidad de fruto maduro (sabor de pulpa) en una variedad criolla de calabaza tipo 'Round Zucchini', por efecto de la selección. Los Reyes Acatlixhuayan, México 1997 – 2001	141
Cuadro 8. Media, desviación estándar y tamaño de muestra para siete caracteres en una variedad local de calabaza tipo 'Round Zucchini'. Los Reyes Acatlixhuayan, México 1997 – 2001	144

ÍNDICE DE FIGURAS

CAMBIOS EN LOS PARÁMETROS GENÉTICOS DE UNA VARIEDAD LOCAL DE CALABAZA (*Cucurbita pepo* L.) POR EFECTO DE LA SELECCIÓN PARTICIPATIVA *in situ*

	Pag.
Figura 1. Esquema de Selección Combinada de Medios Hermanos Maternos	26

RESPUESTAS OBSERVADAS Y ESTIMADAS A LA SELECCIÓN PARTICIPATIVA EN UNA VARIEDAD LOCAL DE CALABAZA (*Cucurbita pepo* L.) TIPO 'ROUND ZUCCHINI'

	Pag.
Figura 1. Regresión lineal simple sobre ciclos de selección combinada de medios hermanos maternos en una variedad local de calabaza (<i>Cucurbita pepo</i> L.). (a) peso de fruto; (b) altura de fruto y (c) ancho de fruto	79
Figura 2. Regresión lineal simple sobre ciclos de selección combinada de medios hermanos maternos en una variedad local de calabaza (<i>Cucurbita pepo</i> L.). (a) grosor de pulpa; (b) color de pulpa y (c) sabor de pulpa	80
Figura 3. Regresión lineal simple sobre ciclos de Selección combinada de medios hermanos maternos en una variedad local de calabaza (<i>Cucurbita pepo</i> L.). (a) largo de semilla; (b) ancho de semilla y (c) peso seco de semilla	82

MEJORAMIENTO GENÉTICO PARTICIPATIVO DE LA CALIDAD DEL FRUTO MADURO EN UNA VARIEDAD LOCAL DE CALABAZA (*Cucurbita pepo* L.) EN TÉRMINOS DE COLOR Y SABOR DE LA PULPA

	Pag.
Figura 1. Regresión lineal simple sobre ciclos de selección combinada de medios hermanos maternos en una variedad local de calabaza (<i>Cucurbita pepo</i> L.) para color de pulpa. (a) blanco; (b) amarillo claro y (c) amarillo	139
Figura 2. Regresión lineal simple sobre ciclos de selección combinada de medios hermanos maternos en una variedad local de calabaza (<i>Cucurbita pepo</i> L.) para color de pulpa. (a) amarillo intenso; (b) anaranjado y (c) anaranjado intenso	1140
Figura 3. Regresión lineal simple sobre ciclos de selección combinada de medios hermanos maternos en una variedad local de calabaza (<i>Cucurbita pepo</i> L.) para sabor de pulpa. (a) insípido; (b) dulce y (c) muy dulce	142

1. INTRODUCCIÓN GENERAL

México es uno de los países más ricos del mundo en recursos bióticos porque es centro de origen de numerosas especies vegetales, algunas domesticadas en Mesoamérica como son maíz (*Zea mays* L.), frijol (*Phaseolus vulgaris*), calabaza (*Cucurbita pepo* L.) y el algodón (*Gossypium hirsutum* L.), entre otros. Sin embargo, muchas de ellas aún no han sido proporcionalmente estudiadas según la diversidad genética disponible. Entre éstas se encuentra el género de *Cucurbita* que constituye un grupo de hortalizas de alto valor alimenticio y de gran demanda (Cuevas, 1988).

México es uno de los principales productores de calabaza en el mundo. En 1997 ocupó el quinto lugar con una superficie cosechada de 42, 000 ha para las diferentes especies cultivadas (sólo después de la India, China, Rumania y Ucrania). El rendimiento promedio de las diferentes especies cultivadas en México de 7.70 t.ha⁻¹ y una producción total de 325, 000 toneladas (FAO, 1998). En México, la calabacita (*Cucurbita pepo* L.) es la única especie que se cultiva a escala comercial como verdura.

Se destina gran parte de la producción para la exportación a la U. E. y Canadá principalmente. En el ciclo agrícola de 1999 la superficie cosechada fue de 28,675 ha con una producción total de 419,656 t (SAGAR, 1999).

El principal objetivo del cultivo de la calabaza en México es la producción de verdura. En 1999 se cosecharon un total de 28,675 ha; distribuidas principalmente en los estados de Sinaloa, Puebla, Hidalgo, Morelos y Sonora. De este total 26,585 ha fueron de riego y sólo 2,091 de temporal. El rendimiento promedio nacional fue de 14.6 t.ha⁻¹. Baja California Sur es el único estado que reporta producción de calabacita de cultivo orgánico con 14 ha de superficie cosechada y una producción total de 18 t.ha⁻¹; con un promedio de 1.25 t.ha⁻¹ (SAGAR, 1999).

A la calabaza como tal (fruto maduro), comúnmente se le encuentra en asociación con el cultivo de maíz y frijol y muy raramente como unicultivo (en superficies pequeñas), pero realmente posee un alto potencial productivo y alimenticio, que se puede aprovechar; ya que presenta una amplia agrodiversidad genética misma que debe utilizarse de manera racional.

En el cultivo de calabaza para consumo como fruto maduro en el ciclo agrícola 1999, se cosecharon un total de 4,567 ha; sobresaliendo los estados de Sonora, Puebla, Nayarit, Sinaloa y Guerrero. El rendimiento promedio nacional fue de 9.58 t.ha⁻¹ (SAGAR, 1999).

Otro uso del cultivo de la calabaza es la producción de fruto maduro para exportación (calabaza kabocha). El estado de Sonora sembró para 1999 un total de 1,347 ha de riego en el ciclo Primavera-Verano, obteniendo un rendimiento total de 30,711 t (SAGAR, 1999).

La conservación y mejoramiento del cultivo de la calabaza por parte de los agricultores, es una práctica que se realiza cotidianamente al cultivarse y seleccionarse las mejores plantas (frutos) de su variedad y volverlos a sembrar sucesivamente ciclo tras ciclo. En esas condiciones el campo de investigación del Fitomejorador es aún muy amplio, para participar del mejoramiento y conservación de las variedades criollas en el lugar de donde son originarias y cultivadas.

La selección masal como método de mejoramiento vegetal participativo, para obtener variedades mejoradas, es un camino viable para lograr incrementos en la productividad en diferentes cultivos: 2 % por ciclo de selección en maíz; 0.42 a 37.5 % en calabaza; sin embargo, existen relativamente pocos esfuerzos sistemáticos encaminados en ese sentido.

Por lo tanto, en el presente trabajo se planteó el desarrollo de selección participativa *in situ* en una variedad de calabaza criolla (*Cucurbita pepo* L.) tipo 'Round Zucchini' del Sr. Nolberto Cristalinas de la comunidad de Los Reyes Acatlixhuayan Municipio de Temamatla, México, a la cual se le monitorearon los cambios en los componentes de la variación genética como consecuencia de la selección aplicada.

Los trabajos fueron financiados por el "Collaborative Crop Research Program" de The McKnight Foundation a través del proyecto "Milpa" desarrollado en México entre los años de 1995 a 2001.

Los **objetivos** del presente trabajo fueron: a) determinar la respuesta a la selección para rendimiento y calidad de fruto y semilla y el tamaño óptimo de muestra para diferentes caracteres de interés agronómico, b) caracterizar la variación fenotípica y genotípica, c) realizar selección participativa *in situ*, para rendimiento y calidad de fruto y semilla y estimar su respuesta y d) monitorear los cambios en los parámetros genéticos en una variedad local de calabaza tipo 'Round Zucchini' por efecto de la selección participativa *in situ*.

En esta presentación el contenido se ubicará de la siguiente forma:

Capítulo 1: introducción, Capítulo 2: cambios en los parámetros genéticos en una variedad local de calabaza (*Cucurbita pepo* L.) tipo 'Round Zucchini', Capítulo 3: respuestas observadas y estimadas a la selección participativa en una variedad local de calabaza, Capítulo 4: correlaciones fenotípicas y genéticas aditivas en una variedad local de calabaza y Capítulo 5: mejoramiento genético participativa de la calidad del fruto maduro en calabazas criollas mexicanas en términos de color y sabor de la pulpa.

2. CAMBIOS EN LOS PARÁMETROS GENÉTICOS DE UNA VARIEDAD LOCAL DE CALABAZA (*Cucurbita pepo* L.) POR EFECTO DE LA SELECCIÓN PARTICIPATIVA *in situ*

Ayala Esteban José Antonio¹; Villanueva Verduzco Clemente²;

Sahagún Castellanos Jaime³ y Peña Lomelí Aureliano³

2.1. RESUMEN

Una variedad local de calabaza (*Cucurbita pepo* L.) tipo 'Round Zucchini' fue sometida a selección y evaluación de familias (120) de medios hermanos maternos desde el año 1997 al 2001. En una parcela de la comunidad de Los Reyes Acatlixhuayan, Estado de México ubicada a 20 km de la ciudad de México a una altura de 2240 msnm, se hizo el trabajo con un agricultor cooperante. El clima es templado subhúmedo con lluvias en verano (C(CW_o)(W)(i')g). El objetivo fue monitorear la respuesta a la selección y su impacto en la varianza genética aditiva, mediante la estimación de los parámetros genéticos. La varianza genética aditiva disminuyó en siete de los

¹ Resumen de la tesis que presenta el autor como requisito parcial para obtener el grado de Maestro en Ciencias en Horticultura. Universidad Autónoma Chapingo (UACH). Chapingo, México.

² Director de tesis: Profesor-Investigador de tiempo completo del Dpto. de Fitotecnia. Universidad Autónoma Chapingo (UACH). Chapingo, México. C.P. 56230

³ Asesor de tesis: Profesor-Investigador de tiempo completo del Dpto. de Fitotecnia. Universidad Autónoma Chapingo (UACH). Chapingo, México. C.P. 56230

nueve caracteres estudiados: peso de fruto (PEF) de 0.90 a 0.30, altura de fruto (ALF) de 7.4 a 1.4, ancho de fruto (ANF) de 11.9 a 4.6, grosor de pulpa (GRP) de 0.40 a 0.17, color de pulpa (COP) de 1.50 a 0.84, sabor de pulpa (SAP) de 0.23 a 0.19 y peso seco de semilla (PSS) de 685.35 a 414.38, excepto en los caracteres largo de semilla (LAS: 0.95; 0.96) y ancho de semilla (ANS: 0.18; 0.51). Los caracteres que presentaron mayor varianza genética aditiva fueron peso seco de semilla (685.3 g; 414.3 g), ancho de fruto (11.9 cm; 4.6 cm) y altura de fruto (7.4 cm; 1.4 cm) en las diferentes evaluaciones. La varianza genética aditiva fue mayor que la de dominancia en seis de los siete caracteres evaluados. Sólo el peso seco de semilla presentó varianza de dominancia. El coeficiente de variación genético aditivo fluctuó entre 9.4 y 61.7 % en el primer ciclo, mientras que para el segundo ciclo de selección fluctuó entre 9.4 y 51.8 %. En todos los caracteres evaluados el CV_A bajó por efecto de la selección. La heredabilidad de los nueve caracteres fluctuó entre 56.81 y 75.23 % para el primer ciclo y para el segundo ciclo entre 55.45 y 78.03 %. La heredabilidad bajó en siete de nueve caracteres. En general los parámetros genéticos estimados (la varianza aditiva, de dominancia, coeficiente de variación genético aditivo y heredabilidad) disminuyeron por efecto de la selección.

Palabras clave: *Cucurbita pepo*, varianza aditiva, coeficiente de variación genético aditivo, heredabilidad, selección participativa.

2.2. ABSTRACT

CHANGES IN THE GENETIC PARAMETERS OF A LOCAL VARIETY OF SQUASH (*Cucurbita pepo* L.) BY EFFECT OF *in situ* PARTICIPATORY SELECTION

José Antonio Ayala Esteban

Under direction of Dr. Clemente Villanueva Verduzco

A local variety of squash (*Cucurbita pepo* L.), 'Round Zucchini' type was put under simultaneous selection and evaluation of half sib families (120) from 1997 to 2001. Work was done with a farmer cooperador in a plot in Los Reyes Acatlixhuayan, State of Mexico, located 20 km from Mexico City at 2240 m above sea level. Climate is temperate subhumid with summer rains (C(CW_o)(W)(i')g). The objective was to study response to selection and impact in genetic additive variance through the estimation of genetic parameters. Genetic additive variance decreased in seven of nine traits studied: fruit weight (PEF), 0.90 to 0.30; fruit length (ALF), 7.4 to 1.4, fruit width (ANF), 11.9 to 4.6, pulp thickness (GRP), 0.40 to 0.17, pulp color (COP), 1.50 to 0.84, pulp flavor (SAP), 0.23 to 0.19, and dry weight of seed (PSS), 685.35 to 414.38. Increases were found in seed length (LAS: 0.95; 0.96) and seed width (ANS: 0.18; 0.51). The traits with greater genetic additive variance were dry weight of seed (685.3

g; 414.3 g), fruit diameter (11.9; 4.6 cm) and fruit length (7.4 cm; 1.4 cm) in the different evaluations. Genetic additive variance was greater than dominance variance in six of the seven traits evaluated. Only dry weight of seed had dominance variance. The coefficient of genetic additive variance (CVA) fluctuated between 9.4 and 61.7 % in the first cycle, and between 9.4 and 51.8 % in the second selection cycle. CVA decreased by effect of selection in all of the evaluated traits. Heritability of the nine traits fluctuated between 56.81 and 75.23 % in the first cycle, and between 55.45 and 78.03 % in the second. Heritability decreased in seven of nine traits. In general, the estimated genetic parameters (additive and dominance variance, CVA and heritability) decreased by effect of selection.

Key words: Cucurbita pepo, additive variance, coefficient of genetic additive variance, heritability, participatory selection.

2.3. INTRODUCCIÓN

El papel del Fitomejorador es importante no sólo para lograr nuevas variedades y mayores rendimientos, sino también para la conservación de los recursos genéticos. Sin embargo, son los agricultores quienes, al seguir cultivando y seleccionando empíricamente sus materiales criollos o nativos, han logrado mantener la diversidad biológica por muchos años.

En el mejoramiento genético moderno, la estimación de parámetros genéticos (medias, varianzas y covarianzas) permite elegir la metodología más apropiada para el mejoramiento de las poblaciones cultivadas de interés, misma que cobra mayor importancia cuando una población se ha sometido a un proceso continuo de selección siguiendo una determinada metodología, y se desea saber: qué tan efectiva ha sido ésta en producir cambios favorables en dicho material y en qué nivel se ha reducido la variación genética aditiva que es aprovechada por la selección. El estudio de los cambios introducidos proporciona bases para la formación de criterios aplicables en la búsqueda de nuevas perspectivas en el mejoramiento, tanto de la misma población como en el de otras (Vargas, 1979).

El proceso de selección incide directamente sobre las frecuencias génicas. Consecuentemente, las varianzas genéticas sufren cambios que también dependen del tipo de acción génica predominante. En el límite de la selección, el resultado final es el agotamiento de dichas varianzas cuando las frecuencias de los genes, que favorecen la expresión del carácter en cuestión, están próximas a la unidad.

Cuando la varianza aditiva empieza a declinar, tal vez sea necesario considerar hasta qué punto es práctico seguir el mismo método de selección, o si debe cambiarse por otro más eficiente, o si por el contrario, ya no resulta económico continuar el proceso de selección y debe pensarse más bien en la hibridación.

Con base en lo anterior, el **objetivo** del presente trabajo fue estimar la varianza genética aditiva y otros parámetros genéticos en una población derivada de selección.

2.4. REVISIÓN DE LITERATURA

2.4.1. Estimación de parámetros genéticos

Comstock y Robinson (1948, 1952) buscando una metodología para la estimación del grado promedio de dominancia, desarrollaron tres diseños de apareamiento por medio de los cuales es factible obtener estimadores para los principales parámetros genéticos, en poblaciones diploides y caracteres de dos o más alelos por locus, bajo las suposiciones de equilibrio de ligamiento y ausencia de epistasis. Estos diseños son conocidos comúnmente como "Diseños de Carolina del Norte" (por ser en la Universidad de tal Estado donde fueron desarrollados), y han sido usados tanto con el fin de obtener estimadores, como para fines de selección, en diversas poblaciones de maíz (Robinson *et al.*, 1949, Robinson *et al.*, 1955; Robinson *et al.*, 1960; Arboleda, 1961; Márquez y Hallauer, 1970; Estrada, 1977).

Cockerham (1956) analizó dos diseños de apareamiento propios para estimar las principales fracciones de varianza epistática. Más tarde, Cockerham (1963) clasificó e hizo un análisis pormenorizado de los diversos tipos de diseños que pueden utilizarse en la estimación de diferentes parámetros genéticos. Estos trabajos, entre otros, sirvieron de base a los estudios de Stuber *et al.* (1966), quienes encontraron que la fracción de varianza epistática era prácticamente

insignificante, comparada con las otras fracciones de varianza genotípica. Sin embargo, esto no quiere decir que no tenga importancia en el mejoramiento, ya que puede ser de gran valor en la heterosis (Gardner y Lonnquist, 1966).

Una revisión general de los diseños de apareamiento fue presentada por Robinson y Cockerham (1965) quienes enfocaron más su atención a los diseños de mayor uso en la estimación de parámetros genéticos.

Otros diseños de apareamiento, usados también para la estimación de varianzas genéticas a través de las componentes de aptitud combinatoria general y específica, son los llamados Dialélicos, desarrollados por Griffing (1956) y los trialélicos y cuadrialélicos de Rawlings y Cockerham (1962, 1962b).

En general, se da por hecho que los estimadores de los parámetros genéticos varían debido a la interacción genotipo-ambiente, por lo cual se reconoce la necesidad de hacer estimaciones en diferentes ambientes, puesto que se ha encontrado que los estimadores obtenidos en una sola localidad, tienen sesgos que dependen de la magnitud de dicha interacción (Gardner, 1963; Comstock y Robinson, 1951; Cockerham, 1963).

Comstock y Robinson (1951) señalan que se espera que los estimadores obtenidos en una sola localidad, sean buenos para ser aplicados en trabajos en esa misma localidad y población, aunque no es correcto hacer extrapolaciones a otras localidades, y menos aún a otras poblaciones, ya que, según

Cockerham (1963), sólo en muy raras ocasiones es posible extrapolar datos entre poblaciones.

Moll y Stuber (1974) indican que en los diversos trabajos efectuados en maíz, es muy común encontrar significancia en las componentes de varianza debida a interacción genotipo-ambiente, y que las fracciones de interacción del tipo aditivo x ambiente y no aditivo x ambiente, son comúnmente mayores que las mismas estimaciones de varianza aditiva y no aditiva, respectivamente.

Dickerson (1961) señala que por definición, la varianza aditiva (debida a la variación entre los efectos promedio de los genes) contribuye totalmente al avance genético por selección, dependiendo del método que se aplique; pero la dificultad es conocer la proporción de la varianza genotípica en una generación dada, que se debe a efectos génicos no susceptibles de alteración por los cambios ambientales en la próxima generación. Por lo tanto, la fracción estimada de la varianza aditiva se dilata o contrae, dependiendo de la magnitud de la interacción genético-ambiental entre una y otra generación.

2.4.2. La variación

La genética de un caracter métrico gira alrededor del estudio de su variación, ya que en términos de ésta se formulan las preguntas genéticas primarias. La idea básica del estudio de la variación es su partición en componentes atribuibles a diferentes causas. La magnitud relativa de estos componentes determina las

prioridades genéticas de la población, en particular el grado de parecido entre parientes (Falconer, 1989).

La cantidad de variación se mide y se expresa como la varianza. Los componentes en que se descompone la varianza total son: varianza genotípica, que es la varianza de los valores genotípicos; y la varianza ambiental, que es la varianza de los valores ambientales. La varianza total es la varianza fenotípica, o la varianza de los valores fenotípicos, y es la suma de las diferentes componentes (Falconer, 1989).

2.4.3. Varianza fenotípica

La varianza, por definición, es la media de los cuadrados de las desviaciones de los valores de la variable con respecto de la media de la población. La varianza total se expresa como la varianza fenotípica o la varianza de los valores fenotípicos; ésta a su vez, está formada por varios componentes que son: varianza genotípica, varianza ambiental y varianza de interacción genético-ambiental, la primera se divide en varianza aditiva, varianza de dominancia y varianza epistática (Falconer, 1989).

La varianza total o la varianza de los valores fenotípicos, según Falconer (1989), es la suma de todos los componentes de varianza. Esto quiere decir que la varianza fenotípica es toda la varianza de los valores medibles de un carácter en un individuo.

2.4.4. Varianza genotípica

La varianza genotípica tiene su origen en las diferencias entre genotipos, por lo que mientras mayor sea el número de loci segregantes, mayor será el número de genotipos diferentes en la población (Molina, 1992).

Falconer (1989) menciona que la varianza genotípica es la que se presenta por la influencia del medio ambiente que rodea a los individuos, la varianza ambiental no puede ser eliminada porque incluye la varianza no genética, lo que no puede ser controlada fácilmente en la experimentación. También menciona que ambas varianzas no pueden ser estimadas directamente de los datos de una población. Esto podría hacerse sólo si alguna de ellas es eliminada.

Según Falconer (1989) la varianza genotípica se compone de varianza aditiva, dominante y de interacción o epistática; de éstas la más importante es la varianza aditiva (varianza de los valores reproductivos), ya que es la causa principal del parecido entre parientes y determinante de las propiedades genéticas observables de la población y de la respuesta a la selección.

Con base en los tipos de acción génica, Fisher (1918) y Wright (1935) citados por Molina (1992), subdividen la varianza genotípica en aditiva, de dominancia y de interacción o epistática.

Varianza aditiva (σ_a^2). Se debe a las diferencias entre los valores aditivos de los genotipos o lo que es lo mismo, entre los efectos promedio de los genes.

Varianza de dominancia (σ_D^2). Debida a las desviaciones de dominancia o interacciones entre alelos de un mismo locus.

Varianza epistática (σ_E^2). Debida a las desviaciones del esquema aditivo de los efectos de los loci; es decir, a las interacciones entre efectos de genes de loci diferentes.

2.4.5. Varianza ambiental

La varianza ambiental es un componente de la varianza fenotípica originado por las diferencias entre los efectos de los ambientes (Molina, 1992).

La varianza ambiental comprende toda la variación de origen no genético, y gran parte de ésta se encuentra fuera del control del investigador (Falconer, 1989).

En la práctica del fitomejoramiento, la estimación de los componentes de varianza presenta algunas dificultades, ya que frecuentemente los efectos genotípicos están confundidos con los ambientales, lo que implica que sólo la varianza fenotípica puede ser cuantificada. Una alternativa simplista es tomar información sobre varios individuos genéticamente idénticos desarrollados en los ambientes de interés. La variación que se encuentre en esta información sería entonces atribuible sólo a efectos ambientales (Sahagún, 1997).

Falconer (1989) menciona que la varianza ambiental, la cual por definición comprende toda la variación de origen no genético, puede tener una gran variedad de causas y su naturaleza depende mucho del carácter y del organismo bajo estudio. En general, la varianza ambiental es una fuente de error que reduce la precisión en los estudios genéticos. El propósito del experimentador y del mejorador es por lo tanto, reducirla tanto como sea posible por medio de un manejo cuidadoso o por medio de un diseño apropiado de los experimentos. Esta varianza se puede subdividir en varianza ecológica especial V_{ES} y varianza ecológica general V_{Eg} . La primera se refiere a la varianza entre individuos que se presenta debido a circunstancias temporales o localizadas y la segunda se refiere a la varianza ambiental que contribuye a la componente entre individuos y que surge debido a circunstancias permanentes o no localizadas.

2.4.6. Varianza de interacción Genotipo x Ambiente y epistática

Un componente de varianza adicional, que afecta a la varianza total, es la que se debe a la interacción entre genotipos y ambientes, cualquiera que sea su naturaleza. Para eliminar alguna de estas varianzas es necesario usar líneas endogámicas y/o controlar factores tales como nutrición y temperatura. Posteriormente debe hacerse un análisis de varianza en una clasificación de dos entradas de genotipos y ambientes, para poder estimar la varianza genética (entre genotipos), la varianza ambiental (entre ambientes) y de la varianza atribuible a la interacción de genotipos con ambientes (Falconer, 1989).

Sahagún (1992) menciona que la interacción genético-ambiental se interpreta como la medida en que los valores fenotípicos relativos de los genotipos cambian, cuando se pasa de un ambiente a otro. Esta interacción junto con la heterogeneidad del suelo se reconocen como los factores que más dificultan una evaluación genotípica, como consecuencia del enmascaramiento que ejercen sobre el verdadero valor de los genotipos.

2.4.7. Heredabilidad

Con base en la estructura del modelo fenotípico, que describe al fenotipo en términos de efectos genéticos y ambientales, puede establecerse que las diferencias observadas entre los individuos o familias de una población, obedecen tanto a causas genéticas como a causas ambientales. En esta forma, la variabilidad observada o fenotípica de una población, es genética en cierta proporción y ecológica o ambiental en la proporción restante. De aquí que con frecuencia se hable de caracteres hereditarios o altamente heredables y de caracteres ecológicos o poco heredables. En el primer caso, las diferencias observadas obedecerán principalmente a diferencias en el contenido genético de los individuos, mientras que en el segundo, las diferencias entre individuos se deberán, más que todo, a diferencias ambientales, pudiendo tenerse el caso de ausencia total de variabilidad genética (Molina, 1992).

La heredabilidad de un carácter métrico es una de sus propiedades más importantes. Expresa la proporción de la varianza total que es atribuible a los efectos promedio de los genes y esto es lo que determina el grado de parecido

entre parientes. La utilidad más importante de la heredabilidad en el estudio genético de los caracteres métricos es su papel predictivo, que expresa la confiabilidad del valor fenotípico como indicación del valor reproductivo (Falconer, 1989).

La heredabilidad puede expresarse en dos formas:

1. La heredabilidad en sentido amplio (H^2), se define como la relación entre la varianza genotípica (σ_G^2) y la varianza fenotípica (σ_P^2). Representa la parte porcentual de la varianza fenotípica u observada, atribuible a los efectos de los genes de una población y se expresa como,

$$H^2 = \frac{\sigma_G^2}{\sigma_P^2}$$

2. La heredabilidad en sentido restringido (h^2), se expresa como la relación entre la varianza genética aditiva (σ_A^2) y la varianza fenotípica (σ_P^2). Representa la parte porcentual de la varianza fenotípica, atribuible a los efectos aditivos de los genes en la población y se expresa como,

$$h^2 = \frac{\sigma_A^2}{\sigma_P^2}$$

La heredabilidad expresa la confiabilidad del valor fenotípico como indicación del valor reproductivo; o sea, el grado de correspondencia entre el valor fenotípico y el valor reproductivo. La determinación de la heredabilidad es uno de los primeros objetivos del estudio genético de un carácter métrico. La heredabilidad no es una propiedad del carácter únicamente, sino que también de la población y de las circunstancias ambientales a las que están sujetos los

individuos de esa población. La heredabilidad depende de la magnitud de todas las componentes de varianza, un cambio en cualquiera de éstas la afectará. Las poblaciones pequeñas mantenidas por un tiempo lo bastante grande como para que haya ocurrido una cantidad apreciable de fijación, muestran heredabilidades más bajas que las poblaciones grandes. Las condiciones ambientales más variables reducen la heredabilidad mientras que condiciones más uniformes la aumentan (Falconer, 1989).

2.4.8. El mejoramiento de calabazas en México

El mejoramiento genético de calabaza en México sólo ha contemplado aumentar el rendimiento de verdura y poco para fruto maduro y semilla, sin considerar la cantidad y calidad del aceite.

Desde 1995 el grupo calabaza del “Proyecto Milpa”, financiado por The McKnight Foundation integrado por investigadores de siete instituciones (INIFAP, UACH, CP, UNAM, ISU y U. de G.) y otras tantas Universidades de los Estados Unidos (U. C. Davis, Raleigh, Iowa y Cornell); desarrolla mejoramiento genético participativo por selección *in situ* en la variedad del agricultor en su propia parcela, donde Laura C. Merrick y Clemente Villanueva Verduzco funcionan como colíderes del grupo calabaza.

De 1995 al 2001 los integrantes del grupo calabaza han realizado trabajos de investigación en campo y en laboratorio sobre cuatro especies de calabaza: *C. pepo*, *C. argyrosperma*, *C. ficifolia* y *C. moschata*, producidas en la región

central de México. Las investigaciones se desarrollan en las dos principales regiones objetivo del proyecto milpa: Chalco en el Estado de México y la Sierra Norte de Puebla; así como en la región satélite del Valle de Cuautla, Morelos. Registraron avances en tres objetivos del proyecto milpa. Las actividades de entrenamiento e investigación durante esos 6 años se enfocaron los siguientes aspectos de las especies *Cucurbita pepo*, *C. argyrosperma*, *C. moschata* y *C. ficifolia*:

- Evaluación del manejo del agricultor a poblaciones locales y parientes silvestres del cultivo mediante entrevistas socioeconómicas.
- Análisis de la biodiversidad intra e interpoblacional y flujo de genes desde parientes silvestres a través de la caracterización de marcadores moleculares, morfológicos y caracteres fenotípicos.
- Desarrollo de metodologías para mejoramiento de variedades locales en campo de agricultores a través de la selección participativa dentro de poblaciones.

2.4.9. Trabajos de selección del grupo calabaza del “Proyecto Milpa”

Ayala y Nájera (1999), al evaluar la variación genética y realizar selección participativa en una variedad local de calabaza (*Cucurbita pepo* L.) tipo ‘Round Zucchini’ de Los Reyes Acatlixhuayan México, encontraron que la varianza genética aditiva más alta la presentaron los caracteres peso seco de semilla (PSS; 20.9) y diámetro de fruto (DIF; 10.9) y los valores más bajos correspondientes a sabor de pulpa (0.17) y grosor de pulpa (0.24). La respuesta esperada a la selección combinada en cinco caracteres evaluados fue: peso de fruto (1.66 kg), grosor de pulpa (0.52 cm), color de pulpa (0.34), sabor de pulpa (1.80) y peso seco de semilla (13.64 g), por ciclo de selección.

Meneses (1999) estudió los componentes de varianza genética y respuesta a la selección combinada en calabaza (*Cucurbita pepo* L.) bajo el sistema milpa. Menciona que la varianza genética total estuvo determinada principalmente por efectos aditivos de los genes en la población analizada; además, las varianzas de dominancia fueron negativas y altamente significativas en los dos años de evaluación. En cinco de ocho caracteres evaluados la respuesta esperada a la selección combinada disminuyó durante el segundo año de evaluación; mientras que sólo en dos de ocho caracteres la respuesta observada fue positiva.

Ortega (1999) estudió la variación genética y selección participativa en una variedad local de calabaza dulce (*Cucurbita moschata*) en Achichipico Morelos. La varianza aditiva y el coeficiente de variabilidad genética aditiva en la

población fueron: peso de fruto, 2.015 y 43.02 %; peso de semilla, 2479.39 y 33.42 %; color de pulpa, 2.2 y 53.4 %; grosor de pulpa, 0.44 y 22.9 % y sabor de pulpa, 0.2 y 21.4 %. Las respuestas a la selección para los cinco caracteres evaluados fueron: peso de fruto (1.36 kg); peso de semilla (36.10 g); color de pulpa (167); grosor de pulpa (0.611 cm) y sabor de pulpa (0.292), por ciclo de selección.

Sánchez (1999) estudió la variación genética y respuesta a la selección combinada en una variedad criolla de calabaza pipiana (*Cucurbita argyrosperma* Huber var. *stenosperma*). Encontró que la variación genética aditiva, en términos del coeficiente de variación genética aditiva se redujo notablemente en siete de nueve caracteres evaluados. La respuesta a la selección combinada de medios hermanos maternos disminuyó en todos los caracteres durante dos años de evaluación.

Bautista (2000) monitoreó la variación genética aditiva en dos tipos locales de chilacayote (*Cucurbita ficifolia* Bouché). Encontró una alta varianza genética aditiva y coeficiente de varianza aditiva para los caracteres peso de fruto y peso de semilla en el tipo corriente. Aumentó la varianza aditiva en los caracteres peso de fruto (146.5 %), largo de fruto (146.4 %), ancho de fruto (125.7 %) y peso de semilla (85 %). La respuesta a la selección combinada de medios hermanos fue mayor para el carácter peso de semilla en las dos poblaciones de chilacayote, que en el resto de los caracteres.

2.5. MATERIALES Y METODOS

Los experimentos se desarrollaron en Los Reyes Acatlixhuayan, Municipio de Temamatla, Estado de México; ubicado geográficamente a 19° 16' de latitud Norte y 98° 54' de longitud Oeste, a una altura sobre el nivel del mar de 2240 metros, durante los años 1997, 1998, 1999, 2000 y 2001.

El clima, de acuerdo con la clasificación de Köppen modificado por García (1988), es templado subhúmedo con lluvias en verano (C(CW_o)(W)(i')g. La temperatura media anual es 15.1° C, la temperatura media del mes más cálido es 18.1° C, durante el mes de mayo y la temperatura más fría se tiene en el mes de enero con 11.5° C; la precipitación promedio anual es de 656.9 mm, siendo febrero el mes más seco y julio el mes más lluvioso. El suelo de esta región está constituido por terrenos volcánicos y aluviones del plioceno.

2.5.1. Conducción del experimento

Preparación del terreno. La parcela utilizada se preparó con un barbecho, seguido de dos pasos de rastra y finalmente un surcado a 80 cm entre surcos.

Siembra. Se realizó el 17 de abril del 2000 y 28 de abril del 2001. Se establecieron 120 familias (frutos), cada familia se estableció en un surco de 25 metros de longitud con matas de cuatro plantas a cada 50 cm de distancia, la separación de los surcos fue de 80 cm; 15 días después de la germinación se raleó a tres plantas por mata.

Control de malezas. Se realizaron tres deshierbes. Los dos primeros fueron mecanizados y el tercero se realizó con yunta, debido al avanzado desarrollo del cultivo, que impidió el paso del tractor. También se realizaron tres deshierbes con azadón para eliminar las malezas en las hileras de plantas después de cada paso de cultivadora.

Fertilización. Se realizó de forma manual durante el segundo paso de cultivadora, mes y medio después de la siembra, utilizando la fórmula 100-40-00.

Cosecha. Se realizó manualmente cinco meses después de la siembra, cosechando todos los frutos de cada familia en un solo corte al final del ciclo biológico del cultivo.

2.5.2. Material vegetal

El material vegetal utilizado para estos experimentos se derivó de la cosecha del tercer ciclo de selección en una variedad 'Round Zucchini' acriollada (del agricultor cooperante Sr. Nolberto Cristalinas, de la comunidad de Los Reyes

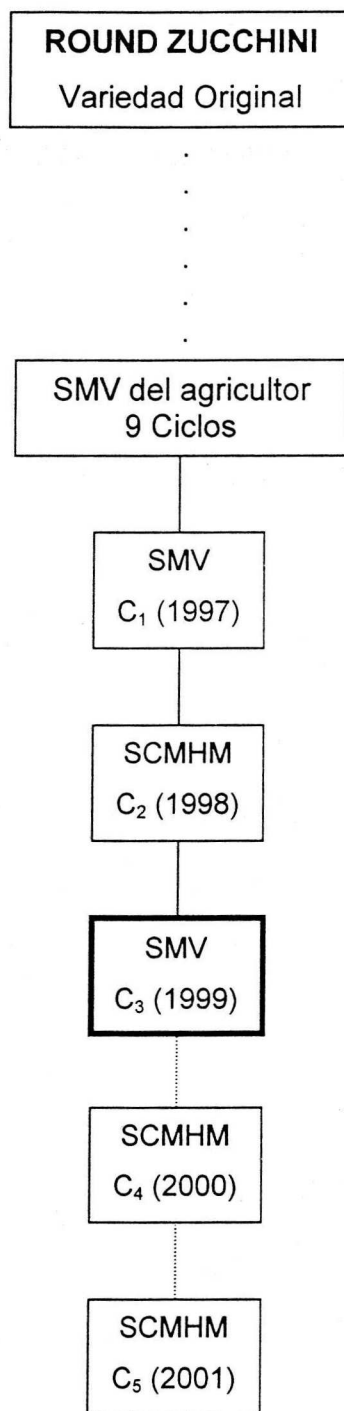


Figura 1. Esquema de Selección Combinada de Medios Hermanos Maternos

Acatlixhuayan, Estado de México) del ciclo P-V de 1999 de un total de 4 000 frutos (Figura 1). Dicha variedad ha estado sometida a un proceso de selección desde 1997 dividido en dos etapas: preselección y selección final. En la etapa de preselección se ha aplicado el 25% de presión de selección (500 frutos), con base en los caracteres: fruto grande, pocas costillas, forma aplanada de fruto y hábito arbustivo, integrados como criterio de selección visual. En la etapa de selección final se aplica el 3 % (120 frutos) de presión de selección respecto a población original de plantas, basada en los caracteres: peso, altura y diámetro de fruto; grosor, sabor y color de pulpa; sanidad y grado de madurez de fruto y peso seco de semilla.

Selección combinada. Se usaron familias de medios hermanos maternos (FMHM) derivadas del tercer ciclo de selección, donde cada uno de los 120 frutos seleccionados (3 %) se evaluó como una familia, en Los Reyes Acatlixhuayan, Estado de México, en condiciones de temporal. La evaluación se realizó durante dos ciclos, el primer ciclo se estableció el 17 de abril del 2000 y el segundo ciclo el 28 de abril del 2001.

Selección y evaluación simultánea. El experimento se estableció en la parcela del agricultor cooperante, durante el ciclo Primavera - Verano 2000 y 2001. Se sembraron 120 familias. Cada familia se estableció en dos surcos de 25 metros de longitud con matas de tres plantas separadas a un metro de distancia. La separación entre surcos fue de 80 cm. El experimento se

estableció en una superficie de 5 600 m², teniendo una densidad de población de 18 000 plantas por hectárea.

Selección entre familias. Se cosecharon todos los frutos maduros de cada familia en un solo corte, al final del ciclo biológico de la planta. Para continuar con el proceso de selección se procedió a seleccionar las mejores 40 familias, con base en el peso total (rendimiento) de fruto por familia y el número de frutos por familia. La presión de selección entre familias (b_E) fue de 33.3 %. Esto es, $b_E: 120 \times 0.33 = 40$ familias seleccionadas.

Selección dentro de familias. Masalmente fueron seleccionadas las mejores tres plantas de cada familia seleccionada (correspondiente a una presión de selección (b_W) de 50 % dentro de familias). El criterio de selección se basó en rendimiento de semilla y calidad de fruto (pulpa gruesa, dulce y de colores amarillo intenso o anaranjado). Se seleccionaron los tres mejores frutos (50 %) de las 40 mejores familias (33.3 %) para completar 120 familias (frutos) y con ello continuar con el proceso de selección.

También se estableció un híbrido de calabacita (*Cucurbita pepo* L.) tipo 'Gray Zucchini' conocido con el nombre comercial de 'Tala' de la compañía Asgrow.

La función de dicho material fue ayudar a cuantificar la variación ambiental debido a que es un material genéticamente uniforme. Se establecieron 20 surcos de 25 metros de longitud, con matas de cuatro plantas cada 50 cm de distancia; se raleó a tres plantas por mata 10 días después de la germinación.

Se distribuyó un surco del híbrido cada seis familias (surcos) de la variedad criolla de calabaza en estudio.

2.5.3. Análisis estadístico

Debido a que los datos analizados fueron los de una muestra aleatoria de seis repeticiones (plantas) por familia, el análisis de varianza se basó en el modelo que representa la evaluación de f familias (F) y n plantas (P) que es como sigue:

$Y_{ij} = \mu + F_i + P_{(i)j}$; donde: Y_{ij} es el valor observado de la j -ésima planta de la i -ésima familia, μ es la media, F_i el efecto de la i -ésima familia y $P_{(i)j}$ el efecto de la j -ésima planta de la i -ésima familia. La forma del análisis de varianza se muestra en el Cuadro 1.

Cuadro 1. Análisis de varianza para f (F) familias y n plantas por familia (P).

Fuentes de variación	Grados de libertad	Cuadrados medios	Esperanzas de cuadrados medios
Familia (F)	$f-1$	M_1	$\sigma_n^2 + n\sigma_f^2$
Plantas/F	$(n-1)f$	M_2	σ_n^2
Total	$fn-1$		

Evaluación del híbrido. Para estudiar la variabilidad ambiental con el híbrido 'Tala' se sembró surcos de 25 matas y 3 plantas por mata, como unidad experimental. Se sembró un surco del híbrido cada seis surcos (familias) de la variedad en estudio con la finalidad de abarcar toda la variación ambiental existente en la parcela y con base en ello poder estimar la varianza de dominancia.

El modelo empleado en el análisis estadístico para el híbrido 'Tala' fue el mismo que se utilizó para la evaluación de familias.

$Y_{ij} = \mu + S_i + P_{(i)j}$; donde: Y_{ij} es el valor observado de la j -ésima planta del i -ésimo surco, μ es la media, S_i el efecto del i -ésimo surco y $P_{(i)j}$ el efecto de la j -ésima planta del i -ésimo surco. La forma del análisis de varianza se muestra en el Cuadro 2.

Cuadro 2. Análisis de varianza para s surcos y n plantas por surco.

FV	GL	CM	E(CM)
Surco (S)	s-1	M ₁	$\sigma_n^2 + n\sigma_s^2$
Plantas/S	(n-1)s	M ₂ *	σ_n^2 *
Total	sn-1		

FV: fuente de variación, GL: grados de libertad, CM: cuadrados medios y E(CM): esperanzas de cuadrados medios con todos los factores aleatorios.

Caracteres estudiados. Se evaluaron los mismos caracteres tanto en las familias como en el híbrido 'Tala'. Peso de fruto individual (PEF en kg); altura de fruto (ALF en cm); diámetro de fruto (DIF en cm); grosor de pulpa (GRP en cm); color de pulpa (COP), se midió de forma visual utilizando la siguiente escala, 1: anaranjado intenso; 2: anaranjado; 3: amarillo intenso; 4: amarillo; 5: amarillo claro y 6: blanco (a menor magnitud de la escala, mejor coloración de la pulpa); sabor de pulpa (SAP), se midió degustando una porción de la misma una vez que el fruto fue partido por mitad transversalmente, considerando la siguiente escala, 1: muy dulce; 2: dulce y 3: insípido (a menor magnitud de la escala mejor sabor de la pulpa); largo y ancho de semilla (LAS y ANS en cm); y peso seco de semilla por fruto (PSS en g).

2.5.4. Componentes de varianza

Los componentes de varianza genética se estimaron a partir de una estructura de familias de medios hermanos maternos (FMHM), siguiendo la metodología propuesta por Márquez y Sahagún (1994). Por medio de este método se estimó la varianza genética aditiva (σ_A^2) y también la varianza genética de dominancia (σ_D^2).

El híbrido genéticamente uniforme 'Zucchini Tala' de la compañía Asgrow se estableció y evaluó para estimar la varianza ambiental dentro de parcelas y así poder estimar la varianza genética dentro de familias, que correspondería a $(3/4) \sigma_A^2 + \sigma_D^2$ y de esta manera la varianza aditiva se estimó con base en la

relación que tienen σ_A^2 (varianza genética aditiva) y σ_F^2 (varianza entre familias), lo que produce que el estimador de la varianza aditiva sea $\hat{\sigma}_A^2 = 4\hat{\sigma}_F^2$ (Márquez y Sahagún, 1994).

Las estimaciones se realizaron suponiendo herencia diploide, dos alelos por locus, equilibrio Hardy-Weimberg de la población, equilibrio de ligamiento y ausencia de epistasis. De esta forma, con base en la información del Cuadro 1, los parámetros genéticos estimados fueron (Márquez y Sahagún, 1994):

1) *varianza aditiva.* La varianza aditiva de un locus es la varianza de los valores aditivos. Ya que el valor aditivo de cada genotipo es la suma de los efectos promedios de sus genes y éstos son en sí desviaciones de la media. La suma de cuadrados de los valores aditivos expresará directamente la varianza aditiva; es decir,

$$\begin{aligned}\sigma_A^2 &= p^2 (2q\alpha)^2 + 2pq [(q - p) \alpha]^2 + q^2 (-2p\alpha)^2 \\ &= 4p^2q^2\alpha^2 + 2pq (p^2 - 2pq + q^2) \alpha^2 + 4p^2q^2\alpha^2 \\ &= 2pq\alpha^2 (p^2 + 2pq + q^2) \\ \sigma_A^2 &= 2pq\alpha^2\end{aligned}$$

La varianza aditiva se estimó a partir de la relación que tiene σ_A^2 y σ_f^2 (varianza entre familias), lo que produce que el estimador de la varianza aditiva sea,

$$\hat{\sigma}_A^2 = 4 \hat{\sigma}_f^2 \text{ (Márquez y Sahagún, 1994).}$$

$$\hat{\sigma}_A^2 = 4 \left[\frac{\left(\hat{\sigma}_n^2 + n \hat{\sigma}_n^2 \right) - \left(\hat{\sigma}_n^2 \right)}{n} \right] = 4 \left[\frac{(M_1 - M_2)}{n} \right]$$

2) varianza de dominancia. La varianza de dominancia de un locus será igual a la suma de cuadrados de las desviaciones de dominancia. Las desviaciones de dominancia son diferencias entre efectos genotípicos y valores aditivos; en esta forma se tendrá:

$$\begin{aligned} \sigma_D^2 &= p^2 (-2q^2 d)^2 + 2pq (2pqd)^2 + q^2 (-2p^2 d)^2 \\ &= 4p^2 q^2 d^2 + 8p^3 q^3 d^3 + 4p^4 q^2 d^2 \\ &= 4p^2 q^2 d^2 (p^2 + 2pq + q^2) \\ \sigma_D^2 &= 4p^2 q^2 d^2 \end{aligned}$$

La varianza de dominancia se estimó a partir del cuadro del análisis de varianza (Cuadro 1) de la variedad criolla de calabaza en estudio y los estimadores de la varianza de dominancia son:

$$\hat{\sigma}_D^2 = [\sigma_n^2 - \sigma_n^{2*}] - 3 \left[\frac{(\sigma_n^2 + n\sigma_f^2) - (\sigma_n^2)}{n} \right]$$

$$\hat{\sigma}_D^2 = [M_2 - M_2^*] - 3 \left[\frac{(M_1 - M_2)}{n} \right]$$

El valor del estimador σ_n^{2*} (varianza dentro de surco del híbrido Zucchini Tala) es calculado al incluir en el experimento algunos lotes con una población homogénea (Cuadro 2); un híbrido de cruza simple entre líneas homocigóticas, por ejemplo.

3) coeficiente de variación genética aditiva. Se calculó como la desviación estándar aditiva (σ_A) sobre la media ($\bar{X}$) de cada caracter correspondiente.

$$CV_A = \frac{\sigma_A}{\bar{X}}$$

4) heredabilidad en sentido estricto. Se definió con base en la fórmula que muestra Nyquist (1991), que es la siguiente:

$$h^2 = \frac{\hat{\sigma}_f^2}{\hat{\sigma}_n^2} = \frac{\left[\frac{(\sigma_n^2 + n\sigma_f^2) - (\sigma_n^2)}{n} \right]}{\left[\frac{\sigma_n^2}{n} \right]} = \frac{\left[\frac{(M_1 - M_2)}{n} \right]}{\left[\frac{M_1}{n} \right]} = \frac{M_1 - M_2}{M_1} = 1 - \frac{M_2}{M_1}$$

donde: $\hat{\sigma}_f^2$ es la varianza entre efectos de familias y $\hat{\sigma}_n^2$ es la varianza fenotípica.

2.6. RESULTADOS Y DISCUSIÓN

2.6.1. Análisis de varianza para los caracteres evaluados

Los resultados del análisis de varianza para nueve caracteres de fruto y semilla evaluados en los años 2000 y 2001, aparecen en el Cuadro 3. Hubo significancia estadística ($\alpha = 0.01$) para familias en todos los caracteres evaluados en los dos años (Cuadro 3).

En relación con el análisis de varianza del híbrido 'Tala' intercalado cada seis familias de medios hermanos con la finalidad de medir la variación ambiental, durante el segundo año de evaluación-selección, se encontró alta significancia estadística ($\alpha = 0.01$) en peso de fruto (0.604**), altura de fruto (62.76**), ancho de fruto (5.91**), grosor de pulpa (0.406**), largo de semilla (0.729**) y peso seco de semilla (232.118**); y en el carácter ancho de semilla (0.091*) hubo sólo diferencias estadísticas ($\alpha = 0.05$) (Cuadro 3).

Entre las formas de estimar la varianza ambiental intraparcelar se ha propuesto la inclusión de unidades experimentales con individuos genéticamente homogéneos. Así, la varianza ambiental entre los individuos de estas unidades tendría que ser sólo del tipo ambiental intraparcelar (Falconer, 1989). Debido a lo anterior y a las significancias estadísticas encontradas en el material genéticamente homogéneo intercalado, podemos decir que estas diferencias se debieron al efecto que tuvo el ambiente sobre el cultivo. Por otro lado, Sahagún (1996) menciona que la estimación de la variación ambiental intraparcelar proporciona al Fitomejorador un elemento útil para estimar heredabilidad en un carácter cuando la unidad básica de estudio es la planta.

En el primer año (2000) no fue posible obtener datos del híbrido, debido a que se tuvieron problemas con la germinación y a que una granizada que se presentó aproximadamente 60 días después de la siembra destruyó la mayoría de las plantas. Las plantas del híbrido resultaron más dañadas en comparación con las plantas de la variedad criolla en estudio. Estas últimas sí lograron recuperarse y producir frutos, mientras que las plantas del híbrido, por presentar menor desarrollo cuando ocurrió la granizada y ser de crecimiento determinado, fueron las más afectadas.

2.6.2. Medias Fenotípicas y coeficientes de variación

En general los promedios obtenidos tanto para peso de fruto (1.8; 2.2 kg) y peso seco de semilla (58.7; 73.1 g), como para casi todos los demás caracteres evaluados, resultaron mayores en el año 2001 que en el año 2000 (Cuadro 3).

El peso de fruto incrementó 400 g por fruto (22.2 %); el peso seco de semilla se incrementó 14.4 g por fruto (24.5 %). La superioridad de la población en el año 2001 de selección sobre el primer año (2000), resultó visible ya que para todos los caracteres, excepto para altura de fruto (12.5; 11.6 cm), color (1.9; 1.7) y sabor de pulpa (1.7; 1.4), las medias fueron de mayor magnitud. Para el caracter altura de fruto habría que tomar con cuidado la disminución del valor medio, ya que al momento de hacer la selección se consideró como criterio de selección la forma aplanada de los frutos, al escoger frutos más anchos y menos altos.

Mientras que los valores de los caracteres color y sabor de pulpa en realidad no tuvieron una disminución sino que la disminución numérica significa mejora, ya que los valores escalares de 1 son los mejores en color y sabor y los valores más altos significan menor calidad. Así, los mejores colores y sabores de pulpa anaranjados intensos y muy dulces presentan el menor valor de la escala menor, mientras que colores y sabores no deseados (blancos e insípidos) presentan valores más altos de la escala.

Cuadro 3. Cuadrados medios y componentes de varianza estimados para nueve caracteres de una variedad local de calabaza tipo 'Round Zucchini'. Los Reyes Acatlixhuayan, México. Primavera - Verano de 2000 y 2001.

FV	Caracteres									
	GL	PEF	ALF	ANF	GRP	COP	SAP	LAS	ANS	PSS
TRA	99	1.797**	17.01**	23.98**	0.86**	3.13**	0.62**	2.11**	0.48**	1436.6**
	118	0.835**	3.988**	10.136**	0.446**	2.184**	0.533**	2.069**	0.992**	1073.4**
		0.225	1.862	2.999	0.102	0.377	0.059	0.239	0.047	171.338
		0.077	0.374	1.173	0.043	0.212	0.049	0.241	0.129	103.598
ERROR	500	0.445	5.833	5.986	0.247	0.863	0.269	0.672	0.198	408.57
	595	0.371	1.746	3.099	0.187	0.910	0.237	0.622	0.218	451.814
		0.445	5.833	5.986	0.247	0.863	0.269	0.672	0.198	408.57
		0.371	1.746	3.099	0.187	0.910	0.237	0.622	0.218	451.814
TOTAL	599	0.669	7.679	8.961	0.348	1.237	0.328	0.910	0.244	578.47
	713	0.448	2.117	4.262	0.230	1.121	0.286	0.861	0.346	554.685
CV		36.964	19.316	14.056	21.935	46.565	29.883	8.013	9.673	34.387
		27.573	11.387	8.955	17.837	53.625	34.674	7.604	10.37	29.040
Media										
Año: 2000		1.805	12.503	17.406	2.264	1.995	1.737	10.232	4.595	58.780
Año: 2001		2.209	11.603	19.660	2.426	1.779	1.405	10.370	4.503	73.195

** : alta significancia estadística ($P \leq 0.01$); ns: no significativo; PEF: peso de fruto; ALF: altura de fruto; ANF: ancho de fruto; GRP: grosor de pulpa; COP: color de pulpa (escala, 1: anaranjado intenso; 2: anaranjado; 3 amarillo intenso; 4: amarillo; 5: amarillo claro y 6: blanco); SAP: sabor de pulpa (escala, 1: muy dulce; 2: dulce y 3: insípido); LAS: largo de semilla; ANS: ancho de semilla; PSS: peso seco de semilla; hileras 1 y 2: cuadrados medios de los años 2000 y 2001; hileras 3 y 4: componentes de varianza de los años 2000 y 2001.

En general los caracteres que más se modificaron por efecto de la selección (dos ciclos) fueron los caracteres peso de fruto con un valor medio de 2.21 kg por fruto, lo que significa un incremento ($\bar{X}$) de un 22.04 % con respecto al

primer ciclo (año 2000) de selección (Cuadro 3) y peso seco de semilla con un valor medio de 73.2 g que significa un incremento ($\bar{X}$) de un 24.50 % por fruto.

El coeficiente de variación (CV) más bajo (7.6 %) correspondió al caracter largo de semilla y el más alto (53.6 %) correspondió al color de pulpa en los dos ciclos de selección (Cuadro 3). Los coeficientes de variación de la evaluación del segundo año disminuyeron para todos los caracteres evaluados, excepto para los caracteres color de pulpa (46.5; 53.6 %), sabor de pulpa (29.8; 34.6 %) y ancho de semilla (9.6; 10.3 %), los cuales fueron ligeramente más altos. Ayala (1999) encontró en esta misma variedad que el caracter color de pulpa fue el que presentó el CV más alto (37.53 %) y el diámetro de fruto fue el que presentó el valor más bajo (8.9 %); Meneses (1999) para color de pulpa reporta un valor de 53.9 % y para diámetro de fruto un valor de 11.3 %.

2.6.3. Varianza Genética Aditiva

Uno de los objetivos principales del presente trabajo fue estimar la varianza genética aditiva para los diferentes caracteres, bajo la suposición de que el material experimental utilizado constituye una muestra tomada al azar de una población de la variedad 'Round Zucchini' con nueve ciclos de selección masal visual (acriollamiento) aplicada empíricamente por el agricultor cooperante; más tres ciclos de selección combinada (ciclos 2, 4 y 5) y dos ciclos de selección masal (ciclos 1 y 3) aplicados en dos etapas por el mejorador.

Cuadro 4. Cuadrados medios y componentes de varianza estimados para nueve caracteres en 'Zucchini Tala' intercalada en una variedad local de calabaza tipo 'Round Zucchini'. Los Reyes Acatlixhuayan, México. Primavera - Verano del 2001.

FV	Caracteres							
	GL	PEF	ALF	ANF	GRP	LAS	ANS	PSS
TRA	17	0.604**	62.761**	5.913**	0.406**	0.729**	0.091*	232.118**
		0.073	7.829	0.620	0.044	0.085	0.004	31.751
ERROR	90	0.167	15.787	2.191	0.1396	0.221	0.067	41.615
		0.167	15.787	2.191	0.140	0.221	0.067	41.615
TOTAL	107	0.237	23.249	2.783	0.182	0.302	0.071	71.882
CV		36.169	15.274	14.701	23.974	6.411	6.082	35.463
Media		1.131	26.014	10.069	1.558	7.331	4.244	18.191

** : alta significancia estadística ($P \leq 0.01$); * : significancia estadística ($P \leq 0.05$); **PEF**: peso de fruto; **ALF**: altura de fruto; **ANF**: ancho de fruto; **GRP**: grosor de pulpa; **COP**: color de pulpa (escala, 1: anaranjado intenso; 2: anaranjado; 3 amarillo intenso; 4: amarillo; 5: amarillo claro y 6: blanco); **SAP**: sabor de pulpa (escala, 1: muy dulce; 2: dulce y 3: insípido); **LAS**: largo de semilla; **ANS**: ancho de semilla; **PSS**: peso seco de semilla; hilera 1: cuadrados medios; hilera 2: componentes de varianza; hilera 1: cuadrados medios; hilera 2: componentes de varianza estimados.

Los valores del estimador ($\hat{\sigma}_A^2$) de la varianza genética aditiva y los valores del estimador de la varianza de dominancia ($\hat{\sigma}_D^2$) de los dos ciclo aparecen el Cuadro 5.

La varianza genética aditiva se redujo visiblemente al pasar del ciclo 1 al ciclo 2 de selección en casi todos los caracteres evaluados (PEF: 0.90 a 0.30, ALF: 7.4

a 1.4, ANF: 11.9 a 4.6, GRP: 0.40 a 0.17, COP: 1.50 a 0.84, SAP: 0.23 a 0.19 y PSS: 685.35 a 414.38), excepto en los caracteres sabor de pulpa (0.95; 0.96) y ancho de semilla (0.18; 0.51). Los caracteres que presentaron valores más altos de varianza genética aditiva en ambos ciclos de selección fueron peso seco de semilla (685.3; 414.3), ancho de fruto (11.99; 4.69) y alto de fruto (7.44; 1.49), mientras que los caracteres sabor de pulpa (0.23; 0.19), ancho de semilla (0.18; 0.51), grosor y sabor de pulpa (GRP: 0.40; 0.17 y SAP: 0.23; 0.19) presentaron los valores más bajos en los dos ciclos.

La reducción en las estimaciones de la varianza genética aditiva fue notoria, lo cual sugiere que el proceso de mejoramiento modificó las frecuencias alélicas y con ello redujo la varianza de los valores reproductivos de la población.

Cuatro de los nueve caracteres redujeron su magnitud de varianza genética aditiva en más del 50 %. La altura de fruto se redujo (5.95) 79.93 %, peso de fruto (0.5923) 65.72 %, ancho de fruto (7.3079) 60.91 % y grosor de pulpa (0.2352) 57.66 %.

Los caracteres que redujeron menos la magnitud de su varianza genética aditiva fueron el color de pulpa (0.6593) 43.70 %, peso seco de semilla (270.9627) 39.54 % y sabor de pulpa (0.0392) 16.60 %. Mientras que los únicos caracteres que incrementaron su magnitud fueron el ancho de semilla con 0.3272 que representa un incremento de 63.40 % y el largo de semilla (0.0078) con un 0.81 %.

Cuadro 5. Parámetros genéticos para nueve caracteres en dos ciclos de selección combinada en una variedad local de calabaza tipo 'Round Zucchini'. Los Reyes Acatlixhuayan, México Primavera - Verano de 2000 y 2001.

Caracter ^b	Parámetros Genéticos Estimados ^a						
	Año	Media	CV	σ_A^2	σ_D^2 ^c	CV _A	h ²
PEF (kg)	2000	1.81	36.96	0.9013	---	52.45	75.23
	2001	2.21	27.57	0.3090	-0.028	25.16	55.54
ALF (cm)	2000	12.50	19.32	7.4484	---	21.83	65.70
	2001	11.60	11.39	1.4946	-15.162	10.54	56.22
ANF (cm)	2000	17.41	14.06	11.9988	---	19.90	75.04
	2001	19.66	8.95	4.6909	-2.6105	11.02	69.42
GRP (cm)	2000	2.26	21.93	0.4079	---	28.26	71.28
	2001	2.43	17.84	0.1727	-0.0821	17.13	58.04
COP	2000	1.99	46.57	1.5087	---	61.72	72.39
	2001	1.78	53.63	0.8494	---	51.81	58.34
SAP	2000	1.74	29.88	0.2361	---	27.93	56.81
	2001	1.40	34.67	0.1969	---	31.59	55.45
LAS (cm)	2000	10.23	8.01	0.9571	---	9.56	68.11
	2001	10.37	7.60	0.9649	-0.3225	09.47	69.95
ANS (cm)	2000	4.59	9.67	0.1889	---	9.47	58.91
	2001	4.50	10.37	0.5161	-0.236	15.96	78.03
PSS (g)	2000	58.78	34.39	685.352	---	44.54	71.56
	2001	73.20	29.04	414.3896	99.406	27.81	57.91

^(a) **CV**: coeficiente de variación (%); σ_A^2 : estimador de varianza aditiva; **CV_A**: coeficiente de variación genética aditiva (%); **h²**: heredabilidad (%).

^(b) **PEF**: peso de fruto; **ALF**: altura de fruto; **ANF**: ancho de fruto; **GRP**: grosor de pulpa; **COP**: color de pulpa (escala, 1: anaranjado intenso; 2: anaranjado; 3 amarillo intenso; 4: amarillo; 5: amarillo claro y 6: blanco); **SAP**: sabor de pulpa (escala, 1: muy dulce; 2: dulce y 3: insípido); **LAS**: largo de semilla; **ANS**: ancho de semilla; **PSS**: peso seco de semilla.

^(c) La varianza de dominancia no se calculó en el año 2000 porque no se logró obtener datos del híbrido en campo.

Debido a lo anterior, se puede decir que, cuando realizamos conservación *in situ* de las poblaciones pero además se aplica un proceso de selección, se reduce la varianza genética aditiva de dichas poblaciones por efecto de la selección. La magnitud de reducción estará dada por el método de selección empleado y la presión de selección aplicada.

2.6.4. Varianza de dominancia

La varianza genética total en su mayor parte resultó determinada por efectos aditivos de los genes ($\hat{\sigma}_A^2$), debido a que la varianza de dominancia ($\hat{\sigma}_D^2$) en todos los caracteres evaluados (Cuadro 4) fue baja y negativa excepto para el caracter peso seco de semilla que fue positiva (99.4) y representó el 19.3 % de la varianza genética total.

La varianza aditiva estimada, resultó ser el único componente existente en todos los caracteres, excepto en peso seco de semilla en donde el 80.7 % de la variación genética fue aditiva (σ_A^2) y el 19.7 % de dominancia (σ_D^2) (Cuadro 6).

2.6.5. Coeficiente de variabilidad genética aditiva (CVA)

Los CVA obtenidos en el presente trabajo (Cuadro 5) indican que en la población existe menor variabilidad genética aditiva en el caracter largo de semilla (9.5; 9.4 %) y ancho de semilla (9.4; 15.9 %) que en color de pulpa (61.7; 51.8 %), peso de fruto (52.4; 25.1 %) y peso seco de semilla (44.5; 27.8 %).

Cuadro 6. Componentes de varianza genética aditiva (σ_A^2), de dominancia (σ_D^2) y sus porcentajes (%) en relación con la varianza genética total para siete caracteres en una variedad local de calabaza tipo 'Round Zucchini'. Los Reyes Acatlixhuayan, México Primavera - Verano del 2001.

Componentes de varianza	Caracteres							
	Año	PEF	ALF	ANF	GRP	LAS	ANS	PSS
σ_A^2	2000	0.9013	7.4484	11.999	0.4079	0.9571	0.1889	685.352
	2001	0.3090	1.4946	4.6909	0.1727	0.9649	0.516	414.389
%	2000	---	---	---	---	---	---	---
	2001	100	100	100	100	100	100	80.7
σ_D^2	2000	---	---	---	---	---	---	---
	2001	-0.028	-15.162	-2.6105	-0.0821	-0.3225	-0.236	99.406
%	2000	---	---	---	---	---	---	---
	2001	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	0.0	19.3

PEF: peso de fruto; ALF: altura de fruto; ANF: ancho de fruto; GRP: grosor de pulpa; LAS: largo de semilla; ANS: ancho de semilla; PSS: peso seco de semilla.

La selección ha reducido la varianza aditiva y el CVA en todos los caracteres evaluados excepto en sabor de pulpa (27.9; 31.5 %) y ancho de semilla (9.4; 15.9 %). Lo anterior significa que en los principales caracteres de interés agronómico (PEF, PSS y COP) es muy factible seguir obteniendo avances por selección. Meneses (1999) también encontró que el peso de fruto (41.2; 42) y el peso de semilla (80.9; 71.8) fueron los caracteres que presentaron la mayor variabilidad genética en una población de calabaza de la misma especie (*Cucurbita pepo*); por otro lado, Sánchez (1999) encontró también que el peso de fruto (93.1; 48.1) y peso de semilla (87.2; 64.2) fueron los que presentaron

los valores más altos de CVA en una población de calabaza pipiana (*C. argyrosperma* var. *stenosperma*).

2.6.6. Heredabilidad

La heredabilidad estimada resultó alta para los nueve caracteres evaluados, pues varió entre 56.81 y 75.23 % para el primer ciclo (año 2000) y entre 55.45 y 78.03 % para el segundo ciclo (año 2001). Los menores valores de heredabilidad para el ciclo 1 correspondieron a los caracteres sabor de pulpa y ancho de semilla; y los mayores a peso y ancho de fruto (Cuadro 4), mientras que en el ciclo 2 encontramos que también el carácter sabor de pulpa fue el que presentó el valor más bajo pero los que presentaron los valores más altos fueron ancho y largo de semilla.

Estos valores de heredabilidad encontrados son altos, aún después de haberle aplicado cinco ciclos de selección a la población durante todo el proceso de mejoramiento, de los cuales los dos últimos ciclos se reportan en este trabajo (Cuadro 4). Esto indica que aún es posible seguir obteniendo resultados satisfactorios en el mejoramiento por selección en esta población.

La magnitud de la heredabilidad resultó muy similar en los dos ciclos de evaluación-selección, la cual osciló entre 55 y 78 %. Así, después de un ciclo de selección, la variedad en estudio aún siguió manteniendo valores altos de heredabilidad.

Cabe enfatizar que las heredabilidades estimadas corresponden a las familias, por lo que en su sentido predictivo de la respuesta a la selección sólo pueden ser usadas de manera propia para la selección familiar de medios hermanos. Además, es probable que en este estudio, tanto la σ_A^2 como la h^2 pudieran estar un poco sobrestimadas, ya que la evaluación de familias de medios hermanos obtenidas de un lote de polinización libre sobrestima la σ_F^2 , por contener alguna porción de hermanos completos (Nyquist, 1991).

Existe cierta inconsistencia entre los valores de CV_A y los de h^2 , debido a que algunos caracteres muestran valores de heredabilidades muy parecidos pero tienen valores de CV_A muy diferentes y viceversa, lo anterior se observa en ambos ciclos de selección. Peña (1998) señala que la inconsistencia entre CV_A y h^2 es una consecuencia de la forma de estimación de los parámetros, pues mientras que el CV_A contiene únicamente la σ_A^2 , la h^2 involucra tanto a la σ_A^2 como al resto de la σ_P^2 , por lo que no siempre es de esperarse una correlación perfecta entre el coeficiente de variación genética aditiva y la heredabilidad.

2.7. CONCLUSIONES

Con base en los resultados obtenidos en este trabajo, se puede concluir lo siguiente:

Los valores medios de todos los caracteres evaluados tuvieron un incremento después de un ciclo de selección. Entre ellos el peso de fruto, que pasó de 1.8 a 2.2 kg por fruto y el peso seco de semilla por fruto, pasó de 58 a 73 g por fruto.

Los caracteres que presentaron mayor varianza genética aditiva fueron: peso seco de semilla (685.3; 414.3), ancho de fruto (11.99; 4.69) y alto de fruto (7.44; 1.49), en ambos ciclos de selección; mientras que los caracteres sabor de pulpa, ancho de semilla, grosor y sabor de pulpa presentaron los valores más bajos en los dos ciclos.

La varianza genética aditiva (σ_A^2) se redujo en todos los caracteres evaluados: en altura de fruto de 7.4484 a 1.4946 (79.93 %); peso de fruto el cual se redujo de 0.9013 a 0.3090 (65.72 %); ancho de fruto de 11.9988 a 4.6909 (60.91 %); grosor de pulpa de 0.4079 a 0.1727 (57.66 %); color de pulpa de 1.5087 a 0.8494 (43.70 %); peso seco de semilla de 685.3523 a 414.3896 (39.54 %);

sabor de pulpa de 0.2361 a 0.1969 (16.60 %); excepto para los caracteres ancho de semilla de 0.1889 a 0.5161 (63.40 %) y largo de semilla en los que se incrementó de 0.9571 a 0.9649 (0.81 %).

La varianza genética total, en su mayor parte, estuvo determinada predominantemente sólo por los efectos aditivos de los genes (σ_A^2), en todos los caracteres, excepto en peso seco de semilla donde la proporción de σ_D^2 fue de 19.3 %.

La heredabilidad en todos los caracteres evaluados fue alta tanto en el primer ciclo ($56.81 \% \leq h^2 \leq 75.23 \%$) como en el segundo ciclo ($55.45 \% \leq h^2 \leq 78.03 \%$) de evaluación-selección; y su magnitud fue muy similar en ambos ciclos de evaluación- selección, la cual varió de 55 a 78 %.

2.8. LITERATURA CITADA

- Arboleda, R., F. 1961. Estimación de la varianza genética, grado de dominancia y heredabilidad en maíz. Tesis de Licenciatura. Universidad Nacional, Facultad de Agronomía, Medellín.
- Ayala, E., J. A. y Nájera, M., E. 1999. Variación genética y selección participativa en una variedad local de calabaza (*Cucurbita pepo* L.) tipo 'Round Zucchini' de Los Reyes Acatlixhuayan, Estado de México. Tesis de Licenciatura. Departamento de Fitotecnia. Universidad Autónoma Chapingo. Chapingo, México. 66 p.
- Bautista, R., F. 2000. Monitoreo de la variación genética en dos tipos locales de chilacayote *Cucurbita ficifolia* Bouché. Tesis de Licenciatura. Departamento de Fitotecnia. Universidad Autónoma Chapingo. Chapingo, México. 61 p.
- Cockerham, C. C. 1956. Analisis of quantitative gene action. Brookhaven Symposia in Biol. No. 9: 53-68.
- Cockerham, C. C. 1963. Estimation of genetic variances. *In*: Statistical Genetics and Plant Breeding. W. D. Hanson and H. F. Robinson (eds). National Academy of Sciences. National Research Council. Pub. 982. Washington, D.C. pp. 53-94.

- Comstock, R. E., and H. F. Robinson. 1948. The components of genetic variance in a population of bipaternal progenies and their use in estimating the average degree of dominance. *Biometrics* 4: 254-266.
- Comstock, R. E., and H. F. Robinson. 1951. Consistency of estimates of variance components. *Biometrics* 7 (1): 75-82.
- Comstock, R. E., and H. F. Robinson. 1952. Estimation of average dominance of genes. *In: Heterosis*. J. W. Gowen (ed.). Iowa State University Press, Ames. Ia. 494-516.
- Cuevas, S., J. A. 1988. Recursos filogenéticos. Bases para su estudio y conservación. Departamento de Fitotecnia. Universidad Autónoma Chapingo. Chapingo, México. 213 p.
- Dickerson, G. E. 1961. Biological interpretations of the genetic parameters of populations. *In: Statistical Genetics and Plant Breeding*. National Academic Science-National Research Council. Pub. 982. Washington, D. C. pp. 95-107.
- Estrada, M., A. 1977. Selección masal y modificada mazorca por surco en dos variedades de maíz de la raza Zapalote Chico. Tesis de Maestría en Ciencias. Colegio Superior de Agricultura Tropical. Cárdenas, Tabasco, México
- Falconer, D. S. 1989. Introducción a la Genética Cuantitativa. Ed. CECSA. México, D.F. 383 p.
- FAO. 1998. Anuario de producción. Vol. 51. Roma Italia. pp. 130-131.

- García, E. 1988. Modificaciones al sistema de clasificación climática de Köppen para adaptarlos a las condiciones de la república mexicana. Cuarta edición. UNAM. México, D.F. 219 p.
- Gardner, C. O. 1963. Estimates of genetic parameters in cross-fertilizing and their implications in Plant Breeding. *In: Statistical Genetics and Plant Breeding*. W. D. Hanson and H. F. Robinson (eds). Statistical Genetics and Plant Breeding. National Academy of Sciences. National Research Council. Pub. 982. Washington, D.C. pp. 225-252.
- Gardner, C. O. Y J. H. Lonquist. 1966. Teoría genético-estadística y procedimientos útiles para el estudio de las variedades y cruzamientos inter-varietales de Maíz. CIMMYT. Folleto de Investigación No. 2. 37 p.
- Griffing, B. 1956. Concept of general and specific combining ability in relation to diallel crossing systems. *Aust. Jour. Biol. Sci.* 9: 463-493.
- Márquez, S., F. y A. R. Hallauer. 1970. Influence of sample size on the estimation of genetic variances in a synthetic variety of maize. I: grain yield. *Crop Sci.* 10: 357-361.
- Márquez, S., F. y J. Sahagún, C. 1994. Estimation of genetic variances with maternal half-sib families. *Maydica* 39: 197-201.
- Meneses, M., I. 1999. Componentes de varianza genética y respuesta a la selección combinada en calabaza *Cucurbita pepo* L. bajo el sistema milpa. Tesis de Maestría en Ciencias en Horticultura. Departamento de Fitotecnia. Universidad Autónoma Chapingo. Chapingo, México. 95 p.
- Molina, G., J. D. 1992. Introducción a la Genética de Poblaciones y Cuantitativa (Algunas implicaciones en genotecnia). AGT Editor. México, D.F. 349 p.

- Moll, R. H. and C. W. Stuber. 1974. Quantitative Genetics. Empirical results relevant to plant breeding. *Advances in Agronomy* 26: 277-313.
- Nyquist, W. E. 1991. Estimation of heredability and prediction of selection response in plant populations. *Critical Reviews in Plant Science* 10 (3): 235-322.
- Ortega, G., J. 1999. Variación genética y selección participativa en una variedad local de calabaza de dulce (*Cucurbita moschata*) en Achichipico Morelos. Tesis de Licenciatura. Departamento de Fitotecnia. Universidad Autónoma Chapingo. Chapingo, México. 60 p.
- Peña, L., A. 1998. Parámetros genéticos, repuesta a la selección y heterosis en tomate de cáscara (*Physalis ixocarpa* Brot.). Tesis de Doctorado en Ciencias. Colegio de Postgraduados. Montecillo, Texcoco, Edo. de México. 151 p.
- Rawlings, J. O., and C. C. Cockerham. 1962a. Trialallel analysis. *Crop Sci.* 2: 228-231.
- Rawlings, J. O., and C. C. Cockerham. 1962b. Analysis of double cross hybrid populations. *Biometrics* 18: 229-244.
- Robinson, H. F., R. E. Comstock, and P. H. Harvey. 1949. Estimates of heritability and the degree of dominance in corn. *Agronomy Journal* 41 (8): 353-359.
- Robinson, H. F., R. E. Comstock, and P. H. Harvey. 1955. Genetic variance in open pollinated varieties of corn. *Genetics* 40: 45-60.
- Robinson, H. F., y C. C. Cockerham. 1965. Estimación y significado de los parámetros genéticos. *Fitotecnia Latinoamericana* 2 (1 y 2): 23-38.

- SAGAR. 1999. Anuario Estadístico de la Producción Agrícola de los Estados Unidos Mexicanos. Centro de Estadística Agropecuaria de la Secretaría de Agricultura Ganadería y Desarrollo Rural. Tomo I.
- Sahagún, C., J. 1996. Estimación de la varianza ambiental intraparcelar en el Diseño III de Carolina del Norte. *Revista Fitotecnia Mexicana* 19: 1-8.
- Sahagún, C., J. 1997. Precisión de estimadores de componentes de varianza del Diseño I de Carolina del Norte con progenitores endogámicos. *Revista Fitotecnia Mexicana* 20: 1-12.
- Sánchez, H., M. A. 1999. Variación genética y respuesta a la selección combinada en una variedad de calabaza pipiana (*Cucurbita argyrosperma* Huber var. *stenosperma*). Tesis de Maestría en Ciencias en Horticultura. Departamento de Fitotecnia. Chapingo, México. 101 p.
- Vargas, S., J. E. 1979. Efecto de la selección masal en los parámetros de la variedad de maíz Zacatecas-58 y su respuesta a diferentes métodos de selección. Tesis de Maestría en Ciencias. Colegio de Postgraduados. Montecillo, Texcoco, Edo. de México.

3. RESPUESTAS OBSERVADAS Y ESTIMADAS A LA SELECCIÓN PARTICIPATIVA EN UNA VARIEDAD LOCAL DE CALABAZA (*Cucurbita pepo* L.) TIPO 'ROUND ZUCCHINI'

Ayala Esteban José Antonio¹; Clemente Villanueva Verduzco²;

Sahagún Castellanos Jaime³ y Peña Lomeli Aureliano³

3.1. RESUMEN

El estudio se realizó en una variedad local de calabaza (*Cucurbita pepo* L.) tipo 'Round Zucchini' bajo selección combinada: selección de familias y selección masal participativa dentro de familias de medios hermanos maternos (FMHM) seleccionadas. Se evaluaron 120 FMHM. El lote de selección quedó establecido también como un experimento de evaluación en bloques completos al azar con 120 tratamientos (familias), 25 repeticiones (matas), y 3 plantas por mata como unidad experimental. Los objetivos fueron realizar selección participativa *in situ*, predecir y calcular la respuesta a la selección en caracteres de rendimiento y calidad de fruto y semilla. Los caracteres que presentaron mayor respuesta

¹ Resumen de la tesis que presenta el autor como requisito parcial para obtener el grado de Maestro en Ciencias en Horticultura.

² Director de tesis: Profesor-Investigador de tiempo completo del Dpto. de Fitotecnia. Universidad Autónoma Chapingo (UACH). Chapingo, México. C.P. 56230

³ Asesor de tesis: Profesor-Investigador de tiempo completo del Dpto. de Fitotecnia. Universidad Autónoma Chapingo (UACH). Chapingo, México. C.P. 56230

estimada por ciclo de selección en ambos años (2000 y 2001) fueron: peso seco de semilla (PSS) con valores de 16.2 y 10.1 g, y ancho de fruto (ANF) con valores de 2.2 y 1.2 cm; mientras que los más bajos los tuvieron el sabor de pulpa (SAP) con 0.23 y 0.21, y grosor de pulpa (GRP) con 0.39 y 0.20 cm. Con base en el análisis de regresión lineal simple sobre ciclos de selección (5), se detectaron ganancias genéticas positivas por ciclo de selección en: sabor de pulpa (1.135; 11.073 %), largo de semilla (1.04 cm; 2.245 %), color de pulpa (0.021; 1.875 %), ancho de semilla (0.225 cm; 1.054 %), peso seco de semilla (3.31 g; 1.01 %), ancho de fruto (0.565 cm; 1 %), grosor de pulpa (0.065 cm; 0.57 %) y peso de fruto (0.03 kg; 0.305 %).

Palabras clave: selección combinada, coeficiente de regresión, avance genético.

3.2. ABSTRACT

OBSERVED AND ESTIMATED RESPONSE TO PARTICIPATORY SELECTION OF A LOCAL VARIETY OF SQUASH (*Cucurbita pepo* L.) TYPE 'ROUND ZUCCHINI'

José Antonio Ayala Esteban

Under direction of Dr. Clemente Villanueva Verduzco

Combined selection, selection of half sib families and participatory mass selection within families, was carried out on a local variety of squash (*Cucurbita pepo* L.) 'Round Zucchini' type. One hundred and twenty half sib families were evaluated. The Selection plot was also established as an experimental evaluation in complete randomized blocks with 120 treatments (families), 25 replications (hills), and three plants per replication (hill) as the experimental unit. The objectives were to perform *in situ* participatory selection, to predict and calculate the response to selection in yield and quality traits of fruit and seed. The greatest response to the selection, per cycle, in both years (2000 and 2001) were the traits seed dry weight (PSS) with values of 16.2 and 10.1 g and fruit diameter (ANF) with values of 2.2 and 1.2 cm. Pulp flavor (SAP) with 0.23 and 0.21 and pulp thickness (GRP) with 0.39 and 0.20 cm showed less response. The simple linear regression analysis of the selection detected positive genetic

gains for the selection in pulp flavor (1.136; 11.073 %), seed length (1.04; 2.245 %), pulp color (0.21; 1.875 %), seed width (0.225 cm; 1.054 %), seed dry weight (3.31 g; 1.01 %), fruit diameter (0.565 cm; 1 %), pulp thickness (0.065 cm; 0.57 %), and fruit weight (0.03; 0.305 %).

Key words: combined selection, coefficient of regression, genetic advance.

3.3. INTRODUCCIÓN

En mejoramiento genético poblacional, se llama selección al hecho de cambiar direccionalmente la media genotípica de una población, de una generación a la siguiente. Durante el proceso, es necesario escoger, dentro de la población, a los individuos o grupos de individuos (familias) que exhiban la máxima expresión del carácter por mejorar. Con este procedimiento de selección, se elige a los individuos o a las familias superiores, que se constituyen en los progenitores que al aparearlos en forma aleatoria dan origen a la siguiente generación, donde se espera que la media genotípica de su progenie sea superior a la media genotípica de la población original o anterior. En el primer caso la unidad de selección es el individuo y en el segundo la familia (Molina, 1992).

El cambio de frecuencias de los genes favorables para el (los) carácter (es) por mejorar será gradual y continuo conforme avanza el proceso de selección; hasta que, en el límite, habrá fijación en todos los loci para los genes favorables del carácter.

El grado de éxito de la selección lo mide el valor de la diferencia entre la media fenotípica de la población progenie y la media fenotípica de la población original ó anterior. Esta diferencia es conocida como la respuesta a la selección. Ésta sólo se puede conocer hasta el momento de comparar el comportamiento de los compuestos de selección con el de la variedad original en un experimento donde los tratamientos son los compuestos de cada ciclo de selección (Molina, 1992); aunque se hace necesario contar con estimadores de la respuesta a la selección a priori, sobre todo para determinar cuales son los o el mejor método de selección.

Con base en esto, los **objetivos** de este estudio fueron realizar selección participativa *in situ*, predecir y calcular la respuesta a la selección en nueve caracteres de interés que integraron el criterio de selección en una variedad local de calabaza tipo 'Round Zucchini'.

3.4. REVISIÓN DE LITERATURA

3.4.1. Selección

Para Márquez (1985), la selección en su acepción particular es un área de la genotecnia vegetal que pretende el mejoramiento de las plantas mediante el aprovechamiento de los efectos genéticos aditivos, tanto intralocus como interloci.

Allard (1975) señala que la selección puede actuar mediante diversos mecanismos en las poblaciones: variando las frecuencias génicas y cambiando las combinaciones de genes o el conjunto de combinaciones de genes preexistentes en la población. Así mismo, el resultado de la selección puede generar tres respuestas perceptibles fenotípicamente: un cambio en las proporciones de genotipos preexistentes, acompañado de una modificación de la media poblacional; puede ocasionar aparición de nuevos genotipos; y por último, cambios en la variabilidad de la población.

Según los conceptos de Falconer (1989), el efecto inmediato de la selección recae sobre las frecuencias génicas; aunque tratándose de caracteres cuantitativos, los cambios de frecuencias son casi completamente encubiertos y sólo pueden medirse registrando los cambios en las varianzas y las medias fenotípicas que ocurren en la población a consecuencia de la variación en las frecuencias génicas.

3.4.2. Respuesta a la selección

Cuando las frecuencias génicas de una población son encauzadas artificialmente mediante selección hacia un sentido, es posible conocer la magnitud de la respuesta por medio de las diferencias de las medias fenotípicas generadas con la aplicación de varios ciclos de selección para un carácter determinado. Falconer (1989) denomina a este cambio “avance genético” o “respuesta a la selección”.

La predicción de la respuesta a la selección tiene como base la suposición de que con un determinado cambio en las frecuencias génicas o fenotípicas, se produce una pequeña variación genotípica o fenotípica. Por tanto, si las frecuencias de una población se desvían artificialmente hacia una dirección, a través de un número dado de generaciones de selección, se espera un cambio en el fenotipo (Falconer, 1989).

Márquez (1985) señala que con frecuencias iniciales de los alelos favorables cercanas a cero, la varianza aditiva (σ_A^2) aumentará lentamente al principio; rápidamente al acercarse a las frecuencias génicas intermedias y después decrecerá lentamente. El proceso completo de cambio, sería similar al de una curva sigmoideal. De este modo, es de esperarse que si las condiciones ambientales que determinan la variación fenotípica no cambian, la respuesta a la selección se comportaría similarmente a la σ_A^2 .

En la duración de la selección se deben considerar las frecuencias génicas iniciales y el grado de dominancia promedio en la población original, por su efecto en la magnitud de las varianzas genéticas aditiva y de dominancia. Así, Falconer (1989) indica que con sólo aditividad ($d = 0$), toda la varianza genética es aditiva y se hace máxima cuando $p=q=0.5$. Con dominancia completa ($d = a$), la varianza genética aditiva es máxima cuando $p=0.25$ y la varianza de dominancia cuando $p=q=0.5$. Bajo sobredominancia pura ($a = 0$), la varianza aditiva es binomial, se hace cero cuando $p=q=0.5$ y los máximos se alcanzan cuando $p=0.15, 0.85$; la varianza de dominancia en este caso se maximiza también con $p=q=0.5$; mientras la varianza genética total permanece prácticamente constante en una amplia gama de frecuencias génicas (0.2 a 0.8). Finalmente, Falconer (1989) concluye para las tres condiciones que, con frecuencias génicas intermedias, los genes aportan mucho más varianza que con frecuencias altas o bajas.

Brauer (1987) señala que cuando se realiza selección en caracteres determinados por factores hereditarios aditivos, puede tenerse éxito, dado que dichos factores pueden acumularse y no pierden su acción al segregar.

Cuando se desea mejorar un carácter cuantitativo, como el rendimiento, la selección no es efectiva, aunque haya variación genética, si no se eliminan los efectos ambientales en la expresión del carácter, ya que la suposición de homogeneidad dentro de lotes es falsa (Méndez, 1971).

La magnitud del avance genético o respuesta a la selección está determinada por lo siguiente:

- i. El método de selección empleado y la presión de selección utilizada (Falconer, 1989 y Empig *et al.*, 1972),
- ii. La magnitud de los parámetros genéticos de la población para el carácter bajo selección, tipo de acción génica, las frecuencias génicas y la heredabilidad; condicionada esta última por la proporción de varianza aditiva, respecto a la varianza fenotípica (Falconer, 1989 y Empig *et al.*, 1972) y
- iii. La remoción de los efectos ambientales ocasionados por la heterogeneidad del suelo mediante la estratificación del lote de selección y la selección de los mejores individuos o familias con competencia completa (Márquez, 1985; Molina, 1992).

Es de esperarse que la respuesta a la selección tenga un comportamiento similar al de la varianza, en el supuesto de que no cambien las condiciones ambientales. Por lo tanto, se espera que halla mayor respuesta a la selección en caracteres de alta heredabilidad (Márquez, 1985).

Empig *et al.* (1972) y Falconer (1989) derivaron la respuesta a la selección, en función de las varianzas aditiva y fenotípica, para los métodos de selección más conocidos en alógamas. Dichos métodos han sido divididos en simples y combinados. Los métodos simples más usados en alógamas son: selección

masal, selección individual (también llamada selección masal con control de los dos progenitores) y selección familiar, entre éstos se cuenta la selección de familias de medios hermanos, familias de hermanos completos y familias de líneas autofecundadas o de auto hermanos.

Para Falconer (1989), la respuesta a la selección (R) significa la diferencia del valor fenotípico medio de la descendencia de progenitores seleccionados y la generación paternal antes de la selección, pudiéndose predecir de la manera siguiente:

$R = i \sigma_f h^2$, donde: R es la respuesta a la selección; i es la intensidad de selección; que está en función de la presión de selección; σ_f es la desviación estándar de la población y h^2 es la heredabilidad del carácter ($h^2 = \frac{\sigma_A^2}{\sigma_F^2}$; σ_A^2 es la varianza aditiva y σ_F^2 es la varianza fenotípica).

La R por ciclo de selección se puede calcular (estimar) mediante la regresión de la manifestación del carácter seleccionado (y) sobre los ciclos sucesivos de selección a que fue sometida (x), incluida la variedad original. En tanto que, la predicción de R se logra calculando primeramente los parámetros de la población, como σ_A^2 y la σ_P^2 . El problema de estas estimaciones es que debido al efecto de la selección, la población también cambia cada ciclo de selección y por lo tanto también cambian los parámetros poblacionales. En consecuencia, las predicciones de R son de utilidad estrictamente para la población de referencia.

3.4.3. Resultados de la selección participativa en calabaza

Aguilar (2000) al evaluar la respuesta a la selección masal participativa *in situ* en una población de calabaza de dulce (*Cucurbita moschata* Duch.), encontró que el carácter peso de semilla logró incrementar 37.5 %; color de fruto 5.17 %; grosor de pulpa 1.17 %; largo de semilla 1.16 % y peso de fruto 0.042 %, en promedio por ciclo de selección. La especie *C. moschata* es muy apreciada por sus semillas y sus frutos, ya que su pulpa es en forma de hebra y se utiliza para la elaboración de dulces y su semilla para la elaboración de moles.

Ayala (1999) aplicó selección participativa a una variedad local de calabaza (*Cucurbita pepo* L.) tipo 'Round Zucchini' y encontró que la respuesta observada a la selección para peso seco de semilla se incrementó 2.91 %, diámetro de fruto 5.85 %, grosor de pulpa 6.58 %, altura de fruto 8.86 % y peso de fruto 13.2 % por ciclo de selección.

Sánchez (1999) aplicó selección participativa en una variedad criolla de calabaza pipiana (*Cucurbita argyrosperma* Huber var. *sternosperma*). Encontró avances para caracteres de semilla; ancho de semilla (0.02 cm por ciclo de selección) y largo de semilla, carácter que se había mantenido en 2.43 cm durante tres ciclos de selección evaluados. Las semillas de esta especie son el producto alimenticio y comercial más importante, principalmente por su alto contenido de aceite, proteína y fósforo. El proceso de selección ha disminuido el peso de fruto en 75.9 g y el peso de semilla en 22.2 g. El autor lo atribuye a problemas como el robo de los mejores frutos antes de su cosecha.

3.5. MATERIALES Y MÉTODOS

La población estudiada fue la variedad de calabaza 'Round Zucchini' acriollada (*Cucurbita pepo* L.), obtenida en la parcela del Sr. Norberto Cristalinas, agricultor cooperante de Los Reyes Acatlixhuayan, México, del tercer ciclo de evaluación-selección. En el primer y tercer ciclo se realizó selección masal visual participativa agricultor-fitomejorador; mientras que en el segundo ciclo se realizó selección combinada de medios hermanos maternos, donde la fase de selección masal dentro de familia fue también participativa. El proceso de selección ha estado dividido en dos etapas desde 1997: preselección, donde se ha aplicado el 25% de presión de selección (500 frutos), con base en los caracteres: fruto grande, pocas costillas, forma aplanada de fruto y hábito arbustivo, integrados como criterio de selección visual en campo; y la selección final, en la cual se aplica el 3% (donde se seleccionan los mejores 120 frutos) de presión de selección respecto a la población original de plantas, basada en los caracteres: peso, altura y diámetro de fruto; grosor, sabor y color de pulpa; sanidad y grado de madurez de fruto y largo, ancho y peso seco de semilla.

Cada uno de los 120 frutos seleccionados (3 %) en la etapa de selección final se evaluó en condiciones de temporal como familias de medios hermanos maternos (FMHM), en la parcela del agricultor cooperante.

La evaluación se realizó durante el ciclo P-V de los años 2000 y 2001. Cada familia se estableció en dos surcos de 25 metros de longitud con matas de tres plantas separadas a un metro de distancia. La separación entre surcos fue de 80 cm.

El proceso de selección consistió en primero seleccionar las mejores 40 familias, con base en el peso total (rendimiento) de fruto por familia y el número de frutos por familia. La presión de selección entre familias (b_E) fue de 33.3 %. Esto es $b_E = (120) (0.333) = 40$ familias seleccionadas. La presión dentro de familias fue de 50 %, $b_w = 6 \times 0.50 = 3$, las mejores tres plantas escogidas por selección masal participativa dentro de cada una de las mejores 40 familias. El criterio de selección se basó en rendimiento de semilla y calidad de fruto (pulpa gruesa, dulce y de colores amarillo intenso o anaranjado). Se seleccionaron los tres mejores frutos (50 %) de las 40 mejores familias (33.3 %) para completar 120 familias (frutos) y con ello continuar con el proceso de selección. La presión de selección total fue de $b_T = (0.333) (0.50) = 16.65$ %.

Ayala (1999) analizó también la misma variedad aplicando dos ciclos de selección masal visual (1997 y 1999) y un ciclo de selección combinada de medios hermanos maternos (1998). Dichos resultados serán retomados en este trabajo para analizarlos de manera conjunta con los siguientes ciclos de selección (2000 y 2001).

Los caracteres estudiados fueron: peso (kg) de fruto individual (PEF); altura (cm) de fruto (ALF); diámetro (cm) de fruto (DIF); grosor (cm) de pulpa (GRP). El color de pulpa (COP) se midió de forma visual utilizando la siguiente escala: 1: anaranjado intenso; 2: anaranjado; 3: amarillo intenso; 4: amarillo; 5: amarillo claro y 6: blanco. El sabor de pulpa (SAP) se midió degustando una porción de la misma una vez que el fruto fue partido a la mitad transversalmente, considerando la siguiente escala, 1: muy dulce; 2: dulce y 3: insípido; largo y ancho (cm) de semilla (LAS y ANS); y peso seco (g) de semilla por fruto (PSS).

Para la estimación de los componentes de varianza genética se utilizó la estructura de familias de medios hermanos maternos (FMHM), siguiendo la metodología propuesta por Márquez y Sahagún (1994). El análisis de varianza correspondiente al modelo aleatorio que representa la evaluación de f familias (F) y n plantas por familia (R) se presenta en el Cuadro 1. Las estimaciones se realizaron suponiendo herencia diploide, dos alelos por locus, equilibrio Hardy-Weimberg de la población, equilibrio de ligamiento y ausencia de epistasis.

Varianza aditiva. La varianza aditiva se estimó a partir de la relación que tienen σ_A^2 y σ_f^2 (varianza entre familias), lo que produce que el estimador de la

varianza aditiva sea $\hat{\sigma}_A^2 = 4\hat{\sigma}_f^2$ (Márquez y Sahagún, 1994), o bien:

$$\hat{\sigma}_A^2 = 4 \left[\frac{(\sigma_n^2 + n\sigma_f^2) - (\sigma_n^2)}{n} \right] = 4 \left[\frac{(M_1 - M_2)}{n} \right]$$

Los términos de esta expresión se definen en el Cuadro 1.

Coeficiente de variación genética aditiva. Se calculó como la desviación estándar aditiva ($\hat{\sigma}_A^2$) sobre la media ($\bar{X}$) de cada caracter correspondiente, del modo siguiente:

$$CV_A = \frac{\hat{\sigma}_A^2}{\bar{X}}$$

También se determinó la varianza fenotípica ($\hat{\sigma}_f^2$):

a) Dentro de familias. La varianza fenotípica dentro de familias se estimó a partir del cuadro del análisis de varianza (Cuadro 1) de la variedad criolla de calabaza en estudio y el estimador de la varianza dentro de familias es:

$$\hat{\sigma}_{PW}^2 = (\sigma_n^2) = (M_2)$$

b) Entre familias. La varianza fenotípica entre familias también se estimó a partir del cuadro del análisis de varianza (Cuadro 1) de la variedad criolla. El estimador de esta varianza es:

$$\hat{\sigma}_{PB}^2 = \left[\frac{\sigma_n^2 + n\sigma_f^2}{n} \right] = \left[\frac{M_1}{n} \right]$$

c) **Entre individuos.** La varianza fenotípica entre individuos ($\hat{\sigma}_o^2$) se calculó como la suma de las varianzas entre familias ($\hat{\sigma}_f^2$) y dentro de familias ($\hat{\sigma}_n^2$). Los estimadores de la varianza dentro de familias son:

$$\hat{\sigma}_o^2 = \hat{\sigma}_f^2 + \hat{\sigma}_n^2$$

$$\hat{\sigma}_o^2 = \left[\frac{\sigma_n^2 + n\sigma_f^2}{n} \right] + [\sigma_n^2]$$

$$\hat{\sigma}_o^2 = \left[\frac{M_1 - M_2}{n} \right] + [M_2]$$

Cuadro 1. Análisis de varianza para f familias y n plantas por familia.

Fuente de Variación	Grados de Libertad	Cuadrados Medios	Esperanzas de Cuadrados Medios
Familia (F)	f-1	M ₁	$\sigma_n^2 + n\sigma_f^2$
Plantas/F	(n-1)f	M ₂	σ_n^2
Total	fn-1		

3.5.1. Respuesta esperada a la selección

Las respuestas absolutas (RA) esperadas a la selección combinada de medios hermanos maternos (SCMH) se estimaron con la ecuación: $R_{SCMH} = [i_b (\sigma_A^2 / 8) / \sigma_{PB}] + [i_w (3 \sigma_A^2 / 8) / \sigma_{PW}]$. Las intensidades de selección para familias como unidades de selección, fue: $i_b = 1.1049$, correspondiente a una presión de selección (P_B) de 33.3 %; para individuos dentro de familias fue $i_w = 0.798$, con $P_w = 50$ %, de acuerdo con la tabla que presenta Molina (1992).

3.5.2. Respuesta observada a la selección

Con la finalidad de estimar la ganancia genética por ciclo de selección en cada una de las variables, se realizó un análisis de regresión lineal simple, en donde el carácter de estudio fue la variable dependiente (Y) y el ciclo de selección fue la variable independiente (X). El primer ciclo de selección (variedad original) se consideró como el ciclo de selección cero (C_0). En el Cuadro 2 se muestra la fórmula del análisis.

Cuadro 2. Análisis de varianza del modelo estadístico de regresión lineal simple: $Y_i = \beta_0 + \beta_1 X_i + \varepsilon_i$. $H_0: \beta_1 = 0$ en oposición a $H_a: \beta_1 \neq 0$.

Fuente de variación	Grados de libertad	Suma de cuadrados	Cuadrados medios	Fo	Esperanza de cuadrados medios
Regresión	1	$\hat{\beta}_1 SPXY$	$\frac{\hat{\beta}_1 SPXY}{1}$	$\frac{\hat{\beta}_1 SPXY}{S_e^2}$	$\sigma^2 + \beta_1^2 SPXX$
Error	1-2	$SPYY - \hat{\beta}_1 SPXY$	$S_e^2 = \frac{SPYY - \hat{\beta}_1 SPXY}{n-2}$		σ^2
Total	n-1	SPYY			

Para cada caracter se ajustó una regresión lineal simple (RLS) sobre ciclos de selección, con el siguiente modelo:

$$\hat{Y}_i = \hat{\beta}_0 + \hat{\beta}_1 X_i$$

donde:

$\hat{Y}_i$ = valor predicho del caracter de interés (variable dependiente),

X_i = i-ésimo ciclo de selección,

$\hat{\beta}_0$ = estimador de la ordenada al origen y

$\hat{\beta}_1$ = estimador de la pendiente de la recta ó coeficiente de regresión

El coeficiente de regresión del modelo ($\hat{\beta}_1$) se tomó como el avance genético (Δ_G) promedio por ciclo de selección, el cual se expresó como porcentaje de la variedad original mediante la siguiente expresión (Villanueva, 1998):

$$\Delta_G = (\hat{\beta}_1 / \bar{C}_0) \times 100; \text{ donde:}$$

Δ_G = avance genético promedio por ciclo de selección,

$\bar{C}_0$ = media del carácter en la variedad original,

$\hat{\beta}_1$ = coeficiente de regresión lineal simple y

$$\hat{\beta}_1 = \frac{\Sigma(X_i - \bar{X})(Y_i - \bar{Y})}{\Sigma(X_i - \bar{X})^2};$$

donde:

X_i = i-ésimo ciclo de selección,

$\bar{X}$ = valor promedio del número de ciclos de selección,

Y_i = valor observado del caracter en estudio (variable dependiente) y

$\bar{Y}$ = valor promedio de la variable en estudio

Multiplicando el Δ_G promedio por ciclo de selección por el total de ciclos, se obtuvo el Δ_G acumulado (Δ_{GA}) en porcentaje con respecto a la variedad original. Este avance genético acumulado se expresó también en las unidades del caracter respectivo. Ambos cálculos se hicieron en la siguiente forma:

1) $\Delta_{GA} = 5\Delta_G$ y

2) $\Delta_{GAU} = \Delta_{GA} (100 / \bar{C}_0)$, para $i = 0, 1, \dots, n$ (ciclos)

donde:

Δ_{GA} = Δ_G acumulado en % de la variedad original,

Δ_{GAU} = Δ_G acumulado en unidades del caracter correspondiente y

$\bar{C}_0$ = media de la variedad original

Los análisis de regresión de los datos de cada caracter estudiado se hicieron con SAS.

3.6. RESULTADOS Y DISCUSIÓN

3.6.1. Respuesta esperada a la selección combinada

Los caracteres que presentaron mayor respuesta esperada a la selección combinada (R_{sc}) (selección masal dentro de familias de medios hermanos maternos) que el resto de los caracteres evaluados, en los dos ciclos (2000 y 2001), fueron: peso seco de semilla (PSS) con valores de 16.2 y 10.1 g, y ancho de fruto (ANF) con valores de 2.2 y 1.2 cm por ciclo de selección, respectivamente (Cuadros 3).

La magnitud más baja de R_{sc} se obtuvo en los caracteres ancho de semilla (ANS) con un valor de 0.21 cm y sabor de pulpa (SAP) con un valor de 0.23 en el año 2000; mientras que para el año 2001 la menor respuesta por ciclo de selección fue para: grosor de pulpa (GRP) con 0.20 cm y sabor de pulpa (SAP) con 0.21 (Cuadro 3). Al carácter sabor de pulpa en ambos ciclos de selección le correspondió una baja respuesta a la selección.

La R_{sc} se comportó de igual manera que la magnitud de la varianza aditiva para el año 2000, ya que a mayor varianza aditiva le corresponde mayor respuesta a la selección; mientras que para el año 2001 la respuesta a la selección se comportó de la misma manera sólo en seis de los nueve caracteres evaluados.

Márquez (1978) dice que es de esperarse que la respuesta a la selección tenga un comportamiento similar al de la varianza aditiva, en el supuesto de que no cambien las condiciones ambientales. Por lo tanto, se espera que haya mayor respuesta a la selección en caracteres de alta varianza aditiva.

En el Cuadro 3 se observa que los caracteres que presentaron mayor varianza genética aditiva en ambos años de selección (2000 y 2001) fueron: peso seco de semilla (685.3; 414.3), ancho (11.9; 4.6) y alto de fruto (7.4; 1.4); mismos que también tuvieron una mayor respuesta a la selección combinada, peso seco de semilla (16.2; 10.1), ancho de fruto (2.2; 1.2) y altura de fruto (1.5; 0.5), debido a que existe una relación directa entre estos dos parámetros.

Por otro lado, la respuesta esperada a la selección combinada de un ciclo a otro disminuyó en sabor de pulpa 89 % (SAP: 0.38; 0.34), largo de semilla 76 % (LAS: 1.3; 0.99), peso seco de semilla 62 % (PSS: 27.4; 16.5), color de pulpa 59 % (COP: 1.3; 0.75), ancho de fruto 56 % (ANF: 3.9; 2.1), grosor de pulpa 52 % (GRP: 0.66; 0.33) y altura de fruto 38 % (ALF: 2.55; 0.96); mientras que sólo en peso de fruto aumentó en un 2.5 % (PEF: 1.07; 1.23) y ancho de semilla 130 % (ANS: 0.26; 0.87) (Cuadro 3). Este cambio pudo deberse a la modificación de la varianza aditiva por efecto de la selección.

Cuadro 3. Estimadores de varianza aditiva (σ^2_A), fenotípica de individuos (σ^2_O), fenotípica entre familias (σ^2_{PB}), fenotípica dentro de familias (σ^2_{PW}) y respuesta esperada a la selección combinada de medios hermanos (R_{SC}). Los Reyes Acatlixhuayan, México. Primavera - Verano de 2000.

Caracter	Año	Media	Parámetros Genéticos Estimados					R_{SC}
			σ^2_A	CVA	σ^2_O	σ^2_{PB}	σ^2_{PW}	
PEF (cm)	2000	1.81	0.9013	52.45	0.7447	0.2995	0.4452	0.6317
	2001	2.21	0.3090	25.16	0.5101	0.1391	0.3710	0.6475
ALF (cm)	2000	12.50	7.4484	21.83	8.6670	2.8342	5.8328	1.534
	2001	11.60	1.4946	10.54	2.4102	0.6646	1.7456	0.5917
ANF (cm)	2000	17.41	11.9988	19.90	9.9834	3.9974	5.9860	2.2965
	2001	19.66	4.6909	11.02	4.7886	1.6893	3.0993	1.2959
GRP (cm)	2000	2.26	0.4079	28.26	0.3896	0.1431	0.2465	0.3948
	2001	2.43	0.1727	17.13	0.2617	0.0744	0.1873	0.2069
COP	2000	1.99	1.5087	61.72	1.3840	0.5210	0.8630	0.7747
	2001	1.78	0.8494	51.81	1.2938	0.3640	0.9098	0.4609
SAP	2000	1.74	0.2361	27.93	0.3732	0.1039	0.2693	0.2373
	2001	1.40	0.1969	31.59	0.3261	0.0888	0.2373	0.2122
LAS (cm)	2000	10.23	0.9571	9.56	1.0236	0.3513	0.6723	0.7719
	2001	10.37	0.9649	9.47	0.9665	0.3448	0.6217	0.5931
ANS (cm)	2000	4.59	0.1889	9.47	0.2778	0.0802	0.1976	0.2192
	2001	4.50	0.5161	15.96	0.3834	0.1654	0.2180	0.5060
PSS (g)	2000	58.78	685.352	44.54	647.998	239.432	408.566	16.2637
	2001	73.20	414.390	27.81	630.713	178.899	451.814	10.1128

PEF: peso de fruto; ALF: altura de fruto; ANF: ancho de fruto; GRP: grosor de pulpa; COP: color de pulpa (escala, 1: anaranjado intenso; 2: anaranjado; 3 amarillo intenso; 4: amarillo; 5: amarillo claro y 6: blanco); SAP: sabor de pulpa (escala, 1: muy dulce; 2: dulce y 3: insípido); LAS: largo de semilla; ANS: ancho de semilla; PSS: peso seco de semilla.

3.6.2. Respuesta observada a la selección

La regresión lineal simple aplicada a los cinco ciclos de selección (dos realizados en este trabajo y tres anteriores realizados por los mismos autores) permite apreciar que hubo un avance genético positivo por ciclo de selección en

los siguientes caracteres: peso de fruto (PEF: 0.03 kg; 0.305 %); altura de fruto (ALF: 0.565 cm; 1.009 %), grosor de pulpa (GR: 0.065 cm; 0.57 %), alto de semilla (ALS: 1.045 cm; 2.245 %), ancho de semilla (ANS: 0.225 cm; 1.054 %) y peso seco de semilla (PSS: 3.31 g; 1.01 %). Sólo el ancho de fruto mostró una pérdida (ANF: 0.125 cm; 0.134 %) por ciclo de selección (Cuadro 4). La Figura 1 muestra las líneas de regresión para peso de fruto (a), altura de fruto (b) y ancho de fruto (c).

El sabor de pulpa registró el avance genético más alto (1.135; 11.073 %) por ciclo de selección. El signo menos (-) en el Cuadro 4, se debe interpretar como efecto positivo (+); ya que en la escala, el valor más pequeño (1) corresponde a la mejor calidad (sabor muy dulce) y el número más alto (3) corresponde a la peor calidad (sabor insípido). También el color de pulpa (0.021; 1.875 %) registró un avance positivo, debido a que el valor más bajo en la escala (1) corresponde a una mejor calidad (color anaranjado intenso) mientras que el número más alto (6) es de menor calidad (color blanco). La Figura 2 muestra las líneas de regresión para grosor (a), color (b) y sabor de pulpa (c).

Uno de los criterios de selección fue la forma aplanada de fruto, y como era de esperarse, el ancho de fruto fue el único carácter que mostró una pérdida de 0.134 % por ciclo de selección, esto se debe también a que en los dos últimos ciclos se le dio mayor énfasis a la calidad de fruto maduro como uno de los principales criterios de selección por el agricultor.

Cuadro 4. Avance genético promedio por ciclo y acumulado en cinco ciclos de selección respecto a la variedad original en una variedad local de calabaza (*Cucurbita pepo* L.) tipo 'Round Zucchini'. Los Reyes Acatlixhuayan, México. 1997-2001.

Caracter	$\bar{C}_0$	β_1	$\Delta_G(\%)$	$\Delta_{GA}(\%)$	Δ_{GAU}
PEF (kg)	1.97	0.006	0.305	1.525	0.0300 kg
ALF (cm)	11.20	0.113	1.009	5.045	0.565 cm
ANF (cm)	18.63	-0.025	-0.134	-0.670	0.125 cm
GRP (cm)	2.28	0.013	0.570	2.850	0.065 cm
COP	1.12	-0.021	-1.875	-9.375	0.021
SAP	2.05	-0.227	-11.073	-55.365	1.135
ALS (cm)	9.31	0.209	2.245	11.225	1.045 cm
ANS (cm)	4.27	0.045	1.054	5.27	0.225 cm
PSS (g)	65.55	0.662	1.01	5.05	3.31 g

C_0 : media de la variedad original (1997); B_1 : coeficiente de regresión; $\Delta_G(\%)$: avance genético en porcentaje, promedio por ciclo de selección; $\Delta_{GA}(\%)$: avance genético acumulado en porcentaje en los 5 ciclos de selección; Δ_{GAU} : avance genético acumulado en las unidades del caracter respectivo; **PEF**: peso de fruto; **ALF**: altura de fruto; **ANF**: ancho de fruto; **GRP**: grosor de pulpa; **COP**: color de pulpa (escala, 1: anaranjado intenso; 2: anaranjado; 3 amarillo intenso; 4: amarillo; 5: amarillo claro y 6: blanco); **SAP**: sabor de pulpa (escala, 1: muy dulce; 2: dulce y 3: insípido); **LAS**: largo de semilla; **ANS**: ancho de semilla; **PSS**: peso seco de semilla.

El peso de fruto registró un incremento mínimo (PEF: 0.03 kg; 0.305 %) al igual que el grosor de pulpa (GRP: 0.065 cm; 0.570 %). Este incremento mínimo en peso de fruto se debe a que este caracter no es el criterio principal de selección, sino que por el contrario se busca que los frutos presenten un tamaño medio y por consiguiente un peso medio (2 kg aproximadamente).

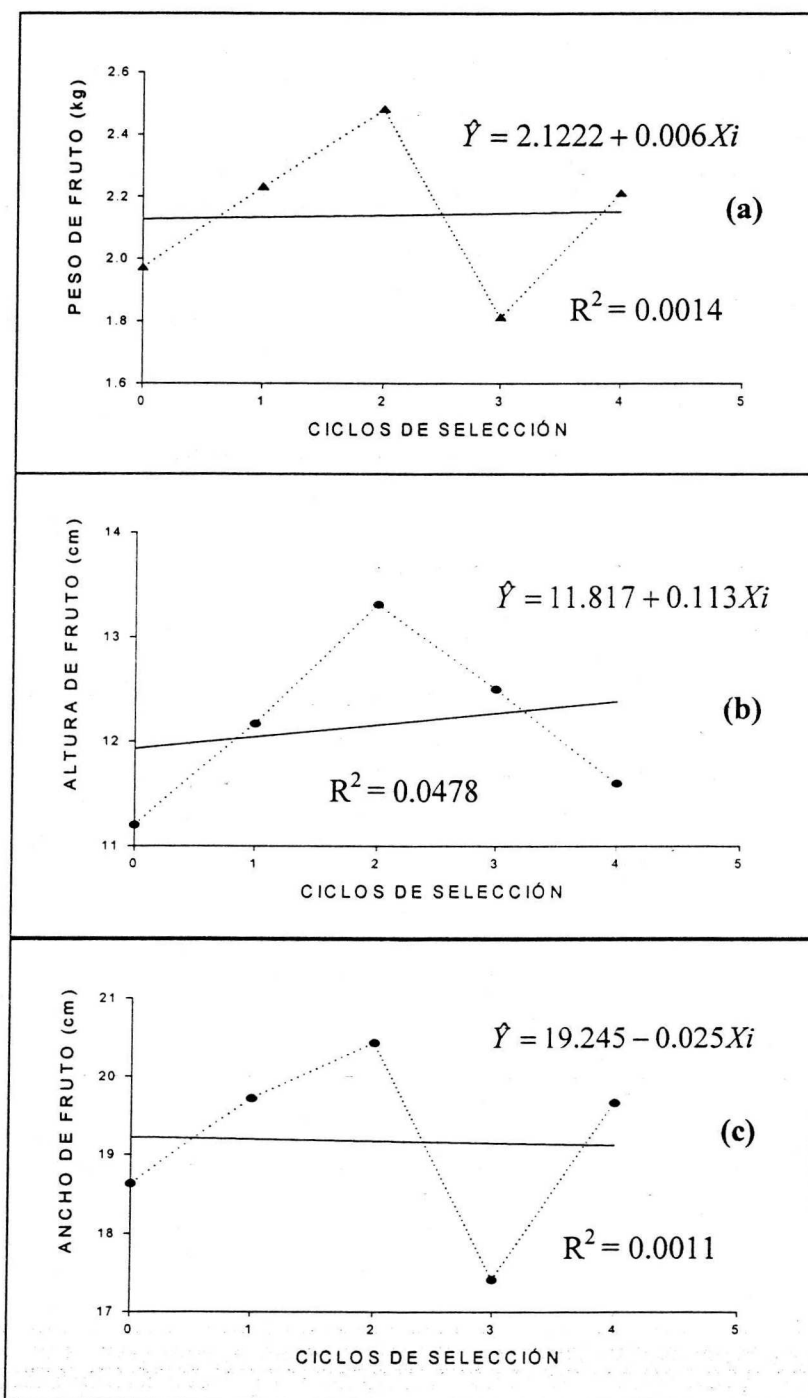


Figura 1. Regresión lineal simple sobre ciclos de selección combinada de medios hermanos maternos en una variedad local de calabaza (*Cucurbita pepo* L.). (a) peso de fruto; (b) altura de fruto y (c) ancho de fruto.

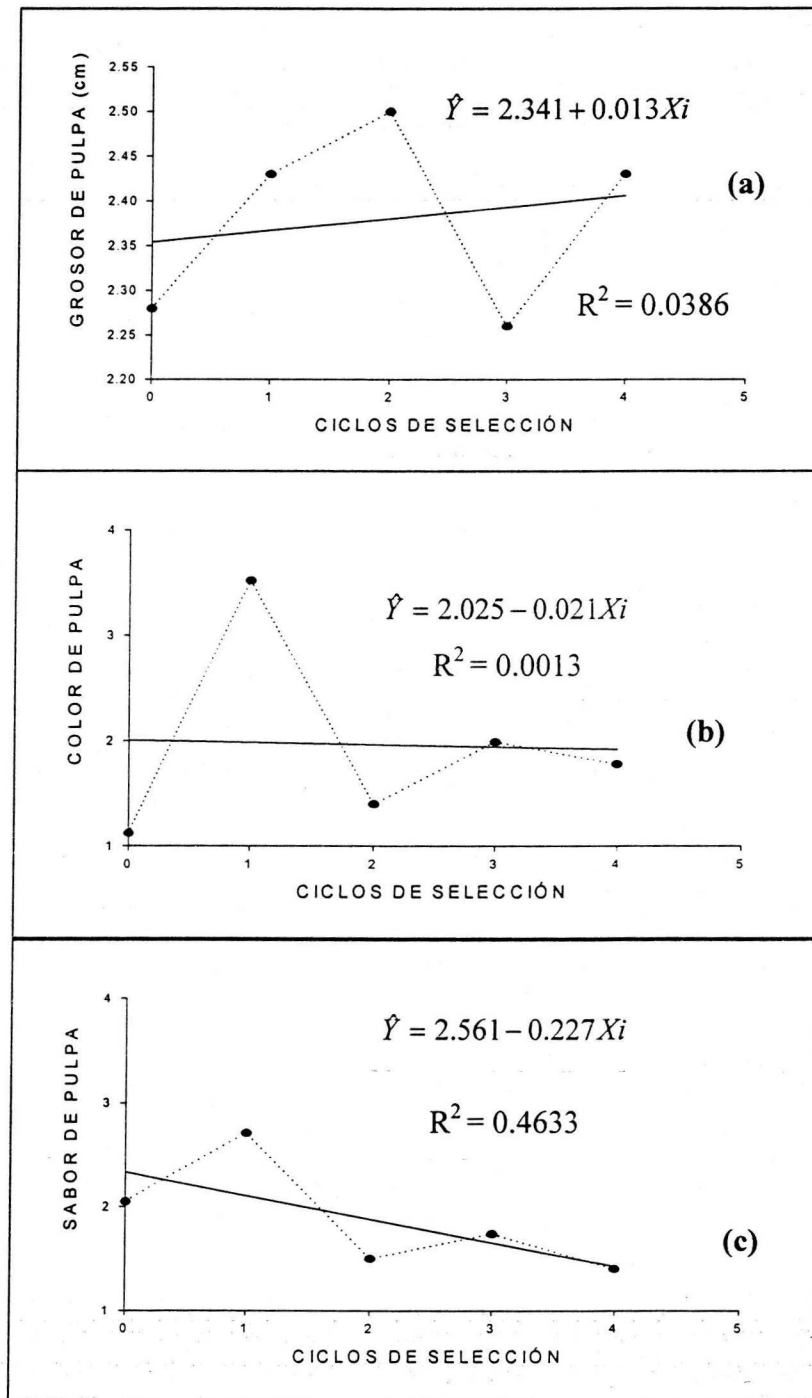


Figura 2. Regresión lineal simple sobre ciclos de selección combinada de medios hermanos maternos en una variedad local de calabaza (*Cucurbita pepo* L.) para caracteres de calidad de pulpa de fruto. (a) grosor de pulpa; (b) color de pulpa y (c) sabor de pulpa.

Estos dos caracteres guardan paralelismo con los que reporta Aguilar (2000) para una especie de *C. moschata* bajo selección masal, quien encontró que el peso de fruto (PEF: 0.047 kg: 0.42 %) y grosor de pulpa (GRP: 0.101 cm; 1.17 %) fueron los caracteres que mostraron el menor avance genético por ciclo de selección, al evaluar los mismos caracteres que se reportan en este trabajo.

De acuerdo con el análisis de regresión, se obtuvo una ganancia significativa en alto de semilla (ALS: 1.045 cm; 2.245 %), más del doble del que se obtuvo en ancho de semilla (ANS: 0.225 cm; 1.054 %); esto trajo como consecuencia un incremento en el peso seco de semilla por fruto (PSS: 3.31 g; 1.01 %), por ciclo de selección (Cuadro 4). La Figura 3 muestra las líneas de regresión de largo (a), ancho (b) y peso seco de semilla (c).

3.6.3. Medias por ciclo de selección

En general, en todas las medias obtenidas de los caracteres evaluados (PEF, ALF, GRP, SAP, COP, ALS, ANS y PSS) se encontró un avance positivo, excepto para el carácter ancho de semilla (-0.134 %), por ciclo de selección (Cuadro 5).

Uno de los caracteres que mayormente se vio favorecido por efecto de la selección fue el carácter sabor de pulpa, el cual obtuvo una ganancia de 11.07 % por ciclo de selección (Figura 2), ya que pasó de 2.05 en C_0 a 1.4 en C_4 (Cuadro 5).

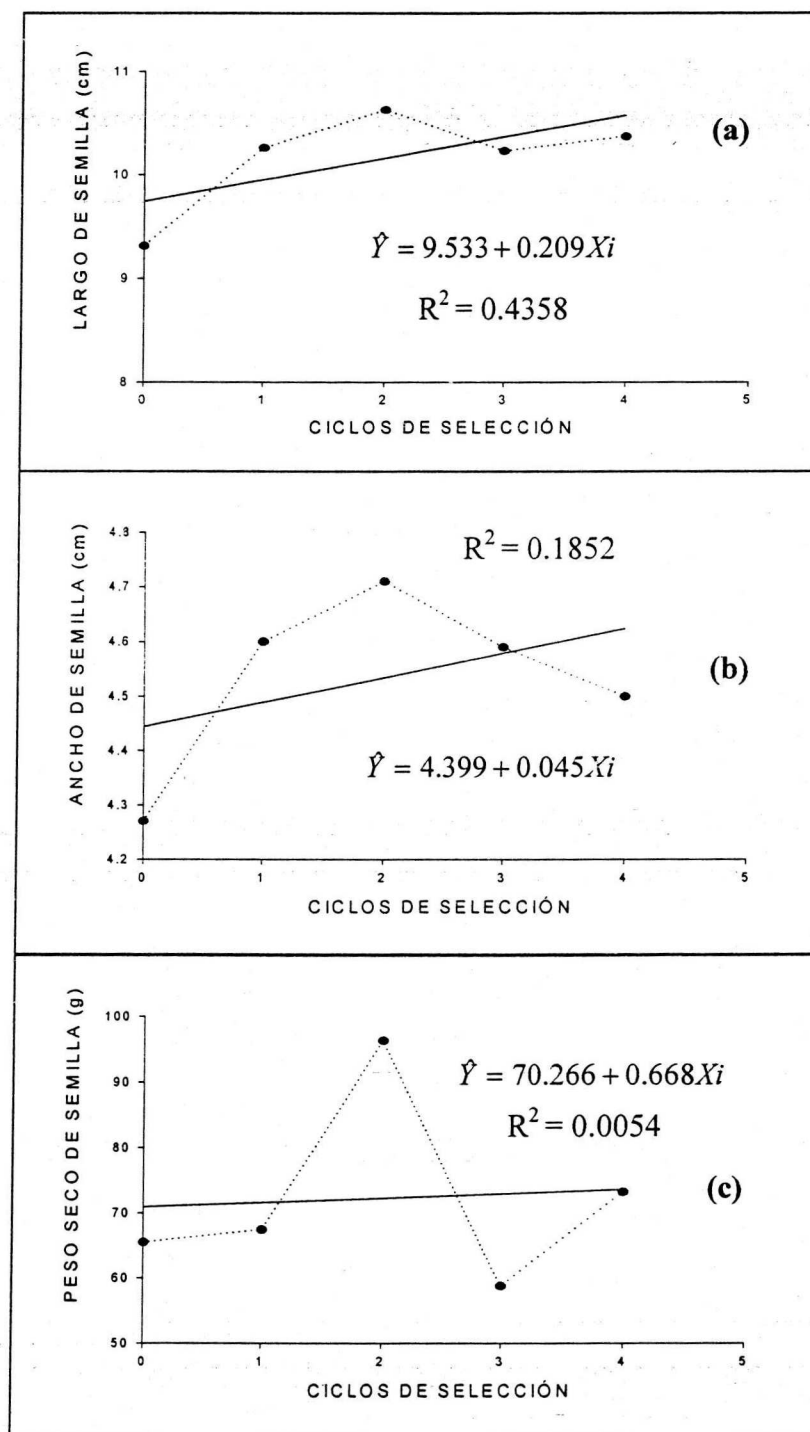


Figura 3. Regresión lineal simple sobre ciclos de selección combinada de medios hermanos maternos en una variedad local de calabaza (*Cucurbita pepo* L.) para caracteres de semilla. (a) largo de semilla; (b) ancho de semilla y (c) peso seco de semilla.

Cuadro 5. Promedios de nueve caracteres estudiados en una variedad local de calabaza tipo 'Round Zucchini' durante cinco ciclos de selección. Los Reyes Acatlixhuayan, México 1997 - 2001.

Ciclo	PEF	ALF	ANF	GRP	COP	SAP	ALS	ANS	PSS
C ₀ (1997)	1.97	11.20	18.63	2.28	1.12	2.05	9.31	4.27	65.55
C ₁ (1998)	2.23	12.17	19.72	2.43	3.52	2.71	10.26	4.60	67.46
C ₂ (1999)	2.48	13.31	20.43	2.50	1.40	1.50	10.63	4.71	96.33
C ₃ (2000)	1.81	12.50	17.41	2.26	1.99	1.74	10.23	4.59	58.78
C ₄ (2001)	2.21	11.60	19.66	2.43	1.78	1.40	10.37	4.50	73.23
β_1	0.006	0.113	-0.025	0.013	-0.021	-0.227	0.209	0.045	0.662
$\Delta G(\%)$	0.305	1.009	-0.134	0.570	-1.857	-11.07	2.245	1.054	1.010

C₀: primer ciclo de selección (variedad original), selección masal ; C₁: segundo ciclo de selección (selección combinada); C₂: tercer ciclo de selección (selección masal); C₃: cuarto ciclo de selección (selección combinada); C₄: quinto ciclo de selección (selección combinada); β_1 : coeficiente de regresión; $\Delta G(\%)$: avance genético promedio en porciento por ciclo de selección; PEF: peso de fruto; ALF: altura de fruto; ANF: ancho de fruto; GRP: grosor de pulpa; COP: color de pulpa (escala, 1: anaranjado intenso; 2: anaranjado; 3 amarillo intenso; 4: amarillo; 5: amarillo claro y 6: blanco); SAP: sabor de pulpa (escala, 1: muy dulce; 2: dulce y 3: insípido); LAS: largo de semilla; ANS: ancho de semilla; PSS: peso seco de semilla.

A pesar de que se está seleccionando simultáneamente por un grupo amplio de caracteres, en todos, hasta el momento, se ha encontrado un avance genético positivo, aunque en algunos sea mínimo como en peso de fruto y grosor de pulpa (0.305 y 0.57 %, respectivamente).

Uno de los principales objetivos de la producción con la variedad en estudio por parte del agricultor cooperante, es la venta del fruto maduro para elaboración de dulces cristalizados a partir de la pulpa. En este contexto, la selección participativa aplicada a la variedad ha logrado avances satisfactorios, ya que la

calidad de fruto maduro (color anaranjado intenso y sabor muy dulce) es la que más se ha visto favorecida, vía los caracteres color y sabor de pulpa con 11.073 y 1.875 % por ciclo de selección, respectivamente (Cuadro 5).

3.7. CONCLUSIONES

De acuerdo con los objetivos planteados en el presente trabajo y con base en los resultados obtenidos, se concluyó lo siguiente:

Los caracteres que presentaron mayor respuesta esperada a la selección combinada (R_{SC}) en los años 2000 y 2001 de evaluación fueron: peso seco de semilla (PSS) con valores de 27.4 y 16.5 g, y ancho de fruto (ANF) con valores de 3.9 y 2.1 cm, respectivamente. Por otro lado, los valores más bajos de R_{SC} los mostraron los caracteres ancho de semilla (ANS) con un valor de 0.26 cm y sabor de pulpa (SAP), con un valor de 0.38 en el primer ciclo.

En el segundo ciclo de selección los caracteres que presentaron las respuestas más bajas fueron grosor y sabor de pulpa, siendo este último el de menor respuesta en ambos ciclos.

Las respuestas observadas a la selección permitieron confirmar que la selección participativa *in situ* fue efectiva para mejorar la calidad de fruto maduro, ya que, en promedio de los cinco ciclos de selección, se logró incrementar el sabor (11.225 %) y el color de pulpa (1.875 %).

Los caracteres que presentaron ganancia genética por ciclo de selección fueron: grosor de pulpa (0.57 %), peso de fruto (0.305 %); altura de fruto (1.009 %), ancho de semilla (1.054 %), peso seco de semilla (1.01 %), color de pulpa (1.875 %), alto de semilla (2.245 %) y sabor de pulpa (SAP: 1.135; 11.073 %). En tanto que el único carácter que mostró pérdida fue el ancho de fruto (0.134 % por ciclo de selección).

3.8. LITERATURA CITADA

- Aguilar, S., H. 2000. Respuesta a la selección masal participativa *in situ* en una población de calabaza de dulce (*Cucurbita moschata* Duch.) en Achichipico, Morelos, México. Tesis de Licenciatura. Departamento de Fitotecnia. Universidad Autónoma Chapingo. Chapingo, México. 49 p.
- Allard, R. W. 1975. Principios de la Mejora de las Plantas. Trad. J. L. Montoya. Ed 2ª. Omega, Barcelona. 498 p.
- Ayala, E., J. A. y Nájera, M., E. 1999. Variación genética y selección participativa en una variedad local de calabaza (*Cucurbita pepo* L.) tipo 'Round Zucchini' de Los Reyes Acatlixhuayan, Estado de México. Tesis de Licenciatura. Departamento de Fitotecnia. Universidad Autónoma Chapingo. Chapingo, México. 66 p.
- Brauer, H., O. 1987. Fitogenética Aplicada. Los conocimientos de la herencia vegetal al servicio de la humanidad. Ed. LIMUSA. México, D.F. 263 p.
- Cuevas, S., J. A. 1988. Recursos Filogenéticos. Bases para su estudio y conservación. Departamento de Fitotecnia. Universidad Autónoma Chapingo. Chapingo, México. 213 p.
- Empig, L. T., C. O. Gardner, and W. A. Compton. 1972. Theoretical gains for different population improvement procedures. Misc. Pub. 26 (Rev.). University of Nebraska, Lincoln, Nebraska. 22 p.

- Falconer, D. S. 1989. Introducción a la Genética Cuantitativa. CECSA. México, D.F. 383 p.
- Lonquist, J. H. 1967. Mass selection for prolificacy in maize. Der Suchter, 37. Band, Heft 4: 185-188.
- Márquez, S. F. 1985. Genotecnia vegetal. Métodos Teoría Resultados. Tomo I. AGT EDITOR. México. 357 p.
- Márquez, S., F. y J. Sahagún C. 1994. Estimation of genetic variants with maternal half-sib families. Maydica 39: 197-201.
- Molina, G., J. D. 1992. Introducción a la Genética de Poblaciones y Cuantitativa (Algunas implicaciones en genotecnia). AGT Editor. México, D.F. 349 p.
- Ostle, B. 1965. Estadística aplicada. LIMUSA, México. p 84.
- Sánchez, H., M. A. 1999. Variación genética y respuesta a la selección combinada en una variedad de calabaza pipiana (*Cucurbita argyrosperma* Huber var. *stenosperma*). Tesis de Maestría. Especialista en Horticultura. Departamento de Fitotecnia. Universidad Autónoma Chapingo. Chapingo, México. 101 p.
- Steel, R. G. D. y J. H. Torrie. 1986. Bioestadística. Principios y Procedimientos. Ed. McGraw-Hill, México.
- Villanueva, V., C. 1998. Respuesta a la selección masal visual estratificada rotativa e *in situ* en la variedad de maíz Zacatecas 58. Tesis de Maestría en Ciencias. Especialidad en Genética. Colegio de Postgraduados. Montecillo, México. 102 p.

4. CORRELACIONES FENOTÍPICAS Y GENÉTICAS, ESTIMADAS EN UNA VARIEDAD LOCAL DE CALABAZA (*Cucurbita pepo* L.)

Ayala Esteban José Antonio¹; Clemente Villanueva Verduzco²;

Sahagún Castellanos Jaime³ y Peña Lomeli Aureliano³

4.1. RESUMEN

El trabajo se realizó en una variedad de calabaza (*Cucurbita pepo* L.) sometida a selección y evaluación participativa durante el periodo de 2000-2001. Se evaluaron 120 familias y simultáneamente se aplicó selección combinada de medios hermanos maternos (entre y dentro de familias las presiones de selección fueron: $b_E = 33.3 \%$ y $b_D = 50 \%$). La selección dentro de familias fue masal con participación directa del agricultor. El objetivo fue estimar correlaciones fenotípicas y genéticas aditivas. Las correlaciones genéticas aditivas del peso de fruto fueron altamente significativas en ambos años (2000, 2001), con: altura de fruto ($\gamma_{PEF, ALF} = 0.71^{**}, 0.66^{**}$); ancho de fruto ($\gamma_{PEF, ANF} = 0.93^{**}, 0.96^{**}$); grosor de pulpa ($\gamma_{PEF, GRP} = 0.73^{**}, 0.65^{**}$); largo de semilla ($\gamma_{PEF, LAS} = 0.71^{**}, 0.66^{**}$) y ancho de semilla ($\gamma_{PEF, ANS} = 0.44^{**}, 0.43^{**}$), aunque negativas para los caracteres color ($\gamma_{PEF, COP} = -0.33^{**}, -0.13^{**}$) y sabor de pulpa ($\gamma_{PEF, SAP} = -0.60^{**}, -0.29^{**}$). El peso seco de semilla sólo correlacionó

¹ Resumen de la tesis que presenta el autor como requisito parcial para obtener el grado de Maestro en Ciencias en Horticultura.

² Director de tesis: Profesor-Investigador de tiempo completo del Dpto. de Fitotecnia. Universidad Autónoma Chapingo (UACH), Chapingo, México. C.P. 56230

³ Asesor de tesis: Profesor-Investigador de tiempo completo del Dpto. de Fitotecnia. Universidad Autónoma Chapingo (UACH), Chapingo, México. C.P. 56230

positivamente con alto de fruto ($\gamma_{PSS, ALF} = 0.73^{**}, 0.26^{**}$) y ancho de fruto ($\gamma_{PSS, ANF} = 0.83^{**}, 0.13^{**}$) en ambos ciclos de selección. La correlación fenotípica del peso de fruto fue alta, positiva y altamente significativa con: ancho de fruto ($\gamma_{PEF, ANF} = 0.81^{**}, 0.77^{**}$); peso seco de semilla por fruto ($\gamma_{PEF, PSS} = 0.65^{**}, 0.19^{**}$); grosor de pulpa ($\gamma_{PEF, GRP} = 0.058^{**}, 0.51^{**}$); altura de fruto ($\gamma_{PEF, ALF} = 0.55^{**}, 0.62^{**}$); largo de semilla ($\gamma_{PEF, LAS} = 0.49^{**}, 0.55^{**}$) y ancho de semilla ($\gamma_{PEF, ANS} = 0.27^{**}, 0.33^{**}$).

Palabras clave: selección, selección combinada, correlaciones.

4.2. ABSTRACT

ESTIMATED PHENOTYPE AND GENETIC CORRELATIONS IN A LOCAL VARIETY OF SQUASH (*Cucurbita pepo* L.)

José Antonio Ayala Esteban

Under the direction of Dr. Clemente Villanueva Verduzco

This study was conducted with a local variety of squash (*Cucurbita pepo* L.) under selection and participatory evaluation during the period 2000-2001. One hundred and twenty families were evaluated (6 replications) and, simultaneously, half sib family selection was applied (between and within families). The selection pressures were: bE = 33.3 % (40 best families) and bD = 50 % (3 best plants). Mass selection within families was done with direct participation of farmers. The objective was to estimate phenotype and additive genetic correlations. The additive genetic correlations of fruit weight were highly significant in both years (2000, 2001) for fruit length ($\gamma_{PEF, ALF} = 0.71^{**}, 0.66^{**}$), fruit diameter ($\gamma_{PEF, ANF} = 0.93^{**}, 0.96^{**}$), pulp thickness ($\gamma_{PEF, GRP} = 0.73^{**}, 0.65^{**}$), seed length ($\gamma_{PEF, LAS} = 0.71^{**}, 0.66^{**}$), and seed width ($\gamma_{PEF, ANS} = 0.44^{**}, 0.43^{**}$), but negative correlations were found for the traits pulp color ($\gamma_{PEF, COP} = -0.33^{**}, -0.13^{**}$) and pulp flavor ($\gamma_{PEF, SAP} = -0.60^{**}, -0.29^{**}$). Dry weight of seeds correlated positively only with fruit length ($\gamma_{PSS, ALF} = 0.73^{**}$,

0.26**) and fruit width ($\gamma_{PSS, ANF} = 0.83^{**}, 0.13^{**}$) in the two cycles of selection, respectively. Phenotype correlation of fruit weight was positive and highly significant with: fruit diameter ($\gamma_{PEF, ANF} = 0.81^{**}, 0.77^{**}$), dry weight of seed per fruit ($\gamma_{PEF, PSS} = 0.65^{**}, 0.19^{**}$), pulp thickness ($\gamma_{PEF, GRP} = 0.58^{**}, 0.51^{**}$), fruit length ($\gamma_{PEF, ALF} = 0.55^{**}, 0.62^{**}$), seed length ($\gamma_{PEF, LAS} = 0.49^{**}, 0.55^{**}$), and seed width ($\gamma_{PEF, ANS} = 0.27^{**}, 0.33^{**}$).

Key words: selection, combined selection, correlations.

4.3. INTRODUCCIÓN

En México la diversidad taxonómica y genética de calabaza (*Cucurbita pepo* L.) es grande, principalmente en forma, tamaño y coloración del fruto, cantidad de semilla producida, calidad y grosor de la pulpa, tolerancia a enfermedades y precocidad, tanto dentro como entre especies. Existen cinco especies domesticadas de calabaza aunque predominan cuatro: *Cucurbita pepo*, *C. moschata*, *C. argyrosperma* y *C. ficifolia*. La menos frecuente es *C. maxima*; mientras que se encuentran 28 especies silvestres (Hernández, 1978).

El estudio de las correlaciones fenotípicas y genotípicas es de gran utilidad en el mejoramiento de plantas, porque facilita la interpretación de los resultados obtenidos y provee la base para una planificación más eficiente de los futuros programas de mejoramiento. Las correlaciones entre dos caracteres métricos, ya sean positivas o negativas, en los individuos de una población indican, cómo los cambios inducidos en un carácter están asociados con cambios simultáneos en otros caracteres, sea de forma directa ó inversa. Según Falconer (1989) existen dos causas de correlación entre caracteres: genética y ambiental.

La principal causa genética de correlación es la pleitropía, aunque el ligamiento es también una causa de correlación transitoria, particularmente en poblaciones que se han originado de cruza entre razas divergentes. El grado de correlación producto de pleitropía expresa la cantidad en la cual dos caracteres diferentes están influenciados por los mismos genes. Algunos genes pueden incrementar ambos caracteres; mientras otros genes pueden incrementar a un carácter y reducir a otro. El primer caso resultaría en una correlación positiva, mientras que en el segundo caso, el resultado sería en una correlación negativa. Sin embargo, la pleitropía no causa necesariamente una correlación detectable.

Las causas genéticas y ambientales de correlación se combinan para producir la correlación fenotípica. En mejoramiento genético la verdadera utilidad de las correlaciones se obtiene con las correlaciones a nivel genético; y mejor aún, obteniéndolas a nivel genético-aditivo. La correlación genética es la correlación entre los valores reproductivos.

Con base en lo anterior, el **objetivo** del presente trabajo fue calcular las correlaciones fenotípicas y genético-aditivas entre caracteres en una variedad local de calabaza tipo 'Round Zucchini' sometida a selección participativa *in situ* en el periodo de 2000-2001.

4.4. REVISIÓN DE LITERATURA

En el desarrollo de variedades de elevado valor económico, la selección generalmente se aplica simultáneamente a dos o más caracteres, debido a que el valor económico casi siempre se determina por varias características. En los primeros estadios de la selección, el mejorador trata de elegir plantas sobre la base de características genotípicas que cree pueden estar asociadas con el carácter deseado, a las que da cierto valor para tomar decisiones durante el proceso de selección (Falconer, 1989; Robinson *et al.*, 1951).

Muchas características económicas, entre ellas el rendimiento, son de herencia compleja y pueden involucrar varios caracteres correlacionados. Por lo tanto, el grado de correlación fenotípica y genotípica entre dichos caracteres reviste gran importancia, no sólo de interés teórico para el estudio de la herencia cuantitativa de los caracteres, sino también de valor práctico puesto que la selección está dirigida generalmente al cambio de dos o más caracteres simultáneamente. Las correlaciones se obtienen de las estimaciones de las varianzas y covarianzas fenotípicas y genotípicas (Robinson *et al.*, 1951).

Fisher (1918) fue el primero en desarrollar las correlaciones genéticas en términos de valores genético aditivos de parientes; partió de la subdivisión de la varianza fenotípica en genotípica y ambiental y a su vez la primera en aditiva, de dominancia y epistática.

Las correlaciones genéticas se producen principalmente por la pleiotropía, que es cuando un gen o genes afectan a dos caracteres simultáneamente. Lasley (1982) menciona, al igual que Preston y Willis (1980), que la pleiotropía es probablemente la causa principal de las correlaciones genéticas; también es posible que el ligamiento de genes tenga un efecto similar, pero transitorio.

Miller *et al.* (1958) indica que las correlaciones observadas, son aplicables sólo a las poblaciones analizadas, puesto que en otros materiales pueden ser diferentes por la existencia de otras asociaciones de genes en las líneas progenitoras de la población segregante.

Falconer (1989), al considerar que un carácter medido en dos ambientes diferentes son dos caracteres diferentes, indica que si la correlación genética es alta, puede considerarse que los dos caracteres son los mismos y estarían determinados por el mismo grupo de genes. En este caso, si la heredabilidad y el índice de selección no son afectados, la selección puede llevarse a cabo en cualquiera de los ambientes. Pero si la correlación genética es baja, entonces los caracteres son diferentes y la selección deberá hacerse en el ambiente en que se va a cultivar la población.

Se dice que hay correlaciones de dos caracteres cuando uno de ellos varía a medida que lo hace el otro, pudiendo ser en un mismo o en diferente sentido (De la Loma, 1963).

Diversos estudios teóricos indican que la asociación entre dos caracteres medidos simultáneamente y en forma directa en los individuos de una población, es la correlación fenotípica, la cual incluye tanto efectos genéticos como ambientales en la expresión fenotípica de los individuos (Falconer, 1989; Steell y Torrie, 1986).

Preston y Willis (1980) dicen que cualquier variación fenotípica de cualquier carácter poligénico puede dividirse en componentes genéticos y ambientales. De esta misma forma, las correlaciones fenotípicas tienen partes genéticas y ambientales.

Clayton *et al.* (1957) indican que si una correlación es baja, no es sensato medir con ello una respuesta correlacionada, a menos que en cada generación pueda mantenerse un nivel muy bajo de endogamia. En este caso el muestreo genético en el carácter secundario puede ser la fuente más importante de error en la estimación de la respuesta correlacionada.

Sobre las decisiones del mejorador derivadas de los estudios de correlaciones entre caracteres, Al-Jibouri *et al.* (1958) afirman que si la correlación genética negativa entre dos caracteres de interés se debe a efectos pleiotrópicos,

deberán buscarse otras fuentes genéticas para conducir el mejoramiento; y si se debe a ligamiento, será necesario emplear procedimientos que maximicen la oportunidad de romper los bloques de ligamiento.

Goldenberg (1968) ha considerado que la existencia de la correlación genética entre distintos caracteres, constituye un medio eficaz para ahorrar tiempo y esfuerzo en el mejoramiento genético de las plantas.

Si se lleva a cabo la selección de un carácter en un programa de mejoramiento, otros caracteres correlacionados con el carácter seleccionado generalmente también cambian. La consideración de respuestas correlacionadas sugiere que en ocasiones podría ser posible lograr progresos sustanciales por intermedio de una respuesta correlacionada que por selección directa del carácter (Cortaza, 1970). La selección indirecta cobra importancia cuando el carácter de mayor interés es de medición más difícil, tardada y costosa que el carácter altamente correlacionado a él.

Dos caracteres medibles de una población de individuos cuyos valores están correlacionados positiva o negativamente, afirma Falconer (1989), interesan por dos razones principales: 1) debido a las causas de correlación genética a través de la acción pleiotrópica de los genes y 2) por la relación con los cambios operados por la selección natural.

Cortaza (1970) encontró que, precisamente, los caracteres considerados como componentes del rendimiento de maíz (número de hileras de la mazorca, diámetro y longitud de la mazorca) resultaron altos y positivamente correlacionados con él. Las respuestas correlacionadas obtenidas están indicando individualmente que al perseguir la mejora de un carácter, otros caracteres también se mejoran.

Las correlaciones se pueden determinar cuando en un programa de selección de un carácter se observa que hubo un cambio positivo o negativo en otro en el cual no practicamos selección. La asociación entre dos caracteres se puede también determinar usando las mediciones, de los dos caracteres, hechas en varios individuos de una población. En el caso de mediciones fenotípicas, las correlaciones generalmente se determinan por medio de métodos estadísticos (Falconer, 1989).

Según Goldenberg (1968), es conveniente usar las correlaciones genéticas, y si es posible la genética aditiva, ya que la correlación fenotípica puede inducir a errores, por la interacción del factor ambiental, pues ésta sólo da una idea de cómo serían las correlaciones genética aditivas.

4.5. MATERIALES Y MÉTODOS

La variedad de calabaza tipo 'Round Zucchini' ha estado sometida a un proceso de acriollamiento de nueve años, aplicado por el Sr. Nolberto Cristalinas en la comunidad de Los Reyes Acatlixuayan, Estado de México. Este proceso de acriollamiento consistió en aplicar selección masal empírica, seleccionando los frutos de plantas que presentaban hábito de crecimiento arbustivo, además de ser de forma principalmente aplanada. Desde 1997 dicha variedad ha estado sometida a un proceso de selección participativa agricultor-mejorador, el cual se ha dividido en dos etapas: preselección (25 % de presión de selección; 500 frutos) y selección final (3 %; 120 frutos).

4.5.1. Material vegetal

El material genético utilizado en este estudio se derivó del tercer ciclo de selección de la variedad de calabaza 'Round Zucchini', realizado en 1999. Es decir, el compuesto resultante del ciclo de selección masal visual realizada en 1999 sirvió como partida para darle continuidad al proceso de selección combinada de medios hermanos maternos. El material acriollado es cultivado bajo condiciones de temporal. Del proceso de selección masal aplicado en 1999 se obtuvieron las mejores 120 familias de medios hermanos maternos (FMHM).

4.5.2. Selección combinada

Las FMHM fueron evaluadas en el ciclo agrícola P-V del 2000 y 2001, en la parcela del agricultor cooperante, bajo condiciones de temporal y el manejo que se le dio fue el que tradicionalmente realiza el agricultor, en Los Reyes Acatlixhuayan, Estado de México.

Cada FMHM se estableció en surcos de 25 metros de longitud con matas de tres plantas separadas a un metro de distancia con una separación entre surcos de 80 cm. Se realizaron tres pasos de cultivadora y tres deshierbes con azadón. Se fertilizó con la fórmula 100–40–00 durante el segundo paso de cultivadora, 45 días después de la siembra.

Al momento de la cosecha se realizó una preselección respecto al total de frutos cosechados, escogiendo las mejores 40 familias (correspondiente a una presión de selección (P_B) de 33 % entre familias), con base en el rendimiento y el número de frutos por familia. Masalmente fueron seleccionadas las mejores tres plantas de cada familia seleccionada (correspondiente a una presión de selección (P_W) de 50 % dentro de familias). El criterio de selección se basó en el rendimiento de semilla y calidad de fruto (pulpa gruesa, muy dulce y de colores anaranjado intenso o anaranjado).

Los caracteres evaluados fueron: peso individual de fruto (PEF en kg); altura de fruto (ALF en cm); diámetro de fruto (DIF en cm); grosor de pulpa (GRP en cm); color de pulpa (COP), se midió de forma visual utilizando la siguiente escala: 1: anaranjado intenso; 2: anaranjado; 3: amarillo intenso; 4: amarillo; 5: amarillo claro y 6: blanco; sabor de pulpa (SAP), se midió degustando una porción de la misma una vez que el fruto fue partido por mitad, considerando la siguiente escala: 1: muy dulce; 2: dulce y 3: insípido; largo y ancho de semilla (LAS y ANS en cm); y peso seco de semilla por fruto (PSS en g).

4.5.3. Diseño experimental

El lote de selección quedó establecido también como un experimento que se analizó con 120 tratamientos (familias), 25 repeticiones (matas), y 3 plantas por mata como unidad experimental. En los dos ciclos de evaluación (2000 y 2001) que se informa en esta investigación se procedió de igual forma.

El análisis estadístico se basó en un modelo en donde los efectos fueron los de familias y los de plantas dentro de familias debido a que los datos en campo se registraron en una muestra aleatoria de 6 plantas por familia. La forma del análisis de varianza se muestra en el Cuadro 1.

Cuadro 1. Análisis de varianza para f familias y n plantas por familia.

FV	GL	CM	E(CM)
Familia (F)	$f-1$	M_1	$\sigma_n^2 + n\sigma_f^2$
Plantas/F	$(n-1)f$	M_2	σ_n^2
Total	$fn-1$		

FV: fuente de variación, **GL:** grados de libertad, **CM:** cuadrados medios y **E(CM):** esperanza de cuadrados medios con todos los factores aleatorios.

4.5.4. Estimación de la correlación fenotípica

Cualquiera que sea la naturaleza de una correlación, ésta es el cociente de la covarianza entre los dos caracteres sobre el producto de las dos desviaciones estándar. Así, la correlación fenotípica es:

$$r_p = \frac{COV_{XY}}{\sigma_{PX}\sigma_{PY}}$$

donde COV_{XY} es la covarianza fenotípica de los caracteres (X y Y), cuya correlación se desea evaluar, y σ_{PX} y σ_{PY} son las desviaciones estándar fenotípicas de los dos caracteres respectivos.

4.5.5. Estimación de la correlación genética aditiva

Los componentes de varianza y covarianza permiten estimar otros parámetros que ayudan a explicar la naturaleza de los mecanismos genéticos involucrados en la expresión de un carácter. Entre otros, se tiene el coeficiente de correlación genética aditiva, que se basa en el parecido entre parientes. En lugar de calcular los componentes de varianza de un carácter usando un análisis de

varianza, se calcula los componentes de covarianza de los dos caracteres usando un análisis de covarianza. En lugar de comenzar con los cuadrados de los valores individuales y de partir las sumas de cuadrados de acuerdo con las fuentes de variación, se trabaja con el producto de los valores de los dos caracteres para cada individuo y se descompone la suma de los productos de acuerdo con la fuente de variación.

De acuerdo con la estructura del análisis de varianza (Cuadro 1) se calcularon también los componentes de covarianza entre los miembros de cada par de caracteres. Así, para familias y dos caracteres X y Y cualesquiera, la covarianza es de la forma:

$$COV_{XY} = \frac{(PCM_1 - PCM_2)}{n}$$

Para los caracteres X y Y la covarianza aditiva es: $COV_{XY} = 4COVF$. Con esta covarianza se puede estimar la correlación genética aditiva entre cada par de los caracteres evaluados (Mode y Robinson, 1959; Falconer, 1989). El estimador del coeficiente de correlación es:

$$r_A = \frac{COV_{XY}}{\sigma_{AX}\sigma_{AY}}$$

donde: COV_{XY} es la covarianza aditiva de los dos caracteres cuya correlación se desea evaluar, σ_{AX} y σ_{AY} son las desviaciones estándar aditivas de los dos caracteres respectivos.

La prueba de significancia de los coeficientes de correlación indicados se efectuó con la prueba de t (Steel y Torrie, 1986).

$$t = \gamma \sqrt{\frac{n-2}{1-\gamma^2}}$$

donde n es el número de pares de valores que intervienen en la estimación y γ es el estimador del coeficiente de correlación cuyo nivel de significación se está evaluando.

Las correlaciones fenotípicas se obtuvieron mediante el procedimiento PROC CORR del Instituto SAS. A continuación se realizó un análisis de varianza, utilizando el procedimiento PROC NESTED del Instituto SAS (versión 6.12) para estimar componentes de varianza y correlaciones genéticas para cada uno de los caracteres presentes en el análisis; dado que se contó con datos anidados de plantas dentro de familias.

El procedimiento PROC NESTED realiza el análisis de varianza y de covarianza para los datos de un experimento con una estructura de anidamiento (jerárquica). Aunque ambos procedimientos PROC GLM y PROC VARCOMP proporcionan análisis similares, NESTED es más eficiente, especialmente para los diseños que implican una gran cantidad de niveles y de observaciones.

4.6. RESULTADOS Y DISCUSIÓN

4.6.1. Correlaciones fenotípicas

Los Cuadros 2 y 3 muestran las correlaciones entre los nueve caracteres evaluados en ambos ciclos (2000 y 2001) de selección.

El peso de fruto (PEF) sólo correlacionó alta y positivamente en ambos años 2000 y 2001 con: ancho de fruto ($\gamma_{PEF, ANF} = 0.81^{**}, 0.77^{**}$), peso seco de semilla por fruto ($\gamma_{PEF, PSS} = 0.65^{**}, 0.19^{**}$), grosor de pulpa ($\gamma_{PEF, GRP} = 0.58^{**}, 0.51^{**}$), altura de fruto ($\gamma_{PEF, ALF} = 0.55^{**}, 0.62^{**}$), largo de semilla ($\gamma_{PEF, LAS} = 0.49^{**}, 0.55^{**}$) y ancho de semilla ($\gamma_{PEF, ANS} = 0.27^{**}, 0.33^{**}$). En forma negativa correlacionó con: color de pulpa ($\gamma_{PEF, COP} = -0.17^{**}, -0.16^{**}$) y sabor de pulpa ($\gamma_{PEF, SAP} = -0.20^{**}, -0.23^{**}$). Esto sugiere que dichos caracteres tienen genes pleiotrópicos comunes (Mode y Robinson, 1959).

El peso seco de semilla (PSS) sólo correlacionó positivamente con: peso de fruto ($\gamma_{PSS, PEF} = 0.65^{**}, 0.19^{**}$), altura de fruto ($\gamma_{PSS, ALF} = 0.43^{**}, 0.14^{**}$), ancho de fruto ($\gamma_{PSS, ANF} = 0.68^{**}, 0.19^{**}$), grosor de pulpa ($\gamma_{PEF, GRP} = 0.44^{**}, 0.21^{**}$), largo de semilla ($\gamma_{PEF, LAS} = 0.58^{**}, 0.30^{**}$) y ancho de semilla ($\gamma_{PEF, ANS} = 0.60^{**}, 0.17^{**}$). En forma negativa con color de pulpa ($\gamma_{PSS, COP} = -0.35^{**}, -0.14^{**}$) y sabor de pulpa ($\gamma_{PSS, SAP} = -0.55^{**}, -0.22^{**}$).

Cuadro 2. Correlaciones fenotípicas y genéticas entre caracteres evaluados en calabaza (*C. pepo* L.) tipo 'Round Zucchini' en Los Reyes Acatlixhuayan, México. Primavera - Verano de 2000.

Caracter	PEF	ALF	ANF	GRP	COP	SAP	LAS	ANS	PSS
PEF		0.55**	0.81**	0.58**	-0.17**	-0.20**	0.49**	0.27**	0.65**
ALF	0.71**		0.32**	0.26**	-0.07 ^{ns}	-0.07 ^{ns}	0.32**	0.16**	0.43**
ANF	0.93**	0.59**		0.63**	-0.21**	-0.26**	0.51**	0.27**	0.68**
GRP	0.73**	0.44**	0.78**		-0.14**	-0.20**	0.42**	0.22**	0.44**
COP	-0.33**	-0.30**	-0.27**	-0.17 ^{ns}		0.46**	-0.13**	-0.08 ^{ns}	-0.35**
SAP	-0.60**	0.47**	-0.52**	-0.53**	0.55**		-0.13**	0.00 ^{ns}	-0.37**
LAS	0.71**	0.46**	0.75**	0.70**	-0.09 ^{ns}	-0.34**		0.37**	0.47**
ANS	0.44**	0.48**	0.47**	0.48**	-0.30**	-0.31**	0.40**		0.29**
PSS	0.84**	0.73**	0.83**	0.63**	-0.41**	-0.55**	0.58**	0.60**	

** : alta diferencia estadística ($P \leq 0.01$); ^{ns} : no significativo; **PEF**: peso de fruto; **ALF**: altura de fruto; **ANF**: ancho de fruto; **GRP**: grosor de pulpa; **COP**: color de pulpa (escala, 1: anaranjado intenso; 2: anaranjado; 3 amarillo intenso; 4: amarillo; 5: amarillo claro y 6: blanco); **SAP**: sabor de pulpa (escala, 1: muy dulce; 2: dulce y 3: insípido); **LAS**: largo de semilla; **ANS**: ancho de semilla y **PSS**: peso seco de semilla. Arriba de la diagonal: correlaciones fenotípicas; debajo de la diagonal: correlaciones genético-aditivas.

La correlación entre color y sabor de pulpa ($r_{COP, SAP} = 0.46^{**}, 0.69^{**}$) fue positiva y altamente significativa en los dos ciclos de selección.

4.6.2. Correlaciones genético-aditivas

En el presente trabajo se encontró que las correlaciones genéticas aditivas entre el peso de fruto con: altura de fruto ($\gamma_{PEF, ALF} = 0.71^{**}, 0.66^{**}$), ancho de fruto ($\gamma_{PEF, ANF} = 0.93^{**}, 0.96^{**}$) y grosor de pulpa ($\gamma_{PEF, GRP} = 0.73^{**}, 0.65^{**}$) fueron positivas y altamente significativas en ambos años (2000 y 2001), además de ser de las más altas, porque dichos caracteres son los componentes más importantes del rendimiento de fruto. Debido al tipo de correlación encontrada con estos caracteres, es posible realizar selección indirecta para rendimiento de fruto. Después de un ciclo de selección, desapareció la correlación entre rendimiento y peso seco de semilla ($\gamma_{PEF, PSS} = 0.09^{ns}$).

Las correlaciones genéticas aditivas de peso de fruto con: color de pulpa ($\gamma_{PEF, COP} = -0.60^{**}, -0.29^{**}$) y sabor de pulpa ($\gamma_{PEF, SAP} = -0.30^{**}, -0.13^{**}$), fueron bajas, negativas y altamente significativas. Además, los caracteres color y sabor de pulpa presentaron correlaciones negativas con el resto de los caracteres evaluados, excepto entre sabor de pulpa y altura de fruto ($\gamma_{SAP, ALF} = 0.47^{**}$) que fue la única correlación genética positiva. Esto quiere decir que se debe tener cuidado al seleccionar tomando en cuenta los componentes del rendimiento ya que de no hacerlo se podría perder calidad de fruto maduro, lo cual no sería muy deseable, pues uno de los principales objetivos de la variedad es producir frutos para la elaboración de dulce, donde la calidad de fruto maduro (color anaranjado intenso y sabor muy dulce) es muy importante.

Las correlaciones de peso seco de semilla con todos los demás caracteres (PEF, ALF, ANF, GRP, LAS y ANS) en el primer ciclo (2000) fueron muy altas y positivas, excepto con color de pulpa ($\gamma_{PSS, COP} = -0.41^{**}$) y sabor de pulpa ($\gamma_{PSS, SAP} = -0.55^{**}$) que fueron negativas. Esto significa que cuando se gana peso seco de semilla se pierde calidad de fruto maduro y viceversa.

Para el segundo ciclo (2001) disminuyó en magnitud la correlación genética aditiva de peso seco de semilla con altura de fruto ($\gamma_{PSS, ALF} = 0.26^{**}$), ancho de fruto ($\gamma_{PSS, ANF} = 0.13^{**}$) y largo de semilla ($\gamma_{PSS, LAS} = 0.22^{**}$). Aumentó ligeramente la correlación con ancho de semilla ($\gamma_{PSS, ANS} = 0.61^{**}$). Desapareció la correlación con peso de fruto ($\gamma_{PSS, PEF} = 0.09^{ns}$) y grosor de pulpa ($\gamma_{PSS, GRP} = -0.09^{ns}$) y cambiaron de signo las correlaciones que se dieron con color de pulpa ($\gamma_{PSS, COP} = 0.039^{**}$) y sabor de pulpa ($\gamma_{PSS, SAP} = 0.39^{**}$), las cuales fueron positivas.

Las correlaciones genéticas aditivas que no presentaron significancia fueron entre grosor de pulpa y color de pulpa ($\gamma_{GRP, COP} = -0.17^{ns}$) y entre color de pulpa y largo de semilla ($\gamma_{COP, LAS} = -0.09^{ns}$), para el primer ciclo (2000) de selección, además de ser negativas. En el segundo ciclo (2001) las correlaciones no significativas entre altura de fruto y sabor de pulpa ($\gamma_{ALF, SAP} = 0.07^{ns}$), grosor de pulpa y ancho de semilla ($\gamma_{GRP, ANS} = 0.10^{ns}$) y entre peso de fruto y peso seco de semilla ($\gamma_{PEF, PSS} = 0.09^{ns}$).

Cuadro 3. Correlaciones fenotípicas y genéticas entre caracteres evaluados en calabaza (*C. pepo* L.) tipo 'Round Zucchini' en Los Reyes Acatlixhuayan, México. Primavera - Verano de 2001.

Caracter	PEF	ALF	ANF	GRP	COP	SAP	LAS	ANS	PSS
PEF		0.62**	0.77**	0.51**	-0.16**	-0.23**	0.55**	0.33**	0.19**
ALF	0.66**		0.56**	0.32**	0.01 ^{ns}	-0.05 ^{ns}	0.43**	0.22**	0.14**
ANF	0.96**	0.62**		0.44**	-0.19**	-0.25**	0.54**	0.33**	0.19**
GRP	0.65**	0.39**	0.58**		-0.15**	-0.18**	0.10**	0.04 ^{ns}	0.21**
COP	-0.13**	0.16**	-0.30**	-0.29**		0.69**	0.0 ^{ns}	0.12**	-0.14**
SAP	-0.29**	0.07 ^{ns}	-0.35**	-0.36**	0.88**		-0.01 ^{ns}	0.11**	-0.22**
LAS	0.66**	0.34**	0.57**	0.39**	-0.12*	-0.24**		0.44**	0.30**
ANS	0.43**	0.26**	0.39**	0.10 ^{ns}	0.25**	0.25**	0.56**		0.17**
PSS	0.09 ^{ns}	0.26**	0.13**	-0.09 ^{ns}	0.39**	0.39**	0.22**	0.61**	

** = alta significancia estadística ($P \leq 0.01$); ^{ns} = no significativo; **PEF**: peso de fruto; **ALF**: altura de fruto; **ANF**: ancho de fruto; **GRP**: grosor de pulpa; **COP**: color de pulpa (escala, 1: anaranjado intenso; 2: anaranjado; 3 amarillo intenso; 4: amarillo; 5: amarillo claro y 6: blanco); **SAP**: sabor de pulpa (escala, 1: muy dulce; 2: dulce y 3: insípido); **LAS**: largo de semilla; **ANS**: ancho de semilla y **PSS**: peso seco de semilla. Arriba de la diagonal: correlaciones fenotípicas; debajo de la diagonal: correlaciones genético-aditivas.

4.7. CONCLUSIONES

De los resultados presentados y su discusión, se concluyó lo siguiente:

Las correlaciones fenotípicas de peso de fruto resultaron altas y positivas en ambos años (2000, 2001), con: ancho de fruto ($\gamma_{PEF, ANF} = 0.81^{**}, 0.77^{**}$); peso seco de semilla por fruto ($\gamma_{PEF, PSS} = 0.65^{**}, 0.19^{**}$); grosor de pulpa ($\gamma_{PEF, GRP} = 0.0.58^{**}, 0.51^{**}$); altura de fruto ($\gamma_{PEF, ALF} = 0.55^{**}, 0.62^{**}$); largo de semilla ($\gamma_{PEF, LAS} = 0.49^{**}, 0.55^{**}$) y ancho de semilla ($\gamma_{PEF, ANS} = 0.27^{**}, 0.33^{**}$) porque esos caracteres son los componentes del rendimiento de fruto. Mientras que presentó correlación negativa con: color de pulpa ($\gamma_{PEF, COP} = -0.17^{**}, -0.16^{**}$) y sabor de pulpa ($\gamma_{PEF, SAP} = -0.20^{**}, 0.23^{**}$), en ambos ciclos de selección (2000 y 2001).

El peso seco de semilla correlacionó positivamente con: peso de fruto ($\gamma_{PSS, PEF} = 0.65^{**}, 0.19^{**}$); altura de fruto ($\gamma_{PSS, ALF} = 0.43^{**}, 0.14^{**}$); ancho de fruto ($\gamma_{PSS, ANF} = 0.68^{**}, 0.19^{**}$); grosor de pulpa ($\gamma_{PEF, GRP} = 0.44^{**}, 0.21^{**}$); largo de semilla ($\gamma_{PEF, LAS} = 0.58^{**}, 0.30^{**}$) y ancho de semilla ($\gamma_{PEF, ANS} = 0.60^{**}, 0.17^{**}$). En tanto que fue negativa con color ($\gamma_{PSS, COP} = -0.35^{**}, -0.14^{**}$) y sabor de pulpa ($\gamma_{PSS, SAP} = -0.55^{**}, -0.22^{**}$).

Las correlaciones genéticas aditivas se comportaron de manera muy similar en magnitud y signo que las correlaciones fenotípicas durante los dos ciclos de selección.

La correlación genética aditiva entre el peso de fruto con: altura de fruto ($\gamma_{PEF, ALF} = 0.71^{**}, 0.66^{**}$), ancho de fruto ($\gamma_{PEF, ANF} = 0.93^{**}, 0.96^{**}$) y grosor de pulpa ($\gamma_{PEF, GRP} = 0.73^{**}, 0.65^{**}$) fueron positivas y altamente significativas además de ser de las más altas, confirmando que estos caracteres son los componentes más importantes del rendimiento de fruto.

Las correlaciones genéticas aditivas para el primer año (2000) entre peso seco de semilla con todos los demás caracteres (PEF, ALF, ANF, GRP, LAS y ANS) fueron muy altas y positivas, excepto las que se dieron con color de pulpa ($\gamma_{PSS, COP} = -0.41^{**}$) y sabor de pulpa ($\gamma_{PSS, SAP} = -0.55^{**}$) que fueron negativas. Para el segundo año (2001) disminuyó en magnitud la correlación genética aditiva de peso seco de semilla con altura de fruto ($\gamma_{PSS, ALF} = 0.26^{**}$), ancho de fruto ($\gamma_{PSS, ANF} = 0.13^{**}$) y largo de semilla ($\gamma_{PSS, LAS} = 0.22^{**}$). Otra correlación importante tanto fenotípica como genética aditiva es la que se dio entre el color y sabor de pulpa ($\gamma_{COP, SAP} = 0.46^{**}, 0.69^{**}$) ciclo uno y dos, respectivamente. Lo cual nos indica que a los colores intensos de pulpa anaranjados les corresponden sabores dulces, y viceversa.

4.8. LITERATURA CITADA

- Al-Jibouri, H. A.; P. A. Miller and H. F. Robinson. 1958. Genotypic and environmental variances and covariances in an Upland Cotton cross of interespecific origin. *Agron. J.* 50: 633-636.
- Clayton, G. A.; G. R. Knight, J. A. Morris and A. Robertson. 1957. An experimental check on quantitative genetical theory III correlalect responses. *J Genet.* 55: 171-180.
- Cortaza G., C. 1970. Correlaciones genéticas y respuestas correlacionadas en caracteres de maíz. Tesis de Maestría. Especialista en Genética. ENA-CP. Chapingo, México. 53 p.
- De la Loma, J. L. 1963. Genética general y aplicada. Ed. UTEHA, México. 333 p.
- Falconer, D. S. 1989. Introducción a la Genética Cuantitativa. CECSA. México, D.F. 383 p.
- Fisher, R. A. 1918. The correlation between relatives on the supposition of mendelian inherintance. *Trans Ray. Soc. Edin.* 52: 399-433.
- Goldenberg, L. B. 1968. El empleo de la correlación en el mejoramiento genético de las plantas. *Fitotecnia Latinoamericana* 5 (2): 1-8.

- Hernández, B., G. 1978. Cucurbitaceas. *In*: Recursos genéticos disponibles a México. T. Cervantes S. (ed.). SOMEFI. Chapingo, México. pp. 357-667.
- Javier T., G. 1972. Correlaciones genéticas e índices de selección en la genotecnia de la papa (*Solanum tuberosum* L). Tesis de Maestría. Especialista en Genética. ENA-CP. Chapingo, México. 72 p.
- Lasley, J. F. 1982. Genética del mejoramiento del ganado. Ed. UTEHA, México.
- Miller, P. A.; J. C. Williams, Jr.; H. F. Robinson and R. E. Comstock. 1958. Estimates of genotypic and environmental variances and covariances in Upland Cotton and their implications in selection. *Agron. J.* 50: 126-131.
- Mode, C. J. and H. F. Robinson. 1959. Pleiotropism and the genetic variance and covariance. *Biometrics* 15 (4): 518-537.
- Preston, R. R. y M. B. Willis. 1980. Producción intensiva de carne. Ed. Diana, México. pp 147, 150, 151.
- Robinson, H. F., R. E. Comstock and P. H. Harvey. 1951. Genotypic and phenotypic correlations in corn and their implications in selection. *Agronomy Journal* 43 (6): 282-287.
- Steel, R. G. D. y J. H. Torrie. 1986. Bioestadística. Principios y Procedimientos. Ed. McGraw-Hill, México.

5. MEJORAMIENTO GENÉTICO PARTICIPATIVO DE LA CALIDAD DEL FRUTO MADURO EN UNA VARIEDAD LOCAL DE CALABAZA (*Cucurbita pepo* L.) EN TÉRMINOS DE COLOR Y SABOR DE LA PULPA

Ayala Esteban José Antonio¹; Clemente Villanueva Verduzco²;

Sahagún Castellanos Jaime³ y Peña Lomeli Aureliano³

5.1. RESUMEN

El trabajo se realizó en una variedad local de calabaza (*Cucurbita pepo* L.) tipo 'Round Zucchini' bajo evaluación y selección participativa *in situ*. Se evaluaron 120 familias y simultáneamente se aplicaron dos ciclos de selección combinada de medios hermanos maternos. Los cambios en las frecuencias fenotípicas para calidad de fruto maduro (color y sabor de pulpa) fueron registrados y se determinó también el tamaño óptimo de muestra. La frecuencia de frutos con pulpa blanca disminuyó en 34.05 %, amarillo claro 26.82 %, amarillo 24.97 %, amarillo intenso 20.15 % y anaranjado 9.02 %; mientras que el color anaranjado intenso se incrementó un 80.81 % por ciclo de selección. Los frutos con sabor de pulpa dulce y muy dulce se incrementaron y los insípidos se redujeron de

¹ Resumen de la tesis que presenta el autor como requisito parcial para obtener el grado de Maestro en Ciencias en Horticultura.

² Director de tesis: Profesor-Investigador de tiempo completo del Dpto. de Fitotecnia. Universidad Autónoma Chapingo (UACH). Chapingo, México. C.P. 56230

³ Asesor de tesis: Profesor-Investigador de tiempo completo del Dpto. de Fitotecnia. Universidad Autónoma Chapingo (UACH). Chapingo, México. C.P. 56230

manera significativa. Los de sabor insípido disminuyeron en 63.88 % y los de sabor dulce en 6.76 %; mientras que los sabores muy dulces se incrementaron en 349.35 % por ciclo de selección. El carácter que requiere mayor tamaño de muestra fue el color de pulpa con 480 y 545 plantas; mientras que los caracteres largo (4 a 13 plantas) y ancho de semilla (1 a 27 plantas) son los que requieren menor tamaño de muestra para su estudio.

Palabras clave: selección participativa, frecuencias fenotípicas, tamaño de muestra.

5.2. ABSTRACT

PARTICIPATORY GENETIC IMPROVEMENT IN QUALITY OF MATURE FRUIT OF A LOCAL VARIETY OF SQUASH (*Cucurbita pepo* L.): PULP COLOR AND FLAVOR

José Antonio Ayala Esteban

Under direction of Dr. Clemente Villanueva Verduzco

This study was conducted with a local variety of squash (*Cucurbita pepo* L.), 'Round Zucchini' type, with *in situ* participatory evaluation and selection. One hundred and twenty families were evaluated and, simultaneously, half sib family selection was applied. The changes in phenotype frequencies for quality of mature fruit (pulp color and flavor) were recorded and the optimal sample size was also determined. The frequency of fruits with white pulp decreased by 34.05 %, those with light yellow pulp by 26.82 %, those with yellow pulp by 24.97 %, those with orange-yellow pulp by 20.15 %, and those with orange pulp by 9.02 %, while dark orange pulp increased 80.81 % by cycle of selection. Fruits with sweet and very sweet flavor increased and insipid fruits decreased significantly. Insipid fruits decreased by 63.88 %, and sweet fruits decreased by 6.76 %, while very sweet fruits increased 349.35 % by selection cycle. The trait that required a larger sample size was pulp color (480 and 545 plants), while the traits length (4 to 13 plants) and seed width (1 to 27 plants) were those that required a smaller sample size for their study.

Key words: participatory selection, phenotype frequencies, size of sample.

5.3. INTRODUCCIÓN

A pesar de los avances tecnológicos obtenidos en el campo de la investigación agrícola en México, no todos los cultivos nativos han tenido la misma oportunidad de ser estudiados. Muchos de ellos presentan un potencial productivo y alimenticio mucho mayor a los más conocidos y consumidos en el mundo. Sin embargo, la mayoría de los cultivos nativos son sembrados y seleccionados de manera tradicional a través del tiempo, logrando avances acumulados en la mejora del rendimiento, calidad y diversidad en las formas de uso.

La calabaza es un cultivo que está escapando a esta realidad, ya que cada vez menos agricultores se dan a la tarea de conservar este cultivo debido al uso cada vez más extensivo de la mecanización y de los herbicidas, aunque en muchos casos sigue formando parte de su dieta alimenticia.

La calabaza, se encuentra comúnmente en asociación con el cultivo de maíz y frijol y muy raramente como unicultivo (en superficies pequeñas), excepto cuando se le cultiva para producción de calabacita como verdura. Realmente, las calabazas poseen un alto potencial alimenticio, que el hombre puede aprovechar porque se aprovechan sus flores, frutos tiernos y maduros, semillas y puntas tiernas de las guías. México cuenta con una amplia diversidad genética de esta especie, que se debe mantener y aprovechar de manera racional e integral.

La conservación y mejoramiento del cultivo de la calabaza por parte de los agricultores es una práctica realizada al cultivar y seleccionar las mejores plantas y volverlas a sembrar en el siguiente ciclo, y así sucesivamente. Ahí, el campo de investigación del fitomejorador es aún muy amplio, procurando mejorar y conservar los materiales en el lugar de donde son originarios y aún se utilizan.

En este contexto, los **objetivos** del presente trabajo fueron realizar selección participativa *in situ* en una variedad local de calabaza tipo 'Round Zucchini', para rendimiento y calidad de fruto maduro y semilla y determinar el tamaño óptimo de muestra para la caracterización eficiente de una variedad local de Los Reyes Acatlixhuayan, Estado de México.

5.4. REVISIÓN DE LITERATURA

5.4.1. Importancia del cultivo

El género *Cucurbita* es bien conocido por sus especies cultivadas, las cuales en los países de habla hispana son conocidas con el nombre común de "calabazas", "zapallos" o mediante numerosos nombres en lenguas indígenas; mientras que en los países anglosajones se les denomina "squashes", "pumpkins" o "gourds". Los frutos inmaduros, maduros y las semillas de las especies cultivadas de las calabazas tienen gran importancia alimenticia en casi todo el mundo. En muchas regiones de Latinoamérica, las flores y algunas partes vegetativas, como las puntas tiernas de los tallos o guías, son también apreciadas como verdura (Lira, 1993).

El cultivo de la calabaza ha tenido primordial importancia en el desarrollo de las primeras civilizaciones de América, siendo muy popular en México y en la mayoría de los países latinoamericanos, donde existen numerosas variedades criollas para cada región (Pérez *et al.*, 1997).

El cultivo de las especies del género *Cucurbita* es parte fundamental de la agricultura tradicional de subsistencia que se practica en Latinoamérica. Son

cultivadas de manera más o menos extensiva en los sistemas de policultivo conocidos en la región como "milpas".

El uso más importante de las especies cultivadas de *Cucurbita* es el alimenticio, no sólo en Latinoamérica sino también en todo el mundo (Merrick, 1990; Lira & Torres, 1993; Yang & Walters, 1992). Los frutos inmaduros, maduros y las semillas de estas especies, son las más utilizadas. México en 1997 ocupó el quinto lugar con una superficie cosechada de 42, 000 ha para las diferentes especies cultivadas; con un rendimiento promedio de las diferentes especies cultivadas de 7.70 t.ha⁻¹ y una producción total de 325, 000 toneladas (FAO, 1998).

La calabacita (*Cucurbita pepo*) es la única especie que se cultiva a escala comercial como hortaliza en México. En el ciclo agrícola 1999 se cosecharon 28, 675 ha con una producción total de 419, 656 toneladas (Cuadro 1). La producción se distribuye principalmente en los estados de Sinaloa, Puebla, Hidalgo, Morelos y Sonora (Cuadro 2). De este total, 26,585 ha fueron de riego y sólo 2, 091 de temporal. El rendimiento promedio nacional fue de 14.6 t.ha⁻¹. Baja California Sur es el único estado que reporta producción de calabacita orgánica con 14 ha de superficie cosechada y una producción total de 18 t.ha⁻¹; con un promedio de 1.25 t.ha⁻¹ (SAGAR, 1999).

La forma de consumir la pulpa de los frutos maduros es en dulce y se prepara tanto hervida como asada y en dulces "cristalizados" con azúcar. Las llamadas

"puntas de guía", las flores, los frutos tiernos y maduros, destacan por su contenido de Calcio y Fósforo. También son ricos en vitaminas como: tiamina, riboflavina, niacina y ácido ascórbico (Bemis *et al.*, 1967; Esquinas-Alcazar and Gulick, 1983).

En las especies cultivadas de *Cucurbita* se ha explorado su capacidad de aliviar una serie de padecimientos comunes. Hernández (1946) y Cruces (1987) mencionan que las semillas de calabazas son útiles contra los parásitos intestinales. La pulpa molida se utiliza contra irritaciones y quemaduras de la piel y el té de la pulpa combate los cálculos renales.

Las semillas son el producto alimenticio y comercial más importante derivado de estos cultivos, principalmente por sus altos contenidos de aceite (39 %), proteínas (44 %) y fósforo (1 %). Las semillas ("pepitas") se consumen en grandes cantidades, tostadas y saladas (Hernández, 1978; Cruces, 1987), principalmente de la especie *C. pepo* y en segundo lugar de *C. argyrosperma*; las que también se usan como componentes en la elaboración de moles conocidos como "pepian" o "pipian" (Hernández, 1978). Además, de las pepitas se obtiene aceite comestible y para la elaboración de jabones finos (Cruces, 1987). En Alemania se cultivan para producción de aceite comestible de cocina.

Cuadro 1. Superficie cosechada, producción y valor de la producción del cultivo de la calabaza en México, 1999.

Tipo de calabaza	Superficie cosechada (ha)	Producción total (t)	Valor de la producción (\$)
Calabacita (verdura)	28, 675 (61.6 %)	419, 656 (83.9 %)	1, 249, 143, 031 (86.4 %)
Calabaza (fruto maduro)	4, 567 (9.8 %)	43, 760 (8.8 %)	84, 768, 283 (5.9 %)
Semilla (para consumo)	12, 003 (25.8 %)	5, 794 (1.2 %)	57, 951, 927 (4.0 %)
Calabaza Kabocha (exportación)	1, 347 (2.9 %)	30, 711 (6.1 %)	53, 878, 628 (3.7 %)
Total	46, 592 (100 %)	499, 921 (100 %)	1, 445, 741, 869 (100%)

Fuente: Centro de Estadística Agropecuaria, SAGAR, 1999.

Cuadro 2. Principales estados productores de calabacita para verdura durante el año agrícola 1999.

Estado	Superficie cosechada (ha)	Producción (t)	Rendimiento (t.ha⁻¹)
Sinaloa	10, 183	173, 555	17.044
Puebla	3, 561	40, 167	11.280
Hidalgo	2, 176	23, 580	10.838
Morelos	1, 943	25, 881	13.320
Sonora	1, 731	26, 081	15.067
Michoacán	1, 619	25, 872	15.980
México	1, 187	20, 617	17.369
Jalisco	1, 150	16, 969	14.756
Guanajuato	986	10, 361	10.508
Yucatán	637	10, 772	16.911

Fuente: Centro de Estadística Agropecuaria, SAGAR, 1999.

5.4.2. Estados productores de calabaza

En el cultivo de calabaza para consumo como fruto maduro en el ciclo 1999, sobresalieron los estados de Sonora con una superficie cosechada de 1, 748 ha con un rendimiento total de 16, 713 t y un valor de la producción de 34, 741, 868 pesos; Puebla con 761 ha, con un rendimiento de 2, 143 t y un valor de la producción de 3, 776, 413 pesos y Nayarit con 660 ha, con un rendimiento de 7, 693 t con un valor de la producción de 11, 507, 741 pesos (Cuadro 3).

El Estado de Sonora sembró para 1999 un total de 1, 347 ha de calabaza Kabocha de riego en el ciclo Primavera-Verano, obteniendo un rendimiento total de 30, 711 t con un valor de la producción de 221, 119, 200 pesos (SAGAR, 1999).

5.4.3. Usos

El uso más importante al que se ha destinado a la calabaza es el alimenticio, no sólo en Latinoamérica, sino también en muchas otras regiones del mundo. Los frutos (inmaduros y maduros) y las semillas son las partes más comúnmente empleadas con este propósito, mientras que las flores (generalmente las estaminadas o masculinas) y las partes tiernas de los tallos, conocidas generalmente como "puntas de las guías", se utilizan en menor escala (Lira, 1995).

Cuadro 3. Estados productores de calabaza para fruto maduro, durante el año agrícola 1999.

Estado	Superficie cosechada (ha)	Producción (t)	Rendimiento (t.ha⁻¹)
Sonora	1, 748	16, 713	9.561
Puebla	761	2, 143	2.816
Nayarit	660	7, 693	11.656
Sinaloa	385	3, 557	9.239
Guerrero	257	3, 519	13.693
Guanajuato	169	3, 255	19.260
Michoacán	134	2, 082	15.487
Chihuahua	92	600	6.522
Jalisco	91	1, 663	18.275
Coahuila	77	387	5.011
Tabasco	73	1, 102	15.096
Tamaulipas	29	83	2.862
Veracruz	20	300	15.000
Colima	16	305	19.063
Tlaxcala	15	59	3.947
Nuevo León	14	210	15.000
Campeche	11	44	4.000
Aguascalientes	9	24	2.667
Durango	3	6	2.000
Baja California	1	12	12.000
Baja California Sur	1	3	3.200
Total	4,567	43,760	9.583

Fuente: Centro de Estadística Agropecuaria, SAGAR, 1999.

En el caso de la pulpa de los frutos maduros, la forma más difundida de consumirla es como dulce y se prepara tanto hervida como asada. Las especies más apreciadas para este tipo de uso en muchas regiones son *C. moschata* y

C. maxima y en menor grado *C. pepo* y *C. ficifolia*. Esta última es empleada en México para la elaboración de dulces. Las semillas son consumidas preferentemente asadas o tostadas, ya sea como botanas enteras y simplemente aderezadas con sal, o más frecuentemente molidas y como parte de numerosos guisados, y su consumo aún en las zonas urbanas, por lo menos de México y Centroamérica, es bastante común y algunas razas o variedades locales de especies como *C. argyrosperma*, *C. pepo* y *C. moschata* son las favoritas para este tipo de uso por el tamaño, la cantidad y la textura de las semillas que producen (Lira, 1995).

Los tallos tiernos, las flores y sobre todo los frutos inmaduros, son consumidos como verdura cocida, frecuentemente formando parte de diversos platillos. Además, también tiene uso medicinal, industrial y otros tradicionales (Lira, 1995).

5.4.4. Valor Nutritivo de las calabazas

La importancia de la calabaza se debe al contenido de sustancias nutritivas y a las cualidades gustativas del fruto. La pulpa del fruto contiene de 11 a 17 % de sólidos totales y hasta 45 % de azúcares de acuerdo con las variedades; y las semillas son ricas en grasa y albúmina (Guenkov, 1974). En el Cuadro 4 se presenta la composición de diferentes partes comestibles de la planta de calabaza.

Cuadro 4. Composición de 100 g de diferentes partes comestibles de la planta de calabaza.

Concepto	Fruto maduro ^a	Fruto tierno ^b	Hojas frescas ^c	Flores masculinas ^d	Semillas ^e
Agua	90 g	---	90 g	80.7 g	---
Proteínas	1.3 g	1.76 g	4.2 g	26.95 g	44 %
Lípidos	0.2 g	0.11 g	0.4 g	---	---
Azúcares	6 g	2.14 g	3.4 g	0.035 g	---
Sales minerales	0.4-0.5 g	---	---	---	---
Vitamina A	---	100 UI	0.8 mg	---	---
Vitamina B1	---	60 mcg	0.14 mg	---	---
Vitamina B2	---	40 mcg	0.17 mg	---	---
Niacina	--	---	1.8 mg	---	---
Vitamina C	---	20 mg	58.0 mg	16.32 mg	---
Acido Ascórbico	10.0 mg	---	---	16.0 mg	---
Tiamina	0.05 mg	---	---	---	---
Riboflavina	0.05 mg	---	---	---	---
PP	0.50 mg	---	---	---	---
Carotenoides	2.0 mg	---	---	2.24 g	---
Fibra	---	---	1.5 g	---	---
Ceniza	---	---	1.6 g	2.80 g	---
Valor energético	---	17 cal	26.0 kcal	---	---
Aceite	---	---	---	---	39 %
Azufre	10 mg	---	---	---	---
Fósforo	30 mg	21 mg	96.0 mg	12.38 mg	1 %
Sodio	3 mg	---	---	---	---
Potasio	400 mg	---	---	37.63 mg	---
Magnesio	10 mg	---	---	---	---
Calcio	21 mg	18 mg	127.0 mg	79.0 mg	---
Hierro	0.8 mg	0.6 mg	5.8 mg	6.50 mg	---
Zinc	0.21 mg	---	---	---	---

Fuente: ^a: Japon, 1981, ^b: Maroto, 1989, ^c: INCAP-ICNND, 1961, ^d: Montalvo, 2001 y ^e: Lira, 1995.

Como puede observarse en el Cuadro 4, las partes comestibles de calabaza presentan un valor nutritivo alto. Las diferentes partes comestibles sobresalen en general por su alto contenido de Calcio, Fósforo, Tiamina, Riboflavina, Niacina y Ácido Ascórbico. El fruto maduro sobresale por su alto valor nutritivo. Las hojas de calabaza sobresalen por su alto contenido de proteína, lípidos, calcio, fósforo y vitamina C, aún por encima del contenido del fruto maduro. Aunque no se sabe cuánto logra absorber el cuerpo humano de estos nutrientes, la calabaza tiene cantidades altas, por lo que puede contribuir significativamente a la dieta. Un factor que puede afectar la cantidad de nutrientes utilizables de la hoja es la preparación. Por ejemplo, la vitamina C se ve disminuida al sobre cocinar las hojas.

La composición de las hojas de calabaza es relevante para la nutrición humana, ya que la vitamina C es importante para funcionamiento normal del organismo; y por ser antioxidante, se ha asociado a la prevención del cáncer. Además, la vitamina C puede ayudar a la absorción de hierro, cuya deficiencia es uno de los principales problemas nutricionales de Mesoamérica. Por otro lado, el β -caroteno es importante como fuente de vitamina A y también es un antioxidante que podría prevenir cáncer. La vitamina A aparte de ser esencial para la vista, también es importante durante el desarrollo embrionario y para la prevención de infecciones (OPS-ILSI, 1991). Por último, la proteína de las diferentes partes comestibles de la calabaza puede también contribuir a disminuir la deficiencia de este nutriente.

Resulta entonces contradictorio que plantas nativas como la calabaza, sean producidas y comercializadas a menor escala que plantas no nativas como la espinaca (*Spinacia oleracea* L.), acelga (*Beta vulgaris* L.) y lechuga (*Lactuca sativa* L.), las cuales son menos nutritivas (Cuadro 5).

Cuadro 5. Composición por 100 g de porción fresca de hojas comestibles.

Concepto	Calabaza	Espinaca	Acelga	Lechuga
Proteína (g)	4.2	2.8	1.6	1.0
Grasa (g)	0.4	0.7	0.4	0.1
Carbohidratos (g)	3.4	5.0	5.6	3.0
Fibra (g)	1.5	0.7	1.0	0.5
Ceniza (g)	1.6	1.8	1.6	0.4
Calcio (mg)	127.0	60.0	110.0	16.0
Fósforo (mg)	96.0	30.0	29.0	23.0
Hierro (mg)	5.8	3.2	3.6	0.4
Vitamina A (mg)	0.8	1.2	0.9	---
Vitamina B1 (mg)	0.14	0.06	0.03	0.05
Vitamina B2 (mg)	0.17	0.17	0.09	0.03
Niacina (mg)	1.8	0.6	0.4	0.3
Vitamina C (mg)	58.0	46.0	34.0	7.0
Humedad (%)	90.0	90.0	91.0	96.0
Energía (kcal)	26.0	30.0	27.0	13.0

Fuente: INCAP-ICNND, 1961.

5.4.5. Resultados de la selección para calidad de fruto maduro en calabaza

López (1999), al caracterizar la variación fenotípica en tres poblaciones de calabaza (*Cucurbita pepo* L.) para una población criolla de La Libertad, Puebla, mejorada durante dos ciclos de selección masal, encontró que las frecuencias de color anaranjado y anaranjado intenso fueron en conjunto de 20.5 % en el primer ciclo de selección y pasaron con el segundo ciclo de selección a 48 %, más del doble. Los frutos de pulpa con sabor insípido se redujeron de un 55.7 a un 12 %, mientras que los sabores dulces y muy dulce pasaron de 44.3 a un 88 %.

Márquez (1999), al realizar dos ciclos de selección combinada en calabaza (*Cucurbita pepo* L.) bajo el sistema milpa, encontró que predominaban en un 50 % los colores amarillo claro y blanco en el primer ciclo de selección, mientras que para el segundo año de selección encontró un 62 % de frutos con colores anaranjado intenso y anaranjado. Un comportamiento similar encontró en sabor de pulpa, al pasar de un 30 a 61 % en sabores muy dulces y dulces de un ciclo de selección al siguiente.

Sánchez (1999) realizó tres ciclos de selección combinada en una variedad criolla de calabaza pipiana (*Cucurbita argyrosperma* Huber var. *Stenosperma*) y encontró que los colores anaranjado intenso y amarillo intenso no estaban presentes en la población y después de tres ciclos de selección se encontraban en un 31.25 %; el color amarillo verdoso y verde pálido estaban en un 67.33 % en el primer ciclo y para el tercer ciclo pasaron a un 28.12 %. El sabor dulce pasó de 0 a 10.94 %.

5.4.5. Resultados de la selección para calidad de fruto maduro en calabaza

López (1999), al caracterizar la variación fenotípica en tres poblaciones de calabaza (*Cucurbita pepo* L.) para una población criolla de La Libertad, Puebla, mejorada durante dos ciclos de selección masal, encontró que las frecuencias de color anaranjado y anaranjado intenso fueron en conjunto de 20.5 % en el primer ciclo de selección y pasaron con el segundo ciclo de selección a 48 %, más del doble. Los frutos de pulpa con sabor insípido se redujeron de un 55.7 a un 12 %, mientras que los sabores dulces y muy dulce pasaron de 44.3 a un 88 %.

Márquez (1999), al realizar dos ciclos de selección combinada en calabaza (*Cucurbita pepo* L.) bajo el sistema milpa, encontró que predominaban en un 50 % los colores amarillo claro y blanco en el primer ciclo de selección, mientras que para el segundo año de selección encontró un 62 % de frutos con colores anaranjado intenso y anaranjado. Un comportamiento similar encontró en sabor de pulpa, al pasar de un 30 a 61 % en sabores muy dulces y dulces de un ciclo de selección al siguiente.

Sánchez (1999) realizó tres ciclos de selección combinada en una variedad criolla de calabaza pipiana (*Cucurbita argyrosperma* Huber var. *Stenosperma*) y encontró que los colores anaranjado intenso y amarillo intenso no estaban presentes en la población y después de tres ciclos de selección se encontraban en un 31.25 %; el color amarillo verdoso y verde pálido estaban en un 67.33 % en el primer ciclo y para el tercer ciclo pasaron a un 28.12 %. El sabor dulce pasó de 0 a 10.94 %.

5.5. MATERIALES Y MÉTODOS

5.5.1. Material genético inicial

El material genético estuvo constituido por una variedad de calabaza tipo 'Round Zucchini' acriollada. Dicha variedad se sometió a un proceso de acriollamiento, aplicando selección masal empírica desde 1988 en Los Reyes Acatlixhuayan por el agricultor cooperante el Sr. Nolberto Cristalinas, quien no llevó a cabo un control del avance genético logrado.

La planta es de crecimiento compacto y la cosecha se inicia 55 días después de la siembra, el fruto es verde claro y de forma redonda. Se aplicó selección participativa en la misma comunidad por Ayala (1999) en 1997, durante tres ciclos. En el ciclo 1 (1997) y 3 (1999) se aplicó selección masal visual; mientras que en el ciclo 2 (1998) se aplicó selección combinada de medios hermanos maternos.

5.5.2. Obtención del material experimental

El material experimental se obtuvo seleccionando las 120 mejores familias de medios hermanos maternos del ciclo (P-V de 1997) de selección masal visual. En este material se hizo selección masal durante dos ciclos (1997 y 1999) y selección combinada en otro (1998). Es decir, el compuesto resultante del ciclo

de selección masal realizada en 1999 sirvió como partida para darle continuidad al proceso de selección combinada. Los tres ciclos anteriores aplicados por Ayala (1999) serán retomados en este trabajo para analizarlos de manera conjunta con los ciclos de selección del 2000 y del 2001.

5.5.3. Evaluación del material genético

Se formaron 120 FMHM, que se evaluaron en condiciones de temporal. Cada familia se sembró en un surco de 25 metros de longitud con matas de cuatro plantas cada una espaciada a un metro de distancia y la distancia entre surcos fue de 0.80 m. Se sembraron cuatro semillas por mata y se aclaró a tres plantas por mata. La siembra se llevó a cabo durante el ciclo de primavera verano de 2000 (17 de abril) y 2001 (28 de abril). Para medir los cambios en las frecuencias fenotípicas para calidad de fruto maduro en campo se tomó una muestra aleatoria de 6 frutos por familia. Las evaluaciones se llevaron a cabo en Los Reyes Acatlixhuayan, Municipio de Temamatla, Estado de México; ubicado geográficamente a 19° 16' de latitud Norte y 98° 54' de longitud Oeste, a una altura sobre el nivel del mar de 2240 metros. El clima es templado subhúmedo con lluvias en verano (García, 1988). La temperatura media anual es 15.1° C; la precipitación promedio anual es 656.9 mm. El suelo de esta región está constituido por terrenos volcánicos y aluviones del plioceno.

5.5.4. Toma de datos

Peso de fruto individual (PEF en kg). El peso individual de cada fruto se realizó en una báscula tipo reloj.

Altura de fruto (ALF en cm). La altura de fruto se midió como la longitud desde la base de la parte apical, con una regla de 30 cm, poniéndola a lo largo del fruto.

Ancho de fruto (ANF en cm). El ancho de fruto se registró luego de partir el fruto en su parte ecuatorial. Una vez partido, se midió el diámetro con una regla de 30 cm.

Grosor de pulpa (GRP en cm). Este caracter se registró en los frutos de calabaza ya partidos transversalmente a la mitad. Se realizó con una regla de 30 cm colocándola desde donde empieza la pulpa; es decir, por debajo de la cascara (pericarpio) y hasta la parte interior donde limita con la placenta.

Color de pulpa (COP). Se determinó la frecuencia de frutos por familia, en forma visual para cada categoría de la siguiente escala: 1: anaranjado intenso; 2: anaranjado; 3: amarillo intenso; 4: amarillo; 5: amarillo claro y 6: blanco. Así, se genera una relación inversa donde a menor calificación mayor calidad del fruto, por color de pulpa más intenso.

Sabor de pulpa (SAP). Se midió degustando una porción de la misma una vez que el fruto fue partido por mitad, considerando la siguiente escala: 1: muy dulce; 2: dulce y 3: insípido.

Largo y ancho de semilla (LAS y ANS en cm). Para medir estos dos caracteres se colocaron cinco semillas formadas a lo largo y las mismas formadas a lo ancho y se midieron con una regla de 30 cm.

Peso seco de semilla por fruto (PSS en g). Una vez extraída la semilla del fruto se procedió a secarla mediante exposición directa al sol y posteriormente se pesó con ayuda de una báscula digital con capacidad de 6 kg.

5.5.5. Regresión lineal simple

La respuesta a la selección calculada mediante la regresión de las frecuencias de frutos por cada categoría de la escala de color y sabor sobre ciclos de selección, se obtuvo con el siguiente modelo:

$$\hat{Y}_i = \hat{\beta}_0 + \hat{\beta}_1 X_i$$

donde:

$\hat{Y}_i$ = valor predicho del caracter de interés (variable dependiente),

X_i = i-ésimo ciclo de selección,

$\hat{\beta}_0$ = estimador de la ordenada al origen y

$\hat{\beta}_1$ = estimador de la pendiente de la recta ó coeficiente de regresión

El coeficiente de regresión del modelo ($\hat{\beta}_1$) se interpretó como el avance genético (Δ_G) promedio por ciclo de selección, el cual se expresó como porcentaje de la variedad original mediante la siguiente expresión (Villanueva, 1998).

$$\Delta_G = (\hat{\beta}_1 / \bar{C}_0) \times 100$$

donde:

Δ_G = avance genético promedio por ciclo de selección,

$\bar{C}_0$ = media del carácter en la variedad original,

$\hat{\beta}_1$ = estimador del coeficiente de regresión lineal simple y

$$\hat{\beta}_1 = \frac{\sum (X_i - \bar{X})(Y_i - \bar{Y})}{\sum (X_i - \bar{X})^2}$$

donde:

X_i = i-ésimo ciclo de selección,

$\bar{X}$ = valor promedio del número de ciclos de selección,

Y_i = valor observado del carácter en estudio (variable dependiente) y

$\bar{Y}$ = valor promedio de la variable en estudio

5.5.6. Tamaño óptimo de muestra

Con el propósito de definir la muestra necesaria para estudiar de manera confiable cada carácter de la población, se determinó el tamaño óptimo de muestra para cada variable, con la siguiente fórmula (Gómez, 1977):

$n = \frac{Z_{\alpha/2}^2 S_N^2}{d^2}$; donde: n es el tamaño óptimo de muestra, $Z_{\alpha/2}^2$ es el valor de Z^2

de la distribución normal estándar tal que $Z_{\alpha/2}$ que delimita a la derecha de tal distribución un área de $\alpha/2$. Con $\alpha = 0.05$, $Z_{\alpha/2}^2 = 3.8416$, d^2 la precisión que se desea tener (5 % de la media del caracter de interés en una muestra preliminar) y S_N^2 la varianza de la muestra preliminar para cada caracter.

5.6. RESULTADOS Y DISCUSIÓN

5.6.1. Frecuencias fenotípicas

En los Cuadros 6 y 7 se presentan las frecuencias fenotípicas de color (COP) y sabor de pulpa (SAP) obtenidos durante los cinco años de evaluación para cada categoría definida en la escala, para mostrar los avances que se han obtenido en la variedad por el proceso de selección.

5.6.1.1. Color de pulpa

Como resultado del proceso de selección, las frecuencias fenotípicas para color de pulpa (COP) han mostrado un cambio positivo. Durante el primer y tercer ciclos se realizó selección masal visual, donde sólo frutos que presentaban pulpa con colores anaranjado y amarillo fueron seleccionados. En los ciclos dos, cuatro y cinco se realizó selección combinada con estructura de medios hermanos maternos.

Tomando como base el segundo ciclo de selección (combinada) se encontró una proporción de 12 % de frutos blancos en la variedad, la cual disminuyó a tan sólo 0.56 %, lo que significa que dicho color de pulpa de fruto prácticamente desapareció.

Cuadro 6. Cambios en las frecuencias fenotípicas relativas para calidad de fruto maduro (color de pulpa) en una variedad criolla de calabaza tipo 'Round Zucchini', por efecto de la selección. Los Reyes Acatlixhuayan, México 1997 - 2001.

Ciclo	Grosor de pulpa	Color de Pulpa^a						Total (%)
		Blanco	Amarillo Claro	Amarillo	Amarillo Intenso	Anaranjado	Anaranjado Intenso	
1997	2.28	0.0	0.0	13.33	0.0	86.67	0.0	100
1998	2.43	12.50	18.33	19.17	19.17	20.83	10.0	100
1999	2.48	0.0	0.0	4.20	4.20	16.60	75.0	100
2000	2.26	0.67	4.33	5.83	11.33	38.67	39.17	100
2001	2.43	0.56	4.62	3.36	3.92	38.66	48.88	100
β_1	0.013	-1.07	-0.48	-3.33	0.0	-7.82	12.69	
$\Delta_G(\%)$	0.57	-8.57	-2.60	-24.97	0.0	-9.02	126.93	

^a **Escala para color de pulpa:** 1: anaranjado intenso; 2: anaranjado; 3: amarillo intenso; 4: amarillo; 5: amarillo claro, y 6: blanco; β_1 : coeficiente de regresión lineal simple; Δ_G : avance genético promedio por ciclo de selección en por ciento.

En el año de 1998 el aparente retroceso se debió a que en este año se le dio énfasis al rendimiento de semilla por fruto en la selección; el cual fue compensado en 1999 cuando la selección nuevamente enfatizó la calidad por color y sabor de fruto, incrementándose notablemente el anaranjado intenso (75 %) (Cuadro 6).

Los frutos amarillos representaban el 56.6 % en 1998, mientras que para el año 2001 sólo alcanzaron el 11.9 %, lo cual significa una reducción de más del 44 % (Cuadro 6). Los colores amarillos junto con el color blanco no son apreciados en frutos destinados para la fabricación de dulces.

Se ha logrado un avance significativo en los colores deseados (anaranjado y anaranjado intenso). Los frutos de color claro en la pulpa se redujeron drásticamente y aumentó notablemente la frecuencia de los frutos del mejor color de pulpa, amarillo intenso.

En (1997), se tenía un 86.6 % de frutos que presentaban un color de pulpa anaranjado y no existían frutos con color de pulpa anaranjado intenso, esto se debió principalmente a la forma en que se seleccionaron los frutos en el primer ciclo. Para el segundo ciclo el color anaranjado se presentó en un 20.8 % y el anaranjado intenso en un 10 %. En el 2001 las frecuencias cambiaron de manera positiva, pues la frecuencia de frutos con pulpa de color anaranjado intenso en un alto porcentaje; el color anaranjado pasó de un 20.8 a un 38.6 % y el anaranjado intenso de un 10 a un 48.8 %. Así, los colores anaranjado y anaranjado intenso representan el 87.54 % dentro de la variedad y el resto (12.46 %) corresponde a los demás colores (Cuadro 6).

Al aplicar una regresión lineal simple a las diferentes categorías del carácter color de pulpa sobre ciclos de selección, se encontró que el color amarillo es la categoría que mayor pérdida mostró por ciclo de selección (-3.33; -24.97 %),

seguido de anaranjado (-7.82; -9.02 %), blanco (-1.07; -8.57 %), amarillo claro (-0.48; -2.60 %) y amarillo intenso no mostró cambio (0; 0 %). Mientras que el color anaranjado intenso es el único que mostró una ganancia de 126.93 % por ciclo de selección. Lo anterior muestra cómo las categorías menos deseadas se van reduciendo y como consecuencia la más deseada se incrementó, como en el caso del color anaranjado intenso (Figuras 1 y 2).

5.6.1.2. Sabor de pulpa

El sabor insípido pasó de un 14.1 % en 1997 a un 73.3 % para el año 1998. Este notable aumento se debió a que en 1998 se le dio mayor énfasis al rendimiento de fruto y semilla; durante este año los sabores dulce y muy dulce sólo representaban el 26.6 %. Para el quinto ciclo (año 2001) de selección, las frecuencias de sabores cambiaron drásticamente en forma positiva durante el proceso de selección. El sabor muy dulce pasó de un 2.5 % en 1998 a un 61 % y el sabor dulce pasó de un 24.1 % a un 36 % para el año 2001. El sabor insípido se redujo de 73.3 a tan sólo un 2.2 % lo cual representó una notable reducción de su frecuencia en la variedad (Cuadro 7). Dentro de las frecuencias de calidad de fruto maduro los sabores dulces y muy dulces han representado el mayor avance durante el proceso de selección, debido a que ya representan el 97.76 % dentro de la variedad contra sólo un 2.24 % en el sabor insípido (2001).

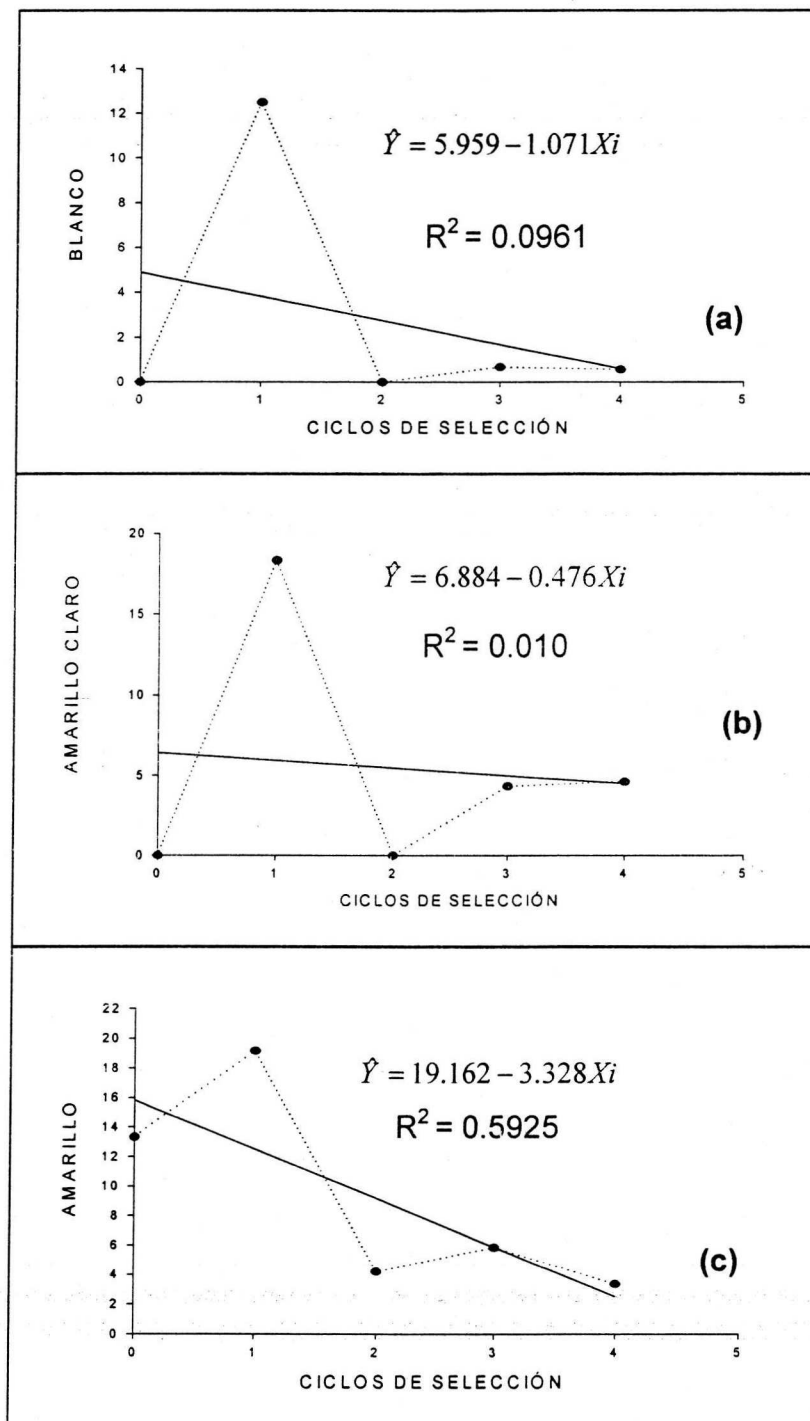


Figura 1. Regresión lineal simple sobre ciclos de selección combinada de medios hermanos maternos en una variedad local de calabaza (*Cucurbita pepo* L.) para color de pulpa. (a) blanco; (b) amarillo claro y (c) amarillo.

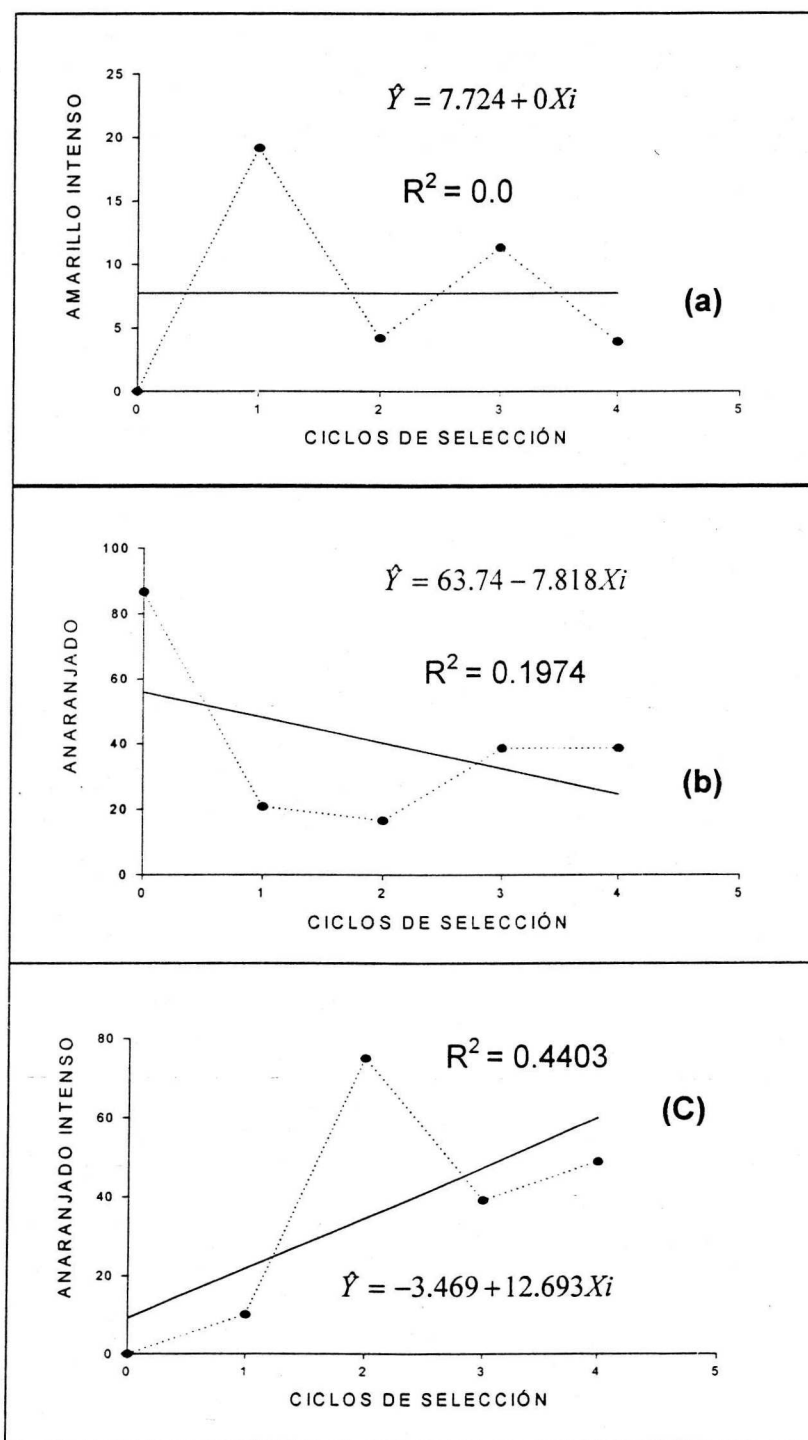


Figura 2. Regresión lineal simple sobre ciclos de selección combinada de Medios hermanos maternos en una variedad local de calabaza (*Cucurbita pepo* L.) para color de pulpa. (a) amarillo intenso; (b) anaranjado y (c) anaranjado intenso.

Hubo una pérdida en dos de las tres categorías evaluadas para sabor de pulpa. El sabor insípido de pulpa mostró una pérdida de 63.88 % y el sabor dulce se perdió un 6.76 % por ciclo de selección. En el sabor muy dulce de pulpa se apreció un avance genético muy alto en la frecuencia de frutos, ya que se obtuvo una ganancia de 349.35 % por ciclo de selección. La Figura 3 muestra las líneas de regresión de sabor insípido (a), dulce (b) y muy dulce (c) sobre ciclos de selección.

Cuadro 7. Cambios en las frecuencias fenotípicas para sabor de pulpa en el fruto maduro en una variedad criolla de calabaza tipo 'Round Zucchini', por efecto de la selección. Los Reyes Acatlixhuayan, México 1997 - 2001.

Año	Sabor de Pulpa ^a		
	Insípido	Dulce	Muy Dulce
1997	14.17	81.67	4.17
1998	73.33	24.17	2.50
1999	3.33	42.5	54.17
2000	6.67	60.33	33.0
2001	2.24	36.0	61.76
β_1	-9.052	-5.518	14.568
Δ_G (%)	-63.88	-6.76	349.35

^a Escala para sabor de pulpa: 1: muy dulce; 2: dulce y 3: insípido. β_1 : coeficiente de regresión lineal simple; Δ_G : avance genético promedio por ciclo de selección en porciento.

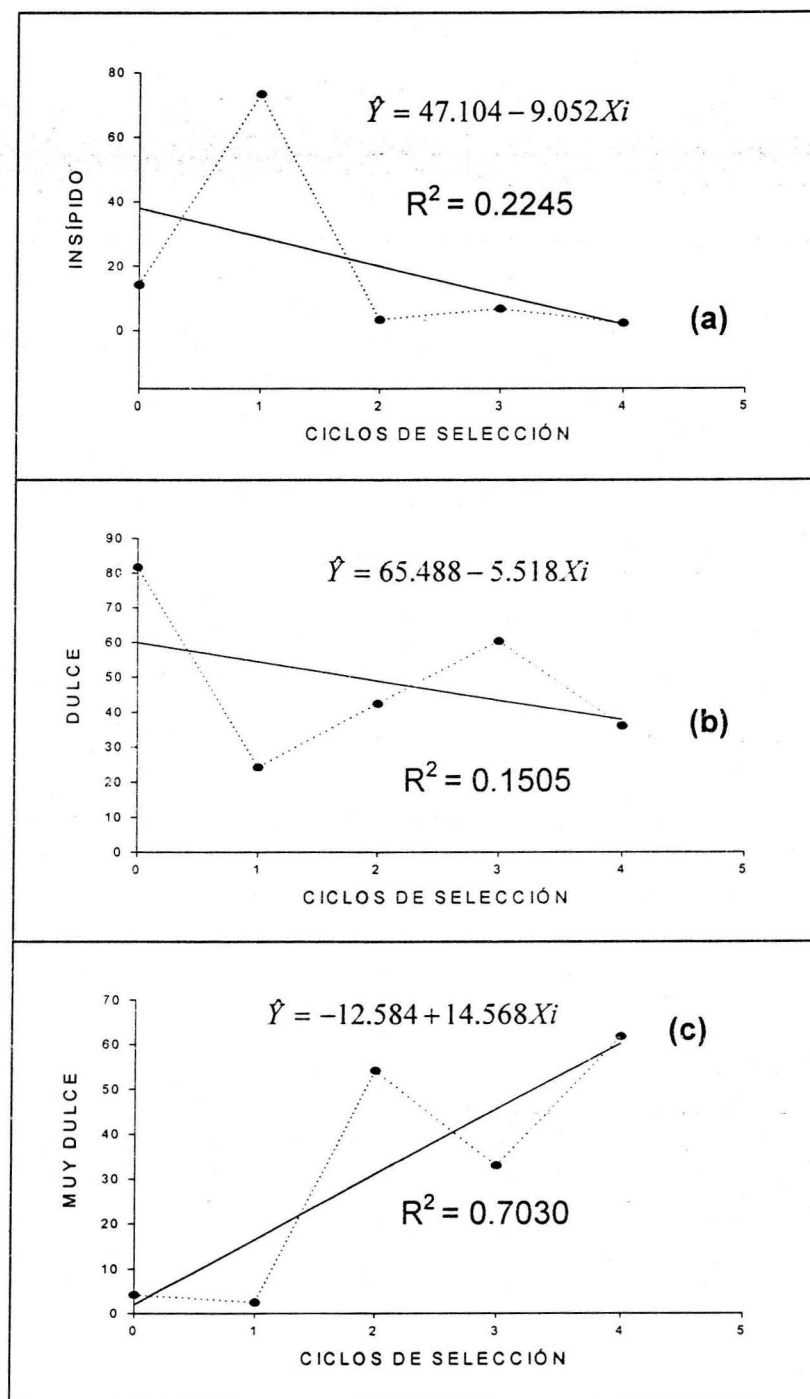


Figura 3. Regresión lineal simple sobre ciclos de selección combinada de medios hermanos maternos en una variedad local de calabaza (*Cucurbita pepo* L.) para sabor de pulpa. (a) insípido; (b) dulce y (c) muy dulce.

5.6.2. Tamaño óptimo de muestra

Los caracteres evaluados en este trabajo se dividieron en tres grupos respecto al tamaño de muestra, para los años 1997 y 2001 que corresponden al primero y al quinto ciclo de selección (Cuadro 8). En el primer grupo están los caracteres color (136; 545 individuos) y sabor de pulpa (55; 223 individuos), peso seco de semilla (33; 258 individuos) y peso individual de fruto (98; 314 individuos); dichos caracteres fueron los que requirieron la muestra más grande de individuos, debido a que son los más complejos (cuantitativos) en esta población.

En el segundo grupo están el alto (24; 76 individuos) y ancho de fruto (17; 46 individuos) así como el grosor de pulpa (29; 105 individuos). Estos caracteres requirieron un tamaño de muestra intermedio. Por último, en el tercer grupo se encuentra el largo (4; 14 individuos) y ancho de semilla (1; 27 individuos), donde los caracteres requirieron una muestra pequeña de frutos. Esto se debe a que dichos caracteres presentaron menor variabilidad genética por ser menos complejos que los dos grupos anteriores.

En algunos caracteres de los dos últimos ciclos (2000 y 2001) evaluados, los tamaños de muestra disminuyeron en el año 2001 en la mayoría de ellos, excepto para los caracteres ancho de semilla, color y sabor de pulpa, los cuales sí mostraron un incremento en su tamaño de muestra (Cuadro 8). La reducción de los tamaños de muestra pudo deberse a la reducción de la varianza genética aditiva por efecto de la selección en la población.

Cuadro 8. Media ($\bar{X}$), desviación estándar (σ) y tamaño óptimo de muestra (η) para nueve caracteres en una variedad local de calabaza tipo 'Round Zucchini'. Los Reyes Acatlixhuayan, México 1997 - 2001.

Años		PEF	ALF	ANF	GRP	COP	SAP	ALS	ANS	PSS
1997	$\bar{X}$	1.97	11.20	18.63	2.28	1.12	2.05	9.31	4.27	65.55
	σ	0.50	1.68	2.23	0.35	0.33	0.46	0.56	0.21	15.18
	η	98	35	19	37	136	80	6	4	33
1998	$\bar{X}$	2.23	12.17	19.72	2.43	3.52	2.71	10.26	4.60	67.46
	σ	0.76	2.67	2.41	0.49	1.55	0.51	0.75	0.35	118.0
	η	181	74	24	64	298	55	9	1	118
1999	$\bar{X}$	2.48	13.31	20.46	2.48	1.38	1.49	10.63	4.71	95.75
	σ	0.71	1.72	2.43	0.34	0.76	0.57	0.93	0.44	33.36
	η	126	26	22	29	466	225	12	14	187
2000	$\bar{X}$	1.81	12.50	17.41	2.26	1.99	1.74	10.23	4.59	58.78
	σ	0.82	2.77	2.99	0.59	1.11	0.57	0.95	0.49	24.05
	η	314	76	46	105	480	127	14	18	258
2001	$\bar{X}$	2.21	11.60	19.66	2.43	1.78	1.40	10.37	4.50	73.20
	σ	0.67	1.46	2.07	0.48	1.06	0.54	0.93	0.59	23.55
	η	141	24	17	61	545	223	13	27	160

PEF: peso de fruto; ALF: altura de fruto; ANF: ancho de fruto; GRP: grosor de pulpa; COP: color de pulpa; SAP: sabor de pulpa; LAS: largo de semilla; ANS: ancho de semilla; PSS: peso seco de semilla. **Escala:** Sabor de pulpa: 1: muy dulce; 2: dulce y 3: insípido. Color de pulpa: 1: anaranjado intenso; 2: anaranjado; 3: amarillo intenso; 4: amarillo; 5: amarillo claro y 6: blanco.

Los caracteres largo (LAS; 14, 13 individuos) y ancho de semilla (ANS; 18, 27 individuos) (Cuadro 8) fueron los que presentaron menor tamaño de muestra en ambos ciclos de selección; mientras que el color de pulpa (COP) fue el que presentó los valores más altos, con 480 y 545 individuos. Lo anterior indica que dicho carácter es el que presenta la mayor variabilidad dentro de la población. El principal objetivo para determinar los tamaños óptimos de muestra es conocer el número de individuos requeridos para estudiar de manera representativa y confiable a una población.

De acuerdo con lo anterior, se puede establecer que sí se estudió de manera representativa la población, debido a que se midieron 750 individuos en cada ciclo de selección, ya que el carácter que necesita la muestra más grande no rebasa los 550 individuos. Gómez (1977) menciona que a mayor variabilidad (σ_x^2), precisión (d) y confiabilidad (α), se requiere mayor tamaño de muestra; por eso los caracteres más complejos (más cuantitativos) requieren mayor tamaño de muestra.

5.7. CONCLUSIONES

Con base en los resultados, se llegó a las siguientes conclusiones:

En calidad de fruto maduro, a juzgar por el sabor dulce y el color intenso de la pulpa, se lograron importantes avances, como resultado del proceso de selección a la que se sometió la variedad.

La única categoría del color de pulpa de fruto que mostró ganancia por ciclo de selección fue el anaranjado intenso con un 80.8 % por ciclo de selección.

El color de pulpa amarillo fue el que mayor pérdida registró por ciclo de selección (24.97 %). El color anaranjado (9.02 %) y el color blanco (8.57 %) mostraron una pérdida muy similar por ciclo de selección, mientras que el color amarillo claro fue el que menor pérdida mostró (2.60 %) por ciclo de selección.

El carácter sabor de pulpa también se vio favorecido con el proceso de selección, debido a que los sabores dulces y muy dulces se incrementaron y los insípidos se redujeron de manera significativa.

La categoría muy dulce ha mostrado un avance muy positivo, ya que se incrementó un 349.35 % por ciclo de selección.

El sabor insípido disminuyó 63.88 %, mientras que el sabor dulce solo disminuyó un 6.76 % por ciclo de selección.

Se logró estudiar de manera representativa la población, debido a que se midieron 750 individuos en cada ciclo de selección. Los caracteres color (136; 524 individuos) y sabor de pulpa (55; 225 individuos) fueron los que requirieron mayor tamaño de muestra, ya que son los más complejos. En contraste, largo (4; 14 individuos) y ancho de semilla (1; 27 individuos) fueron los que requirieron de menor tamaño de muestra para poder estudiar su variabilidad dentro de la población.

5.8. LITERATURA CITADA

- Bemis, W. P. *et al.* 1967. Oil composition of *Cucurbita*. J. Am. Oil Chem. Soc. 44: 429-430.
- Cruces, C. R. 1987. Lo que México aportó al mundo. Panorama. México. 155 p.
- Cuevas, S., J. A. 1988. Recursos Fitogenéticos. Bases para su estudio y conservación. Departamento de Fitotecnia. Universidad Autónoma Chapingo. Chapingo, México. 213 p.
- Esquinas, A. Y Gulick, C. 1984. Genetic Resources of Cucurbitaceas. International Board For Plant Genetic Resources.
- FAO. 1998. Anuario de producción. Vol. 51. Roma Italia. pp. 130-131.
- Gómez, A., J. R. 1977. Introducción al muestreo. Tesis de Maestría en Ciencias. Especialista en Estadística. Colegio de Postgraduados. Montecillo, Texcoco, Edo. de México. 259 p.
- Guenkov, G. 1974. Fundamentos de Horticultura Cubana. Instituto Cubano del Libro. La Habana, Cuba. Pp. 169-177.
- Hernández, F. 1946. Historias de las Plantas de Nueva España. Imprenta Universitaria. UNAM.
- Hernández, B., G. 1978. Cucurbitaceas. *In*: Recursos Genéticos Disponibles a México. T. Cervantes S. (ed.). SOMEFI. Chapingo, México. pp. 357-667.
- INCAP-ICNND. 1961. Tabla de composición de alimentos para América Latina. Instituto de Nutrición de Centroamérica y Panamá (INCAP), Guatemala.
- Japón, Q. J. 1981. Cultivo de calabazas. Ministerio de Agricultura. Publicaciones de Extensión Agraria. Madrid, España. pp. 19.

- Lira, S., R. 1995. Estudios Taxonómicos y Ecogeográficos de las Cucurbitaceas Latinoamericanas de Importancia Económica. Systematic and Ecogeographic Studies on Crop Genepools. 9. International Plant Genetic Resources Institute, Roma, Italia. 281 p.
- Lira, R. and R. Torres. 1993. La familia cucurbitaceae en el Estado de Oaxaca. *In: Resúmenes XII Congreso Mexicano de Botánica* (pp. 144). Soc. Bot. México. Mérida, Yucatán.
- López, M., A. 1999. Caracterización de la variación fenotípica y respuesta a la selección masal en tres poblaciones de calabaza (*Cucurbita pepo* L.) de la Sierra Norte de Puebla bajo el sistema milpa. Tesis de Licenciatura. Departamento de Fitotecnia. Universidad Autónoma Chapingo. Chapingo, México. 46 p.
- Maroto, B., J. V. 1989. Horticultura Herbácea Especial. Mundi-Prensa. Madrid, España. 566 p.
- Meneses, M., I. 1999. Componentes de varianza genética y respuesta a la selección combinada en calabaza *Cucurbita pepo* L. bajo el sistema milpa. Tesis de Maestría. Especialista en Horticultura. Departamento de Fitotecnia. Universidad Autónoma Chapingo. Chapingo, México. 95 p.
- Merrick, L. C. 1990. Systematics and Evolution of a Domesticated Squash, *Cucurbita argyrosperma*, and its Wild and Weedy Relatives. *In: Biology and Utilization of the Cucurbitaceae*. Bates, D. M., Robinson, R. W., and Jeffrey, C. (eds). Cornell University Press. Ithaca, N.Y.
- Montalvo, H., G. 2001. Evaluación de ocho variedades de calabaza (*Cucurbita* spp) para producción de flor y fruto como verdura. Tesis de Licenciatura. Departamento de Fitotecnia. Universidad Autónoma Chapingo. Chapingo, México. 68 p.
- OPS-ILSI. 1991. Conocimientos actuales sobre nutrición. 6ª ed. Organización Panamericana de la Salud-Instituto Internacional de Ciencias de la Vida, OPS-ILSI, Washington, D.C.

- Pérez, G., M.; Márquez S., F.; Peña L., A. 1997. Mejoramiento Genético de Hortalizas. Universidad Autónoma Chapingo. Universidad Autónoma Chapingo. Chapingo, Méx. 380 p.
- SAGAR. 1999. Anuario Estadístico de la Producción Agrícola de los Estados Unidos Mexicanos. Centro de Estadística Agropecuaria.
- Sánchez, H., M. A. 1999. Variación genética y respuesta a la selección combinada en una variedad de calabaza pipiana (*Cucurbita argyrosperma* Huber var. *stenosperma*). Tesis de Maestría. Especialista en Horticultura. Departamento de Fitotecnia. Universidad Autónoma Chapingo. Chapingo, México. 101 p.
- Villanueva, V., C. 1998. Respuesta a la selección masal visual estratificada rotativa e *in situ* en la variedad de maíz Zacatecas 58. Tesis de Maestría en Ciencias. Especialidad en Genética. Colegio de Postgraduados. Montecillo, México. 102 p.
- Yang, S. L. and T. Walters. 1992. Ethnobotany and the economic role of the Cucurbitaceae of China. *Econ. Bot.* 46: 349-367.

6. CONCLUSIONES GENERALES

En una variedad local de calabaza tipo 'Round Zucchini' sometida simultáneamente a un proceso de cinco años de selección y evaluación participativa, en Los Reyes Acatlixhuayan Estado de México, México, en donde el criterio de selección aplicado estuvo integrado por: plantas arbustivas y precoces, productoras de frutos sin costillas ó costillas desvanecidas; rendimiento (peso) de fruto y semilla, y color, sabor y grosor de pulpa de fruto maduro,

la varianza genética aditiva se redujo visiblemente de un ciclo a otro de selección-evaluación en todos los caracteres estudiados según datos de los dos últimos años (2000 y 2001), excepto en sabor de pulpa y ancho de semilla. Similarmente, el coeficiente de variación genético aditivo se ha reducido en todos los caracteres evaluados, excepto en sabor de pulpa y ancho de semilla. La varianza genética total, estuvo determinada en su mayor parte, por los efectos aditivos de los genes (σ_A^2), en todos los caracteres. Sin embargo, los valores de heredabilidad encontrados en los dos últimos ciclos de selección, aún fueron altos. La magnitud de la heredabilidad resultó muy similar en los dos últimos ciclos (2000 y 2001) de evaluación-selección, la cual osciló entre 55 y 78 %, a través de los caracteres estudiados; implicando que es

factible seguir obteniendo respuesta a la selección en caracteres de interés agronómico como rendimiento de fruto y de semilla, y color de pulpa. Las correlaciones genéticas aditivas resultaron similares en magnitud y signo, a las correlaciones fenotípicas, durante los dos ciclos de selección. Las correlaciones fenotípicas y genéticas para peso de fruto y peso seco de semilla, en general fueron altas y positivas, con sus respectivos caracteres componentes. También se encontró correlación alta y positiva entre el color y sabor de pulpa del fruto maduro. Con datos de cinco años (1997-2001), en todos los caracteres estudiados se encontró ganancia genética debida a la selección, excepto en el caracter ancho de fruto, el que mostró pérdida. La calidad del fruto maduro, mejoró con el proceso de selección, debido a que la proporción de frutos con pulpa de color anaranjado intenso se incrementó en 126.9 %, por ciclo de selección; así también, se incrementó la frecuencia de frutos de sabor dulce y muy dulce; mientras que los frutos de sabor insípido se redujeron de manera significativa.

7. ANEXOS

Forma de obtención de los parámetros genéticos del año 2001 del Capítulo 2.

Cuadro 1A. Análisis de varianza para peso de fruto en las 120 FMHM. Los Reyes Acatlixhuyan, Edo. de México. 2001

FV	DF	SC	CM	F	Pr > F
Familia	99	98.4693	0.8344	2.25	0.0001
Error	500	220.7238	0.3709		
Total	599	319.1932			

Cuadro 11. Componentes de varianza para 120 familias (hilera 1,2 y 3) y Zucchini tala (hilera 4, 5 y 6). 2001

FV	DF	CM	E(CM)
Familia	118	0.077	$\sigma_n^2 + n\sigma_f^2$
Error	595	0.371	σ_n^2
Total	713	0.448	
Surco	17	0.073	$\sigma_w^2 + n\sigma_f^2$
Error	90	0.167	σ_w^2
Total	107	0.237	

Estimadores de varianza

Varianza entre familias

$$\hat{\sigma}_f^2 = \left(\frac{M_1 - M_2}{n} \right) = (0.8344 - 0.3709 / 6) = 0.07725$$

Varianza aditiva

$$\hat{\sigma}_A^2 = 4\hat{\sigma}_f^2 = 4 (0.07725) = 0.309$$

Varianza de dominancia

$$\hat{\sigma}_D^2 = (M_2 - M_2^*) - 3 [(M_3 - M_2) / n]$$

$$\hat{\sigma}_D^2 = (0.371 - 0.167) - 3 [(0.835 - 0.371) / 6] = -0.028$$

Varianza intraparcelar

$$\hat{\sigma}_W^2 = 0.3709$$

Heredabilidad en sentido estricto

$$h^2 = \frac{\hat{\sigma}_f^2}{\hat{\sigma}_{PB}^2} = \left[\frac{\left(\frac{M_1 - M_2}{n} \right)}{\left(\frac{M_1}{n} \right)} \right] = [((0.8344 - 0.3709) / 6) / (0.8344 / 6)] = 55.54 \%$$

Estimación de la Respuesta a la Selección Combinada

$$R_{SCMH} = [i_b (\hat{\sigma}_A^2 / 8) / \hat{\sigma}_{PB}] + [i_w (3 \hat{\sigma}_A^2 / 8) / \hat{\sigma}_{PW}] \text{ donde } i_b = 1.10485, i_w = 0.798$$

$$R_{SCMH} = [(1.10485) (0.0386) / (0.373)] + [(0.798) (0.4069) / (0.6091)] = 0.6475$$

Tamaño óptimo de muestra

$$n = \frac{Z_{\alpha/2}^2 S_N^2}{d^2} = (1.7199)^2 / (0.0122) = 141$$

Cuadro 3A. Programa de SAS para el análisis de varianza de 120 FMHM. Se hicieron seis mediciones individuales en cada familia. Los Reyes Acatlixhuayan, México. 2000–2001.

```
DATA A;  
INPUT FAM REP PEF ALF ANF GRP COP SAP PES LAS ANS;  
CARDS;  
.  
.  
.  
  
PROC PRINT;  
PROC SORT;  
BY FAM;  
PROC CORR;  
PROC NESTED;  
CLASSES FAM;  
PROC VARCOMP;  
CLASSES FAM REP;  
MODEL PEF ALF ANF GRP COP SAP PES LAS ANS=FAM;  
PROC ANOVA;  
CLASSES FAM REP;  
MODEL PEF ALF ANF GRP COP SAP PES LAS ANS=FAM;  
RUN;
```

Cuadro 4A. Programas de SAS para el análisis de regresión lineal de color y sabor de pulpa sobre ciclos de selección. Los Reyes Acatlixhuayan, México. 1997-2001.

DATA COLOR;

INPUT CICLO BL AMC AM AMI AN ANI;

CARDS;

.

.

.

PROC GLM;

MODEL BL AMC AM AMI AN ANI=CICLO;

RUN;

DATA SABOR;

INPUT CICLO IN DU MDU;

CARDS;

.

.

.

PROC GLM;

MODEL IN DU MDU=CICLO;

RUN;
