

**ESTIMACIÓN DE APTITUD COMBINATORIA GENERAL, APTITUD  
COMBINATORIA ESPECIFICA Y HETEROSIS EN SIETE LÍNEAS DE  
TOMATE (*Solanum lycopersicum* L.)**

**LUIS GUERRA ZITLALAPA**

**T E S I S**

**Presentada como Requisito Parcial para  
Obtener el Grado de:**

**MAESTRO EN CIENCIAS EN  
FITOMEJORAMIENTO**



**UNIVERSIDAD AUTÓNOMA AGRARIA  
“ANTONIO NARRO”**

*Buenavista, Saltillo, Coahuila, México.*

Noviembre de 2010.

**UNIVERSIDAD AUTÓNOMA AGRARIA ANTONIO NARRO**

**DIRECCIÓN DE POSTGRADO**

**ESTIMACIÓN DE APTITUD COMBINATORIA GENERAL, APTITUD  
COMBINATORIA ESPECIFICA Y HETEROSIS EN SIETE LÍNEAS DE  
TOMATE (*Solanum lycopersicum* L.)**

**TESIS**

**POR:**

**LUIS GUERRA ZITLALAPA**

Elaborada bajo la supervisión del Comité Particular de Asesoría y  
aprobada como requisito parcial para optar al grado de:

**MAESTRIA EN CIENCIAS EN  
FITOMEJORAMIENTO**

**C O M I T É   P A R T I C U L A R**

Asesor principal :

\_\_\_\_\_

Dr. Alfonso López Benítez

Asesor :

\_\_\_\_\_

Dr. Fernando Borrego Escalante

Asesor:

\_\_\_\_\_

Dr. Víctor M. Zamora Villa

\_\_\_\_\_

Dr. Fernando Ruíz Zárate  
Subdirector de Postgrado

Buenavista, Saltillo, Coahuila, México. Noviembre de 2010.

## AGRADECIMIENTOS

A mi “**Alma Terra Mater**” la **Universidad Autónoma Agraria “Antonio Narro”**. Por brindarme la oportunidad de realizar mis estudios de maestría a través del Departamento de Fitomejoramiento y con ello escalar un peldaño más en mi vida profesional.

**Al Consejo Nacional de Ciencia y Tecnología (CONACYT)**. Por el apoyo económico otorgado durante mi estancia en la maestría.

**Al Dr. Alfonso López Benítez**. Por su apoyo, confianza y su capacidad para guiar mis ideas ha sido un aporte invaluable, no solamente en el desarrollo de esta tesis, sino también en mi formación como Maestro en Ciencias.

**Al Dr. Fernando Borrego Escalante**. Por su dedicación, paciencia e invaluable cooperación en este trabajo. Y sobre todo por su valiosa amistad y apoyo brindado en todo momento.

**Al Dr. Víctor M. Zamora Villa**. Por su valiosa participación en este trabajo de investigación. Por las sugerencias, revisiones y correcciones al documento de tesis.

A la **Lic. Sandra Roxana López Betancourt**, por su valioso apoyo en la estructuración y edición del presente trabajo de investigación.

Al Sr. José Nicasio Velázquez Nava por su apoyo y colaboración en la toma de datos y trabajo de campo por su valiosa amistad.

A mis amigos y compañeros de generación: **Bricia, Guillermina, Lizardo, Arturo, Ismael y Luis Alberto**, por los momentos inolvidables que pasamos juntos, así también quiero mencionar a mis buenos amigos: Leonardo José Bautista Pérez, Mario A. Valdemar Tlazola, Pedro Guillen de la Cruz, Dr. Luis Patricio Guevara Acevedo, Dr. Ernesto Cerna Chávez y Fernando Barreto Olivar que de alguna forma participaron en mi desarrollo como persona, ya que aprendí algo nuevo de cada uno de ustedes gracias.

## DEDICATORIAS

Con mucho respeto y cariño, les dedico este trabajo a dos seres humanos excepcionales, que han dedicado su vida entera a la formación de sus hijos, a mis padres que con humildad y sencillez, me han formado como ser humano y me dieron la oportunidad de formarme como profesionista, por todo el apoyo y paciencia que han tenido conmigo desde que supieron mi deseo por alcanzar otra de mis metas.

A mi Padre:

J. Guadalupe Guerra Ramírez

Al hombre de figura fuerte, de mirada profunda, de pies y manos de trabajo, de expresión sincera a quien quiero y respeto y que gracias a su apoyo moral y económico me ayudó a concluir otra mas, de mis metas en mi vida profesional.

A mi Madre:

Minerva Zitlalapa Reyes

A quien le debo mi vida y lo que soy, siempre ha estado a mi lado cuando más la necesito, cuando me enseñó a caminar, ahora tras 25 años logró inculcar en mí el espíritu de superación, teniendo como muestra la culminación de una más de mis metas, gracias por tu sacrificio y esfuerzo, por tu apoyo moral y económico gracias por hacer de mi, un hombre de bien.

Por su confianza y amor, les reitero mi agradecimiento por darme la mejor de las herencias, una formación profesional, de la cual les estaré siempre agradecido.

A mi Pareja:

Claudia C. Velasco Gonzales

Con todo mi amor a la mujer que me ha enseñado el valor de la vida al lado de su pareja, gracias por estar conmigo por: comprenderme por escuchar uno mas de mis sueños, por estar conmigo en mis tristezas y alegrías, por motivarme a seguir luchando y alcanzar las metas que me propongo, mi objetivo era terminar la maestría y tu colocaste un granito de arena para que este sueño se cumpliera, gracias por tu apoyo incondicional por todo eso y más siempre te amare.

A mi Hijos:

Danna Guerra Velasco

Dylan Owen Donovan Guerra Velasco

Gracias hijos, por ser el punto principal de este proyecto, son la inspiración en cada momento de mi vida, gracias Dios por brindarnos estos pequeños angelitos.

A mi Hermana:

Guadalupe Guerra Zitlalapa

Por el cariño que nos tenemos y que me has brindado hasta el día de hoy, para quien espero, ser un buen ejemplo como hermano mayor.

A mi Hermano:

José Cándido Guerra Zitlalapa

Por tu apoyo y confianza que siempre me has brindado, para llegar a, alcanzar un sueño que parece inalcanzable pero que es posible y por los gratos momentos que conviví contigo, sabes que te estimo mucho a pesar de la distancia que nos separa.

**COMPENDIO**

**ESTIMACIÓN DE APTITUD COMBINATORIA GENERAL, APTITUD  
COMBINATORIA ESPECIFICA Y HETEROSIS EN SIETE LÍNEAS DE  
TOMATE (*Solanum lycopersicum* L.)**

POR:

**LUIS GUERRA ZITLALAPA**

**MAESTRIA EN CIENCIAS EN  
FITOMEJORAMIENTO**

**UNIVERSIDAD AUTÓNOMA AGRARIA ANTONIO NARRO**

**Buenavista, Saltillo, Coahuila, México. Noviembre 2010.**

**Dr. Alfonso López Benítez -- Asesor --**

**Palabras clave:** *Solanum lycopersicum* L., aptitud combinatoria general, aptitud combinatoria especifica, heterosis, componentes de rendimiento.

El presente trabajo de investigación, fue llevado a cabo para determinar los efectos genéticos mediante el análisis de la aptitud combinatoria se plantearon los siguientes objetivos: I) Estimar la Aptitud Combinatoria General (ACG) y Específica (ACE) de siete líneas de tomate saladette y sus cruzas para características agronómicas importantes en rendimiento. II) Estimar los efectos de heterosis promedio, varietal y específica, en líneas de tomate saladette. El material genético estuvo conformado por siete cultivares de tomate (*Solanum lycopersicum* L.) tipo saladette para las variables de rendimiento (REND), número total de frutos (NTF), peso promedio de fruto (PPF), longitud de fruto (LF), diámetro de fruto (DF) y días a inicio de floración (DIF) a partir de un cruzamiento dialélico (7 progenitores, 21 híbridos F<sub>1</sub> sin incluir los recíprocos); Los híbridos F<sub>1</sub> se produjeron en invernadero de la Universidad Autónoma Agraria Antonio Narro (UAAAN) en el ciclo primavera-verano 2009 y se evaluaron en el lote experimental de la U.A.A.A.N. en el ciclo primavera-verano 2010, mediante un diseño experimental de bloques completos al azar con cuatro repeticiones. En los cuadrados medios del análisis dialélico (Método II, Modelo I de Griffing, 1956) se encontraron diferencias altamente significativas para los efectos de ACG para todos los caracteres a excepción del carácter DIF que presentó diferencias significativas, y DF que no presentó diferencias estadísticas para ninguna fuente de variación. Para los efectos de ACE no se presentaron diferencias estadísticas para ninguna fuente de variación. El análisis de varianza bajo el modelo II de Gardner y Eberhart (1966) demostró la diferencia entre progenitores y sus cruzas, así como los diferentes efectos de heterosis, se observó que para la fuente de variación genotipos, se presentaron diferencias altamente significativas para las variables NTF, PPF y significativas para REND, LF y DIF. Para las variables NTF, REND, PPF y LF se observó que en la fuente de variación variedades presentaron diferencias altamente significativas no siendo así para la variable DIF que presentó diferencia significativa. Para la fuente de variación heterosis no se presentó diferencia estadística para todas las variables evaluadas. El análisis Cluster con todas las variables evaluadas y estimaciones de ACG y ACE para progenitores y cruzas,

agrupó los genotipos en cuatro grupos, el primer grupo se formó por el genotipo que presentó los valores más bajos para ACG y ACE para las variables de rendimiento y variables fenológicas, el segundo grupo se conformó por materiales que presentaron los mejores valores para ACG y ACE al igual que para las variables NTF, REND y DIF, el tercer grupo estuvo compuesto por genotipos que presentaron valores bajos para ACG y ACE esto se observó reflejado en las variables NTF y REND por lo contrario para DIF este grupo presentó valores altos presentando materiales tardíos, para el agrupamiento cuatro se distinguió por presentar genotipos con los mejores valores de ACG y ACE para PPF, LF, DF y valores intermedios para DIF demostrando precocidad en algunos genotipos de este grupo. En este estudio los caracteres de rendimiento se determinaron principalmente por efectos de ACG, los cuales fueron superiores a los de ACE, las líneas que mostraron el mayor efecto de ACG y el mayor rendimiento en la comparación de medias, pueden ser usadas en un programa de mejoramiento genético, diseñado para explotar la acción génica aditiva en forma exitosa. La línea IR17 mostró la mayor ACG y las más altas combinaciones híbridas en esta investigación, se recomienda para ser utilizada en un programa de mejoramiento donde se aprovechen principalmente los efectos aditivos para mejorar el rendimiento.



**ABSTRACT**

**ESTIMATION OF GENERAL COMBINING ABILITY, SPECIFIC COMBINING  
ABILITY AND HETEROSIS IN SEVEN LINES OF  
TOMATO (*SOLANUM LYCOPERSICUM* L.)**

**By:**

**LUIS GUERRA ZITLALAPA**

**MASTER OF SCIENCE IN  
PLANT BREEDING**

**UNIVERSIDAD AUTÓNOMA AGRARIA ANTONIO NARRO**

**Buenavista, Saltillo, Coahuila, México. Noviembre 2010.**

**Dr. Alfonso López Benítez -- Advisor --**

*Key Words:* *Solanum lycopersicum* L., general combining ability, specific combining ability, heterosis, yield components.

This research study was conducted to determine the genetic effects through analysis of combining ability. The objectives were I). Estimate the General Combining ability (GCH) and specific combining ability (SCH) of seven lines of tomato Saladette and their crosses for agronomic traits important in yield, II). Estimate the average, varietal and specific heterosis effects in the same seven cultivars of tomato Saladette type (*Solanum lycopersicum*) for yield (REND), total number of fruits (NTF), average weight of fruits (PPF) length of fruits (LF), fruits diameter (DF), number of days to flowering (DIF) from a diallel cross (seven progenitors and 21 F1 hybrids, no reciprocal crosses were included). The f1 hybrids were obtained under green house conditions at the Universidad Autonoma Agraria Antonio Narro during the season spring-summer 2009 and evaluated in the field in the spring-summer 2010 season under a complete block experimental design with four replications. The means squared of the diallel genetic analysis of Griffing's 1956 Method II, model I showed highly significant differences in GCA for all traits but DIF that showed significant differences and DF that showed no significant differences for any of the traits. For SCA effects, no statistical differences were observed for any of the variation sources. The analysis of variance under model II of Gardner and Eberhart (1956) showed differences between progenitors and their crosses, as well as the different effects of heterosis. For genotypes there were highly significant differences for NTF, PPF and significant differences for REND, LF and DIF. For NTF, REND, PPF and LF there were highly significant differences and significant differences for DIF. For heterosis variation source no statistical differences were observed for any of the variables evaluated. The cluster analysis for all variables evaluated and estimations of GCA and SCA for progenitors and crosses, grouped genotypes into four groups, the first one was constituted with the genotype that presented the lowest values for GCA and SCA for yield and phonologic variables. The second group was formed for those genotypes that showed the best values for GCA and SCA as well as for NTF, REND and DIF. A third group was formed for genotypes that showed low values for GCA and SCA which was reflected in variables NTF and REND, on the contrary for DIF this

group showed high values and late materials. Group four showed genotypes with the best GCA and SCA values for PPF, LF, DF and intermediate values for DIF and earliness in some genotypes of this group. In this study the traits for yield were determined mainly for GCA effects which were higher than those for SCA. Genotypes that showed the higher effect of GCA and the higher yield as indicated by the mean test can be utilized in a genetic breeding program designed for take advantage of the additive gene action in a successfully way. Genotype IR 17 showed the highest GCA and the best hybrid combinations. It is recommended being utilized in a breeding program where the additive effects be mainly taken advantage of for yield.

## ÍNDICE DE CONTENIDO

Página

ÍNDICE DE CUADROS.....	xi
I. INTRODUCCIÓN.....	1
Objetivo.....	3
Hipótesis.....	3
II. REVISIÓN DE LITERATURA.....	4
Origen e historia.....	4
Importancia del cultivo de tomate en México.....	4
Efectos Genéticos.....	4
Heterosis.....	6
Cruzamientos dialélicos.....	7
Metodología de Griffing.....	9
Programas computacionales para análisis dialélicos.....	10
Modelo de Gardner y Eberhart.....	10
III. MATERIALES Y MÉTODOS.....	15
Localización del área de estudio.....	15
Material genético.....	15
Etapa 1.....	16
Manejo agronómico.....	16
Siembra de materiales progenitores.....	16
Riego.....	16
Fertirrigación.....	17
Poda.....	17
Colocación de tutorado.....	17
Control de plagas y enfermedades.....	18
Programa de cruzamientos.....	18
Cosecha de semilla híbrida.....	18
Etapa II.....	18
Manejo agronómico.....	18
Establecimiento del experimento.....	19
Siembra de semilla híbrida.....	19
Trasplante.....	19
Fertirrigación.....	19
Riego.....	20
Poda.....	20
Colocación de tutorado.....	20
Cosecha.....	21
Variables evaluadas.....	22
Variables cuantitativas de rendimiento.....	22

VARIABLES FENOLÓGICAS.....	22
Unidad experimental.....	23
Diseño genético.....	23
Heterosis media.....	25
Heterosis varietal.....	25
Heterosis específica.....	25
Prueba de medias.....	26
Análisis cluster.....	26
Procesamiento Estadístico.....	26
IV. RESULTADOS Y DISCUSIÓN.....	27
V. CONCLUSIONES.....	48
VII. LITERATURA CITADA.....	49

## ÍNDICE DE CUADROS

Página

Cuadro 3.1	Líneas de tomate utilizadas como progenitores, en los cruzamientos dialélicos.....	15
Cuadro 4.1	Cuadrados medios y significancia de los análisis dialélicos de 7 progenitores de tomate y sus 21 cruzas evaluadas en la localidad de Saltillo, Coahuila en el ciclo p-v 2010.....	29
Cuadro 4.2	Estimación de los efectos de aptitud combinatoria general (ACG) de siete líneas progenitoras de tomate del cruzamiento dialélico evaluado en Buenavista, Saltillo, Coah., durante el ciclo p-v 2010.....	31
Cuadro 4.3	Estimación de los efectos de aptitud combinatoria específica (ACE) de 21 híbridos F <sub>1</sub> evaluados en Buenavista, Saltillo, Coah., durante el ciclo p-v 2010.....	33
Cuadro 4.4	Cuadrados medios del análisis de varianza de siete líneas de tomate y sus 21 cruzas para características de rendimiento y fenológicas analizadas bajo el modelo II de Gardner y Eberhart (1966).....	35
Cuadro 4.5	Estimaciones de heterosis promedio ( $\bar{h}$ ), varietal ( $h_j$ ) y específica ( $S_{jj}$ ) para las características de rendimiento y fenológicas bajo el modelo II de Gardner y Eberhart (1966).....	38
Cuadro 4.6	Estructura de la heterosis de las mejores cuatro cruzas de cada variable de acuerdo al valor más alto de heterosis específica.....	40
Cuadro 4.7	Comparación de medias de siete líneas de tomate y sus 21 cruzas para características de rendimiento y fenológicas analizadas con la prueba de Diferencia Mínima Significativa.....	43
Cuadro 4.8	Períodos de cosecha de las variables fenológicas de siete líneas de tomate y sus 21 cruzas de tomate tipo Saladette en campo.....	47

## ÍNDICE DE FIGURAS

Página

Cuadro 4.1	Dendograma que muestra la agrupación de siete líneas y 21 cruzas de tomate basado en variables fenotípicas y genotípicas.....	45
------------	---	----

## I. INTRODUCCIÓN

El tomate (*Solanum lycopersicum* L.) de la familia de las solanáceas, es una planta originaria de América del Sur. Sin embargo se considera a México como centro de su domesticación. A partir de la llegada de los españoles, se dio a conocer a Europa y de ahí a todo el mundo, por lo que en la actualidad es un cultivo cosmopolita.

Por su amplia capacidad de adaptación y su rendimiento, así como su comercialización y difusión lograda y las posibilidades futuras de mejora por vía genética, hacen de éste uno de los cultivos más importantes en la dieta alimenticia de varias culturas en el mundo.

En la actualidad, debido a la gran cantidad de divisas que genera en los países productores, es el segundo producto hortícola de consumo que, junto con la papa, aportan el 50% de la producción mundial de hortalizas, lo cual indica el enorme valor que representa este cultivo, no solo en el comercio interno sino el sistema alimentario mundial.

La distribución de la producción a nivel mundial de tomate en el 2008 fue: China con 26.1 por ciento, Estados Unidos de Norteamérica con 10.5 por ciento, Turquía con 8.4 por ciento, India con 7.9 por ciento, y México 2.26 por ciento. A nivel mundial se tenían sembradas 5,227,883 ha con una producción de 129,649,883 t (FAO, 2010).

Según cifras del Servicio de Información Estadística Agroalimentaria y Pesquera (SIAP, 2010) de la Secretaría de Agricultura, Ganadería, Desarrollo Rural, Pesca y Alimentación (SAGARPA), la producción total anual mexicana de tomate tipo saladette en el año 2008 es fue 1,273,964.72 t siendo este el



resultado de la siembra de 36,894.98 ha con una media de producción de 35.41 t ha<sup>-1</sup> y un precio medio anual de \$4,624.59 t<sup>-1</sup> teniendo un valor total anual de \$ 5,891,560.3

Una de las alternativas para lograr un incremento en la producción por planta, es realizar evaluaciones de híbridos y variedades respecto a la aptitud combinatoria general y específica para los caracteres agronómicos más importantes.

El análisis de la aptitud combinatoria es una metodología utilizada para identificar progenitores con capacidad de transmitir sus caracteres deseables a su descendencia, identificar las mejores combinaciones híbridas y adquirir información sobre el tipo de acción génica que controla los diferentes caracteres agronómicos. Los conceptos de aptitud combinatoria general (ACG) y aptitud combinatoria específica (ACE), introducidos por Sprague y Tatum (1942), sirven para expresar el comportamiento promedio de una línea en sus combinaciones híbridas, y para designar las combinaciones que resultan mejor o peor de lo que se esperaría en relación con el promedio de la ACG de las dos líneas progenitoras (Reyes *et al.*, 2004).

Griffing (1956) propuso cuatro métodos para el análisis dialélico, los cuales son frecuentemente utilizados para estimar los efectos y varianzas de ACG y ACE, así como para el estudio genético de poblaciones biológicas e interpretación de la acción génica en caracteres cuantitativos de importancia agrícola (Gardner, 1963); de igual forma proporciona al mejorador las herramientas suficientes para discernir entre los programas de mejoramiento que se utilizarán en la obtención de genotipos superiores (Gardner y Eberhart, 1966).

La creación constante de nuevas variedades por medio de la mejora genética tiene como principal objetivo mejorar distintos aspectos como productividad, calidad y adaptación a distintas condiciones de cultivo (Cruz *et al.*, 2003). En tomate, como en otros cultivos, cuando se cruzan un par de progenitores con

alta habilidad combinatoria, se puede esperar heterosis alta. Considerando que la sección *Lycopersicon* del genero *Solanum* agrupa 13 especies herbáceas, de las cuales *Solanum lycopersicum* comprende una gran variedad de cultivares, es necesario cuantificar la variabilidad genética de materiales de importancia, para luego identificar los mejores progenitores que permitan producir líneas o híbridos superiores para cubrir un amplio rango de necesidades según el mercado al que se destine.

### **Objetivos**

1. Estimar la Aptitud Combinatoria General (ACG) y Específica (ACE) de siete líneas de tomate saladette y sus cruzas para características agronómicas importantes en rendimiento.
2. Estimar los efectos de heterosis promedio, varietal y específica, en líneas de tomate saladette

### **Hipótesis**

Existirán diferencias significativas en la variabilidad genética, en los valores de ACG, ACE y heterosis para características importantes de rendimiento entre progenitores y sus híbridos.

## II. REVISIÓN DE LITERATURA

### Origen e historia

El tomate está considerado como una hortaliza de uso diario, imprescindible y necesaria en el mundo culinario. La palabra “tomate”, tiene su origen en la palabra náhuatl “tomatl” que se aplicaba genéricamente para plantas con frutos globosos o bayas, con muchas semillas y pulpa acuosa (Williams, 1990).

El centro de origen del género *Lycopersicon* es la región andina que hoy comparten Colombia, Ecuador, Perú, Bolivia y Chile, zona en la que *Lycopersicon esculentum* (conocida más generalmente como *Solanum lycopersicum* L.) muestra la mayor variación genética (Warnock, 1991).

### Importancia del cultivo de tomate en México

El cultivo del tomate es una de las hortalizas más importantes en México ya que se cultiva en todo el país bajo una variedad de condiciones de clima y de cultivo. Para el año 2008, a nivel nacional se sembraron 57,248.08 ha donde se obtuvo una producción de 2,263,201.65 t con un valor total de la producción de \$ 12,699,612.99 siendo los principales estados productores: Sinaloa (27 por ciento), Michoacán (9.3 por ciento), Baja California Norte (6.5 por ciento), Veracruz (5.6 por ciento), San Luis Potosí (5.4 por ciento), SIAP (2010).

### Efectos Genéticos

Dada la importancia que tienen los mecanismos genéticos para los investigadores en mejoramiento de plantas, es importante conocer la variación

genética para los diferentes caracteres agronómicos al iniciar cualquier programa de mejoramiento genético (Chávez, 1995).

Mediante el conocimiento de la aptitud combinatoria de los progenitores, el mejorador logra una mayor eficiencia en su programa de mejoramiento, pues le permite seleccionar líneas con un buen comportamiento promedio en una serie de cruzamientos e identificar combinaciones híbridas específicas con un comportamiento superior a lo esperado, con base en el promedio de líneas que intervienen en el cruzamiento (Gutiérrez *et al.*, 2004).

Los efectos genéticos pueden ser favorables o desfavorables, según sea el carácter bajo estudio, por lo cual es importante comprender mejor el mejoramiento genético de plantas, principalmente la terminología de efectos genéticos que están relacionados con la herencia que se presentan en diversos caracteres, entre éstos se encuentran los efectos aditivos, siendo éstos los genes complementarios, no alelomorfos y que pueden alterar al mismo carácter, cuyos efectos son pequeños pero acumulativos, identificándose éstos como de herencia cuantitativa; también se encuentran los efectos de dominancia, que vienen siendo los genes que manifiestan en su carácter un estado homocigoto o en estado heterocigoto, impidiendo en este último la expresión correspondiente al gen recesivo, en forma total (dominancia completa) o parcial (dominancia intermedia o dominancia incompleta) en la F1, y por último los genes epistáticos, siendo estos los genes que pueden ser capaces de impedir la expresión de un carácter.

El tipo de acción génica es la manera en que un gen manifiesta su efecto, sea en forma individual o en combinación con otro u otros genes, donde este tipo de acción es puramente genético. La acción conjunta de un gen o varios genes y el ambiente que rodea a estos, forma parte importante en el estudio de las acciones génicas y es lo que se conoce como interacción genotipo ambiente. La acción puramente genética puede resultar del efecto individual o conjunto de los genes en un mismo locus, o de la acción conjunta de genes de diferentes loci; en el primer caso la acción génica es intralocus y en el segundo es interloci o

epistática. Entonces, los tipos de acción génica pueden tener su origen en: a) la acción génica intralocus, b) la acción génica interloci y c) la interacción entre el o los genes y el ambiente. (Molina, 1992).

Los términos de aptitud combinatoria (AC), aptitud combinatoria general (ACG) y aptitud combinatoria específica (ACE) fueron propuestos por Sprague y Tatum (1942), posteriormente Griffing (1956) define a la AC como el comportamiento medio de una línea, en las combinaciones híbridas al cruzarse con otras líneas, o bien al comportamiento de una o varias líneas al cruzarse con una variedad de amplia base genética; la ACG se define como el efecto promedio que una línea imparte a sus cruza, medida como la desviación de la media general, es decir es lo que una línea hereda a sus descendientes en promedio de muchas cruza y la ACE se refiere a la desviación o sesgo de comportamiento predicho en base a las aptitudes combinatorias generales de los padres.

Cuando los valores de ACG son mayores que los de ACE son más importantes los efectos aditivos. En caso contrario son más importantes los efectos de dominancia, no aditivos (Peña *et al.*, 1999).

La aptitud combinatoria significa la capacidad que tiene un individuo o una población, de combinarse con otros, medida por medio de su progenie (Márquez 1988). De La Cruz *et al.*, (2005) mencionan que la aptitud combinatoria debe determinarse no sólo en un individuo de la población sino en varios, a fin de poder seleccionar los que exhiban la más alta aptitud combinatoria

## **Heterosis**

Márquez (1988) menciona que la hibridación pretende el aprovechamiento directo de la F1 de un cruzamiento. La F1 puede obtenerse por el cruzamiento de cualquier tipo de poblaciones y no necesariamente de líneas puras. De lo

anterior se tiene que las cruza dialélicas se utilizan también para estudios de heterosis entre poblaciones.

Falconer (1981), menciona que el fenómeno de heterosis, es simplemente la depresión endogámica invertida, dependiendo ésta del grado de dominancia, de las diferencias entre frecuencias alélicas y de la diversidad genética entre las dos poblaciones que se crucen, también menciona que la heterosis es máxima cuando un alelo está fijado en una población y otro alelo en la otra población. El mismo autor dice que la heterosis es el comportamiento de la progenie más allá de los límites impuestos por los progenitores.

El concepto de heterosis se desarrolló para explicar el rendimiento superior de un híbrido  $F_1$  con respecto a sus progenitores. Fue introducido por Shull en 1914, en sustitución del término “heterocigosis” que era utilizado anteriormente para explicar el “vigor híbrido” (Shull, 1948). Stern (1948) revolucionó el término, al considerar que la heterosis podría ser también negativa. Hay casos en que al ser negativa, es agrónomicamente útil, como en el caso de caracteres como días a floración cuyo acortamiento implica mayor precocidad de los cultivos. Desde la aparición del concepto, varios han sido los intentos por explicar las causas de la heterosis y los mecanismos por los que actúa.

### **Cruzamientos Dialélicos**

Es un sistema de apareamiento en donde “p” progenitores se cruzan entre sí para producir un número determinado de progenies  $p(p-1)$  si se incluyen los cruzamientos recíprocos y  $p(p-1)/2$  si no se incluyen.

Los progenitores pueden ser líneas totalmente homocigotas o poseer algún grado de heterocigocidad.

Una de las principales limitaciones es el número de progenitores que se pueden incluir en los cruzamientos dialélicos. Cuando se usan  $p = 10$ ;  $p = 15$  ó  $p = 20$  el número de cruzamientos, sin incluir recíprocos, que se producen para evaluación son: 45, 105 y 190, respectivamente. Por esta razón la mayoría de los trabajos sobre dialélicos usan 10 progenitores o menos.

Uno de los objetivos fundamentales de los cruzamientos dialélicos es estimar la aptitud combinatoria general (ACG) y la aptitud combinatoria específica (ACE). (Vallejo, 2002).

Los cruzamientos dialélicos pueden ser analizados usando diferentes metodologías; sin embargo, las más utilizadas por los programas de mejoramiento son los propuestos por Griffing (1956) y Hayman (1954) o por el diseño de Gardner y Eberhart (1966).

Las cruza dialélicas se componen de los apareamientos simples que pueden lograrse entre los elementos de un conjunto básico de líneas progenitoras, y constituyen un procedimiento estándar de investigación genética de las plantas. Las cruza dialélicas se emplean para estimar componentes genéticos de la variación entre los rendimientos de las propias cruza, así como su capacidad productiva (Martínez, 1983), ofrecen un medio para evaluar y seleccionar progenitores que pueden ser combinados para formar una población genéticamente variable; este sistema de cruzamientos también nos proporciona información sobre la heredabilidad y heterosis en poblaciones de plantas o líneas *per sé*.

De acuerdo con Hayman (1954), el análisis genético de las cruza dialélicas se atacó inicialmente desde tres diferentes puntos: Las diferencias ocurridas en el material propuesto para investigación, el mecanismo genético fundamental considerado y en los métodos de estimación.

## **Metodología de Griffing (1956)**

En el análisis de cruzamientos dialélicos se pueden generar cuatro métodos de análisis, dependiendo del tipo de material experimental que se utilice:

Método 1: Incluye progenitores, cruzamientos directos y cruzamientos recíprocos (todas las  $p^2$  combinaciones).

Método 2: Incluye progenitores y cruzamientos directos, pero no tiene en cuenta los recíprocos,  $(p(p+1)/2)$  combinaciones).

Método 3: Incluye los cruzamientos directos y recíprocos pero no incluye los progenitores,  $(p(p-1))$  combinaciones).

Método 4: Incluye solamente los cruzamientos directos. No incluye los progenitores ni los cruzamientos recíprocos  $(p(p-1)/2)$  combinaciones).

De acuerdo con la naturaleza de los progenitores, se pueden generar dos modelos de análisis:

Modelo 1: Llamado también modelo fijo, en el cual los progenitores han sido deliberadamente seleccionados y constituyen, el material *per sé*, sobre el cual se realiza el estudio y no hay una población de referencia sobre la que se hará inferencia de ningún tipo. En estos estudios se estiman efectos genéticos tales como habilidades combinatorias generales y específicas, pero no se pueden determinar componentes de varianzas genéticas y por lo tanto tampoco heredabilidad.

Modelo 2: Llamado también modelo aleatorio en el cual los progenitores constituyen una muestra aleatoria de genotipos pertenecientes a una población de referencia sobre la que se realizarán ciertas inferencias. En este modelo se pueden estimar componentes de varianza y heredabilidad.

Los cuatro métodos y los dos modelos dan origen a ocho análisis genético-estadísticos diferentes. Para cada uno de los cuatro métodos se consideran las dos situaciones relacionadas con la naturaleza del material experimental.



## **Programas computacionales para análisis dialélicos**

A pesar del extenso uso que han tenido los diseños de tratamientos de cruza dialélicas, su análisis suele ser complejo. Existen varios programas de cómputo que tratan algunos aspectos de las cruza dialélicas, entre los que se encuentran el MSTAT (Anonymous 1986), los desarrollados por Schaffer y Usanis (1989), Burow y Coors (1994), Magari y Kang (1994) y Zhang y Kang (1997). La característica principal de estos programas, es que la estimación de los efectos se realiza bajo la estructura del modelo de efectos fijos, y la estimación de los componentes de la varianza se ha considerado que el modelo es de efectos mixtos (Montesinos *et al.*, 2006).

Castañón *et al.*, (2005) mencionan en su trabajo de un Macro de SAS-IML para analizar los diseños II y IV de Griffing que los programas escritos por Martínez (1983), Martínez (1991), Mastache *et al.*, (1997), y Mastache y Martínez (2003) para realizar los cuatro diseños de Griffing (1956) solamente consideraron efectos fijos, no dieron las pruebas de F, y analizaron información de un ambiente. El MSTAT (Anonymous 1986), Diallel (Burow y Coors 1994) y el DIALLEL-SAS (Zhang y Kang 1997) son macros más completos, pero en los dos primeros se considera solamente un ambiente de evaluación y en el último dos ambientes siendo este último mejor.

## **Modelo de Gardner y Eberhart (1966)**

Gardner y Eberhart (1966), presentaron un modelo para la estimación de efectos genéticos en la  $F_1$ , de un grupo fijo de variedades de cruzamientos aleatorios o de líneas homocigotas usadas como padre. El análisis II del modelo de Gardner y Eberhart (1966), incluye  $n$  líneas progenitoras y sus  $n(n-1)/2$  cruzamientos.

Mendoza *et al.*, (2010) mencionan que Gardner y Eberhart (1966) y Gardner (1967) propusieron un modelo que considera los efectos de cada progenitor y

los efectos de la heterosis por separado. A su vez, clasificaron los efectos de la heterosis en tres tipos: a) la heterosis media ( $\bar{h}$ ) (diferencia entre el promedio de las cruzas y el de sus progenitores); b) la heterosis varietal ( $h_j$ ) (heterosis promedio con que contribuye un progenitor en las cruzas en que participa), y c) la heterosis específica ( $s_{jj}$ ) de cada combinación particular de progenitores; este mismo autor encontró en un estudio de 9 híbridos de tomate saladette evaluados bajo invernadero e hidroponía seis cruzas que igualaron la vida de anaquel ( $P=0.05$ ) de sus progenitores y los superaron en rendimiento total de fruto, con efectos de heterosis con respecto al mejor progenitor y al progenitor medio que fluctuaron entre 9 y 11 y entre 7 y 16 kg·parcela<sup>-1</sup> de ocho plantas, respectivamente ( $P=0.01$  o  $P=0.05$ ).

Cruz y Regazzi (1994) mencionan que el método de Gardner y Eberhart (1966) se presenta como una alternativa viable, para permitir un estudio detallado de la heterosis a través de análisis de parametrizaciones.

Amaral *et al.*, (1997) en un estudio de cinco cultivares (Ángela I.5100, Floradade, IPA-05, Jumbo AG-592 y Santa Clara) de tomate (*Lycopersicon esculentum* Mill.) evaluaron las variables de rendimiento y calidad mediante el método de Gardner y Eberhart (1966); se encontró alta variabilidad genética entre los padres para la mayoría de las características evaluadas, lo que supone una situación favorable para la aplicación del mejoramiento genético en los progenitores evaluados. Los autores concluyeron que los progenitores Santa Clara, Floradade y Ángela I.5100 demostraron ser los mejores para utilizar la hibridación.

Martínez *et al.*, (2005) mencionan que los efectos genéticos y la heterosis son datos importantes para evaluar el potencial genético de un grupo de progenitores en un programa de mejoramiento, así como de las progenies que resultan del cruzamiento entre ellos.

De la Rosa *et al.* (2006) afirman que el conocimiento de la aptitud combinatoria, diversidad genética y heterosis del germoplasma de un programa de mejoramiento es esencial para desarrollar híbridos; en el mismo estudio se estimaron efectos genéticos en híbridos comerciales de maíz para rendimiento ( $t\ ha^{-1}$ ), altura de planta (cm), contenido de humedad de grano (%) y días a floración. Se encontraron resultados positivos en algunas de las cruzas en cada una de las variables evaluadas.

Gutiérrez *et al.*, (2004) dicen que en el mejoramiento moderno de plantas es importante el conocimiento relativo al componente genético de los materiales usados como progenitores en un programa de hibridación, ya que se conoce que hay progenitores que combinan bien para la formación de progenies híbridas altamente productivas.

García y Vallejo (1990) evaluaron siete líneas progenitoras de tomate "Chonto" (Angela Gigante, Licapal21, Raminho, Olho Roxo, 1258,1475 Y 1507) y 21 híbridos, sin incluir los recíprocos, mediante el método experimental 2 y modelo tipo 1 propuesto por Griffing (1956). En la expresión de los caracteres producción por planta y peso promedio de fruto se encontraron diferencias significativas tanto para la habilidad combinatoria general (acción génica aditiva) como para la habilidad combinatoria específica (acción génica no aditiva), pero con predominio de ésta última. En la expresión del carácter número de frutos por planta se encontró diferencias para los dos tipos de habilidad combinatoria, pero con predominio de la acción génica aditiva. Los híbridos Licapal 21 x Raminho, Angela Gigante x 1258 y Angela Gigante x Raminho exhibieron los mayores efectos de habilidad combinatoria específica y los mayores valores promedios, para el carácter producción por planta.

Martínez *et al.*, (1989) realizaron el análisis de la heterosis y de la habilidad combinatoria entre 21 cultivares de tomate, para el carácter producción por planta y sus componentes a partir de un cruzamiento dialélico (6 progenitores,

15 híbridos F1, sin incluir los recíprocos): utilizando el método experimental 2, modelo I propuesto por Griffing (1956). Se encontraron diferencias altamente significativas para los efectos de habilidad combinatoria general y de habilidad combinatoria específica para todos los caracteres, a excepción del carácter producción de frutos de primera (frutos de más de 180 g). Los híbridos Motelle x Ángela I 5100, Motelle x Zambao y Licapal 21 x Zambao presentaron altos efectos de habilidad combinatoria específica para el carácter producción por planta.

Urrego *et al.*, (1990) efectuaron el análisis genético del carácter número de frutos por planta y sus componentes, utilizando un cruzamiento dialélico entre siete cultivares de tomate "chonto" (Ángela Gigante, Licapal- 21, Raminho, Olho Roxo, 1258, 1465, y 1507). El análisis genético-estadístico fue la metodología desarrollada por Hayman (1954 a, 1954b). No se detectó evidencia de epistasis para ninguno de los caracteres estudiados y los datos experimentales se ajustaron al modelo aditivo-dominante. La acción génica aditiva y no aditiva participaron en forma conjunta y significativa en la expresión de los caracteres número de frutos por planta y número de inflorescencias por planta. Solamente la acción génica no aditiva participó en forma significativa en la expresión del carácter número de frutos por inflorescencia. Detectaron la presencia de sobredominancia en los tres caracteres estudiados. Se estimaron los límites de selección para el carácter número de frutos por planta (34.12 y 3.15) y para el carácter número de frutos por inflorescencia (4.37 y 0.29) para padres completamente dominantes y recesivos, respectivamente.

Los efectos de la aptitud combinatoria general y específica fueron estimados para tres componentes de rendimiento en tomate (*Lycopersicum esculentum* Mill.) por Hannan *et al.*, (2007) en base al Método I Modelo I de Griffing (1956), se utilizaron 10 progenitores, debido a su alta aptitud combinatoria general, Pusharubi, Bari-4, y los padres Dynasagsr fueron sugeridas para los programas de hibridación futuro. Para rendimiento, las cruzas Deshy x Ratan, Deshy x

Epoch, Dynasagsr × Ratan, Bari-4 × Pusharubi, y el Dynamo × Namdhari, presentaron buena habilidad combinatoria específica; de igual manera los autores los recomiendan para explotar el rendimiento ya que producen una rara segregación transgresiva.

Santiago *et al.*, (1998) mencionan que los días al primer corte hace que un genotipo tenga cierta precocidad, obteniendo frutos antes de que la mayoría del producto salga al mercado, esto permite obtener una mejor fuente de ingresos, en su estudio encontró que el genotipo más precoz fue el híbrido Bingo con 99.5 días desde siembra a un primer corte y el más tardío presenta 134.5 días y pertenece al híbrido Burpees Supersteak; también dice que los días en cosecha permiten a un genotipo tener un tiempo más prolongado de obtención de frutos, lo cual hace más sobresaliente al genotipo, para este caso, el híbrido Bingo presentó un mayor período de cosecha.

Martínez *et al.*, (2004) encontraron diferencias estadísticas significativas en aptitud combinatoria general en cinco de los seis caracteres estudiados en jitomate, y para aptitud combinatoria específica en cinco caracteres. Mediante el análisis de heterosis pudo detectar los híbridos apropiados para un programa de mejoramiento genético por selección e hibridación, sólo selección ó sólo hibridación, en cruzamientos dialélicos de cinco híbridos de jitomate.

### III. MATERIALES Y MÉTODOS

#### Localización del Área de Estudio

El presente trabajo se puede dividir en dos etapas: la primera etapa en el ciclo primavera-verano 2009 fue la formación de los híbridos, la cual tuvo lugar en el invernadero 7 de la Universidad Autónoma Agraria Antonio Narro (U.A.A.A.N.) ubicada en Buenavista, al sur de Saltillo, Coahuila, México, situada a 25° 23' latitud Norte y 101°00' longitud W y una altitud de 1743 msnm, con un clima: Bshw (x')(e): muy seco, semicálido, con precipitación de 350 a 450 mm promedio anual (INEGI 2000). La segunda etapa fue la evaluación de los híbridos formados, la cual se realizó en el lote experimental que se encuentra adyacente a las instalaciones del invernadero 7 de la U.A.A.A.N., en el ciclo primavera-verano 2010.

#### Material Genético

El material genético que se empleó para el presente trabajo, fueron 7 líneas de tomate tipo Saladette como progenitores y sus correspondientes híbridos F<sub>1</sub> sin incluir los recíprocos.

Cuadro 3.1 Líneas de tomate utilizadas como progenitores, en los cruzamientos dialélicos.

Número de Línea	Línea	Hábito	Tipo de fruto
1	IR-14	Indeterminado	Saladette
2	IR-10	Indeterminado	Saladette
3	IR-24	Indeterminado	Saladette
4	IR-17	Indeterminado	Saladette
5	IR-8	Indeterminado	Saladette
6	IR-9	Indeterminado	Saladette
7	IR-13	Indeterminado	Saladette

## Etapa 1

### **Manejo agronómico**

Dentro del invernadero se realizaron las prácticas agronómicas correspondientes, que consistió en barbecho, éste se realizó de forma manual removiendo con una pala la capa de suelo que tienen los bancales de manera que el suelo quedara totalmente desmoronado, con el objetivo de establecer una mejor cama de siembra; posteriormente se hizo la nivelación y se marcaron los bancales para el trasplante.

### **Siembra de materiales progenitores**

La siembra de los siete progenitores de tomate se realizó en el mes de febrero de 2009 en charolas de poliestireno de 200 cavidades, rellenas de peat-moss, depositando en cada celda una semilla, aplicando un riego nebulizado ligero y posteriormente fueron colocadas en el invernadero 7 de la UAAAN, para su germinación y desarrollo, para después llevarlas al trasplante en los bancales del mismo invernadero, dejando 5 plantas por surco de cada progenitor a una distancia de 50 cm entre surcos y 25 cm entre plantas.

### **Riego**

El manejo del riego después del trasplante, se realizó 3 veces por semana, aumentándose a 5 veces por semana conforme al desarrollo fenológico de la planta.

## Fertirrigación

La aplicación de fertilizaciones se realizó de acuerdo con la siguiente formulación (g) en 200 L de agua:

Quelato de Fierro	28	Sulfato de Amonio	28
Urea	14	Prequelato de Manganeso	28
Fosfato de Amonio	28	Nitrato de Calcio	280
Sulfato de Potasio	84	Borax	2
Sulfato de Magnesio	84		

Aplicando 0.5 L por planta cada 8 días, al incremento en el desarrollo fenológico de la planta la dosis se incrementó a 1.0 L en etapa de floración y producción; además al inicio de floración se aplicó 50 gr de Triple 17 de forma bandeada por todo lo largo de la cama.

## Poda

La poda se efectuó a los 25 días después del trasplante, eliminando los primeros tallos laterales y las hojas más viejas, realizándose en todos los progenitores. Se podaron periódicamente los brotes laterales cada 4 días, de forma manual y de la manera tradicional.

## Colocación de tutorado

El tutorado se realizó después del trasplante; se colocaron alambres acerados por todo lo ancho del invernadero sobre los bancales, de estos se dejó hilos de rafia para cada planta con el fin de sostener el peso de estas durante todo el ciclo del cultivo.



### **Control de plagas y enfermedades**

Este se realizó aplicando productos (fungicidas, insecticidas, nematocidas) de manera oportuna con el fin de mantener las plantas en condiciones parasitológicas óptimas para su desarrollo, y evitar que alguna de ellas influyera en el proceso de formación de la semilla híbrida.

### **Programa de cruzamientos**

En julio y agosto de 2009 se realizaron las cruzas, utilizando los siete progenitores y formando 21 híbridos en la generación  $F_1$ , para ello se aseguraron al menos 4 frutos para obtener semilla suficiente para la evaluación de los mismos.

### **Cosecha de semilla híbrida**

Los frutos provenientes de cada una de las cruzas se cosecharon en etapa de madurez fisiológica de forma manual, desprendiendo el fruto del pedúnculo de la planta, y colocando los frutos en bolsas de papel previamente identificadas por cruza y fecha, además se agregó su respectiva etiqueta de identificación, los frutos se llevaron al almacén en donde se esperó su completa maduración, los frutos se cortaron para realizar la extracción de semilla para darle el beneficio apropiado y posteriormente hacer la evaluación de los híbridos.

## **Etapas II**

### **Manejo agronómico**

Al lote experimental se le realizaron las prácticas agronómicas correspondientes, que consistieron en barbecho y un paso de rastra con el objetivo de establecer una mejor cama de siembra, posteriormente se llevó a cabo el surcado del terreno con una separación entre bordos de 90 cm

El establecimiento de la cintilla para fertirrigación y acolchado se instaló manualmente, para el acolchado se utilizó polietileno de color negro, en él se hicieron perforaciones circulares de forma lineal a una hilera cada 25 cm de distancia.

## **Establecimiento del Experimento**

### **Siembra de semilla híbrida**

La siembra de los híbridos se realizó el 26 de febrero de 2010 en charolas de poliestireno de 200 cavidades, rellenas de peat-moss, sembrando 50 semillas de cada híbrido, aplicando un riego nebulizado ligero y posteriormente colocadas en el invernadero 7 de la UAAAN, para su germinación y desarrollo, para después llevarlas al trasplante.

### **Trasplante**

El trasplante se llevó a cabo el 22 de Abril del 2010, en campo de forma manual colocando 8 plántulas por línea, en camas de 2 m. de largo y 90 cm. de ancho en un marco de plantación lineal con una densidad estimada de 44,400 plantas por hectárea, con diseño de bloques completos al azar con cuatro repeticiones. La parcela útil consistió de las cinco plantas centrales del surco, buscando el supuesto de la competencia completa, estas se identificaron mediante una tinción con pintura de aceite en la rafia, para que no hubiera sesgo en la toma de datos. Posteriormente se llevó a cabo el manejo del cultivo para realizar los riegos, fertilización, podas, deshierbe y la aplicación de productos químicos para contrarrestar el efecto de plagas y enfermedades.

### **Fertirrigación**

La aplicación de fertilizaciones se realizó de acuerdo con la siguiente formulación (g) en 200 L de agua:

Quelato de Fierro	28	Sulfato de Amonio	28
Urea	14	Prequelato de Manganeso	28
Fosfato de Amonio	28	Nitrato de Calcio	280
Sulfato de Potasio	84	Borax	2
Sulfato de Magnesio	84		

Aplicando 0.5 L por planta cada 8 días, al incremento en el desarrollo fenológico de la planta la dosis se incrementó a 1.0 L en etapa de floración y producción; además al inicio de floración se aplico 5 g de Triple 17 por planta, aplicándolo de manera directa cerca del tallo.

### **Riego**

El manejo del riego después del trasplante, se realizó 3 veces por semana, aumentándose a 4 veces por semana conforme al desarrollo fenológico de la planta.

### **Poda**

La poda se efectuó a los 25 días después del trasplante, eliminando los primeros tallos laterales y las hojas más viejas, realizándose en todos los progenitores e híbridos, se podaron periódicamente los brotes laterales cada 4 días, de forma manual y de la manera tradicional.

### **Colocación de tutorado**

El tutorado se llevó a cabo a los 30 días después del trasplante; se colocaron tubos por todo lo largo del surco a una distancia de 4 m. en la parte superior de los tubos se colocó un alambre acerado é inoxidable de forma restirada por un

tensor y la malla ciclónica del invernadero, de este se dejó caer una rafia individual por planta con el fin de sostener todo el ciclo de cultivo el desarrollo de la planta.

El trabajo de campo se desarrolló con la observación del comportamiento fenotípico de los siete progenitores con los veintiuno híbridos de tomate, se tuvo el cuidado de mantener a las plantas en condiciones óptimas para su desarrollo, y así evitar que alguna deficiencia influyera en la evaluación.

### **Cosecha**

La cosecha de los progenitores y los híbridos se realizó en los meses de Junio y Julio de 2010, esta se realizó en etapa de madurez comercial de forma manual, desprendiendo el fruto del pedúnculo de la planta, y colocando los frutos en bolsas de papel previamente identificadas por cruza ó progenitor y fecha; se tuvo el cuidado de cosechar solo las plantas de la parcela útil, las bolsas posteriormente se trasladaron al almacén, en donde se determinaron las variables de rendimiento. En total se realizaron cinco cortes, contando el número total de frutos de cada progenitor y cruza; con las fechas de corte se tomaron los días a primer corte (DPC), días a último corte (DUC), días en corte (DC), peso promedio de fruto (PPF) y rendimiento (REND).

## Variables evaluadas

### Cuantitativos de rendimiento

Para la determinación de las variables de rendimiento se etiquetaron 5 plantas (Plantas centrales) en la región central de cada parcela experimental.

**Rendimiento en Toneladas/Hectárea (REND).** Se determinó el rendimiento de fruto de cinco plantas centrales, para extrapolarlo a toneladas por hectárea ( $t\ ha^{-1}$ ), en base a la densidad de plantas por hectárea.

**Número total de frutos (NTF).** Se determinó el número total de frutos, mediante el promedio de frutos totales en 5 plantas centrales.

**Peso promedio de frutos (PPF).** Se determinó en base a el peso de los frutos de las plantas centrales dividido entre el número de plantas muestreadas.

**Tamaño de fruto (TF).** Se tomó una muestra de 5 frutos en el tercer corte por cada progenitor y cruza, a los que se les determinó la Longitud de Fruto (LF) y Diámetro de Fruto (DF).

### Variables fenológicas

**Días al inicio de la cosecha (DIC).** Después del trasplante se contabilizó el número de días hasta la madurez comercial de los frutos, esto se realizó cuando los frutos presentaron el rayado de verde a rojo.

**Días en corte por progenitor y cruza (DC).** Se contabilizaron los días desde que inició la producción hasta la finalización de la misma, de cada uno de los materiales en estudio.

**Días a inicio de floración (DIF).** Iniciando la contabilidad desde el trasplante hasta que las plantas presentaron el 50 por ciento de floración.

## Unidad experimental

Consistió de ocho plantas, en surcos de 2 m de largo con una distancia entre surco de 90 cm y 25 cm entre plantas. Se evaluaron 5 plantas centrales con competencia completa. El diseño experimental fue bloques completos al azar con cuatro repeticiones.

## Diseño genético

El método II modelo I de Griffing (1956), que incluye progenitores y cruzamientos directos se utilizó para estimar la aptitud combinatoria general y específica, con  $p(p+1)/2$  combinaciones.

El modelo para el análisis de aptitud combinatoria es:

$$X_{ijkl} = \mu + g_i + g_j + S_{ij} + b_k + (gb)_{ijk} + 1/bc + SSe_{ijkl}$$

$$i, j = 1, 2, \dots, p$$

$$K = 1, 2, \dots, b$$

$$l = 1, 2, \dots, c$$

donde:

$X_{ijk}$  = Valor fenotípico observado

$\mu$  = media general del experimento

$g_i$  y  $g_j$  = efecto de la a.c.g. de los progenitores

$S_{ij}$  = efecto de la a.c.e. para el cruzamiento  $i \times j$  ( $S_{ij} = S_{ji}$ )

$B_k$  = efecto del bloque K

$(gb)_{ijk}$  = efecto de la interacción entre el genotipo  $ij$  y el bloque  $k$

$1/bc SSe_{ijkl}$  = efecto residual de la observación  $ijk$

Para el análisis estadístico se tienen en cuenta las siguientes restricciones:

$$\sum_i g_i = 0$$

$$\sum_j s_{ij} + s_{ii} = 0 \text{ (para cada } i\text{)}$$

El análisis II de Gardner y Eberhart (1966) que incluye  $n$  progenitores y sus  $n(n-1)/2$  cruzas varietales, se utilizó para estimar los efectos de heterosis. La media para la población parental o las cruzas es descrita por el modelo:

$$V_j = M_v + V_j \text{ para progenitores}$$

$$Y_{ij} = M_v + \frac{1}{2}(V_j + V_{j'}) + h_{ij} \text{ para la progenie de las cruzas}$$

donde:

$M_v$  = Media de las variedades parentales

$V_i$  = Efecto varietal de la  $j$ -ésima variedad

$h_{ij}$  = efecto de la heterosis cuando la variedad  $j$  se cruza con la variedad  $j'$

El efecto de la heterosis ( $h_{jj'}$ ) puede ser subdividido como sigue:

$$h_{jj'} = \bar{h} + h_j + h_{j'} + s_{jj'}$$

donde:

$\bar{h}$  = heterosis promedio

$h_j$  = heterosis varietal contribuida por la variedad  $j$

$s_{jj'}$  = heterosis específica debida a al cruzamiento de las variedades  $j$  y  $j'$

Para estimar los efectos varietales y de heterosis se utilizaron las siguientes fórmulas:

$$\mu_v = \text{media de todos los progenitores} = y_v/n = \bar{y}_v$$

$$V_j = \text{efecto de la variedad } j = Y_{jj} - \bar{y}_v$$

$$H_{jj'} = \text{efecto de la heterosis} = Y_{jj'} - \frac{1}{2}(Y_{jj} + Y_{j'j'})$$

$$= \bar{h} + \bar{h}_j + \bar{h}_{j'} + \hat{s}_{jj'}$$

Para subdividir  $h_{jj'}$ :

### i) Heterosis media

$\bar{h}$  = heterosis promedio = media de todos los híbridos – media de todos los progenitores =  $\bar{Y}_H - \bar{Y}_v$

donde:

$\bar{Y}_H$  = promedio de cruzas

$\bar{Y}_v$  = promedio de progenitores

### ii) Heterosis varietal

$$h_j = \text{heterosis varietal} = \frac{n-1}{n-2} (\bar{Y}_{hj} - \bar{Y}_H) - \frac{1}{2} (\bar{Y}_{jj} - \bar{Y}_v)$$

donde:

$\bar{Y}_{hj}$  = promedio de las cruzas en que interviene el progenitor j

$\bar{Y}_{jj}$  = promedio del progenitor j

n = número de progenitores

### iii) Heterosis específica

$\hat{s}_{jj'}$  = heterosis específica

$$= \bar{Y}_{jj'} + \frac{n}{n-2} (\bar{Y}_H) - \frac{n-1}{n-2} (\bar{Y}_{hj} - \bar{Y}_{h'j'})$$



donde:

$\bar{Y}_{jj'}$  = promedio de la cruce entre el progenitor j y el progenitor j'

$\bar{Y}_{h.j}$  = promedio de las cruces en que interviene el progenitor j

$\bar{Y}_{h.j'}$  = promedio de las cruces en que interviene el progenitor j'

### **Prueba de medias**

Para la comparación de medias se utilizó la prueba de Diferencia Mínima Significativa (DMS) al 0.05 de probabilidad.

### **Análisis cluster**

Se realizó el análisis cluster para las variables fenotípicas y genotípicas.

### **Procesamiento Estadístico**

El análisis estadístico se realizó con el programa Statistical Analysis System (SAS) Versión 9.0. utilizando el programa Diallel-SAS (Zhang y Kang 2003), para los análisis de varianza y estimación de efectos.

#### IV. RESULTADOS Y DISCUSIÓN

Los cuadrados medios del análisis dialélico (Método II, Modelo I de Griffing, 1956) para los 7 progenitores y sus 21 cruzas, se muestran en el Cuadro 4.1. Se observan diferencias significativas ( $p= 0.05$ ) para la variable REND, LF y DIF y altamente significativas ( $p = 0.01$ ) para las variables NTF y PPF en la fuente de variación genotipos; en lo que se refiere a la ACG las variables NTF, REND, PPF y LF presentaron diferencias altamente significativas ( $p = 0.01$ ), estos resultados coinciden con lo reportado por Martínez *et al.*, (1989), García y Vallejo (1990), Hannan *et al.*, (2007) y Mendoza *et al.*, (2010) quienes reportaron diferencias altamente significativas para las mismas variables en el cultivo de tomate chonto y saladette respectivamente. Para DIF se observó diferencia significativa ( $p= 0.05$ ). Esta variabilidad presentada en los resultados se puede atribuir a la divergencia genética que presentan los progenitores, lo que hace posible la identificación de genotipos precoces, tardíos, frutos más grandes (largos y anchos) y sobre todo, de genotipos con rendimiento contrastante; debido a la condición genética de cada genotipo. En lo que respecta a la variable DF no presentó diferencia estadística para ninguna de las fuentes de variación, demostrando que los progenitores y cruzas se comportaron de manera similar; esto se debió al tipo de fruto que presentaron todos los progenitores, frutos tipo saladette (se caracterizan por ser ligeramente alargado y angosto) al no haber variabilidad en los progenitores en su tipo de fruto y tamaño, la progenie de estos se uniformizó mas.

Los cuadrados medios para la Aptitud Combinatoria Especifica (ACE) mostraron valores más bajos que los efectos de la ACG, para todas las variables

evaluadas, estas no presentaron significancia, esto quiere decir que todas las cruzas se comportaron de manera similar, esto pudo ser por que las combinaciones híbridas tienen un comportamiento menor del que se pudo esperar con base al comportamiento promedio de las líneas parentales, esto pudo ser por falta de complementariedad entre las líneas involucradas ó existe un cierto grado de parentesco entre ellas. García y Vallejo (1990) dicen que los efectos de ACE negativos son los responsables de que los progenitores superiores originen híbridos inferiores o viceversa, debido a los complejos sistemas de interacción, especialmente complementación, entre los genes responsables de la manifestación del carácter.

En el cuadro 4.1 la contribución a la varianza de REND atribuible a la fuente de variación genotipos estuvo constituida por el 16% para los efectos aditivos (ACG), 11.06% no aditivos (ACE); para NTF 16 y 13.94% para ACG y ACE, respectivamente; en PPF 15.30 y 12.55% para ACG y ACE, respectivamente; para LF 10.36 y 14.75% para ACG y ACE, respectivamente; en DF 5.55 y 13.93% para ACG y ACE, respectivamente; para DIF 9.84 y 17.22% para ACG y ACE, respectivamente, esta relevancia es debido a los efectos aditivos que pueden ser explotados a través de un programa de selección recurrente para desarrollar genotipos con estas características. García y Vallejo (1990) mencionan que no se debe descartar también la posibilidad de formar líneas homocigotas, aprovechando la presencia de acción génica aditiva significativa. Al respecto, Gutiérrez *et al.*, (2002) encontraron en maíz que a medida que la divergencia genética de los materiales se incrementa, aumenta también la diferencia entre los valores de ACG o ACE; o bien para los dos tipos de acción génica.

Los coeficientes de variación (Cuadro 4.1) se ubicaron en un rango aceptable, para un experimento de campo ya que mostraron valores de 11.629 % para DIC hasta 33.941% para REND, lo cual es un indicativo de la confiabilidad de los datos obtenidos.

Cuadro 4.1. Cuadrados medios y significancia del análisis dialélico de 7 progenitores de tomate y sus 21 cruzas evaluadas en la localidad de Saltillo, Coahuila en el ciclo p-v 2010.

F.V.	G.L.	NTF	REND	PPF	LF	DF	DIF
REP	3	307.904	60033322	638.539	1.794	0.968	7.178
GEN	27	520.693**	191615717*	339.514**	1.228*	0.284	59.739*
ACG	6	1235.30**	509440531.76**	839.263**	2.280**	0.366	97.785*
ACE	21	316.52	100808626.63	196.730	0.927	0.261	48.869
ERROR	81	229.880	106306530	156.244	0.744	0.260	33.450
TOTAL	138	2610.297	968204727.39	2170.29	6.973	2.139	247.021
C.V.		29.791	33.941	21.829	13.325	10.420	11.629

FV= Fuente de variación; GL= Grados de libertad; REP = Repetición; ACG= Aptitud combinatoria general; ACE= Aptitud combinatoria específica; CV= Coeficiente de variación. \*, \*\* Significativo y altamente significativo al nivel de probabilidad de 0.05 y 0.01, respectivamente.

En la estimación de los efectos de ACG de las líneas progenitoras del cruzamiento dialélico analizado bajo el método II modelo I de Griffing (1956), se observó (Cuadro 4.2.) para la variable rendimiento (REND), que la línea IR17 fue la que obtuvo el valor más alto de ACG, presentado diferencia altamente significativa ( $p = 0.01$ ), para la misma variable las líneas IR24, IR9 y IR14 presentaron valores positivos. Las líneas que presentaron los valores más altos para número total de frutos (NTF) fue IR9 e IR17, siendo altamente significativo ( $p = 0.01$ ) y significativo ( $p = 0.05$ ) respectivamente, las líneas IR14 y IR24 presentaron valores sobresalientes. En lo que se refiere a la variable peso promedio del fruto (PPF), las mejores líneas fueron IR17 e IR24, presentando diferencias altamente significativas y significativas respectivamente; en cuanto a los demás materiales todos resultaron con valores negativos, sobresaliendo la línea IR10 que mostró el valor más alto y negativo, presentando diferencia significativa. Lo anterior permite puntualizar que la línea IR17 presentó para las variables REND, NTF y PPF los valores más altos y positivos, indicando que es una buena fuente de germoplasma para desarrollar programas futuros de mejoramiento. Por el contrario, la línea IR10 obtuvo los valores negativos más elevados para estas tres variables.

En lo referente a la longitud de fruto (LF), la línea IR17 é IR10 mostraron valores positivos y diferencias significativas ( $p= 0.05$ ), la línea IR9 presentó valor positivo aunque no significativo, la línea estadísticamente diferente ( $p= 0.05$ ) a las demás líneas, con valor negativo más alto fue IR24, lo cual se observó reflejado en el tamaño de los frutos, que fueron los más pequeños.

En cuanto a la variable diámetro de fruto (DF), la línea estadísticamente diferente ( $p= 0.05$ ) a las demás con el valor negativo más alto fue la IR9, en contraste la línea IR17 fue la que presentó el valor positivo más alto, sin embargo no presentó diferencia estadística, a esta le siguieron las líneas IR14, IR13 y IR8 en orden ascendente.

Para la variable días a inicio de floración (DIF), la línea IR10 fue la que presentó el valor positivo más alto, presentando diferencia altamente significativa ( $p = 0.01$ ), la existencia de efectos positivos de ACG en días a floración, es una situación desfavorable si se deseara mejorar dicho carácter hacia precocidad, por que tales efectos positivos implican ciclos más tardíos; por lo contrario la línea con valor negativo de ACG mas alto fue la IR24 lo que indica que este progenitor fue el más precoz, situación que hace deseable este material para mejorar precocidad ya que en sus cruzas ésta se reduce.

Cuadro 4.2. Estimación de los efectos de aptitud combinatoria general (ACG) de siete líneas progenitoras de tomate del cruzamiento dialélico evaluado en Buenavista, Saltillo, Coah., durante el ciclo p-v 2010.

Líneas	NTF	REND	PPF	LF	DF	DIF
IR14	1.03	100.07	-0.16	-0.11	0.08	-0.51
IR10	-8.76**	-4713.13**	-5.18*	0.28*	-0.10	2.93**
IR24	0.67	1722.40	4.95*	-0.30*	-0.00	-1.51
IR17	6.01*	6804.96**	8.05**	0.32*	0.09	-1.15
IR8	-3.18	-2838.95	-3.92	-0.23	0.04	-0.17
IR9	8.12**	1006.82	-2.63	0.14	-0.16*	-1.15
IR13	-3.90	-2082.18	-1.09	-0.09	0.05	1.57

\*, \*\* Significativo y altamente significativo al nivel de probabilidad de 0.05 y 0.01, respectivamente.

En el Cuadro 4.3 se presenta la estimación de los efectos de ACE del cruzamiento dialélico analizado bajo el método II modelo I de Griffing (1956). Se encontró que en número total de frutos (NTF), los valores positivos altos y significativos fueron para los híbridos IR24xIR8 y IR8xIR13 con 17.36 y 11.69; en cuanto a los híbridos que presentaron valores negativos y no diferentes estadísticamente fueron para IR17xIR9 con -13.52 y IR24xIR9 con -11.94.

Para la variable rendimiento (REND), el híbrido IR24xIR8 fue el que presentó el mejor valor positivo de ACE con 12308.60 presentó alta significancia, por lo contrario el híbrido IR17xIR9 presentó el valor negativo más bajo con -8394.62. El alto rendimiento de una crusa puede deberse a la suma de efectos aditivos de los genes de ambos progenitores, o bien, a los efectos de interacción de los alelos dominantes de un progenitor con los alelos recesivos del otro progenitor (Falconer, 1981). En cuanto a peso promedio de fruto (PPF), la crusa IR14xIR24 tuvo valor negativo alto para ACE, y fue estadísticamente diferente a las demás con -12.87, mientras que las cruas con valores positivos altos fueron para IR8xIR9 y IR14xIR8 con 10.94 y 9.96 respectivamente.

Para longitud de fruto (LF), el valor positivo significativo para ACE fue el híbrido IR14xIR8 con 0.93, así mismo se encontró diferencia significativa con valor negativo para el híbrido IR14xIR24 con -1.00.

En cuanto a diámetro de fruto (DF), la crusa IR14xIR24 presentó valor negativo alto para ACE, y fue estadísticamente diferente a las demás cruas con valor de -0.50, mientras que las cruas con valores positivos altos fueron para IR24xIR8 y IR14xIR13 con 0.39 y 0.25 respectivamente.

En días a inicio de floración (DIF), las cruas no presentaron diferencia estadística tanto positiva como negativa, los valores negativos de ACE más importantes fueron para IR24xIR17 con -4.56 y IR14xIR9 con -4.31.

Cuadro 4.3. Estimación de los efectos de aptitud combinatoria específica (ACE) de 21 híbridos F<sub>1</sub> evaluados en Buenavista, Saltillo, Coah., durante el ciclo p-v 2010.

Cruza	NTF	REND	PPF	LF	DF	DIF
IR14x IR10	-3.16	-4181.55	-1.90	-0.36	-0.20	-1.40
IR14x IR24	3.88	-1397.42	-12.87*	-1.00*	-0.50*	4.79
IR14x IR17	-1.44	954.78	-3.91	0.12	0.23	4.93
IR14x IR8	-7.00	424.45	9.96	0.93*	0.18	-4.04
IR14x IR9	11.19	2011.01	-2.11	-0.52	-0.10	-4.31
IR14x IR13	-7.02	-1431.22	2.49	0.11	0.25	4.45
IR10x IR24	-0.05	1089.21	2.96	-0.00	0.09	2.34
IR10x IR17	-0.88	-539.02	1.13	0.30	-0.24	-3.26
IR10x IR8	-2.94	-960.58	-6.59	-0.76	0.08	3.01
IR10x IR9	-7.00	-4408.98	4.95	0.29	-0.18	-2.01
IR10x IR13	-1.22	-2345.61	-6.54	-0.25	-0.35	-2.48
IR24x IR17	3.41	1534.69	4.75	0.11	-0.10	-4.56
IR24x IR8	17.36*	12308.60**	6.74	0.10	0.39	1.45
IR24x IR9	-11.94	-2304.17	7.39	0.71	-0.06	-1.06
IR24x IR13	-5.66	-2811.56	-1.36	-0.12	0.24	-1.04
IR17x IR8	1.27	648.17	4.36	0.35	0.05	-2.40
IR17x IR9	-13.52	-8394.62	-4.85	-0.36	-0.07	0.81
IR17x IR13	10.00	7062.00	2.35	-0.05	0.19	-1.15
IR8x IR9	-8.83	-2094.01	10.94	0.43	0.04	-2.65
IR8x IR13	11.69*	3778.87	3.03	-0.13	-0.23	-4.12
IR9x IR13	-1.11	-519.78	-5.61	0.07	0.24	4.09

\*, \*\* Significativo y altamente significativo al nivel de probabilidad de 0.05 y 0.01, respectivamente.

#### Análisis de varianza modelo II de Gardner y Eberhart (1966)

Se realizó un análisis de varianza bajo el modelo II de Gardner y Eberhart (1966) para las variables evaluadas, el cual permitió conocer la diferencia existente entre los progenitores y sus cruzas, así como los diferentes efectos de heterosis. En el Cuadro 4.4. se presentan los cuadrados medios del análisis de varianza, donde se pudo observar que para la fuente de variación genotipos, se



presentaron diferencias altamente significativas ( $p = 0.01$ ) para las variables Número total de frutos (NTF) y peso promedio de fruto (PPF) y significativo ( $p=0.05$ ) para rendimiento (REND), longitud de fruto (LF) y días a inicio de floración (DIF). Para las variables NTF, REND, PPF y LF se observó que en la fuente de variación variedades presentaron diferencias altamente significativas ( $p=0.01$ ) no siendo así para la variable DIF que presentó diferencia significativa al ( $p=0.05$ ). Para la fuente de variación heterosis no se presentó diferencia estadística para todas las variables, esto demuestra que los materiales evaluados presentaron un comportamiento promedio para la heterosis, esto resultó porque los materiales evaluados presentaron valores bajos de ACE, demostrando que para estos materiales los efectos de ACG fueron más importantes; en lo que se refiere a NTF para esta fuente de variación los resultados encontrados son similares a los reportados por Amaral *et al.*, (1997). Este resultado confirma que las diferencias entre los genotipos evaluados fueron debidas principalmente a las diferencias existentes entre las variedades utilizadas como progenitores en este estudio.

Cuadro 4.4. Cuadrados medios y significancia del análisis de varianza de siete líneas de tomate y sus 21 cruzas para características de rendimiento y fenológicas analizadas bajo el modelo II de Gardner y Eberhart (1966).

F.V.	G.L.	NTF	REND	PPF	LF	DF	DIF
REPETICIÓN	3	307.904	60033322	638.539	1.794	0.968	7.178
GENOTIPOS	27	520.693**	191615717*	339.514**	1.228*	0.284	59.739*
VARIETADES	6	1235.30**	509440531.76**	839.263**	2.280**	0.366	97.785*
HETEROSIS	21	316.52	100808626.63	196.730	0.927	0.261	48.869
HET. PROMEDIO	1	128.76	1894214.35	179.376	0.001	0.001	56.678
HET. VARIETAL	6	405.79	201790821.21	300.211	0.852	0.334	38.995
HET. ESP.	14	291.67	64595858.40	153.620	1.026	0.249	52.542
ERROR	81	229.880	106306530	156.244	0.744	0.260	33.450
C.V.		29.791	33.941	21.829	13.325	10.420	11.629

\*, \*\* Significativo y Altamente significativo al nivel de probabilidad de 0.05 y 0.01, respectivamente.

En el Cuadro 4.5 se observan los valores estimados mediante el análisis del modelo II de Gardner y Eberhart (1966), presentándose valores negativos de heterosis promedio (calculada como la diferencia entre la media de todos los híbridos  $F_1$  y la media de todos los progenitores) en las variables evaluadas NTF, REND, LF, DF y DIF, lo cual resalta la importancia de los efectos genéticos aditivos que determinan estas variables, esto es similar a lo reportado por Amaral *et al.*, (1997). La falta de heterosis promedio indica que, en general, estas líneas no son favorables para explotar el efecto de la heterosis en los híbridos. Por lo contrario para PPF fue la única variable que presentó valor positivo, aquí tienen gran importancia los efectos genéticos no aditivos siendo estos los determinantes para esta característica. La heterosis promedio es un primer indicador de la existencia o no de heterosis en el conjunto de los híbridos  $F_1$  formados (cruzamientos dialélicos), con respecto a los progenitores utilizados. La existencia de heterosis promedio puede interpretarse como una consecuencia de la divergencia genética entre los híbridos comerciales progenitores, ya que numerosos estudios experimentales de varios autores han mostrado que a mayor divergencia genética entre los progenitores, hay mayor heterosis en las cruces (Gutiérrez *et al.*, 2002), si los materiales a usar presentan características diferentes y en algunos casos hasta opuestas permitirán clasificar líneas en grupos heteróticos, logrando con ello eficientar la dirección de los cruzamientos para obtener mejores combinaciones híbridas (Fehr, 1982; Sierra *et al.*, 1991). lo que no se presentó en este estudio.

En lo que se refiere a la heterosis varietal los progenitores IR14 e IR17 manifestaron efectos positivos favorables de este tipo de heterosis, en la mayoría de las variables evaluadas (NTF, REND, PPF, LF Y DF) excepto para DIF que presentó valores negativos (Cuadro 4.5). El progenitor IR10 presentó valores positivos solo para las variables LF, DF y DIF. En lo que se refiere al progenitor IR24 solo se encontró valor positivo para la variable PPF. En lo que concierne al progenitor IR8 solo mostró un valor positivo para DIF. Para el progenitor IR9 los valores positivos fueron para las variables NTF y REND.

Referente al progenitor IR13 solo presentó valores positivos para las variables PPF y DIF.

Con base en lo anterior, para un programa de selección recíproca recurrente, en donde se aprovechan tanto los efectos genéticos aditivos como los no aditivos, el mejor progenitor para rendimiento (REND) y peso promedio de fruto (PPF) sería el IR17 porque es el que presenta mayor heterosis varietal.

Cuando hay ausencia de efectos aditivos y diferencia en frecuencias génicas en las cruzas es un indicativo de que estas van a presentar cierto porcentaje de heterosis (efectos no aditivos). La heterosis específica permite identificar las cruzas de alto rendimiento con mejores características que la de sus progenitores. Los efectos de heterosis específica más favorables revelan que los mejores cruzamientos para NTF son: IR14xIR9 (17.28\*\*), IR24xIR8 (12.78\*), IR17xIR13 (8.03) y IR8xIR13 (7.18). Para la variable REND las cruzas que obtuvieron los mejores valores de heterosis específica fueron: IR24xIR8 (7698.51), IR17xIR13 (5957.14), IR14xIR9 (5772.00) y IR9xIR13 (1770.67). En lo que se refiere a la variable PPF las cruzas que obtuvieron los más altos valores de heterosis específica fueron: IR14xIR8 (6.96), IR14xIR13 (6.31), IR10xIR9 (5.03) y IR24xIR9 (4.74).

Las cruzas IR14xIR8 (0.88\*), IR24xIR9 (0.62), IR10xIR17 (0.36) y IR14xIR13 (0.33) son las que presentaron los valores más altos de heterosis específica para la variable LF. Para la variable DF los valores de heterosis específica más elevados fueron para las cruzas IR24xIR8 (0.27), IR14xIR17 (0.25), IR10xIR24 (0.24) y IR9xIR13 (0.19). En lo que se refiere a la variable DIF los mejores valores de heterosis específica fueron obtenidos por las cruzas: IR14xIR9 (-4.75\*), IR24xIR17 (-4.40), IR14xIR8 (-3.75) y IR8xIR13 (-2.90).

Cuadro 4.5. Estimaciones de heterosis promedio ( $\bar{h}$ ), varietal ( $h_j$ ) y específica ( $S_{jj'}$ ) para las características de rendimiento y fenológicas bajo el modelo II de Gardner y Eberhart (1966).

Tipo de Heterosis	NTF	REND	PPF	LF	DF	DIF
$\bar{h}$ prom.	-2.47	-300.33	2.92	-0.00	-0.00	-1.64
IR14	2.00	1784.88	6.04	0.12	0.22	-4.46
IR10	-11.75	-3978.24	-5.17	0.96*	0.19	6.53*
IR24	-4.00	-990.12	8.27	-0.50	-0.06	-5.21
IR17	10.75	12751.68**	16.38**	0.41	0.16	-0.71
IR8	-14.00	-12955.92**	-19.89**	-0.94*	-0.18	2.78
IR9	30.00**	9643.68*	-8.44	-0.03	-0.27	-0.96
IR13	-13.00	-6255.96	2.81	-0.00	-0.06	2.03
SIR14XIR10	-0.26	-1293.37	1.98	-0.06	-0.01	-2.10
S IR14xIR24	2.33	-2462.42	-11.70*	-0.82*	-0.49*	2.95
S IR14xIR17	-1.36	1320.45	-1.99	0.17	0.25	4.60
S IR14xIR8	-9.46	-1777.77	6.96	0.88*	0.09	-3.75
S IR14xIR9	17.28**	5772.00	-1.56	-0.50	-0.05	-4.75*
S IR14xIR13	-8.51	-1558.88	6.31	0.33	0.21	3.05
S IR10xIR24	0.73	1569.54	3.66	0.19	0.24	2.15
S IR10xIR17	1.53	1371.96	2.58	0.36	-0.09	-1.95
S IR10xIR8	-3.06	-1617.49	-10.06	-0.79*	0.13	4.95*
S IR10xIR9	1.43	897.32	5.03	0.32	0.00	-0.80
S IR10xIR13	-0.36	-927.96	-3.19	-0.02	-0.26	-2.25
S IR24xIR17	1.38	-507.49	3.48	0.05	-0.13	-4.40
S IR24xIR8	12.78*	7698.51	0.55	-0.04	0.27	2.25
S IR24xIR9	-7.96	-951.04	4.74	0.62	-0.05	-1.00
S IR24xIR13	-9.26	-5347.09	-0.73	-0.01	0.15	-1.95
S IR17xIR8	-1.66	-2531.24	-1.07	0.07	-0.06	-0.10
S IR17xIR9	-7.91	-5610.82	-6.73	-0.58	-0.06	2.40
S IR17xIR13	8.03	5957.14	3.73	-0.07	0.10	-0.55
S IR8xIR9	-5.76	-1878.12	4.13	0.12	-0.03	-0.45
S IR8xIR13	7.18	106.11	-0.50	-0.24	-0.41	-2.90
S IR9xIR13	2.93	1770.67	-5.60	0.02	0.19	4.60

La estructura heterótica de una cruda dentro de un grupo dialélico se describe en base a tres tipos de heterosis: media, varietal y específica. La interpretación genética de la estructura heterótica de una cruda es similar a la estructura dada por los efectos de ACG (Martín del Campo y Molina, 1985). En el cuadro 4.6 se presenta la estructura de la heterosis de las mejores cuatro cruas de acuerdo a las variables evaluadas, donde se observa que las cruas entre progenitores

que presentaron heterosis varietal positiva por heterosis varietal positiva presentaron efectos de heterosis total y heterosis específica positiva, para las cruzas entre progenitores con heterosis varietal positiva por heterosis varietal negativa presentaron efectos de heterosis total y heterosis específica positiva para la mayoría de las cruzas excepto para las cruzas IR14xIR8 e IR14xIR13 que presentaron valor negativo. Las cruzas de los progenitores con valores negativos de heterosis varietal por progenitores con valores negativos de heterosis varietal presentaron efectos de heterosis total y heterosis específica negativa.

Para la variable NTF se observa que en la crusa IR14xIR9 la heterosis específica y la heterosis varietal fueron las que contribuyeron al valor positivo de la heterosis total, en contraste la crusa IR8xIR13 fue la que presentó el valor más bajo para esta variable.

En lo que se refiere a REND la crusa que presentó el valor más elevado de heterosis total por los efectos de alta heterosis específica y heterosis varietal fue: IR14xIR9 por lo contrario la crusa con el menos valor de heterosis total fue IR24xIR8. Para PPF en la crusa IR14xIR13 los efectos de heterosis promedio, varietal y específica fueron los que contribuyeron al valor alto de heterosis total, la crusa IR10xIR9 presentó el valor más bajo debido a la heterosis varietal.

En LF se observa que los efectos de heterosis varietal y específica de la crusa IR10xIR17 contribuyeron al alto valor positivo de heterosis total, en contraste la crusa IR14xIR8 fue la que presentó el valor más bajo para esta variable. Para DF la crusa IR14xIR17 fue la que obtuvo el valor más alto de heterosis total, ya que la heterosis varietal y específica fueron las que influyeron en este resultado, por lo contrario los valores negativos de la heterosis promedio, varietal y específica fueron los que influyeron para que la crusa IR9xIR13 presentara valor negativo.

La crusa IR10xIR8 presentó valor alto para heterosis total, para la variable DIF los efectos que influyeron fue la heterosis varietal y específica con valores

positivos altos que contribuyeron a que esta cruce fuera la más tardía; por lo contrario la cruce IR14xIR17 presentó el valor negativo más bajo para esta variable siendo el material más precoz dentro del grupo de las cruces con valor alto de heterosis específica.

Cuadro 4.6. Estructura de la heterosis de las mejores cuatro cruces de cada variable de acuerdo al valor más alto de heterosis específica.

Variable	Cruza	$h_{jj'}$	$\bar{h}$	$\hat{h}_j$	$\hat{h}_{j'}$	$\hat{s}_{jj'}$
NTF	IR14xIR9	46.81	-2.47	2.00	30.00	17.28
	IR24xIR8	-7.69	-2.47	-4.00	-14.00	12.78
	IR17xIR13	3.31	-2.47	10.75	-13.00	8.03
	IR8xIR13	-22.29	-2.47	-14.00	-13.00	7.18
REND	IR24xIR8	-6547.86	-300.33	-990.12	-12955.92	7698.51
	IR17xIR13	12152.53	-300.33	12751.68	-6255.96	5957.14
	IR14xIR9	16900.23	-300.33	1784.88	9643.68	5772.00
	IR9xIR13	4858.06	-300.33	9643.68	-6255.96	1770.67
PPF	IR14xIR8	-3.97	2.92	6.04	-19.89	6.96
	IR14xIR13	18.08	2.92	6.04	2.81	6.31
	IR10xIR9	-5.66	2.92	-5.17	-8.44	5.03
	IR24xIR9	7.49	2.92	8.27	-8.44	4.74
LF	IR14xIR8	0.06	-0.00	0.12	-0.94	0.88
	IR24xIR9	0.09	-0.00	-0.50	-0.03	0.62
	IR10xIR17	1.73	-0.00	0.96	0.41	0.36
	IR14xIR13	0.45	-0.00	0.12	-0.00	0.33
DF	IR24xIR8	0.03	-0.00	-0.06	-0.18	0.27
	IR14xIR17	0.63	-0.00	0.22	0.16	0.25
	IR10xIR24	0.37	-0.00	0.19	-0.06	0.24
	IR9xIR13	-0.14	-0.00	-0.27	-0.06	0.19
DIF	IR10xIR8	12.62	-1.64	6.53	2.78	4.95
	IR14xIR17	-2.21	-1.64	-4.46	-0.71	4.60
	IR9xIR13	4.03	-1.64	-0.96	2.03	4.60
	IR14xIR13	-1.02	-1.64	-4.46	2.03	3.05

En el Cuadro 4.7, se presenta la comparación de medias mediante la prueba de Diferencia Mínima Significativa (DMS) al 0.05 de probabilidad, apreciándose que para la variable NTF la mejor línea fue la IR9, y la peor con el número de frutos más bajo fue IR8, en cuanto a la mejor cruza para la misma variable fue IR14xIR9 y la cruza con el valor más bajo fue IR10xIR8. En lo que se refiere a REND la línea con el mejor rendimiento fue IR17, por lo contrario la línea con el rendimiento más bajo fue IR8; en cuanto a la mejor cruza fue IR17xIR13 cabe destacar que esta cruza no presentó la mejor estimación de heterosis específica para los dos metodologías que se hicieron para esta investigación, pero si el mejor rendimiento comparado al total de las cruzas evaluadas, esto se debió a que uno de sus progenitores fue el que presentó el mejor rendimiento y la mayor ACG genes con efecto aditivo que influyeron para que se expresará mejor el rendimiento por otra parte la cruza IR24xIR8 fue la que demostró la mejor heterosis específica aunque el rendimiento que presentó estuvo dentro de las mejores cruzas, este no fue el mejor del total de las genotipos evaluados, esto se debió a los progenitores que participaron en esta cruza los cuales presentaron los valores más bajos para ACG influyendo así sobre el rendimiento, la peor cruza para esta variable fue IR10xIR13. Para la variable PPF la línea que presentó los frutos con mejor peso fue IR17 en contraste la línea con los frutos de menor peso fue IR8; en cuanto a la mejor cruza, la IR24xIR17 fue la que presentó los frutos de mayor peso, cabe señalar que esta cruza superó a la mejor línea, por lo contrario la cruza IR10xIR8 fue la que presentó los frutos de menor peso, los resultados encontrados en los genotipos evaluados en este estudio para PPF concuerdan con los reportados por Martínez *et al.*, (2005) en un estudio de comportamiento de híbridos de jitomate saladette, por el contrario estos resultados no concuerdan con lo reportado por Mendoza *et al.*,(2010); Ramos (2000); García *et al.*,(1990) quienes en trabajos de tomate encontraron frutos con pesos superiores a los encontrados en este estudio. En lo que respecta a LF los frutos más largos los presentó la línea IR10, opuesto a esto, fue la línea IR8; la mejor cruza para la misma variable que presentó los frutos más largos fue IR10xIR17, en contraste a esto la cruza



IR14xIR24 mostró los frutos más cortos. Para DF la mejor línea fue IR14 y la línea con valor más bajo fue IR9, en lo referente a sus cruzas la mejor fue IR24xIR8 y la peor IR10xIR9.

En la variable fenológica DIF, la línea con actividad floral más temprana fue IR24 y la más tardía fue IR10, en lo referente a las cruzas para esta variable la más precoz para DIF fue IR24xIR17 y la más tardía IR10xIR8.

Cuadro 4.7. Comparación de medias de siete líneas de tomate y sus 21 cruzas para características de rendimiento y fenológicas analizadas con la prueba de Diferencia Mínima Significativa.

Líneas	NTF <sup>1</sup> (Núm. fto.)	REND t ha <sup>-1</sup>	PPF (gr.)	LF (cm)	DF (cm)	DIF (días)
IR14	54.75 B-G	32.38 A-F	61.11 A-F	6.60 A-E	5.14 A-D	46.50 C-G
IR10	41.00 FG	26.62 D-G	49.89 C-H	7.44 A	5.10 A-D	57.50 A
IR24	48.75 C-G	29.61 A-G	63.35 A-E	5.98 B-F	4.85 A-D	45.75 D-G
IR17	63.50 A-D	43.35 A	71.46 AB	6.89 A-D	5.07 A-D	50.25 A-G
IR8	38.75 G	17.64 G	35.17 H	5.54 EF	4.72 A-D	53.75 A-D
IR9	82.75 A	40.24 A-D	46.63 E-H	6.45 A-E	4.64 A-D	50.00 A-G
IR13	39.75 FG	24.34 E-G	57.88 A-G	6.48 A-E	4.84 A-D	53.00 A-E
Cruzas						
IR14xIR10	40.00 FG	21.58 FG	50.02 C-H	6.28 A-F	4.68 A-D	50.75 A-F
IR14xIR24	56.50 B-G	30.80 A-G	49.18 C-H	5.05 F	4.48 CD	52.50 A-E
IR14xIR17	56.50 B-G	38.23 A-E	61.24 A-F	6.81 A-D	5.32 A	53.00 A-E
IR14xIR8	41.75 E-G	28.06 B-G	63.14 A-E	7.05 A-C	5.21 A-C	45.00 E-G
IR14xIR9	71.25 AB	33.49 A-F	52.34 C-H	5.98 B-F	4.72 A-D	43.75 FG
IR14xIR13	41.00 FG	26.96 D-G	58.50 A-G	6.37 A-E	5.30 A	55.25 AB
IR10xIR24	42.75 D-G	28.47 B-G	60.00 A-G	6.45 A-E	4.89 A-D	53.50 A-D
IR10xIR17	47.25 C-G	31.93 A-G	61.27 A-F	7.39 A	4.65 A-D	48.25 B-G
IR10xIR8	36.00 G	21.86 FG	41.56 GH	5.76 D-F	4.93 A-D	55.50 AB
IR10xIR9	43.25 D-G	22.26 FG	54.40 B-G	7.20 AB	4.44 D	49.50 A-G
IR10xIR13	37.00 G	21.23 FG	44.44 F-H	6.41 A-E	4.50 B-D	51.75 A-F
IR24xIR17	61.00 B-F	40.44 A-D	75.03 A	6.62 A-E	4.89 A-D	42.50 G
IR24xIR8	65.75 A-C	41.57 A-C	65.03 A-E	6.04 B-F	5.34 A	49.50 A-G
IR24xIR9	47.75 C-G	30.80 A-G	66.96 A-C	7.03 A-C	4.66 A-D	46.00 D-G
IR24xIR13	42.00 E-G	27.20 C-G	59.76 A-G	5.95 C-F	5.20 A-C	48.75 B-G
IR17xIR8	55.00 B-G	34.99 A-F	65.75 A-D	6.93 A-D	5.10 A-D	46.00 D-G
IR17xIR9	51.50 B-G	29.79 A-G	57.83 A-G	6.58 A-E	4.75 A-D	48.25 B-G
IR17xIR13	63.00 A-E	42.16 AB	66.58 A-C	6.65 A-E	5.25 AB	49.00 B-G
IR8xIR9	47.00 C-G	26.45 D-G	61.64 A-F	6.82 A-D	4.83 A-D	45.75 D-G
IR8xIR13	55.50 B-G	29.23 A-G	55.28 B-G	6.00 B-F	4.77 A-D	47.00 C-G
IR9xIR13	54.00 B-G	28.78 B-G	47.92 D-H	6.59 A-E	5.03 A-D	54.25 A-C

<sup>1</sup>Número total de frutos de cinco plantas centrales.

\*Medias con la misma letra son estadísticamente iguales (DMS 0.05).

El análisis Cluster con todas las variables evaluadas y estimaciones de ACG y ACE para progenitores y cruzas, agrupó los genotipos según se muestra en la Figura 4.1. El dendograma muestra la formación de los conglomerados, así como la distancia entre ellos, las observaciones más similares entre sí son las que se unen a menor distancia: en este caso, la cruce IR9xIR13 y el progenitor IR14, que forman parte del grupo cuatro, por el contrario la observación más distinta al resto, es claramente el progenitor IR8, ya que fue el que presentó mayor distancia de acuerdo al agrupamiento total.

De este análisis se retuvieron cuatro grupos, el primer grupo se formó por el genotipo que presentó los valores más bajos para ACG y ACE para las variables de rendimiento y variables fenológicas, el segundo grupo estuvo conformado por materiales que presentaron los mejores valores para ACG y ACE al igual que para las variables NTF, REND y DIF esta última variable es un indicativo de genotipos con buena precocidad, el tercer grupo estuvo compuesto por genotipos que presentaron valores bajos para ACG y ACE esto se observó reflejado en las variables NTF y REND por lo contrario para DIF este grupo presentó valores altos demostrando ser los materiales más tardíos, para el agrupamiento cuatro se distinguió por presentar genotipos con los mejores valores de ACG y ACE para PPF, LF, DF y valores intermedios para DIF demostrando precocidad en algunos genotipos de este grupo.

El resultado del análisis cluster de este estudio se aplicó para estudiar los caracteres de rendimiento y fenológicos de plantas de tomate. En otros trabajos se ha indicado (Yau *et al.*, 1989; Lin *et al.*, 1986) que mediante el análisis cluster también puede estimarse la estabilidad del rendimiento, Johnson (1977) indica que el cluster proporciona información completa sobre similaridad pero no de estabilidad. Por otro lado, Rincón (1996) señala que con el cluster se definen grupos de individuos con características similares y grupos con características diferentes. Por su parte, Cornelius *et al.* (1993) señalan que la técnica cluster puede ser usada por los mejoradores de plantas en el proceso de selección y/o en la prueba e identificación de los genotipos superiores.

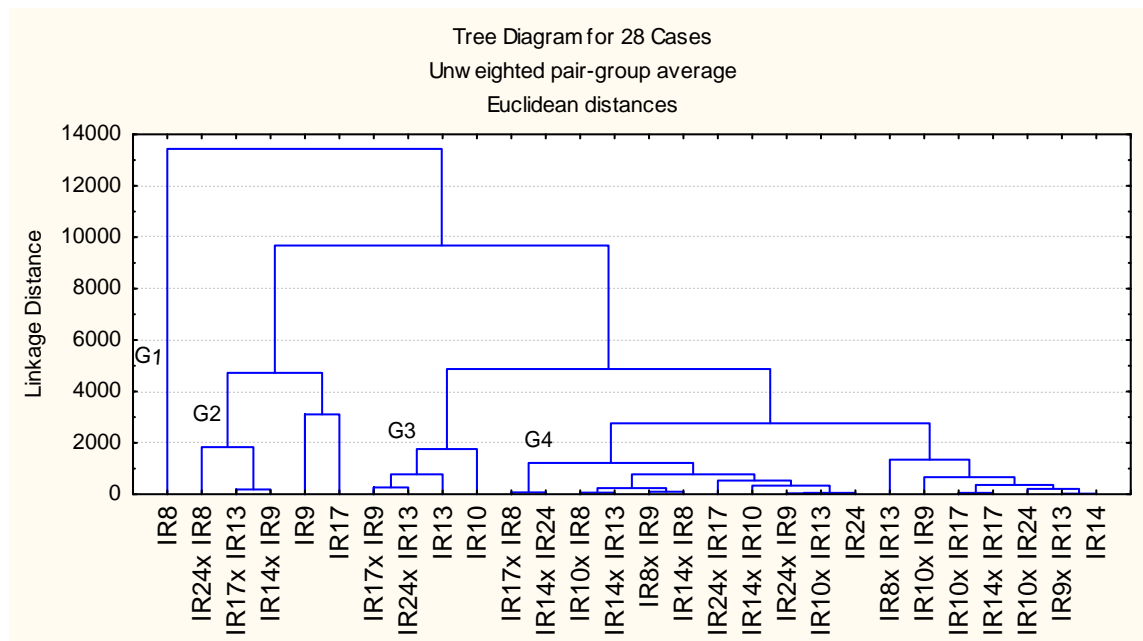


Figura 4.1. Dendrograma que muestra la agrupación de siete líneas y 21 cruces de tomate basado en variables fenotípicas y genotípicas.

En el Cuadro 4.8. se observó para la variable días a inicio de corte (DIC) que las líneas y cruzas que se comportaron como más precoces fueron las que presentaron de 64 a 68 días al primer corte, intermedios de 69 a 73 días y tardías de 74 a 75 días. Nuez (2001), menciona que en la actualidad se reconocen tres tiempos de maduración (Días después del trasplante): A) Precoz: 65-80 días, B) Intermedio: 75-90 días y C) Tardío: 85-100 días. Para la variable días en corte (DC) las líneas que presentaron más días en corte fueron IR14 e IR24 respecto a las cruzas la IR14xIR9 e IR24xIR17 fueron las que tardaron más días cosechando aunque esto no es un indicativo de que su rendimiento sea mejor a las demás cruzas. En lo que respecta a la variable días a último corte (DUC) la mayoría de las líneas y cruzas presentaron 91 días, pudo influir el último corte ya que algunos materiales presentaron daños severos de enfermedad debido a que se presentaron condiciones climáticas desfavorables propiciando la incidencia de enfermedades y teniendo que hacer el último corte general para que no se perdiera la producción y se tuviera equidad en todos los materiales que se evaluaron.

En la variable número de cortes (NC) las líneas IR10 e IR8 presentaron cuatro cortes al igual que las cruzas IR14xIR17, IR14xIR13, IR10xIR24 y IR10xIR8; por lo contrario para las demás líneas y cruzas se comportaron de manera similar todas al presentar cinco cortes.

Cuadro 4.8. Períodos de cosecha de las variables fenológicas de siete líneas de tomate y sus 21 cruzas de tomate tipo Saladette en campo.

<b>LÍNEAS</b>	<b>DIC</b>	<b>DC</b>	<b>DUC</b>	<b>NC</b>
IR14	64	27	91	5
IR10	73	18	91	4
IR24	68	23	91	5
IR17	69	22	91	5
IR8	73	16	89	4
IR9	69	22	91	5
IR13	73	18	91	5
<b>Cruzas</b>				
IR14x IR10	69	22	91	5
IR14x IR24	71	20	91	5
IR14x IR17	74	17	91	4
IR14x IR8	66	25	91	5
IR14x IR9	64	27	91	5
IR14x IR13	75	16	91	4
IR10x IR24	74	17	91	4
IR10x IR17	71	20	91	5
IR10x IR8	76	12	88	4
IR10x IR9	69	22	91	5
IR10x IR13	71	20	91	5
IR24x IR17	64	27	91	5
IR24x IR8	69	22	91	5
IR24x IR9	66	25	91	5
IR24x IR13	69	22	91	5
IR17x IR8	66	25	91	5
IR17x IR9	69	22	91	5
IR17x IR13	69	22	91	5
IR8x IR9	66	25	91	5
IR8x IR13	66	25	91	5
IR9x IR13	66	25	91	5

## **V. CONCLUSIONES**

En este estudio los caracteres de rendimiento se determinaron principalmente por efectos de ACG; los cuales fueron superiores a los de ACE; esto sugiere descartar el mejoramiento de hibridación para las líneas progenitoras.

Las líneas que mostraron el mayor efecto de ACG y el mayor rendimiento en la comparación de medias, podrían ser usadas en un programa de mejoramiento genético, diseñado para explotar la acción génica aditiva en forma exitosa.

La línea IR17 mostró la mayor ACG y las más altas combinaciones híbridas en esta investigación, se recomienda para ser utilizada en un programa de mejoramiento donde se aprovechen principalmente los efectos aditivos para mejorar el rendimiento ó en métodos de mejoramiento que exploten la hibridación, siempre y cuando se utilicen materiales no emparentados ó contrastantes en sus características.

## VII. LITERATURA CITADA

- Amaral, A., V. Dias., C. Damiao., F. Luiz., C. Scapim. 1997. Melhoramento do tomateiro: II. Procedimento de Gardner e Eberhart na análise heterótica de características morfoagronómicas e da qualidade dos frutos. *Bragantia*. 56 (1):33-46
- Anonymous 1986. A microcomputer program for the design, management and analysis of agronomic research experiments MSTAT. 4ª Ed. Dep. of Crop and Soil Sciences, Michigan State Univ., East Lansing, MI. U.S.A. Diskette.
- Burow, M. D. and J.G. Coors. 1994. Diallel: A microcomputer program for the simulation and analysis of diallel crosses. *Agrono. J.* 86: 154-58.
- Castañón N, G; Latournerie M, L; Mendoza E, M. 2005. Macro de SAS-IML para analizar los diseños II y IV de Griffing. *Universidad y Ciencia*. 21(41):27-35.
- Chávez, A. J. L. 1995. Mejoramiento de plantas 2 (Métodos específicos de plantas alógamas). 1ra edición. Editorial Trillas. 138 p.
- Cornellus, P. L.; Van S, D. A; Seyedsadr. 1993. Clustering cultivars into groups without rankchange interactions. *Corp Sci.* 33:1193-1200
- Cruz, C. D. Regazzi, A.J. 1994. Modelos biométricos aplicados al mejoramiento genético. Vicoso, Imprenta universitaria. 394 p.
- Cruz C J, F Jiménez, J Ruiz, G Díaz, P Sánchez, C Perales, A Arellanes 2003. Evaluación de densidades de siembra en tomate (*Lycopersicon esculentum* M) en invernadero. *Agro. Meso.* 14(1): 85-88.
- De la Cruz, L., S. Rodríguez., M. Estrada., J. Mendoza., N. Brito. 2005. Análisis dialélico de líneas de maíz QPM para características forrajeras. *Rev. Universidad y Ciencia*. 21(41): 19-26.



- De la Rosa, A., H. De León., G. Martínez y F. Rincón. 2006. Efectos genéticos, heterosis y diversidad genética entre híbridos comerciales de maíz adaptados a el bajo mexicano. *Rev. Fitotec. Mex.* 29(3): 247-254.
- Falconer, D. S. 1981. *Introducción a la genética cuantitativa*. 12ª. Impresión. Editorial CECSA. 430p.
- FAO. 2010. Faostat. Área cosechada, producción y rendimiento de tomate. Cierre de la producción agrícola por cultivo 2008 Documento en línea: <http://faostat.fao.org/site/567/DesktopDefault.aspx?PageID=567#anchor>. Fecha de consulta: septiembre de 2010.
- Fehr, R. W. 1982. *Applied plant breeding*. Iowa State University. Ames Iowa University Press. P. 552.
- García, Q. A., F. Vallejo. 1990. Habilidad combinatoria para el carácter producción por planta y sus componentes primarios en un cruzamiento dialélico de siete líneas de tomate "Chonto" *Lycopersicon esculentum* Mill. *Rev. Acta Agro.* 40(1-2): 32-41.
- Gardner, C. O. 1963. Estimates of genetic parameters in cross fertilizing plants and their implications in plant breeding. *In: Statistical Genetics and Plant Breeding*. W D Hanson, H F Robinson (eds). NAS-NRC Publication 982:225-252
- Gardner, C. O. 1967. Simplified methods for estimating constants and computing sums of squares for a diallel cross analysis. *Fitotecnia Latinoamericana* 4(2): 1-12.
- Gardner, C. O. and S A Eberhart 1966. Analysis and interpretation of the variety cross diallel and related populations. *Biometrics* 22: 439-452.
- Griffing, B. J. 1956. Concept of general and specific combining ability in relation to diallel crossing systems. *Aust. Biol. Sci.* 9: 463-493.
- Gutiérrez, R E; A. Espinosa., A. Palomo., J. Lozano., O Antuna. 2004. Aptitud combinatoria de híbridos de maíz para la comarca lagunera. *Rev. Fitotec. Mex.* 27 (Núm. Esp. 1):7-11.
- Gutiérrez, R E; A. Palomo G.; A. Espinoza B.; E. Cruz L. 2002. Aptitud combinatoria y heterosis para rendimiento de líneas de maíz en la comarca lagunera, México. *Rev. Fitotec. Mex.* 25(3):271-277.
- Hannan, M., M. Biswas., M. Ahmed., M. Hossain., R. Islam. 2007. Combining ability analysis of yield and yield components in Tomato (*Lycopersicum esculentum* Mill.). *Rev. Turk. J. Bot.* 31(1): 559-563

- Hayman, B. I. 1954.a. The analysis of variance of diallel tables. *Biometrics*. 10:235-244.
- Hayman, B. I. 1954.b. The theory and analysis of diallel crosses. *Genetics*. 39:789-809.
- INEGI. 2000. Marco Geoestadístico de los Estados Unidos Mexicanos.
- Johnson, G. R. 1977. Analysis of genotypic similarity in terms of mean yield and stability of environmental response in a set of maize hybrids. *Crop Sci*.17:837-843.
- Lln, C. S.; Binns, M. R.; Lefkovitch, L. P. 1986. Stability analysis: ¿ Where do we stand? *Crop Sci*. 26:894-900.
- Magari R, and M S Kang. 1994. Interactive basic program for Griffing's diallel analyses. *J. Hered*. 85:336.
- Márquez S., F. 1988. Genotecnia vegetal. Métodos, teoría, resultados. Tomo II. AGT EDITOR, S.A. México. 563 p.
- Martin del Campo, S. y J.D. Molina. 1985. Aptitud combinatoria, heterosis y estabilidad en tres grupos de poblaciones de maíz en el norte-centro de México. *Agrociencia*. 47-50: 103-116.
- Martínez, A G., 1983. Diseños y análisis de experimentos de cruza dialélicas. Centro de cálculo, Colegio de Postgraduados. Chapingo, México. pp13.
- Martínez G, A. 1991. Análisis de los experimentos dialélicos a través del procedimiento IML de SAS. *Comunicaciones en Estadística y Cómputo*. 10(2):36 p.
- Martínez, P. B., R. Saint., F. Vallejo. 1989. Análisis de la heterosis y de la habilidad combinatoria entre diferentes cultivares de tomate, *Lycopersicon esculentum* Mill. a partir de un cruzamiento dialélico. *Rev. Acta Agro*. 39 (1-2): 24-33
- Martínez S., J. Peña L., A.; Rodríguez P, J. E.; Villanueva V, C.; Sahagún C, J.; Peña O, M. G.2004. Heterosis intervarietal y uso de generaciones F<sub>2</sub> de híbridos de jitomate (*Lycopersicon esculentum* Mill.). *Revista Chapingo Serie Horticultura*. 11(2):299-307.
- Martínez S., J. Peña L., A.; Rodríguez P, J. E.; Villanueva V, C.; Sahagún C, J.; Peña O, M. G.2005. Comportamiento productivo en híbridos de jitomate y sus respectivas poblaciones F<sub>2</sub>. *Revista Chapingo Serie Horticultura*. 11(2):299-307.

- Martínez, Z. G., J. R. A. Dorantes G., M. Ramírez M., A Rosa L. y O. Pozo C. 2005. Efectos genéticos y heterosis en la vida de anaquel del chile serrano. *Rev. Fitotec. Mex.* 28(4): 327-332
- Mastache L, A.A. y Martínez G, A. 2003. Un algoritmo para el análisis, estimación y predicción en experimentos dialélicos balanceados. *Rev. Fitotec. Mex.* 26(3):191-200.
- Mastache L, A. A., Martínez G, A., Castillo M, A. 1997. Un algoritmo para el análisis de varianza y estimación de parámetros en diseños de Griffing. 5<sup>o</sup> Meeting of the International Biometric Society Network for Central América, the Caribbean, México Colombia and Venezuela. Fac. de Estadística e Informática. Universidad Veracruzana. Memorias. Pp25-36.
- Mendoza, J. V., J. Shagún, J. Rodríguez, J. Legaria, A. Peña y M. Pérez. 2010. Heterosis intervarietal en jitomate de crecimiento indeterminado tipo saladette. *Revista Chapingo Serie Horticultura* 16(1): 57-66.
- Molina, G. J. M., 1992. Introducción a la genética de poblaciones y cuantitativa. Editorial Agt Editor, S.A., pp. 151.
- Montesinos L., O. A., A. Martínez G., Mastache L. Y G. Rendón S. 2006. Mejor predictor lineal e insesgado combinado para aptitud combinatoria general y análisis combinado de los diseños uno y tres de Griffing. *Rev. Fitotec. Mex.* 29 (3):263-270.
- Nuez, F. 2001. El cultivo del tomate. Editorial Mundi Prensa. p 793
- Peña L., A., J. D. Molina G., J. Ortiz C., S. Cervantes, F. Márquez S. y J. Sahagún C. 1999. Heterosis intravarietal en tomate de cáscara (*Physalis ixocarpa* Brot.) *Rev. Fitotec. Mex.* 22:199-212.
- Ramos, D. F. 2000. Formación y evaluación de híbridos en cultigenes de tomate (*Lycopersicon esculentum* Mill.) para explotación intensiva y sustentable. Tesis Maestría, UAAAN. Saltillo, Coah., México.
- Reyes, L. D., J. Molina, Oropeza M, Moreno E. 2004. Cruzas dialélicas entre líneas autofecundadas de maíz derivadas de la raza tuxpeño. *Rev. Fitotec. Mex.* 27(1):49-56
- Rincón Sánchez, F 1996. The use of multivariate analysis in developing subsets of a Caribbean collection of maize. pH D Thesis. Lincon, Nebraska University. 85 p.

- Santiago, J., M. Mendoza., F. Borrego. 1998. Evaluación de tomate (*Lycopersicon esculentum* Mill.) en invernadero: criterios fenológicos y fisiológicos. *Agro. Meso.* 91(1): 59-65.
- Schaffer, H. E. and R. A. Usanis. 1989. General least squares analysis of diallel experiments: A computer program. Genetics Dep. Res. Rep.1 North Carolina State University, Raleigh, USA.
- Servicio de Información Agroalimentaria y Pesquera (SIAP). SAGARPA. 2010. Cierre de la producción agrícola por cultivo 2008. Documento en línea: [http://www.siap.gob.mx/index.php?option=com\\_wrapper&view=wrapper&Itemid=350](http://www.siap.gob.mx/index.php?option=com_wrapper&view=wrapper&Itemid=350). Fecha de consulta: 01 de Septiembre de 2010.
- Shull, G. H. 1948. What is "heterosis"? *Genetics* 33: 439-446.
- Sierra, M. M., Preciado O. R. E, Alcázar, A. J. J., Rodríguez, M. F. A. 1991. Selección de líneas por su rendimiento y adaptación con base en un patrón heterótico conocido. *In: XXXVII Reunión Anual del PCCMCA.* Panamá, Panamá. pp. 109-116.
- Sprague G F, L A Tatum 1942. General vs specific combining ability in single-crosses of corn. *Amer. Soc. Agron.* 43:923-932.
- Stern, C. 1948. Negative heterosis and decreased effectiveness of alleles in heterozygotes. *Genetics.* 33:215.
- Urrego, P. J., F. Vallejo. 1990. Control genético del carácter número de frutos por planta y sus componentes en un cruzamiento dialélico entre cultivares de tomate "chonto", *Lycopersicon esculentum* Mill. *Rev. Acta Agro.* 40(1-2): 15-31.
- Vallejo, C. F. 2002. Mejoramiento Genético de Plantas. 1ra. ed. Universidad Nacional de Colombia. Colombia 389 pp
- Williams, D.E. 1990. A review of sources for the study of nahuatl plant classification. *Adv. Econ. Bot.* 8: 249-270.
- Warnock, S. J. 1991. Natural habitats of *Lycopersicon* species. *HortScience.* 26(5):466-471.
- Yau, S. K.; Ortiz F, G.; Srivastava, J. P. 1989. Cluster analysis of bread wheat lines grown in diverse rainfall environments. *Rachis* 8(2):31-35.
- Zhang Y, and M.S. Kang. 2003. DIALLEL-SAS: A program for Griffing's diallel methods: Handbook of formulas and software for plant geneticists and breeders. *In: Kang, M. S. (ed). FPP.* New York. London. Oxford. 347p.

Zhan Y, and M. S. Kang. 1997. DIALLEL-SAS: A SAS program for Griffing's diallel analysis. *Agrono. J.* 89: 176-182.

This document was created with Win2PDF available at <http://www.win2pdf.com>.  
The unregistered version of Win2PDF is for evaluation or non-commercial use only.  
This page will not be added after purchasing Win2PDF.