

**EVALUACION DEL POTENCIAL GENETICO DE ALGUNOS PARENTALES DE  
TOMATE DE ARBOL *Cyphomandra betacea* Cav. Sendt. A PARTIR DE UN  
DIALELICO PARCIAL CIRCULANTE**

**LIZ KATHERINE LAGOS SANTANDER**

**UNIVERSIDAD NACIONAL DE COLOMBIA  
FACULTAD DE CIENCIAS AGROPECUARIAS  
COORDINACIÓN GENERAL DE POSTGRADOS  
PALMIRA  
2012**

**EVALUACION DEL POTENCIAL GENETICO DE ALGUNOS PARENTALES DE  
TOMATE DE ARBOL *Cyphomandra betacea* Cav. Sendt. A PARTIR DE UN  
DIALELICO PARCIAL CIRCULANTE**

**LIZ KATHERINE LAGOS SANTANDER**

**Tesis de grado presentada como requisito parcial para obtener el grado de  
Magister en Ciencias Agrarias, con énfasis en Fitomejoramiento**

**DIRIGIDO POR**

**Ph.D. FRANCO ALIRIO VALLEJO CABRERA**

**Ph.D. TULIO CESAR LAGOS BURBANO**

**UNIVERSIDAD NACIONAL DE COLOMBIA  
FACULTAD DE CIENCIAS AGROPECUARIAS  
COORDINACIÓN GENERAL DE POSTGRADOS**

**PALMIRA**

**2012**



UNIVERSIDAD NACIONAL DE COLOMBIA  
SEDE PALMIRA

FACULTAD DE CIENCIAS AGROPECUARIAS

ACTA DE JURADO DE TESIS

MAESTRÍA EN CIENCIAS AGRARIAS  
LINEA DE INVESTIGACIÓN FITOMEJORAMIENTO

En Palmira a los 09 días del mes de Octubre de 2012, se reunió en esta Sede el Jurado Calificador de Tesis, integrado por los profesores EDGAR IVAN ESTRADA SALAZAR y JAIME EDUARDO MUÑOZ.

Para calificar la Tesis de Grado de:

**LIZ KATHERINE LAGOS SANTANDER**

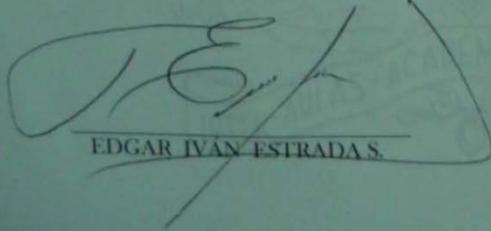
Titulada:

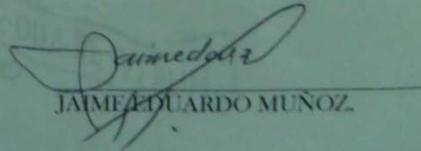
“EVALUACION DEL POTENCIAL GENÉTICO DE ALGUNOS PARENTALES DE TOMATE DE ARBOL *Cyphomandra betacea* Cav. Sendt. A PARTIR DE CRUZAMIENTOS DIALELICOS PARCIAL CIRCULANTE,” bajo la dirección del doctor Franco Alirio Vallejo Cabrera y Tulio César Lagos Burbano.

Después de oír el informe del jurado evaluador compuesto por los profesores EDGAR IVAN ESTRADA SALAZAR y JAIME EDUARDO MUÑOZ, y de haber cumplido con el proceso de evaluación, la tesis fue calificada como:

APROBADA

REPROBADA

  
EDGAR IVAN ESTRADA S.

  
JAIME EDUARDO MUÑOZ.

## **DEDICATORIA**

A Mindy por su amistad fiel e incondicional,

A mis Padres Cesar, Alba, y Juan, por su apoyo, su gran amor y sus sabios consejos,

A Diana, Elizabeth, Chiki y Lauris por su compañía y amistad,

A alguien que conocí y me hace feliz.

## **AGRADECIMIENTOS**

Deseo expresar mis agradecimientos a las personas e instituciones que de una u otra forma colaboraron, en la realización del presente trabajo.

Dr. Franco Alirio Vallejo, por su orientación, consejos y apoyo incondicional durante mi permanencia en la Universidad Nacional de Palmira.

Jaime Eduardo Muñoz, por su gran amistad, por abrirme las puertas del laboratorio de investigaciones de la Universidad Nacional, sede Palmira, donde adquirí muchos conocimientos de Genética Molecular.

Al profesor Hernando Criollo Escobar de la Universidad de Nariño, por su amistad y apoyo incondicional para culminar con éxito el presente trabajo.

Al grupo de investigación Grupo de investigación en Frutales Andinos GPFA, en especial a los ingenieros Danita Andrade, David Esteban Duarte, Ana Elizabeth Portilla, Sandra Insuasty por su apoyo y colaboración durante la investigación.

A todos los docentes del Programa de Postgrado En ciencias Agrarias línea Fitomejoramiento que construyeron mis conocimientos.

La facultad y los jurados de tesis no se harán responsables de las ideas emitidas por el autor.

Artículo 24, resolución 04 de 1974

## CONTENIDO

INTRODUCCION .....	14
1. REVISION DE LITERATURA.....	16
1.1 TOMATE DE ÁRBOL <i>Cyphomandra betacea</i> Cav. Sendt.....	16
1.2 SITUACIÓN DE LA FRUTICULTURA EN COLOMBIA .....	17
1.3 EXPORTACIONES DE FRUTAS EXÓTICAS COLOMBIANAS .....	18
1.4 ESTADO DE LA INVESTIGACIÓN EN FRUTALES DE COLOMBIA.....	19
1.5 ORIGEN Y DISTRIBUCIÓN .....	20
1.6 DISPERSIÓN .....	20
1.7 BIOLOGÍA FLORAL .....	21
1.8 MEJORAMIENTO GENÉTICO.....	22
1.9 VARIABILIDAD GENÉTICA, APTITUD COMBINATORIA Y HETEROSIS...22	
2. MATERIALES Y METODOS.....	27
2.1 LOCALIZACIÓN .....	27
2.2 FORMACIÓN DE LOS HÍBRIDOS F1 .....	27
2.3 MANEJO AGRONÓMICO .....	28
2.4 VARIABLES EVALUADAS.....	28
2.4.1 Peso del fruto (PF).....	28
3.4.2 Peso de pulpa más semilla por fruto (P&S): .....	28
2.4.3 Contenido de jugo por fruto (CJ):.....	28
2.4.4 pH: .....	29
2.4.5 Sólidos solubles totales (Brix):.....	30
2.4.6 Acidez titulable (AC): .....	31
2.4.7 Índice de madurez (IM):.....	31
2.4.8 Peso de semilla por fruto (PSF):.....	31
2.4.9 Número total de semillas por fruto (NTS):.....	31
2.5 ANÁLISIS DE LA INFORMACIÓN .....	32
2.6 APTITUD COMBINATORIA GENERAL (ACG), ESPECÍFICA (ACE) Y HETEROSIS ÚTIL.....	32
2.7 HETEROSIS ÚTIL (HU) .....	37

2.8 SELECCIÓN DE LOS GENOTIPOS MÁS SOBRESALIENTES .....	39
2.9 CORRELACIONES GENÉTICAS, FENOTÍPICAS Y AMBIENTALES .....	40
3. RESULTADOS Y DISCUSION .....	42
3.1 ANÁLISIS DE LA INFORMACIÓN .....	42
3.1.1 Peso de fruto (PF) .....	42
3.1.2 Peso de pulpa más semilla por fruto (P&S) .....	43
3.1.3 Contenido de jugo por fruto (CJ).....	43
3.1.4 pH del jugo.....	44
3.1.5 Solidos solubles totales (Brix).....	44
3.1.6 Acidez titulable (AC) e índice de madurez (IM).....	45
3.1.7 Peso de semillas por fruto (PSF) y número total de semillas por fruto (NTS) .....	46
3.2 EVALUACIÓN DE APTITUD COMBINATORIA .....	46
3.2.1 Aptitud combinatoria general (ACG) .....	48
3.2.2 Aptitud Combinatoria Específica (ACE) y Heterosis útil (HU) .....	52
3.3 CORRELACIONES GENÉTICAS, FENOTÍPICAS Y AMBIENTALES .....	53
3.4 DETERMINACIÓN DEL MODELO MATEMÁTICO .....	57
3.5 SELECCIÓN DE LOS GENOTIPOS MÁS SOBRESALIENTES .....	58
4. CONCLUSIONES Y RECOMENDACIONES .....	60
BIBLIOGRAFIA.....	62

## INDICE DE TABLAS

Pág.

<b>Tabla 1</b> : Parentales de tomate de árbol utilizados en el cruzamiento dialélico circulante parcial.....	29
<b>Tabla 2:</b> Estructura del ANDEVA.....	33
<b>Tabla 3:</b> Cuadrados medios del ANDEVA combinado para peso de fruto (PF), peso de fruto peso de pulpa más semilla (PUS), contenido de jugo (CJ) y pH, evaluadas en frutos de 81 genotipos de tomate árbol, bajo condiciones de la región natural andina del departamento de Nariño.....	45
<b>Tabla 4:</b> Cuadrados medios del ANDEVA sólidos solubles (Brix), acidez titulable (AC), índice de madurez (IM), peso de semilla por fruto (PSF) y número total de semilla (NTS),evaluadas en frutos de 81 genotipos de tomate árbol, bajo condiciones de la región natural andina del departamento de Nariño. ....	46
<b>Tabla 5:</b> Estimados de la Aptitud Combinatoria General (gi) para peso del fruto (PF), peso de pulpa más semilla (P&S), contenido de jugo (CJ), solidos solubles totales (Brix), acidez titulable (AC), índice de madurez (IM), peso de semilla por fruto (PSF) y número total de semilla de <i>C. betacea</i> , obtenidos a partir de un dialélico parcial circulante. ....	50
<b>Tabla 6:</b> Correlaciones fenotípicas, genotípicas y ambientales para las peso de pulpa mas semilla (P&S), contenido de jugo (CJ), pH, solidos solubles (Brix), Acidez titulable (AC), índice de madurez (IM), peso de semilla por fruto (PSF) y número total de semillas (NTS).....	55
<b>Tabla 7:</b> Análisis de sendero para el peso del fruto (PF) en función de Peso de Pulpa mas Semilla (P&S), Contenido de Jugo (CJ), pH, Grados Brix (BX), Acidez (AC), Índice de Madurez (IM), Peso de Semilla del Fruto (PSF) y Número Total de Semilla (NTS) en tomate de árbol ( <i>C. betacea</i> ),bajo condiciones del Municipio de Pasto, Colombia.....	56

**Tabla 8:** Análisis de sendero para el peso del fruto (PF) en función de Peso de Pulpa mas Semilla (PUS), Contenido de Jugo (CJ), pH, Grados Brix (BX), Acidez (AC), Índice de Madurez (IM), Peso de Semilla del Fruto (PSF) y Número Total de Semilla (NTS) en tomate de árbol (*C. betacea*), bajo condiciones del Municipio de Pasto, Colombia.....56

**Tabla 9:** Métodos Forward, Backward y Stepwise para la selección del mejor modelo que explica la relación del peso de fruto de tomate de árbol (*Chyphomandra betacea*) en función de otras variables.....58

**Tabla 10:** Índice de selección para los mejores 10 genotipos de tomate de árbol, evaluados bajo condiciones del departamento de Nariño.....59

## INDICE DE ANEXOS

<b>ANEXO A.</b> Datos de pasaporte para los parentales de tomate de árbol Cyphomandra betaceae Cav. Sendt. ....	69
<b>ANEXO B.</b> Promedio de peso de fruto (PF), peso de pulpa más semilla (PUS), contenido de jugo (CJ), pH, solidos solubles (BX), acidez titulable (AC), índice de madurez (IM), peso de semilla por fruto (PSF) y número total de semilla (NTS), evaluadas en frutos de 81 genotipos de tomate árbol, bajo condiciones de la región natural andina del departamento de Nariño. ....	71
<b>ANEXO C.</b> Análisis de correlación múltiple de Pearson para las variables Promedio de peso de fruto (PF), peso de pulpa más semilla (P&S), contenido de jugo (CJ), pH, solidos solubles (BX), acidez titulable (AC), índice de madurez (IM), peso de semilla por fruto (PSF) y número total de semilla (NTS), .....	74
<b>ANEXO D.</b> Heterosis útil para las variables promedio de peso de fruto (PF), peso de pulpa más semilla (P&S), contenido de jugo (CJ), pH, solidos solubles (BX), acidez titulable (AC), índice de madurez (IM), peso de semilla por fruto (PSF) y número total de semilla (NTS). ....	75
<b>ANEXO E.</b> Aptitud combinatoria específica para las variables peso de fruto (PF), peso de pulpa más semilla (P&S), contenido de jugo (CJ), pH, solidos solubles (BX), acidez titulable (AC), índice de madurez (IM), peso de semilla por fruto (PSF) y número total de semilla (NTS).....	77

## RESUMEN

El presente trabajo se realizó entre los años 2009 y 2012, en las localidades de la Pradera (1980msnm), Ipiales (2730 msnm) y Tangua (2000 msnm), localizadas en el departamento de Nariño, Colombia. El objetivo fue evaluar la Aptitud Combinatoria General (ACG), Aptitud Combinatoria Específica (ACE), y Heterosis Util (HU) de un dialélico parcial circulante de 48 parentales de *C. betacea* y establecer las correlaciones fenotípicas, genéticas y ambientales entre las variables evaluadas. Los 48 parentales pertenecen a la Colección de la Universidad de Nariño y con estos se hicieron los cruzamientos parciales circulantes. Cada localidad se tomó como una repetición. En cada una de ellas se sembraron 81 tratamientos, correspondientes a 9 testigos y 72 híbridos. Se evaluó el peso del fruto (PF), peso de pulpa mas semilla (P&S), contenido de jugo (CJ), pH, sólidos solubles totales (Brix), acidez titulable (AC), índice de madurez (IM), peso de semilla por fruto (PSF) y número total de semilla por fruto (NTS). Asumiendo un modelo fijo, el análisis de ACG y ACE se realizó con base en la metodología propuesta por Kempthorne y Curnow (1961) y descrita por Singh y Chaudhary (1985). Los parentales que presentan mayor ACG son, CBp19, CBco39, CBsj36, CBcon33, CBU82, CBg70, CBI70, CBco42, CBU88, CBI50, CBb06. CBSj35 y CBc11, por lo que se concluye que los efectos aditivos predominaron en los caracteres PF, P&S y CJ. La población evaluada producto de los cruzamientos no se presento efectos de ACE, para ninguno de los caracteres evaluados, por lo tanto no se destacó ninguna combinación híbrida como patrón heterótico. Sin embargo, los cruzamientos CBSj36xCBcon34 y CBp19xCBU87 presentaron una heterosis útil significativa y positiva en las variables Índice de Madurez y Acidez Titulable, indicando que hubo un aporte genético de los progenitores a la expresión de estos caracteres y que superan a su mejor testigo. Las variables que más influyen en el Peso del fruto y que pueden ser utilizados como criterios de selección son P&S, PSF, pH y AC.

Palabras clave: dialélico parcial circulante, Aptitud Combinatoria General, Aptitud Combinatoria Específica, heterosis útil.

## SUMMARY

This work was carried out between 2009 and 2012 in the towns of the Prairie (1980msnm) Ipiales (2730 m) and Tangua (2000 m), located in the department of Nariño, Colombia. The objective was to evaluate the general combining ability (GCA), specific combining ability (ACE), and Heterosis Util (HU) of a partial diallel of 48 parental circulating *C. betacea* and establish the phenotypic, genetic and environmental relations between variables assessed. The 48 parents belong to the collection of the University of Nariño and these crosses were circulating partial. Each locality was taken as a repetition. In each treatment were seeded 81, corresponding to 9 and 72 witnesses hybrids. We evaluated the fruit weight (FW), weight of pulp more seed (P & S), juice content (CJ), pH, total soluble solids (Brix), titratable acidity (AC), maturity index (MI), weight seed per fruit (PSF) and total number of seeds per fruit (NTS). Assuming a fixed model, the GCA and SCA analysis was conducted based on the methodology proposed by Kempthorne and Curnow (1961) and described by Singh and Chaudhary (1985). The parents who have greater ACG are CBp19, CBco39, CBSj36, CBcon33, CBU82, CBg70, CBI70, CBco42, CBU88, CBI50, CBb06. CBc11 CBSj35 and therefore concluded that the additive effects predominated in the characters PF, P & S and CJ. The product evaluated population crosses did not show effects of ACE, for none of the traits therefore not highlighted any hybrid combination as heterotic pattern. However, the crosses CBp19xCBU87 CBSj36xCBcon34 and had a significant and positive heterosis in useful variables Maturity Index and titratable acidity, indicating that there was a genetic contribution of parents to the expression of these characters and that exceed his best witness. The variables that influence fruit weight and can be used as selection criteria are P & S, PSF, pH and AC.

Keywords: partial diallel circulating, general combining ability, specific combining ability, heterosis util.

## INTRODUCCION

En Colombia, el Tomate de árbol *Cyphomandra betacea* Cav. Sendt ha sido catalogado como una de las frutas con mayor potencial para el mercado debido a sus características nutricionales. Además, se ha constituido como alternativa viable para los agricultores de la región Andina de nuestro país. *C. betacea* procede de Sur América, concretamente de los Andes Peruanos y crece mejor en regiones con temperaturas entre 18 y 22°C y precipitaciones de 600 a 800 mm anuales. Estas características se presentan en la zona Andina a altitudes medias de 700 a 2000 msnm cultivadas en Colombia en los departamentos de Nariño, Cauca, Huila, Tolima, Valle, Caldas, Quindío, Antioquia, Cundinamarca y Boyacá.

Según el plan frutícola nacional, la superficie que ocupa actualmente este cultivo en Colombia es de 9223 ha y el departamento de Nariño participa con el 9,08% (760 ha) (Agronet, 2011). Se proyecta un incremento en la superficie sembrada en los próximos años para Colombia de 10000 ha y para Nariño de 1000, generando 7823 y 728 empleos directos, respectivamente (Tafur, 2006). Su potencial frutícola está determinado por su adaptación a condiciones tropicales. Sin embargo, este gran potencial se ve afectado por la condición semisilvestre de la fruta y por falta de soporte tecnológico, dado que el desarrollo de esta especie como cultivo ha sido fundamentalmente sobre el conocimiento empírico, fruto del esfuerzo de los agricultores. Esto se refleja en la falta de una oferta de genotipos mejorados que suplan las necesidades del productor y ayuden a resolver los problemas fitosanitarios del cultivo en la zona Andina del departamento de Nariño (Lagos, 2008).

En Colombia y Ecuador, los principales productores Americanos de la fruta, no existen variedades comerciales, sino poblaciones locales, que tradicionalmente se han venido multiplicando y seleccionando por parte de los cultivadores. En consecuencia este cultivo se caracteriza por la gran heterogeneidad en las formas y tamaños de las frutas entre y dentro de una misma plantación, resultado de las hibridaciones y de las mezclas del material genético a través del tiempo. A largo plazo esto puede detener una eventual expansión de las áreas cultivadas debido a la falta de genotipos que presenten un buen comportamiento agronómico y una homogeneidad en la calidad de la fruta (Lobo *et al.*, 2000).

El fitomejoramiento es una alternativa clave para el desarrollo de genotipos mejorados con resistencia a plagas y enfermedades, y de calidad superior. La práctica cotidiana para el manejo de estos problemas sanitarios, además del control químico que aumenta los costos de producción, es una fuente de

contaminación que afecta no solo al ambiente sino a la salud del agricultor, su familia y los operarios de campo asociados al cultivo.

Esta especie aún se encuentra en proceso de domesticación y los cultivares existentes han sido producto de la selección empírica por parte de los agricultores. Las poblaciones de estos cultivares exhiben un alto grado de vulnerabilidad a problemas sanitarios debido a la co-evolución natural de las poblaciones de los patógenos debido al bajo nivel de selección a que ha sido sometida la especie. Igualmente, las semillas que siembran los agricultores tienen un origen desconocido. Se espera que con la oferta de genotipos mejorados, producto del mejoramiento genético, y siembra de ellos en los campos de agricultores, sea posible disminuir la vulnerabilidad de los cultivos de esta especie a factores bióticos y abióticos y reducir el uso de agroquímicos (Lagos, 2008).

Este proyecto busca obtener información acerca de la aptitud combinatoria general y específica de los genotipos que pertenecen a la colección de la Universidad de Nariño. Estos genotipos han sido introducidos de diferentes regiones del país y del Ecuador. Se caracterizan por mostrar variantes fenotípicas en cuanto al tamaño, forma y color de la pulpa del fruto y arilo de la semilla. Sin embargo, aún no han sido estudiados desde el punto de vista agronómico y genético. Con base en los resultados obtenidos, se podrán escoger poblaciones híbridas superiores a las poblaciones que actualmente se siembran, para evaluar en un proyecto futuro y así poder registrarlas y liberarlas para uso de los agricultores, en su defecto de no reunirse atributos deseables en una sola población, estos cultivares pueden entrar a formar parte de poblaciones segregantes transgresivas sobresalientes que reúnan los atributos buscados como son buen rendimiento, calidad uniforme para la exportación y mayor valor nutricional.

Acorde con lo anterior, los objetivos del presente trabajo fueron los siguientes:

Identificar progenitores promisorios de tomate de árbol *Cyphomandra betacea* mediante la evaluación de Aptitud combinatoria general (ACG) y su aptitud combinatoria específica (ACE) a partir de un dialélico parcial circulante entre 48 introducciones de la colección de la Universidad de Nariño.

Evaluar heterosis útil de los híbridos F1 derivados del dialélico parcial circulante, entre 48 introducciones de la colección de tomate de árbol *Cyphomandra betacea* de la Universidad de Nariño.

Determinar las variables que más influyen en la calidad del fruto y que puedan ser utilizados como criterios de selección en programas de mejoramiento para esta especie bajo condiciones experimentales de esta investigación.

## 1. REVISION DE LITERATURA

### 1.1 TOMATE DE ÁRBOL *Cyphomandra betacea* Cav. Sendt.

*Cyphomandra betacea* pertenece a la familia Solanaceae que es el tercer taxa más importante de plantas, económicamente el más valioso y variable en términos vegetales cultivados, siendo una de las más importantes en el abastecimiento de plantas útiles para la humanidad (Heiser, 1993). Está compuesta por más de 3000 especies distribuidas en 147 generos (Judd *et al.*, 2002).

El subgénero *Cyphomandra* del genero *Solanum* (Bohs, 2004) incluye cerca de 50 especies distribuidas desde el sur de México hasta el norte de Sur América, incluso hasta el noreste de Argentina. Cinco especies ocurren exclusivamente en Sur América, donde existen dos principales centros de diversidad, uno en las laderas andinas del Perú y Bolivia y la otra en el sur oriente del Brasil. La mayoría de especies del subgénero *Cyphomandra* son subtropicales y habitan en el bosque húmedo en alturas comprendidas entre los 500 y los 2000 msnm, sin embargo algunas se pueden encontrar en el trapecio amazónico, en alturas de 100 msnm o menos. Otras prefieren los bosques nubosos localizados a altitudes de más de 3000 msnm (Bohs, 1989).

Las plantas del subgénero *Cyphomandra* han sido utilizadas por mucho tiempo por sus frutos comestibles en América Latina. La especie más conocida y medianamente domesticada es el tomate de árbol *C. betacea*. Se cultiva como un frutal menor en Colombia, Ecuador, Nueva Zelanda, Sureste de Asia e Italia (Pringle y Murray, 1991). En Nueva Zelanda es un cultivo intensivo y de exportación (CRFG, 2007).

El tomate de árbol *Cyphomandra betacea* se muestra como una de las especies con mayor proyección para emprender proyectos productivos con miras a la exportación como fruta exótica que resalta por sus cualidades nutricionales, especialmente sus propiedades de reducción de colesterol, su alto contenido de fibra, vitaminas A y C, y su bajo nivel de calorías. Es rico en minerales, especialmente Calcio, hierro y fósforo; contiene niveles importantes de proteína y caroteno. Fortalece el sistema inmunológico y la visión, además de funcionar como antioxidante (Espinal *et al.*, 2005).

El tomate de árbol es una fruta exótica con delicioso sabor y aroma. La planta tiene de 2 a 3 m de altura, que pertenece a la familia de la solanáceas; tiene cualidades físicas, nutritivas y organolépticas (alto contenido de proteína y vitamina A, etc.), similares a las frutas que actualmente se consume. Pese a sus características sobresalientes no se le da la importancia que merece dentro de la alimentación humana. El consumo de tomate de árbol ha tenido un incremento sostenido de las áreas cultivadas (Feican *et al.*, 1999).

## **1.2 SITUACIÓN DE LA FRUTICULTURA EN COLOMBIA**

En Colombia las especies frutales están distribuidas en todos los pisos térmicos, desde cero hasta los 2800 msnm. Los frutales generan en promedio 227 jornales/ha/año, siendo la vid la que más jornales utiliza (500 jornales/ha/año). Alrededor del 95% de frutas en Colombia corresponde a pequeños y medianos productores y están orientadas al mercado interno (CIAT, 2010).

El mercado mundial de fruta fresca primaria, medido por las importaciones mundiales determinadas por el Centro de Comercio Internacional (CCI), registró un crecimiento de 34,6% en su valor en el período 2005-2009, incrementándose desde US\$ 51.686 millones a US\$ 69.562 millones. Por su parte, el mercado mundial de fruta fresca, incluida la fruta fresca mínimamente procesada (congelada, deshidratada y preservada), registró un crecimiento similar (37,2%), aumentando desde US\$ 55.132 a US\$ 75.673 (CCI, 2010).

Asia presenta un consumo per cápita de 3,3 kg. América consume 2,7 kg/persona, mientras que Colombia consume 26,6 kg/persona/año. Si se considera que el promedio mundial para el mismo año fue de 2,4 kg/persona/año, el consumo en el país es alto, el cual puede explicarse por los altos niveles de producción (Agrocadenas, 2007).

De acuerdo con los registros del Instituto Colombiano de Bienestar Familiar y la FAO, en Colombia existe un déficit en el consumo per cápita que oscila entre 57 y 62 kg/persona/año, existiendo un mercado potencial para cubrir este déficit, que puede aumentar el ingreso en las áreas rurales (Cock, 2001 y Toro, 2001).

### 1.3 EXPORTACIONES DE FRUTAS EXÓTICAS COLOMBIANAS

Las exportaciones de Tomate de Árbol en Colombia en el año 2010 alcanzó un valor de US\$1.214.563 con un volumen en toneladas de 371,1 y para el año 2011 alcanzo un valor de US\$1.349.857 con 391,92 Toneladas (Agronet, 2012). En el lapso 1995-2003 la balanza comercial para Tomate de Árbol, bananito, mango, granadilla, pitahaya y uchuva fue superlativa. Tanto las exportaciones como las importaciones presentaron una tendencia positiva a lo largo del periodo, aunque las primeras exhiben mejores tasas de crecimiento (Espinal *et al.*, 2005)

Para conocer la capacidad competitiva de este grupo de productos en el exterior, una buena aproximación la constituye el Indicador de Modo de Inserción al Mercado Internacional el cual fue desarrollado por Fanjzylver y adaptado por el Observatorio Agrocadenas, y permite identificar los productos "ganadores" y "perdedores" en el mercado internacional. Este indicador muestra la competitividad de un producto medida por la variación de su presencia en el mercado mundial y, además, indica la adaptabilidad de los productos de exportación a los mercados en crecimiento. Está compuesto por dos elementos: el posicionamiento, medido por la tasa de crecimiento anual de las exportaciones del producto al mercado mundial, y la eficiencia, calculada como la tasa de crecimiento anual de la participación del producto en las exportaciones totales del conjunto de productos realizadas al mercado mundial. La mayoría de los productos del grupo presentan un comportamiento positivo en su inserción al mercado mundial siendo productos ganadores, ya que se encuentran en una situación óptima, es decir con tasas de crecimiento positivas y ganancia en la participación en las exportaciones totales. Estos son: tomate de árbol, mango, pulpa de mango, uchuva y granadilla (Espinal *et al.*, 2005).

No obstante, a pesar del balance positivo presentado por los frutales de exportación, en la práctica su inserción en los mercados internacionales presenta obstáculos debido a características propias de cada producto, pues en algunos casos no se cuenta con una oferta permanente y significativa.

Lo anterior puede traducirse en que los volúmenes exportados son menores a los demandados y los precios son más altos que los de otros productos similares. Además la calidad de las frutas no es homogénea y en algunos casos se han presentado problemas de carácter fitosanitario.

Con respecto al tomate de árbol en particular, el mayor importador de esta fruta colombiana en volumen es Ecuador (39.8%) seguido de Holanda (13.7%) y España (10.0%). En términos de valor, las exportaciones de Colombia hacia Ecuador fueron el 20.3% del total de las exportaciones colombianas durante el

2003, las de Holanda el 22.1% y las de España el 10.4%. Otros mercados para el tomate de árbol colombiano son Alemania, Reino Unido, Canadá, Francia, Venezuela, Suecia, Bélgica, Luxemburgo y Suiza, los cuales representan en conjunto el 41.9% del valor total de las exportaciones y participaron a su vez con el 30.4% del volumen en el 2003. Durante el período 1995-2003 el volumen de las exportaciones crecieron en 16.7% promedio anual (Agronet, 2011).

#### **1.4 ESTADO DE LA INVESTIGACIÓN EN FRUTALES DE COLOMBIA**

En la actualidad existen cerca de 17 comercializadoras de frutas que exportan básicamente a Europa. El 52.1% de las exportaciones están concentradas en cuatro comercializadoras, que a su vez acumulan el 53.1% de los activos y el 46% de las ventas. Las comercializadoras son de tamaño pequeño a nivel nacional y sólo una de ellas se clasifica como empresa grande por cantidad de trabajadores y nivel de ventas.

Según estos indicadores el tamaño de las empresas comercializadoras de frutas es muy pequeño si se le compara con las de flores o bananos. Así por ejemplo, mientras que en el sector de flores para este año se contabilizaron 293 empresas en el ramo de exóticos tan sólo existían 12, al igual que en el sector bananero que se encuentra altamente concentrado (Lanchero, 2008).

Respecto a la investigación en mejoramiento genético, Toro, 2001 indica que en el periodo comprendido entre 1967 y 1994 se entregaron 33 variedades. De estas, 25 fueron entregadas por el Instituto Colombiano Agropecuario y 8 por otras entidades particulares. Igualmente, existen 62 variedades comerciales no entregadas y que fueron adoptadas por los fruticultores colombianos. Estos 95 materiales corresponden a Cítricos (25), Maracuyá (3), Carambola (1), Guayaba (2), Papaya (2), Mango (1) y vid (1), los cuales ocupaban un 33 % del área cultivada. También el ICA entregó nueve patrones de cítricos, cuatro de aguacate, tres de mango y uno de vid. En el año 1998, CORPOICA La Selva, entregó el primer material mejorado en lulo llamado La Selva.

La investigación ha sido escasa e intermitente y no guarda relación con respecto al número de frutas que Colombia produce y comercializa, lo que ha sido un factor que ha contribuido a la evolución lenta del sector frutícola. En el caso del tomate de árbol no se conocen trabajos tendientes a establecer la aptitud combinatoria específica y la heterosis.

## 1.5 ORIGEN Y DISTRIBUCIÓN

El Tomate de árbol *Cyphomandra betacea*, es una planta de las zonas andinas. Su probable centro de origen se localiza en áreas boscosas del sur de Bolivia y norte de Argentina, encontrándose además individuos silvestres de esta especie en el Perú, Chile, Ecuador, Ecuador y Colombia. Esta fruta se ha establecido en los Andes Suramericanos en lugares ubicados desde los 1800 hasta los 3000 metros sobre el nivel del mar y hoy en día se encuentra dispersa por diferentes partes del mundo. Se sabe que el tomate de árbol se cultiva desde épocas prehispánicas (Siglos XIII a XVII) (Bernal *et al.* 2003).

## 1.6 DISPERSIÓN

Esta especie que se encuentra dispersa por todo el mundo, fue introducida a Centro y Suramérica, así como a las Antillas, antes de la llegada de los conquistadores. Posteriormente fue llevada a España, Francia, Inglaterra y Alemania, en el siglo VII, de allí fue llevada al norte de África y sembrada en Egipto.

e las colonias inglesas en las Antillas (posiblemente de Jamaica), fue introducida a Suráfrica, de donde se dispersó por todo el continente hacia las zonas similares a su lugar de origen. De allí paso hacia otras colonias inglesas en Asia, como India, Ceilán, Hong-Kong y China, de donde un siglo más tarde (Siglo VIII) paso a Australia y Nueva Zelanda. En este último, adquirió un gran auge y de allí se dio a conocer como fruta comestible en Europa y algunos países de Asia, con el nombre de Tamarillo (Bernal *et al.* 2003).

Con la llegada de los europeos a América, el tomate de árbol fue reintroducido a Centro América y las Antillas. En los Andes Suramericanos los descendientes de los europeos y nativos lo sembraban como una especie más dentro de una variada diversidad de especies que hacían parte de sus tradicionales huertos campesinos. En Colombia la producción comercial de esta fruta se generó de manera casual, pues los mercados locales lo empezaron a demandar sin que aún se tuvieran establecidos huertos productivos. Lo anterior provoco un auge de la siembra de este frutal, ya que lo que existía se limitaba solo a árboles de patio o solar. Esto llevó a que algunas zonas en donde se observaba una mayor

adaptación, se desarrollará una gran área productiva. Este auge se inició hacia la década de los 70s y se consolidó en los años 80s (Bernal *et al.* 2003).

## 1.7 BIOLOGÍA FLORAL

El tomate de árbol como otras especies de las solanáceas se caracteriza por producir inflorescencias en forma de cimas escorpidas, es decir que el eje principal de la inflorescencia no crece indefinidamente, sino que muere o termina en una flor, desarrollándose debajo de los ejes secundarios, luego los terciarios, etc. La posición de las inflorescencias es morfológicamente terminal. Las flores exteriores de estas inflorescencias son las más jóvenes. Las inflorescencias están situadas en los brotes terminales, en los que se producen entre 10 a 73 flores en promedio; el mayor periodo productivo de flores por inflorescencias ocurre entre los 14 y 18 meses, después de este periodo la producción de flores se reduce (Bernal *et al.* 2003).

La inflorescencia se divide en tres regiones: pedúnculo, raquis y pedicelos. El pedúnculo está definido como el eje que sostiene la inflorescencia desde el tallo hasta el primer pedicelo, el raquis es el eje que sostiene los pedicelos (Bernal *et al.* 2003).

Las flores son perfectas, es decir que poseen todas sus estructuras bien diferenciadas, hermafroditas o con ambos sexos en la flor, monoclinas, alógamas y actinomorfas de forma simétrica en corte radial (Bernal *et al.* 2003).

La flor es pentámera, presenta cinco sépalos unidos hasta la mitad o más arriba, cinco pétalos unidos en la base, cinco estambres que alternan con los lóbulos de la corola y su pistilo está formado por dos carpelos unidos (Bernal *et al.* 2003).

La antesis de las flores ocurre entre las 8 a.m y las dos p.m, con un pico entre las 9 a.m y las 10 a.m. La dehiscencia de las anteras ocurre durante todo el día. El estigma es receptivo durante tres días después de la antesis, pero presentan autoincompatibilidad, es decir que no se pueden polinizar, de ahí que esta es una planta alógama, lo cual ocasiona la variabilidad genotípica del cultivo. En el tomate de árbol la polinización es cruzada, principalmente entomófila a través de los insectos de la familia Himenóptera. Las flores no polinizadas caen tres o cuatro días después de la antesis (Bernal *et al.* 2003).

## 1.8 MEJORAMIENTO GENÉTICO

Aunque en Colombia esta especie aún se encuentra en proceso de domesticación, investigadores de CORPOICA, liderados por Lobo (2006), han realizado trabajos de hibridación interespecífica en tomate de árbol. Buscando transferir la resistencia de campo a la antracnosis de los frutos, principal limitante de este frutal, observada bajo condiciones de C.I “La Selva”, a partir de la especie silvestre *Cyphomandra uniloba*, al tomate de árbol cultivado *Cyphomandra betacea* y al silvestre *Cyphomandra materna*. CORPOICA en el C.I “La Selva”, observaron que el porcentaje de los frutos de estos híbridos afectados por antracnosis era considerablemente menor al que se presenta en el tomate de árbol común, lo cual significa una reducción en los costos de producción por la disminución en la aplicación de fungicidas para el control de la enfermedad.

## 1.9 VARIABILIDAD GENÉTICA, APTITUD COMBINATORIA Y HETEROSIS

La especie *Cyphomandra betacea* ha tomado importancia como un cultivo potencial y promisorio debido a su valor nutritivo y a sus propiedades organolépticas que lo hacen apetecible en los mercados nacionales e internacionales. Colombia cuenta con ofertas ambientales óptimas para el cultivo pero aún no ha hecho uso de su variabilidad y biodiversidad. Por lo tanto, los agricultores se ven enfrentados a problemas de diferente índole, entre ellos los fitosanitarios, que no permiten explotar el potencial genético de la fruta.

Según Lobo (2000) las posibilidades de producción se derivan de una serie de aspectos, como por ejemplo: a) la presencia de amplia variabilidad genética por ser el área andina el Centro de Diversidad Primaria de esta especie; b) la existencia en la zona de nichos ecológicos apropiados para su siembra; c) la aceptación de la fruta por parte de los consumidores locales y de otras regiones del mundo; d) el déficit en el consumo de frutas por parte de los habitantes del área andina y de América Latina; e) las posibilidades agroindustriales; f) el potencial de producir desarrollo económico a nivel de pequeños productores y generar empleos a nivel de la cadena productiva; g) el ser alternativas para el remplazo de cultivos ilícitos y h) el escaso grado de competencia, en el caso del lulo, por parte de zonas productoras de otras áreas geográficas del mundo.

El desarrollo de esta especie debe partir de una amplia base genética, aspecto que ha sido considerado crítico en la mayoría de cultivos comerciales. Al respecto, se ha señalado que, en muchas especies, la cantidad de variabilidad disponible para la selección es limitada (Cooper et al, 2001). Para contar con una base de diversidad que permita cimentar los programas de producción de cultivares con diferente constitución genética, es necesario conformar colecciones con poblaciones obtenidas en diversas condiciones ecológicas. Para ello son importantes, en especies con poco desarrollo, los cultivares de los agricultores, quienes poseen gran variabilidad en conjunto (Lobo, 1992).

La diversidad genética no es aleatoriamente distribuida a través o dentro de las poblaciones. Varios factores como el sistema reproductivo y el flujo de genético pueden influir sobre su nivel y su distribución, dentro y entre poblaciones. La información histórica y evolucionaria sobre la domesticación de un cultivo en particular, la distribución geográfica y la magnitud del uso de sus acervos genéticos es muy importante para la planeación del uso racional de germoplasma en iniciativas de potenciación genética, mejoramiento o ampliación de la base genética. A pesar que la diversidad genética, por sí misma, no es necesariamente una meta económicamente productiva de los agricultores, algunos estudios indican que aún existe una diversidad genética importante en su fincas en las áreas que corresponden a los Centros de Diversidad, lo que se magnifica por el hecho que las variedades sembradas y desarrolladas por éstos proceden de diferentes fuentes (Brown, 2000).

En el contexto anterior, es de anotar que la variabilidad de tomate de árbol para programas de mejoramiento depende casi exclusivamente de este último tipo de genotipo, dado el escaso o nulo desarrollo de programas de producción de variedades de esta fruta en la zona andina. Se puede señalar que esta especie no está completamente domesticada y que su variabilidad no está adecuadamente colectada y conservada, ni utilizada.

La utilización del potencial genético de cualquier cultivo depende de la disponibilidad de una amplia variabilidad genética, la que puede encontrarse en el campo o en bancos de germoplasma. En Colombia, CORPOICA tiene a su cargo el Sistema de Bancos de Germoplasma del Estado Colombiano para Alimentación y Agricultura, en Convenio de Cooperación Técnica y Científica, suscrito al tenor de la Ley de Ciencia y Tecnología.

En este banco se tiene la mayor colección de tomate de árbol y de especies relacionadas como *S. hartwegii*, *S. pilosa*, *S. uniloba*, *S. sibundoyensis*, y *S. cajanumensis*, entre otras. Estas especies son promisorias para ser cultivadas en algunas regiones andinas o pueden ser útiles en programas de mejoramiento de *Solanum betaceum*. De hecho *S. uniloba*, por ser tolerantes a la antracnosis del fruto del tomate de árbol, es utilizada en un programa de biotecnología y recursos

genéticos vegetales adelantado en el C.I. La Selva de CORPOICA (Bernal y Díaz, 2003).

El éxito de un programa de mejoramiento depende fundamentalmente de la escogencia de los parentales que van a ser involucrados en los planes de hibridación. Fehr (1987) indica que los objetivos del mejoramiento, involucran el uso de progenitores que hacen posible obtener poblaciones que posean un alto promedio asociado a una base genética amplia para las características que están bajo selección. Generalmente, el primer paso es la identificación y selección de individuos o poblaciones con características fenotípicas deseables. Posteriormente, viene la selección genotípica con base en el comportamiento de la progenie de un individuo, población o combinación híbrida. Los trabajos se han dirigido a la búsqueda de poblaciones con una buena aptitud combinatoria general (ACG) para la producción de variedades y/o con una óptima aptitud combinatoria específica (ACE) para el aprovechamiento de los efectos de dominancia en patrones heteróticos.

La identificación racional de los genotipos superiores o deseables se hace a través de la investigación, que tiene tres objetivos que son: evaluar las propiedades de los genes que están condicionando una característica cuantitativa, evaluar la teoría o la predicción de un modelo teórico elaborado y comprender la variación cuantitativa en los casos en que no se tiene un modelo teórico adecuado. El análisis de diversidad genética se destina a la identificación de progenitores adecuados para la obtención de híbridos con mayor efecto heterótico o heterosis y que proporcionen mayor segregación de recombinantes, posibilitando el apareamiento de individuos transgresivos (Cruz y Souza, 2003).

Tomando en cuenta el objetivo del análisis de diversidad genética es necesario establecer que la heterosis es un fenómeno en el cual los híbridos obtenidos de parentales divergentes muestran superioridad sobre sus progenitores en vigor, rendimiento, tamaño de fruto, etc. La heterosis varía de acuerdo con el nivel de diversidad parental y/o la presencia de bloques de genes heteróticos en los progenitores, por ejemplo, Virmani et al. (2003) indican que los cruzamientos directos o recíprocos de *Oriza indica* × *O. japonica*, muestran máxima heterosis; igualmente, los siguientes cruzamientos muestran heterosis en orden descendente, así: *indica* × *japonica* > *indica* × *javanica* > *japonica* × *javanica* > *indica* × *indica* > *japonica* × *japonica* > *javanica* × *javanica*. La heterosis puede ser positiva o negativa. Ambos tipos de heterosis pueden ser útiles dependiendo de la característica, por ejemplo, la heterosis positiva para rendimiento y negativa para la precocidad.

Un grupo heterótico se define como una colección de germoplasma que cruzado con un grupo divergente, tiende a exhibir un mayor grado de heterosis que cuando es cruzado con un miembro de su propio grupo (Parentoni et al., 2001). En maíz, los grupos heteróticos más claramente definidos se encuentran en germoplasma

de regiones templadas (Dentado europeo×líneas dentadas norteamericanas, utilizado en Europa y Red Yellow Dent×Lancaster, utilizado en Estados Unidos) que en germoplasma del Trópico. En términos generales, los patrones heteróticos utilizados en el trópico provienen de los cruzamientos de ETO (Estación Tulio Ospina) o Suwan I con Tuxpeño.

La expectativa de que dos padres divergentes proporcionen buenos híbridos está en función de la heterosis manifestada en los híbridos por efectos de dominancia para los genes que controlan el carácter evaluado y al cuadrado de la diferencia de las frecuencias génicas de los progenitores, más allá de los efectos epistáticos que generalmente son ignorados. Existen dos formas de establecer la divergencia genética, siendo la primera de naturaleza cuantitativa y la segunda de naturaleza predictiva. Entre los métodos de evaluación de diversidad o de manifestación de heterosis de naturaleza cuantitativa, están los cruzamientos dialélicos.

Entre los métodos predictivos de heterosis están aquellos que se basan en las diferencias morfológicas, fisiológicas o moleculares. En estos, se cuantifica de alguna manera la disimilaridad que se expresa o el grado de diversidad genética entre los progenitores. Otro ejemplo predictivo de heterosis, es la inferencia de diversidad genética con base en la diversidad geográfica. Sin embargo, el uso de diversidad geográfica como indicador de diversidad genética ha sido cuestionado debido a que no se cuantifica la diversidad existente entre las poblaciones y de que, en muchos casos, no se verifica la relación entre diversidad genética y diversidad geográfica.

Dos padres no distantes genéticamente tienden a compartir muchos genes o alelos. Cuando estos son cruzados, hay poca complementariedad y bajo vigor, en razón de la poca heterocigosidad alélica en el cruzamiento. En cambio, cuando dos padres son más distantes genéticamente, ellos difieren en gran magnitud en el número de locí donde los efectos de dominancia son evidentes, contribuyendo a una mayor manifestación de la heterosis.

Cuando se realizan todos los cruzamientos posibles entre un conjunto de genotipos es denominado cruzamiento dialélico. Es decir, cuando  $n$  padres se cruzan entre sí para producir  $n(n-1)/2$  y  $n(n-1)$  progenies si solo se incluyen los cruzamientos directos y sí incluyen tanto los cruzamientos directos y recíprocos, respectivamente. Este sistema de cruzamientos ha sido ampliamente utilizado ya sea para evaluar la aptitud combinatoria y establecer el potencial heterótico de líneas o variedades en cruzamientos o para los estudios básicos de la estructura genética de poblaciones (Geraldí y Miranda Filho, 1988).

Existen muchas formas de realizar el análisis. Se destacan las metodologías de Griffing (1956), Gardner y Eberhart (1966, 1967), Hayman (1954), Hallauer y Miranda (1995), Comstock y Robinson (1948). Ceballos (1997) asegura que el principal problema radica no en el análisis per se de los datos, si no en inferencias

injustificadas y/o la interpretación errónea que se le ha dado frecuentemente a los resultados. Sin embargo, estos esquemas de análisis tienen limitantes por el bajo número de progenitores que pueden incluirse en los cruzamientos.

Kempthorne y Curnow (1961) sugirieron los cruzamientos dialélicos parciales para la evaluación de un gran número de líneas o padres realizando solamente una muestra de todos los cruzamientos posibles entre ellas. De acuerdo con este método, cada una de las  $n$  líneas en el grupo evaluado son cruzadas con  $s$  líneas del mismo grupo, en vez de  $n(n-1)$  líneas como en el dialélico completo. De esta forma, el número de cruzamientos que se realizan son iguales a  $ns/2$ , donde  $n$  es el número de padres, genotipos o líneas y  $s$  es un número entero que es mayor o igual a 2. Para que el número de cruzamientos sea un número entero,  $n$  y  $s$ , no deben ser ambos números impares.

Si se dispone de  $n$  padres y se enumeran en forma aleatoria, es posible obtener la siguiente muestra de cruzamientos  $(1 \times (k+1)), (1 \times (k+2)), \dots, (1 \times (k+s)); (2 \times (k+2)), (2 \times (k+3)), \dots, (2 \times (k+s+1)); \dots; (i \times (k+i)), (i \times (k+i+1)), \dots, (i \times (k+i-1+s)), \dots, (n \times (k+n)), (n \times (k+n+1)), \dots, (n \times (k+n-1+s))$ , donde  $k = (n+1-s)/2$ , y debe ser un número entero. Todos los valores de  $k$  mayores a  $n$ , se deben reducir a múltiplos de  $n$ . Como se dijo anteriormente cada padre o genotipo ocurre en  $s$  cruzamientos (Singh y Chaudhary, 1985 y Vega, 1988).

Con la realización de este proyecto se obtendrá un conocimiento adecuado y una utilización eficiente de los recursos genéticos del tomate de árbol *Cyphomandra betacea* para apoyo a programas de potenciación o mejoramiento genético que a su vez propicien el desarrollo de este cultivo en el sur de Colombia. Igualmente, se identificarán híbridos con atributos deseables para ser evaluados en un próximo proyecto. Esto resolverá en un futuro la falta de cultivares mejorados y adaptados a las condiciones socioeconómicas y naturales de la región.

## 2. MATERIALES Y METODOS

### 2.1 LOCALIZACIÓN

El lote de cruzamientos se ubicó en el Corregimiento de La Caldera, municipio de Pasto, localizado a 1910 msnm, cuyas coordenadas son 1°17'35,1''LN y 77°09'21,33''LW, con una temperatura promedio de 19°C. Los híbridos productos de los cruzamientos se sembraron en tres repeticiones. La primera repetición se ubicó en el municipio de Pasto, corregimiento de la Pradera cuyas coordenadas son 01°19'33,3''LN y 77°19'18,9''LW, con una temperatura promedio de 18°C y una altura de 1980 msnm, la segunda repetición se localizó en el municipio de Ipiales, vereda Yanalá cuyas coordenadas corresponden a 00°52'23''LN y 77°33'3,8''LW con una temperatura promedio de 12°C y una altura de 2730 msnm y la tercera repetición se ubicó en el municipio de Tangua, vereda El Placer con coordenadas 1°8'10,08''LN y 77°26'3,41''LW, temperatura promedio de 16°C y una altura de 2000 msnm.

Una vez cosechados los frutos híbridos, se los llevó al laboratorio de biotecnología de la Universidad de Nariño ubicada a 1°12'13'' LN y 75°15'23''LW y a una altura de 2540 msnm, con el fin evaluar las variables de interés.

### 2.2 FORMACIÓN DE LOS HÍBRIDOS F1

En el segundo semestre del año 2008, se sembraron diez plantas de cada una de las 48 introducciones (con distancias de 2,5 x 2,5 m) de Tomate de árbol (Tabla 1), provenientes de diferentes regiones del país y del Ecuador (Anexo 1). Con estas introducciones realizaron los cruzamientos dialélicos circulantes de acuerdo con la metodología propuesta por Kempthorne y Curnow (1961), durante el segundo semestre del año 2009. Bajo este esquema, se obtuvieron 72 cruzamientos, en donde cada parental participó en tres cruzamientos (Tabla 2) ( $ns/2 = (48 \times 3)/2 = 72$ ).

Los 72 híbridos F1 producto de los cruzamientos dialélicos, se sembraron en las tres localidades anteriormente descritas, las cuales se tomaron como repeticiones. Los tratamientos corresponden a 72 híbridos F1 y 9 testigos. El diseño utilizado fue un látice simple 9 x 9. Dentro de cada bloque incompleto los tratamientos se distribuyeron al azar en parcelas experimentales que estaban compuestas de un surco de 6 plantas con un área de 37,5 m<sup>2</sup>, con distancias de 2,5 m entre plantas y 2,5 m entre surcos. Cada repetición ocupó una superficie total de 3100m<sup>2</sup>; cada lote se bordeó con surcos laterales de plantas de tomate de árbol sembradas en la región, para evitar el efecto de borde.

### **2.3 MANEJO AGRONÓMICO**

Para el mantenimiento de las parcelas experimentales se empleó las prácticas culturales recomendadas para el cultivo por Bernal *et al.* (2003), tanto para el control de malezas, riego, fertilización y control de plagas y enfermedades.

### **2.4 VARIABLES EVALUADAS**

**2.4.1 Peso del fruto (PF):** el valor de PF en g se registró con base en seis frutos por parcela.

**3.4.2 Peso de pulpa más semilla por fruto (P&S):** la extracción de la pulpa de cada uno de los frutos se realizó de forma manual y se obtuvo el peso en g.

**2.4.3 Contenido de jugo por fruto (CJ):** una vez se extrajo la pulpa, con la ayuda de una licuadora se extrajo el jugo de cada uno de los frutos y se midió su volumen en ml.

**2.4.4 pH:** el valor de pH se obtuvo usando un potenciómetro “Inolab-WTW series pH 720”.

Tabla 1 : Parentales de tomate de árbol utilizados en el cruzamiento dialélico circulante parcial.

Cruzamiento	Padre 1	Padre 2	Cruzamiento	Padre 1	Padre 2
1x24	CBcon74	CBI79	13x36	CBc12	CBb73
1x25	CBcon74	CBc039	13x37	CBc12	CBf89
1x26	CBcon74	CBb75	13x38	CBc12	CBu86
2x25	CBa09	CBc039	14x37	CBp25	CBf89
2x26	CBa09	CBb75	14x38	CBp25	CBu86
2x27	CBa09	CBg70	14x39	CBp25	CBsj38
3x26	CBb03	CBb75	15x38	CBb08	CBu86
3x27	CBb03	CBg70	15x39	CBb08	CBsj38
3x28	CBb03	CBu88	15x40	CBb08	CBc046
4x27	CBc044	CBg70	16x39	CBc93	CBsj38
4x28	CBc044	CBu88	16x40	CBc93	CBc046
4x29	CBc044	CBsj35	16x41	CBc93	CBu65
5x28	CBi49	CBu88	17x40	CBc042	CBco46
5x29	CBi49	CBsj35	17x41	CBco42	CBu65
5x30	CBi49	CBi50	17x42	CBc042	CBcon34
6x29	CBi51	CBsj35	18x41	CBsj36	CBu65
6x30	CBi51	CBi50	18x42	CBsj36	CBcon34

6x31	CBi51	CBI78	18x43	CBsj36	CBu87
7x30	CBI81	CBi50	19x42	CBcon33	CBcon34
7x31	CBI81	CBI78	19x43	CBcon33	CBu87
7x32	CBI81	CBsj37	19x44	CBcon33	CBu94
8x31	CBunt1305	CBI78	20x43	CBp19	CBu87
8x32	CBunt1305	CBsj37	20x44	CBp19	CBu94
8x33	CBunt1305	CBc15	20x45	CBp19	CBc95
9x32	CBb04	CBsj37	21x44	CBc11	CBu94
9x33	CBb04	CBc15	21x45	CBc11	CBc95
9x34	CBb04	CBc040	21x46	CBc11	CBI77
10x33	CBc14	Cbc15	22x45	CBb06	CBc95
10x34	CBc14	CBco40	22x46	CBb06	CBI77
10x35	CBc14	CBu84	22x47	CBb06	CBc041
11x34	CBb02	CBco40	23x46	CBu82	CBI77
11x35	CBb02	CBu84	23x47	CBu82	CBco41
11x36	CBb02	CBb73	23x48	CBu82	CBb01
12x35	CBI80	CBu84	24x47	CBI79	CBco41
12x36	CBI80	CBb73	24x48	CBI79	CBb01
12x37	CBI80	CBf89	25x48	CBc039	CBb01

---

**2.4.5 Sólidos solubles totales (Brix):** Se determinó con el refractómetro “Atago de bolsillo PAL-1”. Se expresa en grados Brix (BX). La lectura se corrigió utilizando el porcentaje de ácido cítrico (A.C), mediante la ecuación:  $Bx = 0,194 \times A.C + S.S.T$ , donde S.S.T corresponde a sólidos solubles totales.

**2.4.6 Acidez titulable (AC):** se determinó por el método de titulación potenciométrica. Se expresa como porcentaje de A.C y se calculó mediante la siguiente ecuación:

$$\%A.C = ((V_1 \times N)/V_2) \times K \times 100.$$

Donde:

$V_1$  = Volumen de NaOH consumido (ml)

$V_2$  = Volumen de la muestra (5 ml)

K = peso equivalente del ácido cítrico (0,064 g/meq)

N = normalidad del NaOH (0,1 meq/ml).

**2.4.7 Índice de madurez (IM):** se tuvo en cuenta la relación entre el contenido de sólidos solubles y la acidez total (Galvis, 1992), mediante la ecuación:

$$IM = S.S.T / A.T$$

**2.4.8 Peso de semilla por fruto (PSF):** después de la extracción del jugo con ayuda del colador, se procedió a lavar y limpiar la semilla de impurezas. Secándose a temperatura ambiente durante siete días para pesarla.

**2.4.9 Número total de semillas por fruto (NTS):** el NTS es la relación entre PSF y peso de 100 semillas correspondiente a cada genotipo.

## 2.5 ANÁLISIS DE LA INFORMACIÓN

Todas las variables se sometieron a un análisis de correlación múltiple (Anexo 3). Se hicieron grupos de variables altamente correlacionadas ( $r=0,50$ ). Con base en estos grupos y la significancia o no de los cuadrados medios (CM) de los genotipos, híbridos y los parámetros genéticos ACG y ACE del Análisis de Varianza (ANDEVA), se realizó el análisis y discusión del presente trabajo.

## 2.6 APTITUD COMBINATORIA GENERAL (ACG), ESPECÍFICA (ACE) Y HETEROSIS ÚTIL

Para establecer la ACG y ACE a partir del dialélico parcial circulante entre las 48 introducciones de tomate de árbol de la colección de la Universidad de Nariño (Tabla 1), en condiciones de la zona productora del departamento de Nariño, se asumió un modelo tipo I o fijo. Los 48 parentales fueron la población referencia, sobre la cual se obtuvieron las conclusiones acerca de los parámetros genéticos. Dado que en la mayoría de las variables evaluadas, la eficiencia de diseño Látice respecto a Bloques Completos al Azar (BCA) no supero el 5%, los datos se analizaron con base en este último, cuyo modelo es el siguiente:

$$Y_{ij} = \mu + R_i + T_j + e_{ij}$$

Donde:

$Y_{ij}$  = variable de respuesta asociada al tratamiento j-ésimo y a la repetición i-ésima

$\mu$  = efecto de la media general del experimento

$R_i$  = efecto de la repetición i-ésima

$T_j$  = efecto del tratamiento o genotipo j-ésimo

$e_{ij}$  = error experimental asociado al tratamiento j-ésimo y a la repetición i-ésima.

El análisis genético se realizó bajo el modelo propuesto por Kempthorne y Curnow (1961) y descrito por Singh y Chaudhary (1985), así:

$$Y_{ij} = \mu + g_i + g_j + s_{ij} + e_{ij}$$

Donde:

$Y_{ij}$  = valor fenotípico de los híbridos entre el parental i-ésimo y el parental j-ésimo

$\mu$  = efecto de la media general del experimento

$g_i$  = efecto de ACG del parental i-ésimo

$g_j$  = efecto de ACG del parental j-ésimo

$s_{ij}$  = efecto de ACE del cruzamiento entre el parental i-ésimo y el parental j-ésimo

$e_{ij}$  = error experimental.

Con base en este modelo en la Tabla 2 se presenta la estructura del Análisis de Varianza (ANDEVA).

Tabla 2: Estructura del ANDEVA

F.V	GL	CM	FC
Bloques	r-1	CMr	CMr/CME
Genotipos (G)	(G-1)	CMG	CMG/CME
Híbridos (H)	(ns/2)-1	CMH	CMH/CME
ACG	n-1	CMACG	CMACG/CME
ACE	n[(s/2)-1]	CMACE	CMACE/CME
Testigos (T)	T-1	CMT	CMT/CME

H vs T	1	CMHvsT	CMHvsT/CME
Error	(r-1)(G-1)	CME	
Total	(r*G)-1		

---

n = total de parentales; s= número de cruzamientos en los que interviene cada parental (3).

Los efectos genéticos de ACG y ACE se calcularon siguiendo la metodología propuesta por Singh y Chaudhary (1985):

Se establece una matriz simétrica circulante (A), la cual lleva en la diagonal el valor de s del dialelo parcial circulante (en este caso, 3), los cruzamientos muestreados llevan el valor de 1 y los otros elementos toman el valor de cero. Como se puede observar en el siguiente ejemplo:

$$A = \begin{pmatrix} 3 & 0 & 0 & 1 & 1 & 1 & 0 & 0 \\ 0 & 3 & 0 & 0 & 1 & 1 & 1 & 0 \\ 0 & 0 & 3 & 0 & 0 & 1 & 1 & 1 \\ 1 & 0 & 0 & 3 & 0 & 0 & 1 & 1 \\ 1 & 1 & 0 & 0 & 3 & 0 & 0 & 1 \\ 1 & 1 & 1 & 0 & 0 & 3 & 0 & 0 \\ 0 & 1 & 1 & 1 & 0 & 0 & 3 & 0 \\ 0 & 0 & 1 & 1 & 1 & 0 & 0 & 3 \end{pmatrix}$$

Q es el vector columna de las medias corregidas de los cruzamientos muestreados y se calculan de la siguiente manera:

Primero se calcula el factor de corrección así:

$$FC = (2 \times \text{Gran total}) / n$$

Donde: n = número de parentales

$$Q_i = S_i - FC$$

Donde:

$S_i$  = suma de las medias de los cruzamientos

FC = factor de corrección

En forma matricial los efectos de ACG, dados por el vector columna G, se calculan así:

$$G = A^{-1}Q.$$

Donde:

$A^{-1}$  es la inversa de la matriz A.

La inversa de la matriz del ejemplo es la siguiente:

La suma de cuadrados (SC) de ACG se calcula de la siguiente forma:

$$SC_{ACG} = r \sum G_i Q_i$$

La SC de ACE es igual a:  $SC_{ACE} = SCH - SC_{ACG}$

Donde:

SCH = suma de cuadrados de los híbridos

SCACG = suma de cuadrados de aptitud combinatoria general

Los efectos de ACG y ACE deben cumplir las siguientes restricciones:

$\sum g_i = 0$ , con  $i = 1, 2, 3, \dots, 48$  parentales

$\sum \sum s_{ij} = 0$ , con  $ij = 1, 2, 3, 4, \dots, 72$  cruzamientos

Las varianzas genéticas y desviaciones estándar de ACG y ACE corresponden a:

$$\sigma^2 g_i = (CMg_i - CMs_{ij}) / [rs(n-2) / (n-1)]$$

$$\sigma^2 s_{ij} = (CMs_{ij} - CMg_i) / r$$

$$\sigma g_i = (\sigma^2 g_i)^{1/2}$$

$$\sigma s_{ij} = (\sigma^2 s_{ij})^{1/2}$$

$$\sigma^2 g_i - g_j = 2 [((na) / (n-1)) - (1/(2s(n-1)))] \times [\sigma^2 s_{ij} + \sigma^2 e]$$

$$\sigma(g_i - g_j) = (\sigma^2 g_i - g_j)^{1/2}$$

Donde:

$\sigma^2 g_i$  = varianza de los efectos de aptitud combinatoria general

$CMg_i$  = cuadrado medio de los efectos de aptitud general

$CMs_{ij}$  = cuadrado medio de los efectos de aptitud combinatoria específica

$r$  = número de repeticiones

$s$  = número de veces en las que participa el parental

$n$  = número de parentales

$\sigma g_i$  = desviación estándar de ACG

$\sigma s_{ij}$  = desviación estándar de ACE

a = es el elemento de la diagonal de la matriz inversa

e = varianza del error

Acorde con De la Rosa *et al.* (2006) las hipótesis  $H_0: g_i = 0$  y  $H_0: s_{ij} = 0$  se probaron mediante la prueba de t ( $t_c$ ), así:

$$t_c = AC / \sigma_{AC}$$

Donde:

AC = Efecto de ACG o ACE

$\sigma_{AC}$  = Desviación o error estándar de ACG o ACE ( $\sigma_{ACG} = (\sigma^2 g_i)^{1/2}$ ) y ( $\sigma_{ACE} = (\sigma^2 s_{ij})^{1/2}$ )

El  $t_c$  se comparó con el t tabulado ( $t_t$ ) con un nivel de significancia  $\alpha = 0,05$  y 160 GL del CME. En los casos en que  $t_c < t_t$ , se aceptó la  $H_0$ , es decir que  $g_i = 0$  o en su defecto  $s_{ij} = 0$ .

## 2.7 HETEROSIS ÚTIL (HU)

La heterosis útil (HU) es la relación entre el valor promedio de cada uno de los híbridos F1 ( $C_{ij}$ ) y el promedio del mejor testigo, expresado en porcentaje (Virmani *et al.*, 2003), y se calculó mediante la siguiente ecuación:

$$HU = ((C_{ij} - MT) / MT) \times 100$$

Para probar la hipótesis nula  $H_0 = 0$ , se hizo una prueba de t ( $t_c$ ), la cual es igual a:

$$t_c = (\hat{C}_{ij} - MT) / ((2CME)/r)^{1/2}$$

Donde:

$\hat{C}_{ij}$  = promedio del híbrido ij

MT = promedio del mejor testigo

CME = cuadrado medio del error común del ANDEVA, en la evaluación conjunta de los progenitores y sus híbridos F1's.

r = número de repeticiones

La  $t_c$  se comparó con el  $t_{(1,97)}$  con 160 grados de libertad (GL) correspondientes al CME y con un nivel de significancia  $\alpha$  de 0,05. En los casos en que  $t_c < t_{tt}$ , se aceptó la  $H_0$ , es decir que  $H_U$  es igual a cero.

## 2.8 SELECCIÓN DE LOS GENOTIPOS MÁS SOBRESALIENTES

En primer lugar, se procedió a realizar el Análisis de Varianza (ANDEVA) para cada una de las variables. En aquellas donde se encontraron diferencias significativas entre parentales, híbridos y testigos, se procedió a realizar la comparación de medias con base en lo planteado por Antuna *et al.* (2003) y De la Cruz *et al.* (2010) quienes establecen que los valores superiores de una característica en particular son los que superaron a la media general más una vez el error estándar ( $\mu + \sigma$ ) o dos veces su correspondiente error estándar ( $\mu + 2\sigma$ ). En el caso de variables no deseables como el peso de semilla por fruto (PSF) y número total de semillas por fruto (NTS) los materiales genéticos más sobresalientes fueron aquellos que estuvieron por debajo de  $\mu - \sigma$  ó  $\mu - 2\sigma$  (Muñoz, 2012)<sup>1</sup>.

Acorde con la metodología de Lagos (1998) se determinó el índice de selección (IS), el cual se aplicó a las 72 poblaciones híbridas ( $F_1$ ) y los nueve testigos evaluados, utilizando una presión de selección del 20%. En primer lugar, se estandarizaron (E) los valores de cada una de las variables que componen el índice de selección, mediante la ecuación:

$$E = [(X_{ij} - \mu) / \sigma]$$

Donde:

$X_{ij}$  = observación individual

$\mu$  = promedio general de cada introducción

$\sigma$  = desviación estándar de la variable

$$\sigma = (\sigma^2)^{1/2}$$

$\sigma^2 = \sum(y_{ij} - \mu)^2 / N$ , siendo  $Y_{ij}$  = observación individual y  $N$  = total de observaciones

---

<sup>1</sup> Muñoz, J.E. 2012. Comunicación personal. Palmira, Universidad Nacional de Colombia.

Las variables que se tuvieron en cuenta para construir el IS fueron el peso de fruto (PF), el peso de pulpa más semilla (P&S), el contenido de jugo (CJ), los sólidos solubles totales (Brix) y el número de semillas por fruto (NTS), las cuales son de alto valor en los componentes de la calidad del fruto y definen el valor económico de la fruta. Por lo tanto, el IS está dado por:

$$IS = (PF \times 0,3) + (CJ \times 0,2) + (Brix \times 0,2) + (P\&S \times 0,1) - (NTS \times 0,2)$$

Donde:

PF = peso del fruto promedio en gramos (g)

CJ = contenido de jugo (ml)

Brix = sólidos solubles totales

P&S = peso promedio de la pulpa más semilla en g

NTS = número total de semilla por fruto

## **2.9 CORRELACIONES GENÉTICAS, FENOTÍPICAS Y AMBIENTALES**

Las variables anteriormente descritas se sometieron al Análisis de Correlación fenotípica, genotípica y ambiental de acuerdo con lo planteado por Ceballos (1997). Para el PF se realizaron dos Análisis de Sendero (Singh y Chaudhary, 1985), uno con base en las correlaciones fenotípicas y otro teniendo en cuenta las correlaciones genotípicas. También se hicieron grupos de las variables altamente correlacionadas ( $r$  mayor o igual a 0,60). Con base en éstos grupos se seleccionaron para su análisis las variables de mayor importancia.

La estimación de los coeficientes de correlación fenotípicos, genéticos, ambientales y de sendero se estimaron, usando el programa GENES desarrollado por Cruz (2006). El programa aplica las fórmulas clásicas de correlación:

Correlación fenotípica ( $r_F(XY)$ ):  $r_F(XY) = COVF(XY) / SF(X) \cdot SF(Y)$

Correlación genética ( $r_G(XY)$ );  $r_G(XY) = COVG(XY)/SG(X) \cdot SG(Y)$

Correlación ambiental ( $r_E(XY)$ );  $r_E(XY) = COVE(XY)/SE(X) \cdot SE(Y)$

Donde:

$r(XY)$  y  $COV(XY)$  = son correlaciones y covarianzas fenotípicas ( $r_F$ ), genéticas ( $r_G$ ) y ambientales ( $r_E$ ) entre los caracteres X e Y, respectivamente.  $S(x)$  y  $S(y)$  = son desviaciones estándar fenotípicas, genéticas y ambientales de X e Y, en su orden.

Una vez estimados los coeficientes de correlación se confirmó la significancia estadística para cada coeficiente de correlación ( $r$ ), planteando la hipótesis nula:  $H_0: r = 0$  versus la hipótesis alterna  $H_a: r \neq 0$ , mediante una prueba de t, dada por  $t_c = r \times (n - 2)^{1/2} / (1 - r^2)^{1/2}$ . La t calculada ( $t_c$ ) se comparó con una T tabulada ( $t_t$ ), al nivel de significancia de 0,05 y con  $(n - 2)$  grados de libertad. La regla de decisión fue: si  $t_c \geq t_t$ , entonces el valor de  $r$  es estadísticamente diferente de cero (Espitia *et al.*, 2008).

El Análisis de Sendero consiste en desdoblar el coeficiente de correlación (fenotípico, genético o ambiental) en los efectos directos e indirectos de varios caracteres (causas) sobre una variable básica compleja (efecto). Con base en las matrices de correlaciones fenotípicas y genéticas, se desdoblaron los  $r_F$  y los  $r_G$  para determinar los efectos que influyen sobre el PF. En este caso, el sistema PF (variable efecto) estuvo en función del PUS, CJ, pH, BX, AC, IM, PSF y NTS (variables causas).

Para establecer el modelo matemático que permitiera predecir el comportamiento de la variables PF en función de las variables independientes PUS, CJ, pH, BX, AC, IM, PSFU y NTS, se utilizaron técnicas de regresión multivariado (Acuña, 2011). Inicialmente, se procedió a seleccionar las variables significativas para cada uno de los modelos, utilizando los procedimientos de regresión lineal multivariada de Stepwise, backward y forward y se seleccionó el mejor modelo de acuerdo a su coeficiente de determinación ( $R^2$ ) y al coeficiente de Mallows ( $C_{(p)}$ ).

### 3. RESULTADOS Y DISCUSION

#### 3.1 ANÁLISIS DE LA INFORMACIÓN

##### 3.1.1 Peso de fruto (PF)

Los promedios del peso de fruto (PF) se encuentran en el Anexo 2. El promedio de la población  $105,84 \pm 12,43$  g ubicándose entre los calibres C y B (ICONTEC, 1997). Los valores oscilaron entre 70,15 g obtenido por el cruzamiento CBb03xCBb75 y 139,58 g de Cbc042xCBco46. Dentro de los testigos el rango de PF estuvo entre 86,48 g para CBc14 y 134,31 g para CBsb01. El ANDEVA (Tabla 3) indica que existen diferencias entre genotipos, híbridos y testigos. El contraste de la media de los Híbridos versus la media de los Testigos no fue significativo, por lo tanto, no se observaron efectos heteróticos de tipo útil, tal como se establece en el Anexo 5 donde la heterosis útil no fue significativa para todos los híbridos.

Los híbridos más destacados para el PF fueron CBp19xCBc95 (120,4 g), CBI80xCBf89 (120,53 g), CBSj36xCBcon34 (120,62 g), CBcon33xCBcon34 (120,81 g), CBc044xCBsj35 (121,14 g), CBcon74xCBc039 (123,51 g), CBI49xCBI50 (124,09 g), CBp25xCBf89 (124,12 g), CBc12xCBb73 (124,34 g), CBp19xCBu87 (124,63 g), CBI49xCBsj35 (126,94 g), CBI49xCBu88 (127,06 g), CBc044xCBu88 (127,11 g), CBc044xCBg70 (127,57 g), CBSj36xCBu65 (129,7 g) y CBc042xCBco46 (139,58 g) que superaron estadísticamente al 79,02% de los genotipos y según la norma ICONTEC 4105 (1997), se encuentran entre los calibres A y B siendo estos los más altos. Se destaca el testigo CBsb01 con un PF 134, 31 g, que junto con los híbridos antes mencionados exhibió un buen comportamiento, en cuanto a esta característica (Anexo 2).

El PF promedio de los híbridos fue de 100,22 g y el de los testigos fue de 103,08 g. Estos promedios no superaron los valores de  $\mu + \sigma = 118,28$  g y  $\mu + 2\sigma = 130,71$  g. Acorde con la distribución de frecuencias (Anexo 3), la población estudiada puede clasificarse en cuatro clases. La primera clase, cuyos promedios van entre 70,15g y 88,14 representando el 11,11% de la población y que según la norma

Icontec 4105 (1997), pertenece al calibre D. La segunda clase con promedios 88,15 g y 106,14 g representando el 38,27% de la población

### **3.1.2 Peso de pulpa más semilla por fruto (P&S)**

Los promedios del peso de pulpa más semilla (P&S) se encuentran en el Anexo 2. Los valores oscilaron entre 30,99 g obtenido por CB03xCBb75 y 64,65 g de CBp19xCBc95. Dentro de los testigos el rango de P&S estuvo entre 30,22 g para CBco46 y 54,68 g para CBI80. El ANDEVA (Tabla 3) indica que existen diferencias entre genotipos e híbridos. El contraste de la media de los Híbridos versus la media de los Testigos no fue significativo, por lo tanto, no se observaron efectos heteróticos de tipo útil (HU), tal como se establece en el Anexo 5 donde la HU no fue significativa para todos los híbridos.

Los híbridos más destacados para el P&S fueron CBsj36xCBcon34 (42,64 g), CBu82xCBI77 (43g), CBp19xCBc95 (44,59 g), CBu82xCBb01 (45,1g), CBc044xCBu88 (55,48 g), CBI49xCBu88 (56,86 g), CBsj36xCBu65 (58,74 g) y CBc042xCBco46 (60,37 g) que superaron estadísticamente al 87,65% de los genotipos. Se destaca el testigo CBI80 con un P&S de 54,68 g, que junto con los híbridos antes mencionados exhibió un buen comportamiento, en cuanto a esta característica (Anexo 2). El P&S promedio de los híbridos fue de 46,02 g y el de los testigos fue de 34,3 g. Estos promedios no superaron los valores de  $\mu + \sigma = 54,64$  g y  $\mu + 2\sigma = 63,45$  g. Estas diferencias entre los testigos y los híbridos no son significativas tal como se observa en el ANDEVA (Tabla 3).

### **3.1.3 Contenido de jugo por fruto (CJ)**

Los valores promedio de CJ se encuentran en el Anexo 2. Los híbridos presentaron promedios entre 25,64 ml del cruzamiento CBa09xCBb75 y 45,17 ml de CBu82xCBb01 y dentro de los testigos entre 22,47 ml (CBco46) y 42,58ml (CBsb01). Los híbridos que se destacaron fueron CBb08xCBu86 (42,61 ml), CBsj36xCBcon34 (42,64 ml), CBu82xCBI77 (43 ml), CBcon74xCBc039 (43,03 ml), CBI49xCBu88 (43,39ml), CBp19xCBc95 (44,59 ml) y CBu82xCBb01 (45,17 ml). Estos híbridos superaron estadísticamente al 91,35% de la población. Se destaca

al testigo CBsb01 con un promedio de 42,58 ml que tuvo un buen comportamiento junto con los híbridos anteriormente mencionados.

El CJ promedio de los híbridos fue de 34,67 ml y el de los testigos fue de 34,13 ml. Estos promedios no superaron los valores de  $\mu + \sigma = 42,32$  ml y  $\mu + 2\sigma = 50,04$  ml. Estas diferencias entre los testigos y los híbridos no son significativas tal como se observa en el ANDEVA (Tabla 3).

#### **3.1.4 pH del jugo**

En la Tabla 3 se encuentran cuadrados medios del ANDEVA para pH del jugo, los cuales muestran que no existen diferencias entre genotipos, híbridos y testigos. El contraste híbridos versus testigos fue significativo, donde la media e los primeros (3,64) fue menor a la de los segundos (3,91), de ahí que no se observaron valores significativos de HU. Los promedios de pH para los híbridos estuvieron entre 3,40 del cruzamiento CBc042xxCBcon34 y 3,80 de CBp19xCBu94. La población tiene un pH bajo y por lo general, el jugo de los frutos es ácido. Se puede apreciar que la característica fisicoquímica en cuanto al pH es igual en todos los tratamientos (Anexo 2).

#### **3.1.5 Solidos solubles totales (Brix)**

Según el ANDEVA de la Tabla 4, en Brix tampoco existió diferencias entre genotipos, híbridos y testigos. Esto demuestra, con respecto a esta variable, una baja variabilidad genética entre los 48 parentales. El contraste híbridos versus testigos no fue significativo. Por lo tanto, hay ausencia de HU. El rango de Brix en la población fue de 8,02 obtenido por CBc12xCBf89 y de 15,36 de CBsj36xCBu87. Estos valores concuerdan con los valores mínimos establecidos en la Norma 4105 (ICONTEC, 1997).

### 3.1.6 Acidez titulable (AC) e índice de madurez (IM)

El ANDEVA (Tabla 4) indica que para las variables AC e IM también existe una uniformidad genética, puesto que no se obtuvieron diferencias significativas entre genotipo, híbridos y testigos. Igualmente, se evidenció ausencia de HU, debido a que el contraste híbridos versus testigos no fue significativo. Los valores máximo y mínimo de AC y de IM estuvieron entre 1,62 (CBunt1305xCBc15) y 3,91% (CBp19xCBu87) y de 3,93 (CBI81xCBI78) a 7,42 (CBsj36xCBu87), valores similares a los encontrados por Meza y Manzano (2009). Cabe notar que la acidez sensorial no está correlacionada directamente con el pH, una fruta puede sentirse ácida y tener un pH alto y viceversa; esto depende de la capacidad buffer (tamponizante) de la pulpa a un pH bajo y de la combinación de ácidos presentes en el producto. Por esta razón, es importante determinar el porcentaje de acidez en una fruta, con lo cual se considera la posibilidad de que la presencia del ácido mayoritario no sea la del ácido cítrico (Weaver, 1987).

Tabla 3: Cuadrados medios del ANDEVA combinado para peso de fruto (PF), peso de fruto peso de pulpa más semilla (PUS), contenido de jugo (CJ) y pH, evaluadas en frutos de 81 genotipos de tomate árbol, bajo condiciones de la región natural andina del departamento de Nariño.

CM del ANDEVA					
F.V	GL	PF	P&S	CJ	PH
Bloques	2	1230,70**	561,51**	190,90**	0,79**
Genotipos (G)	80	643,77**	145,21**	83,59**	0,11NS
Híbridos (H)	71	661,09**	135,17**	77,03NS	0,02NS
ACG	47	921,73**	166,53**	94,90**	0,02NS
ACE	24	150,67NS	73,75NS	42,03NS	0,01NS
Testigos (T)	8	568,63**	244,18NS	151,41NS	0,76NS
H vs. T	1	14,99NS	66,47NS	6,90NS	1,79**
Error	160	154,60	77,61	59,52	0,11
Media		105,84	45,83	34,61	3,67
CV		11,74	19,22	22,29	8,94
E.R L/BCA		100,41	99,76	94,15	93,57

Tabla 4: Cuadrados medios del ANDEVA sólidos solubles (Brix), acidez titulable (AC), índice de madurez (IM), peso de semilla por fruto (PSF) y número total de semilla (NTS), evaluadas en frutos de 81 genotipos de tomate árbol, bajo condiciones de la región natural andina del departamento de Nariño.

CM del ANDEVA						
F.V	GL	Brix	AC	IM	PSF	NTS
Bloques	2	96,80**	4,62**	104,37**	42,88**	1107477,00**
Genotipos (G)	80	2,09NS	0,23NS	0,90NS	0,95NS	29034,00NS
Híbridos (H)	71	2,24NS	0,25NS	0,94NS	0,25NS	8526,46NS
ACG	47	2,53NS	0,27NS	0,91NS	0,34NS	10771,94NS
ACE	24	1,68NS	0,22NS	1,00NS	0,08NS	4129,07NS
Testigos (T)	8	0,88NS	0,09NS	0,54NS	6,16NS	185517,10NS
H vs. T	1	0,82NS	0,07NS	1,30NS	8,81**	233208,30**
Error	160	1,75	0,23	1,06	0,80	25608,00
Media		9,93	2,14	5,01	1,61	268,79
CV		13,33	22,37	20,51	55,56	59,53
E.R L/BCA		100,15	103,51	98,07	100,01	100,01

### 3.1.7 Peso de semillas por fruto (PSF) y número total de semillas por fruto (NTS)

Al igual que en los casos anteriores en PSF y NTS no se encontraron diferencias significativas entre genotipos, híbridos. El contraste híbridos versus testigos fue significativo. Es necesario recalcar los menores valores de PSF y NTS, 1,54 g y 257 semillas encontrados en los híbridos, y 2,15 g y 356 semillas en los parentales, lo cual es deseable en el mejoramiento de la calidad de frutas que, como el tomate de árbol, se caracterizan por tener alto número y peso de semillas. El parental con mayor PSF y NTS fue CBsj36 con 5,92 g y 1008 semillas; los menores valores de PSF y NTS los presentó el híbrido CBa09xCBb75 con 0,77 g y 132 semillas (Anexo 4).

### 3.2 EVALUACIÓN DE APTITUD COMBINATORIA

Los cuadrados medios del ANDEVA (Tabla 3) detectaron diferencias significativas entre híbridos solo en las variables peso de fruto (PF) y peso de pulpa más semilla (P&S). En contenido de jugo por fruto (CJ) se encontraron diferencias solo entre genotipos, en las demás variables no se encontraron diferencias significativas. Igualmente, se encontraron diferencias significativas entre los testigos entre las variables PF, PSF y CJ.

El contraste híbridos versus testigos fue significativo solo en las variables pH, peso de semillas por fruto (PSF) y número total de semillas por fruto (NTS). Lo anterior indicaría algún grado de Heterosis Útil (HU) para estas variables; sin embargo, esto no ocurrió porque se encontró que la media de los testigos supera la media de los híbridos, por lo tanto, hay ausencia de vigor híbrido respecto al mejor testigo. En el pH, la media de los testigos fue de 3,91 y de los híbridos de 3,64, lo mismo ocurrió para el peso de semillas por fruto (PSF) donde la media de los testigos fue de 2,15 g y la de los híbridos de 1,54 g y para el número total de semillas (NTS) con una media de testigos de 356,42 g y para híbridos de 257,84 g. Por estas razones, ninguno de los efectos de HU fue significativo para los tratamientos como se muestra en el Anexo 5.

En algunas variables donde el contraste Híbridos versus Testigos no fue significativo se encontraron algunas combinaciones híbridas con HU significativas. Tal es el caso, del cruzamiento CBsj36xCBu87 en los sólidos solubles totales (HU = 45,99%) y en el índice de madurez (HU = 33,43%) y el cruzamiento CBp19xCBu87 en acidez titulable (HU = 58,75%).

Los coeficientes de variación (CV) oscilaron entre 8,94 obtenido por el pH y el 59,53% para NTS. Las variables NTS y PSF (CV = 55,56%) mostraron los más altos valores de variación, explicado por que existen algunos materiales genéticos que están fuera del rango y promedio normal para la especie que es de 250 semillas por fruto (Bernal y Díaz, 2003). Lo anterior se corrobora con el NTS de CBsj36 con 1008,9 semillas (Tablas 3 y 4, Anexo 2). Las demás variables presentaron CV por debajo de 22,37, que pueden considerarse adecuados (Legarda *et al.*, 2001).

Los cuadrados medios para la ACG fueron significativos solo para las variables peso de fruto (PF), peso de pulpa más semilla (P&S) y contenido de jugo (CJ). En estos casos los efectos de ACG son de mayor magnitud que los de ACE, los cuales no fueron significativos. Esto que sugiere que los efectos de ACG contribuyen más a la variación genética y los caracteres evaluados se asociaron más con efectos aditivos que efectos de dominancia. Los efectos de ACG para PF, P&S y CJ permiten concluir que en la manifestación de estas variables son importantes los efectos aditivos.

Para ACE no se encontraron efectos significativos para ninguno de los caracteres evaluados es decir, que los efectos no aditivos no son importantes en la

manifestación de estos caracteres. La no significancia entre genotipos, híbridos y ACE de todas las variables, indica que los progenitores están muy relacionados y presentan una base genética estrecha para las variables mencionadas (Lagos, 1998).

### 3.2.1 Aptitud combinatoria general (ACG)

Los cuadrados medios de ACG (CMACG) solo fueron significativos para el peso de fruto (PF), peso de pulpa más semilla (P&S) y contenido de jugo por fruto (CJ). Como se dijo anteriormente, la manifestación de estas variables es controlada por efectos aditivos (Tabla 3).

En pH, grados brix (Brix), acidez titulable (AC), índice de madurez (IM), peso de semilla por fruto (PSF) y número total de semillas por fruto (NTS) no se obtuvo significancia de los CMACG, por lo tanto, la población estudiada es genéticamente uniforme y las variaciones encontradas en estas variables son de tipo ambiental (Tablas 3 y 4), lo cual se explica por la no significancia de los cuadrados medios de genotipos e híbridos. Al respecto, Vallejo *et al.* (2010) plantean que cuando en los cuadrados medios de genotipos del ANDEVA individual o combinado no se detectan diferencias significativas, esto sugiere que aparentemente los genotipos evaluados, presentan poca variabilidad genética entre ellos. En el caso del contenido de sólidos solubles totales, Meza y Manzano (2009) no encontraron diferencias significativas entre genotipos de frutos con arilo rojo y amarillo.

Las varianzas de los efectos de ACG (Tabla 5) fueron relativamente bajas (menores a uno) en pH, sólidos solubles totales (Brix), acidez titulable (AC), índice de madurez (IM) y peso de semilla por fruto (PSF), lo que confirma la uniformidad genética de los 48 parentales en estas variables. Es probable, que estos parentales transmitan uniformemente los caracteres en mención a su progenie (Vallejo y Estrada, 2000).

La relación ACG/ACE (Tabla 4) en las variables PF, P&S y CJ indica que la mayor proporción fue para CMACG. Esto demuestra que la acción génica aditiva es la que prevalece en estos caracteres, dado que los CMACE son de menor magnitud y no significativos. Por lo tanto, los métodos de mejoramiento por selección son los más adecuados para obtener poblaciones con ventajas comparativas respecto a las variables mencionadas (Ruelas *et al.* 2008).

En la Tabla 5 se presentan los estimados de ACG ( $g_i$ ) para cada uno de los 48 parentales en las variables evaluadas. En pH, P&S y CJ, donde los CMACG

fueron significativos, se obtuvieron efectos altamente significativos para algunos parentales, lo que evidencia la existencia de diferencias de origen genético entre los 48 parentales estudiados y la asociación de estas variables a efectos de tipo aditivo.

Los valores altos y positivos de ACG ( $g_i$ ) en PF de los progenitores CBp19, CBc039, CBsj36, CBcon33, CBU82, CBg70, CBI70, CBco42, CBU88, CBI50, CBb06. CBsj35 y CBc11, los cuales oscilan entre 21,14 y 51,55, indican su mayor capacidad de transmisión del carácter a través de todos los cruzamientos posibles, y por lo tanto, son útiles para incrementar esta característica dado que en ellos prevalece la acción génica aditiva (Avila, 1985 y García, 1989). Algunos de estos padres como CBp19, CBc039, CBsj36, CBco42 y CBsj35 presentan promedios de PF entre 116,55 y 97,25 g, que según la norma técnica NTC 4105 (ICONTEC, 1997) pertenecen a los calibres B y C respectivamente, siendo el calibre A el de más alta categoría.

El 29,17% de los progenitores evaluados presentaron efectos de ACG ( $g_i$ ) significativos y negativos (Tabla 5), lo cual indica que estos parentales no son útiles en un programa de mejoramiento genético si se requiere incrementar este carácter (PF), debido a que ellos tienden a disminuir el valor del carácter.

Los progenitores CBco42, CBsj36, CBcon33, CBp19, CBU82 y CBc039, presentan valores de ACG significativos y positivos para el carácter peso de pulpa más semilla (P&S), los cuales oscilan entre 30,70 y 17,52. De estos parentales, se evaluaron en esta investigación, CBco42 y CBsj36, cuyos promedios fueron de 53,71 y 41,98 g, en su orden. El valor de CBco42 estuvo por encima de la media general de los genotipos evaluados (45,83 g). Estos parentales son útiles al momento de incrementar este carácter en cambio los progenitores como CBc044, CBC14, CBc12 y CBC041 presentan valores significativos y negativos, que tienden a disminuir, así que no serían útiles en el mejoramiento del mismo (Tabla 5).

Para la variable CJ (Tabla 5) los progenitores que exhibieron valores de ACG ( $g_i$ ) positivos y significativos fueron CBp19 (29,21), CBsj36 (23,96), CBc042 (14,02) y CBI80 (5,28), por lo que se infiere que estos parentales tienen la habilidad de incrementar y transmitir este carácter a su progenie. Sus promedios de CJ oscilaron entre 27,58 y 42 ml de CJ. El 40% de los progenitores fueron negativos para los efectos de ACG ( $g_i$ ), por lo tanto, no son útiles para incrementar el CJ si este fuese el carácter que se quiere mejorar.

Tabla 5: Estimados de la Aptitud Combinatoria General (gi) para peso del fruto (PF), peso de pulpa más semilla (P&S), contenido de jugo (CJ), sólidos solubles totales (Brix), acidez titulable (AC), índice de madurez (IM), peso de semilla por fruto (PSF) y número total de semilla de *C. betacea*, obtenidos a partir de un dialélico parcial circulante.

Parental	PF	P&S	CJ	pH	Brix	AC	IM	PSF	NTS
CBcon74	-34,37**	-11,05**	-12,80**	-0,02	1,8	-0,05	0,42	-0,84	-156,24
CBa09	-44,87**	-19,29**	-15,01**	-0,14	1,29	-0,25	0,72	-1,14	-228,20
CBb03	-39,99**	-18,26**	-13,76**	-0,12	1,41	-0,22	0,71	-0,96	-211,68
CBc044	-11,44	-6,45**	-7,68**	-0,10	1,32	-0,44	0,82	-0,67	-166,05
CBi49	-7,89	-4,85	-7,21**	-0,09	1,20	-0,12	0,03	-0,74	-154,41
CBi51	-25,63**	-9,26**	-12,86**	-0,08	1,13	-0,27	0,66	-0,75	-140,03
CBI81	-15,1	-4,79	-7,14**	-0,02	0,63	-0,20	0,03	-0,27	-35,04
CBunt1305	-16,7	-11,59**	-4,89**	0,03	0,81	-0,51	1,15	-0,50	-94,08
CBb04	-5,31	-5,65	-1,55	0,06	-0,01	-0,32	-0,05	-0,28	-50,22
CBc14	-15,88	-8,73**	-2,5	0,05	0,46	-0,27	0,17	-0,05	12,53
CBb02	-20,10**	-11,10**	-1,5	0,10	0,90	-0,67	1,26	-0,11	-17,15
CBI80	-9,02	-0,1	5,28**	0,03	1,42	-0,59	1,24	0,16	13,65
CBc12	-4,91	-5,31**	-1,59	0,09	0,22	-0,73	1,4	0,12	7,29
CBp25	10,46	0	3,05	0,11	-0,16	-0,83	1,12	0,36	74,75
CBb08	-4,42	1,3	8,65**	0,04	0,38	-1,03	1,84	0,2	46,61
CBc93	6,58	4,21	8,12**	0,08	-0,08	-1,06	1,59	0,39	93,25
CBc042	33,66**	17,52**	14,02**	-0,01	0,11	-0,90	1,58	0,57	85,87
CBsj36	44,83**	27,64**	23,96**	0,16	0,91	-0,83	1,44	1,08	178,07

CBcon33	42,61**	25,43**	23,23**	0,16	-1,51	-0,77	0,36	0,92	163,06
CBp19	51,55**	30,70**	29,21**	0,23	-2,14	-0,04	-0,06	1,06	187,31
CBc11	21,14**	13,73**	15,87**	0,07	-2,08	-0,12	-0,37	0,71	121,52
CBb06	27,45**	10,73**	18,91**	0,07	-2,03	-0,09	-0,24	0,89	134,20
CBu82	37,36**	19,67**	26,88**	0,06	-1,53	0,09	-0,51	1,14	198,65
CBI79	35,53**	15,89**	21,33**	0,03	-1,58	0,18	-0,69	1,26	230,07
CBc039	48,79**	19,19**	18,36**	0,10	-1,54	0,09	-0,59	1,07	203,62
CBb75	7,46	4,32	6,70**	0,08	-1,26	0,06	-0,4	0,41	104,23
CBg70	36,25**	12,33**	10,16**	0,12	-1,35	0,42	-0,96	0,84	181,22
CBu88	29,50**	14,45**	13,31**	0,12	-1,11	0,19	-0,21	0,95	201,42
CBsj35	27,13**	7,74**	10,38**	0,16	-1,73	0,29	-0,9	0,76	167,67
CBI50	27,88**	8,79**	10,58**	0,10	-0,72	0,28	-0,29	0,86	147,06
CBI78	17,47	7,24**	9,81**	-0,02	-0,66	0,36	-0,82	0,54	111,57
CBsj37	8,33	4,64	5,21**	-0,03	-1,32	0,23	-0,65	0,19	21,92
CBc15	-3,11	4,22	-2,59	-0,07	-0,55	0,27	-0,1	-0,12	-27,92
CBc040	10,01	6,52**	3,51	-0,08	-0,34	0,58	-0,7	0,13	14,33
CBu84	2,35	5,25	-1,13	-0,15	-0,57	0,40	-0,52	0,05	3,45
CBb73	12,45	2,52	-1,7	-0,03	-0,37	0,49	-0,86	-0,02	-0,34
CBf89	12,75	3,82	-5,07**	-0,06	-1,59	0,92	-1,97	-0,16	-15,46
CBu86	-14,18	0,32	-3,46	-0,09	-0,70	0,70	-1,5	-0,50	-80,21
CBsj38	-3,35	-2,33	-8,25**	-0,06	-0,29	0,96	-1,52	-0,39	-77,08
CBc046	-2,5	-5	-13,81**	0,07	-0,3	0,94	-1,64	-0,29	-56,63
CBu65	-23,90**	-13,33**	-14,52**	-0,08	-0,32	0,87	-1,52	-0,45	-92,99
CBcon34	-27,25**	-21,29**	-18,70**	-0,17	-0,25	0,76	-1,29	-0,60	-103,96

CBu87	-32,57**	-24,96**	-23,57**	-0,12	3,05	1,34	-0,07	-0,72	-113,45
CBu94	-35,24**	-22,11**	-23,59**	-0,08	1,46	0,13	0,19	-0,85	-151,81
CBc95	-41,17**	-19,88**	-22,62**	-0,12	1,86	-0,07	0,34	-1,29	-200,49
CBI77	-31,00**	-15,47**	-21,03**	-0,12	2,09	0,08	0,2	-0,73	-121,68
CBc041	-30,77**	-6,81**	-19,45**	-0,07	2,24	-0,1	0,74	-0,97	-161,64
CBb01	-50,86**	-20,55**	-18,57**	-0,17	1,40	-0,15	0,43	-1,27	-246,57
$\bar{d}^2(gi)$	109,96	15,40	5,44	0,00	0,10	0,01	0,91	0,03	695,88
$\bar{d}(gi)$	10,49	3,92	2,33	0,04	0,31	0,09	0,95	0,18	26,38
$\bar{d}^2(gi-gj)$	321,76	157,50	89,76	0,02	3,59	0,47	2,14	0,18	8817,66
$\bar{d}(gi-gj)$	17,94	12,55	9,47	0,16	1,90	0,68	1,46	0,42	93,90

Ho:  $g_i=0$ ; t tabulado al 0,05 y 160 GL = 1,97.

### 3.2.2 Aptitud Combinatoria Específica (ACE) y Heterosis útil (HU)

Según el ANDEVA (Tabla 3) los cuadrados medios de ACE no fueron significativos para todas las variables evaluadas indicando que los efectos de dominancia no son importantes en la manifestación de estos caracteres para los genotipos evaluados. Probablemente, la uniformidad genética para las variables evaluadas no permitió obtener valores de ACE significativos. La falta de domesticación para estos caracteres y la poca exigencia de los consumidores por una determinada calidad, ha hecho que la selección no permita obtener variantes genéticas para los componentes de calidad del fruto.

Ahora bien, la heterocigosidad contenida en cada uno de los parentales debida a la alogamia de la especie (Bernal, 2003) no permite la acción genética dominante, dado que al unirse dos formas alélicas heterocigotas, se tiende a la homocigosis y por lo tanto, también el grado de heterosis es nulo. De ahí que en este trabajo, no se destaca ninguna combinación híbrida como un patrón heterótico que pueda ser utilizado para producir híbridos comerciales. Lo anterior también está corroborado

por la no significancia del contraste Híbridos versus Testigos en la mayoría de los caracteres evaluados. En consecuencia, se asume que los efectos de ACE ( $S_{ij}$ ) de cada una de las combinaciones híbridas son iguales a cero.

Teniendo en cuenta, que la variabilidad genética es nula, manifiesta por la no existencia de diferencias significativas entre los genotipos en la mayoría de las variables, no es posible aprovechar la heterosis de esta población para utilizarla en la producción de híbridos comerciales con componentes de calidad de fruto sobresalientes.

En el Anexo 5, se presenta la HU de los sólidos solubles totales (Brix), donde, el híbrido CBsj36xCBcon34 presentó un valor alto y positiva del 43,06 %. En las variables índice de madurez (IM) y acidez titulable (AC), se presentan valores de HU altos y positivos iguales a 33,43% (CBsj36xCBcon34) y 58,75% (CBp19xCBu87), respectivamente. Esto indica que es necesario mirar a futuro y con más detalle, el aporte genético de los dos progenitores a la expresión del carácter, por que superan los promedios de sus mejores testigos (CBc042=10,52), (CBsb01=5,56) y (CBco42=2,47).

Se recomienda realizar estudios de heterosis media parental con el objetivo de encontrar la relación entre el comportamiento de cada progenitor en los cruzamientos donde interviene y el promedio del parental de cada progenitor (Espitia, 2003).

### **3.3 CORRELACIONES GENÉTICAS, FENOTÍPICAS Y AMBIENTALES**

Los coeficientes de correlación fenotípica ( $r_F$ ), genética ( $r_G$ ) y ambiental ( $r_E$ ) están registrados en la Tabla 6. Sin excepciones, las  $r_G$  fueron de mayor magnitud que las  $r_F$ . Los resultados obtenidos, indican una  $r_G$  positiva y significativa entre las variables PF y P&S (0,92), PF y CJ (0,81) y entre PF y PSF (0,97), evidenciándose una acción genética común entre estas variables, lo cual podría facilitar el proceso de selección, dado que el proceso se haría por cualquiera de las dos.

Las  $r_F$  y  $r_G$  del PF con P&S (0,71 y 0,97, respectivamente) y con CJ (0,51 y 0,81 respectivamente) fueron significativas. Estas magnitudes de correlación fenotípica genética positivas, indican que la selección por PF produce un incremento en el carácter anteriormente mencionado (Tabla 6).

Las  $r_F$ ,  $r_G$  y  $r_E$ , entre las variables P&S y CJ exhiben una correlación fenotípica menor a la correlación genética ( $r_F= 0,75 < r_G= 0,96$ ), lo que implica una correlación ambiental importante ( $r_E=0,64$ ) y por tanto, existe un efecto de los factores ambientales y/o de los factores no aditivos que afectan negativamente el nivel de asociación real entre los dos caracteres de estudio (Espitia *et al.*, 2011). Lo anterior, también se presenta entre las variables PSF y NTS ( $r_F= 0,98 < r_G= 1,02$ ,  $r_E=0,98$ )

En el carácter SST (Brix), existe una correlación genética y ambiental positiva y significativa con el IM, y no existe una relación genética entre ellos, por lo tanto el fenotipo se debe al efecto del ambiente y no al genotipo.

Otras correlaciones genéticas de interés, son las exhibidas entre PSF con P&S (0,95), pH con PSF (0,75). Estas correlaciones positivas y significativas, señalan que una selección por PSF incide de manera directa en el aumento o reducción del P&S y el pH. Se puede asumir que las correlaciones genéticas mayores a 1 (Tabla 6), son correlaciones perfectas, o se recomendaría revisar las varianzas de cada una de las variables involucradas en el análisis de correlación, si una de ellas presenta diferencias o una varianza significativa y la otra no, esta correlación debe desecharse (Checa, 2012), dado que la correlación mide el grado de covariación entre dos variables (Mayo, 1980).

En las Tablas 7 y 8 se presentan los análisis de sendero que muestran la descomposición de las correlaciones fenotípicas ( $r_F$ ) y correlaciones genéticas ( $r_G$ ) para el PF, en su orden. En la diagonal y en negrilla aparecen los efectos directos y fuera de la diagonal los indirectos. Se observa que el coeficiente de determinación ( $R^2$ ) en el análisis de sendero para  $r_G$  indica que el 100% de la variabilidad del PF estuvo explicada por las variables P&S, CJ, PH, BX, AC, IM, PSF y NTS, indicando un buen ajuste del modelo y la importancia de las variables explicativas en la definición del PF (Espitia *et al.*, 2008). El  $R^2$  del análisis de sendero con base en las correlaciones fenotípicas fue del 56% (Tabla 8), considerado bajo por lo que se infiere que las variables presentes en el modelo no explican fenotípicamente el PF.

En el análisis de sendero fenotípico (Tabla 7), las variables con mayor efecto directo sobre el PF fueron P&S y PSF con valores de 0,743 y 1,166; y en el genético (Tabla 8) fueron P&S y PSF con valores de 1,35 y 0,874.

En el caso del análisis de sendero para las  $r_F$  (Tabla 7), se observa que el efecto directo de P&S (0,743) y PSF (1,166) sobre el coeficiente de correlación (PF: 0,707 y 0,313 respectivamente), es mayor que los efectos indirectos de las otras variables que se tuvieron en cuenta para el análisis. Al ser positivos (tanto los efectos directos como el coeficiente de correlación), la correlación explica la verdadera relación existente entre estos dos caracteres y una selección directa a través de esta característica será efectiva (Singh y Chaudhary, 1985).

Tabla 6: Correlaciones fenotípicas, genotípicas y ambientales para las peso de pulpa mas semilla (P&S), contenido de jugo (CJ), pH, solidos solubles (Brix), Acidez titulable (AC), índice de madurez (IM), peso de semilla por fruto (PSF) y número total de semillas (NTS).

Variable		PuS	CJ	pH	Brix	AC	IM	PSF	NTS
PF	rF	0,71*	0,51*	-0,01	0,04	0,23	-0,15	0,31	0,29
	rG	0,92*	0,81*	-0,17	0,01	1,39	999,00	0,97*	1,11
	rE	0,44	0,32	0,05	0,07	0,17	-0,10	-0,04	-0,08
P&S	rF		0,75*	-0,02	0,13	0,18	-0,08	0,27	0,28
	rG		0,96*	0,11	-0,02	1,65	999,00	0,95*	1,31
	rE		0,64*	-0,05	0,20	0,05	0,06	0,02	-0,03
CJ	rF			-0,09	0,17	0,14	-0,01	0,26	0,25
	rG			-0,71	-0,03	2,54	999,00	1,27	1,48
	rE			-0,01	0,23	-0,04	0,12	-0,02	-0,03
pH	rF				-0,07	0,07	-0,07	0,02	0,03
	rG				-0,31	4,57	999,00	0,75*	1,16
	rE				-0,04	-0,06	0,06	-0,06	-0,06
Brix	rF					0,17	0,61*	0,04	0,02
	rG					4,06	999,00	0,22	0,21
	rE					-0,03	0,69*	0,00	-0,02
AC	rF						-0,47	0,18	0,21
	rG						999,00	2,01	3,44
	rE						-0,57	0,09	0,07
IM	rF							-0,10	-0,14
	rG							999,00	999,00
	rE							-0,07	-0,07
PSF	rF								0,98*
	rG								1,02
	rE								0,98*

La descomposición de la correlación ( $r_F = 0,512$ ) entre CJ y PF (Tabla 1) están explicadas en mayor proporción por los efectos indirectos de P&S (0,554) que por el efecto directo de la variable CJ (-0,077). Esto indica que la correlación significativa y directa existente entre CJ y PF, se debe en mayor proporción a la influencia indirecta, a través de P&S.

Con base en el primer análisis de sendero (Tabla 7) se puede inferir que la selección de frutos con mayor P&S y CJ permite la obtención de frutos más pesados.

Tabla 7: Análisis de sendero para el peso del fruto (PF) en función de Peso de Pulpa mas Semilla (P&S), Contenido de Jugo (CJ), pH, Grados Brix (BX), Acidez (AC), Índice de Madurez (IM), Peso de Semilla del Fruto (PSF) y Número Total de Semilla (NTS) en tomate de árbol (*C. betacea*), bajo condiciones del Municipio de Pasto, Colombia.

Variables	CORRELACIONES FENOTIPICAS								rG
	P&S	CJ	PH	BX	AC	IM	PSF	NTS	con PF
PUS	0,743	-0,057	0,000	-0,013	0,027	-0,001	0,313	-0,305	0,707
CJ	0,554	-0,077	0,000	-0,018	0,021	0,000	0,298	-0,267	0,512
PH	-0,015	0,007	-0,004	0,007	0,011	-0,001	0,018	-0,035	-0,012
BX	0,094	-0,013	0,000	-0,104	0,026	0,007	0,041	-0,017	0,036
AC	0,131	-0,010	0,000	-0,018	0,154	-0,006	0,209	-0,229	0,231
IM	-0,061	0,001	0,000	-0,064	-0,072	0,012	-0,118	0,153	-0,148
PSF	0,200	-0,020	0,000	-0,004	0,028	-0,001	1,166	-1,055	0,313
NTS	0,211	-0,019	0,000	-0,002	0,033	-0,002	1,146	-1,074	0,294
R <sup>2</sup> = 0,56    h = 0,66									

Tabla 8: Análisis de sendero para el peso del fruto (PF) en función de Peso de Pulpa mas Semilla (PUS), Contenido de Jugo (CJ), pH, Grados Brix (BX), Acidez (AC), Índice de Madurez (IM), Peso de Semilla del Fruto (PSF) y Número Total de Semilla (NTS) en tomate de árbol (*C. betacea*), bajo condiciones del Municipio de Pasto, Colombia.

Variables	CORRELACIONES GENETICAS								rG
	PUS	CJ	PH	BX	AC	IM	PSF	NTS	con PF
PUS	1,353	-0,461	0,001	-0,005	-0,319	0,560	0,832	-1,041	0,921
CJ	1,303	-0,479	-0,004	-0,007	-0,489	0,560	1,106	-1,182	0,809
PH	0,151	0,339	0,006	-0,073	-0,882	0,560	0,653	-0,925	-0,171
BX	-0,031	0,014	-0,002	0,235	-0,783	0,560	0,188	-0,170	0,012
AC	2,234	-1,215	0,025	0,953	-0,193	0,560	1,758	-2,735	1,387
IM	1352,0	-478,39	5,51	234,62	-192,76	0,00	872,99	-795,00	999,00
PSF	1,289	-0,606	0,004	0,050	-0,388	0,560	0,874	-0,815	0,969
NTS	1,770	-0,711	0,006	0,050	-0,663	0,560	0,894	-0,796	1,111
R <sup>2</sup> = 1    h = 0									

En el caso del análisis de sendero para las rG (Tabla 8), se observa que el efecto directo de P&S (1,353) sobre el coeficiente de correlación (PF: 0,921), es mayor

que los efectos indirectos de las otras variables que se tuvieron en cuenta para el análisis. Al ser positivos (tanto el efecto directo como el coeficiente de correlación), la correlación explica la verdadera relación existente entre estos dos caracteres y una selección directa a través de esta característica será efectiva (Singh y Chaudhary, 1985).

En el análisis de sendero para correlaciones genéticas (Tabla 8) el efecto directo de la variable PSF sobre el PF (0,874), es menor al efecto indirecto de P&S sobre PF (1,289), en este caso, el valor de la correlación (0,969) se le atribuye al efecto indirecto de la variable P&S. En esta situación el factor causal indirecto es considerado para los procesos de selección (Singh y Chaudhary, 1985).

### **3.4 DETERMINACIÓN DEL MODELO MATEMÁTICO**

El análisis de regresión lineal por la técnica Forward y Backward (Tabla 9), permitieron obtener el modelo matemático que relaciona el PF en función de los parámetros físico-químicos del fruto. El modelo matemático construido para el PF mediante Backward es el mismo que para el análisis Forward.

Los modelos construidos para PF en función de los parámetros del fruto, indican que el PF está directamente relacionado con P&S, pH y AC. El modelo es el siguiente:

$$\text{Peso de Fruto} = 1,15P\&S + 9,60pH + 8,32AC$$

Por su parte, el análisis de regresión múltiple Stepwise proporcionó el siguiente modelo, reflejando la consistencia de los resultados. Este modelo indica que el NTS está inversamente relacionado con el PF.

$$\text{Peso de Fruto} = 1,11P\&S + 9,54pH + 8,66AC + 8,73PSF - 0,05NTS$$

Los coeficientes de determinación  $R^2$  fueron de 0,98, considerando los valores de  $R^2$ , puede afirmarse que el PF está en gran parte esta explicado por las variables independientes, y es un indicador de estas sobre el tamaño del fruto.

Tabla 9: Métodos Forward, Backward y Stepwise para la selección del mejor modelo que explica la relación del peso de fruto de tomate de árbol (*Chyphomandra betacea*) en función de otras variables.

Método	Forward			Backward			Stepwise		
	Variable	P	F Cal	Pr > F	P	F Cal	Pr > F	P	F Cal
PuS	1,15	174,47	<,0001	1,15	174,47	<,0001	1,11	149,72	<,0001
pH	9,60	51,00	<,0001	9,60	51,00	<,0001	9,54	49,49	<,0001
AC	8,32	23,29	<,0001	8,32	23,29	<,0001	8,66	24,94	<,0001
PSF	-	-	-	-	-	-	8,73	3,07	0,08
NTS	-	-	-	-	-	-	-0,05	2,78	0,10
R2	0,98	-	-	0,98	-	-	0,98	-	-
C(p)	4,00	-	-	4,00	-	-	4,84	-	-

P=parámetro; F cal= F calculada; Pr > F= probabilidad de que F tabulado sea mayor que el F cal al 5% de significancia;  $R^2$ = coeficiente de determinación; C(p)= coeficiente de Mallows.

### 3.5 SELECCIÓN DE LOS GENOTIPOS MÁS SOBRESALIENTES

La selección de los híbridos y testigos se realizó teniendo en cuenta los valores de IS por encima de 0,7 (Tabla 10). Entre los híbridos y testigos que presentaron IS positivos, se destacaron Cbc042xCBco46, CBp19xCBc95, CBsb01, Cbi49xCBu88, CBco44xCBu88, CBcon74xCBc39, CBSj36XCBu65, CBSj36xCBcon34, CBSj36xCBu87 y Cbu82xCBco41. Algunos de los parentales que participaron en las anteriores combinaciones híbridas (CBp19, CBco39, CBSj36) presentaron mayores promedios de PF y mayores valores de ACG (51,55; 48,79 y 44,83), esto confirma el aporte positivo que hacen los parentales al incremento del PF, además que facilita el sistema de mejoramiento por selección debido a la presencia de efectos aditivos en la expresión del carácter más importante PF.

Tabla 10: Índice de selección para los mejores 10 genotipos de tomate de árbol, evaluados bajo condiciones del departamento de Nariño.

Progenitor/F1	PF	CJ	Brix	PUS	NTS	IS
CBc042xCBco46	139,58	37,45	10,52	60,37	286,94	1,25
CBp19xCBc95	120,40	44,59	9,91	64,65	272,00	1,21
CBsb01	134,31	42,58	10,00	52,70	299,58	1,03
CBi49xCBu88	127,06	43,39	10,15	56,86	312,21	1,02
CBc044xCBu88	127,11	40,75	10,31	55,48	305,47	0,92
CBcon74xCBc039	123,51	43,03	10,09	54,13	286,23	0,90
CBsj36xCBu65	129,70	41,93	10,00	58,74	395,02	0,89
CBsj36xCBcon34	120,62	42,64	9,71	56,88	295,11	0,85
CBsj36xCBu87	117,71	34,53	15,36	45,76	307,22	0,81
CBu82xCBco41	111,04	37,42	10,63	63,51	319,61	0,70

Lo anterior, permite establecer que para obtener híbridos de buen comportamiento deben seleccionarse parentales que presenten una amplia base genética con buenos valores de ACG y además eliminar la carga genética debido a los bajos o casi nulos niveles de selección y endocria que tiene la especie.

Todos los genotipos seleccionados por su IS (Tabla 10) también presentan valores superiores a la  $\mu + \sigma$  o  $\mu + 2\sigma$  para el PF cuyos valores oscilan entre 124,12 y 139,58g. Se destaca el híbrido CBc042xCBco46 (139,58 g) y al progenitor CBsb01 (134,01 g) por tener el mayor PF y superar el calibre A (129 g) según la NTC4105.

#### 4. CONCLUSIONES Y RECOMENDACIONES

En las variables peso de fruto, peso de pulpa más semilla por fruto y contenido de jugo, se encontraron diferencias significativas entre genotipos. Los cuadrados medios de Aptitud Combinatoria General fueron significativos, por lo tanto, la manifestación de estas características está regulada por efectos aditivos.

Los progenitores CBp19, CBco39, CBSj36, CBco33, CBU82, CBg70, CBI70, CBco42, CBU88, CBI50, CBb06, CBSj35 y CBc11, presentaron valores altos y positivos de aptitud combinatoria general para el peso de fruto.

Los progenitores CBco42, CBSj36, CBp19, CBU82 y CBco39, exhibieron valores altos y significativos de aptitud combinatoria general para el carácter peso de pulpa más semilla por fruto. Por su parte el testigo Cbco42 estuvo por encima de la media general de los genotipos evaluados. En el contenido de jugo los progenitores CBp19, CBSj36, CBco42 y CBI80 presentaron valores de aptitud combinatoria general positivos y significativos.

Los híbridos CBSj36xCBco34 y Cbp19xCBU87 presentaron valores altos y positivos de heterosis útil en sólidos solubles totales e índices de madurez. Se recomienda tener en cuenta las anteriores combinaciones híbridas con miras a evaluar con más detalle el aporte genético de sus progenitores para la expresión de estos caracteres. También se recomienda realizar estudios de heterosis media parental con el objetivo de encontrar la relación entre el comportamiento de cada progenitor en los cruzamientos donde intervienen y el promedio del parental de cada progenitor.

El peso de fruto está correlacionado genéticamente con las variables contenido de jugo, peso de pulpa más semilla y peso de semilla por fruto. Según el análisis de sendero para las correlaciones genéticas, el peso de fruto está explicado por los efectos directos de peso de pulpa más semilla por fruto.

Acorde con el índice de selección, los híbridos más sobresalientes fueron CBco42xCBco46, CBp19xCBc95, CBI49xCBU88, CBco44xCBU88, CBcon74xCBc39, CBSj36xCBU65, CBSj36xCBcon34, CBSj36xCBU87 y CBU82xCBco41. Cabe destacar que estos híbridos presentaron menor número de semillas por fruto que sus testigos. Se recomienda que para obtener híbridos de buen comportamiento deben seleccionarse parentales que presenten una amplia base genética con buenos valores de aptitud combinatoria general y además eliminar la carga genética por autofecundación.

Se recomienda plantear un programa de mejoramiento genético con miras a producir líneas homocigotas, que permitan aprovechar de manera eficiente sus cualidades genéticas y agronómicas en la obtención de variedades o híbridos de alto desempeño agronómico.

## BIBLIOGRAFIA

- ACUÑA E. 2011. Análisis de regresión. Mayaguez. Universidad de Puerto rico. 250p.
- AGROCADENAS. Exploración de mercados: frutas tropicales frescas. [http://www.agrocadenas.gov.co/inteligencia/int\\_frutales.htm#m2](http://www.agrocadenas.gov.co/inteligencia/int_frutales.htm#m2) (Consulta: diciembre 2007).
- AGRONET. 2011. Producción de tomate de árbol en el departamento de Nariño. MADR. 3p.
- ANTUNA G O, F RINCÓN S, E GUTÍERREZ DEL R, N A RUÍZ T, L BUSTAMANTE G. 2003. | Componentes genéticos de caracteres agronómicos y de calidad fisiológica de semillas de líneas de maíz. Rev. Fitotec. Mex. 26:11-17.
- ARAMENDIZ, H. CARDONA, C. ESPITIA, M. CADENA, J. y CORREA, E. 2008. Correlaciones fenotípicas, ambientales y genéticas en Berenjena. Universidad de Córdoba, Facultad de Ciencias Agrícolas. Montería -Colombia. p. 15.
- BERNAL, J. Y DIAZ, C.A. 2003. Tecnología para el cultivo del tomate de árbol. Manual Técnico 3. Rionegro, Antioquia, CORPOICA. 128p.
- BOHS, L. 1989. Ethnobotany of the Genus *Cyphomandra* (Solanaceae). *Economy Botany*. 4:143-163
- BOHS, L. 2004 Major clades in *Solanum* based in *ndhF* sequence analyses. In *Solanaceae: William G. D'Arcy Memorial*, Hollowell V, Keating T, Lewis W, Croat T (eds). *Monographs in Systematic Botany from the Missouri Botanical Garden*.
- BROWN, A.H.D. 2000. The genetic structure of crop landraces and the challenge to conserve them in situ on farms. Brush, S.B. (Editor). *Genes in the field*. Boca Raton, FL, USA, IPGRI, IDRC, Lewis Publishers. pp. 29-48.
- CEBALLOS, H. 1997. *Genética Cuantitativa y Fitomejoramiento*. Palmira, Universidad Nacional de Colombia Sede Palmira. 330p.
- CHECA, C. 2012. Comunicación personal. Pasto, Universidad de Nariño, Facultad de Ciencias Agrícolas.
- COCK, H.J. 2001. Propuesta para un programa de frutas tropicales. En: CIAT. CENTRO INTERNACIONAL DE AGRICULTURA TROPICAL. Propuesta para un programa de frutas tropicales. Bogotá, CIAT. 43-105 pp.

COMSTOCK, R.E. Y ROBINSON, H.F. 1948. The components of genetic variance in populations of biparental progenies and their use in estimating the average degree of dominance. *Biometrics*. 4: 254-266.

COOPER, H.D., SPILLANE, C. Y HODGKIN, T. 2001. Broadening the genetic base of crops: an overview. In: Cooper, H.D., Spillane, C. y Hodgkin T. (Editors). *Broadening the genetic base of crop production*. Wallingford, UK., IPGRI, FAO. CABI Publishing, pp.1-23.

CRFG.CALIFORNIA RARE FRUIT  
GROWERS.TamarilloCyphomandrabetaceaSent. Solanaceae.  
<http://www.crfg.org/pubs/ff/tamarillo.html> (Consulta: marzo 2 de 2007).

CRUZ, C. 2006. Programa GENES. Versao Windows. Aplicativo Computacional em Genética e Estatística. Editora UFV. Universidade Federal de Viçosa. Disponible desde Internet en [www.ufv.br/dbq/genes/genes.htm](http://www.ufv.br/dbq/genes/genes.htm).

CRUZ, D. Y SOUZA, P.C. 2003. Modelos biométricos aplicados a melhoramento genético. Volume 2. Viçosa, Editora UFV. 585p.

DE LA CRUZ, L., CASTAÑÓN, G., BRITO, N., GOMEZ, A., ROBLEDO, V. Y LOZANO, AJ. 2010. Heterosis aptitud combinatoria de poblaciones de maíz tropical. *Revista Internacional de Botanica Experimental*. Argentina. Vol. 79. pp.11-17.

DE LA ROSA, A., DE LEON, H., RINCON, F. Y MARTINEZ, G. 2006. Efectos genéticos, heterosis y diversidad genética entre híbridos comerciales de maíz adaptados a el bajío mexicano. *Rev. Fitotec. Mex.* 29(3): 247-254.,

ESPINAL, C.F., MARTINEZ, H.J. Y PEÑA, Y. 2005. Cadena de los frutales de exportación en Colombia: mirada global de su estructura y dinámica 1991-2005. Documento de trabajo No. 67. 68p.

ESPITIA M. 2003. Heterosis con énfasis en zapallo (*Cucurbita moschata* Duch. Ex Poir). Universidad Nacional de Colombia. Sede Palmira. Pp 12-18.

ESPITIA, M. ARAMENDIZ, H. CADENA, J. 2008. Correlaciones y Análisis de sendero en Algodón *Gossypiumhirsutum* L. en el Caribe Colombiano. *Revista Facultad Nacional de Agronomía – Medellín*, Vol. 61. Num 1. Universidad Nacional de Colombia. p 4325- 4335

FEHR, W. 1987. Principles of cultivar development: theory and technique. Volume I. New York, Iowa University, Macmillan. 536p.

FEICAN, C. ENCALADA, C. LARRIVA, W. 1999. El Cultivo del Tomate de Árbol. Estación Experimental Chuquipata. Granja Experimental Bullcay. Programa de Fruticultura. Cuenca, Ec. p. 9, 26-45.

GALVIS, A. 1992. Tecnología de manejo de post-cosecha de frutas y hortalizas: Sección de vegetales. Instituto de Ciencia y Tecnología de Alimentos (ICTA), Universidad Nacional de Colombia. Bogotá.

GARDNER, C.O. Y EBERHART, S.A. 1966. Analysis and interpretation of the variety cross diallel and related populations. *Biometrics*. 22: 439-452.

GARDNER, C.O. Y EBERHART, S.A. 1967. Simplified methods for estimating constants and computing sums of squares for a diallel cross analysis. *Fitotecnia Latinoamericana*. 4: 1-12.

GERALDI, O. Y MIRANDA FILHO, J.B. 1988. Adapted models for the analysis of combining ability of varieties in partial diallel crosses. *Brazilian Journal of Genetics*. 11(2): 419-430.

GRIFFING, B. 1956. Concept of general and specific combining ability in relation to diallel crossing systems. *Australian Journal of Biological Sciences*. 9(4): 463-493.

HALLAUER, A.R. Y MIRANDA FILHO, J.B. 1995. Quantitative genetics in maize breeding. Second edition, second printing. Iowa, Iowa State University Press. 462 p.

HAYMAN, B.I. 1954. The theory and analysis of diallel crosses. *Genetics*. 39: 789-809.

HEISER, C. 1993. Naranjilla (*Solanum quitoense*), de cocona (*Solanum sessiliflorum*) and their hybrid. In: Gustafson, J. (Edit). *Gene Conservation and Exploitation*. New York: Plenum Press. pp. 29-34.

ICONTEC INSTITUTO COLOMBIANO DE NORMAS TÉCNICAS. 1997. Frutas frescas. Tomate de árbol. Especificaciones. Bogotá, ICONTEC, MADR, CENICAFE. 15p.

ICONTEC. INSTITUTO COLOMBIANO DE NORMAS TÉCNICAS. 1997. Norma técnica Colombiana NTC 4105: Frutos frescos. Tomate de árbol. Especificaciones. Bogotá, ICONTEC. CENICAFE. 15 pag.

JUDD, W., CAMPBELL, C., KELLOGG, E., STEVENS, E. and DONOGHUE, M. 2002. *Plant Systematics: Phylogenetic approach*. Massachusetts: Sinauer Associates. p. 115, 438.

KEMPTHORNE, O. Y CURNOW, R.N. 1961. The partial diallel cross. *Biometrics*.17: 229-250.

LAGOS, T.C. 1998. Avance Generacional y Selección de Líneas Promisorias de Pimentón *Capsicum annum*, en los municipios de Palmira y Candelaria, Departamento del Valle. Universidad Nacional de Colombia Sede Palmira. Pag 31-113.

LAGOS, T.C. 2008. Proyecto "Obtención y evaluación preliminar del híbridos de Tomate de árbol *Cyphomandra betacea* Cav. En la zona Andina de Nariño" aprobado por el Ministerio de Agricultura y Desarrollo Rural.

LANCHERO, J. 2008. Frutales en Colombia. Universidad Nacional de Colombia Sede Bogota. <http://frutalesunadcolombia.blogspot.com>

LEGARDA, L., LAGOS, T.C. Y VICUÑA, L.E. 2001. Diseño de experimentos agropecuarios. Pasto, Universidad de Nariño. 262 p.

LOBO, M. 1992. Los recursos fitogenéticos: evolución, tipos y utilización. En: Memorias Curso internacional sobre recursos fitogenéticos. Vol. 1. 9 de noviembre-4 de diciembre de 1992. Universidad Nacional de Colombia, ICETEX, IBPGRI, OEA, Universidad del Valle. Palmira, Colombia.

LOBO, M. 2000. Papel de la variabilidad genética en el desarrollo de los frutales andinos como alternativa productiva. En: Memorias 3° Seminario de frutales de clima frío moderado. Centro de desarrollo tecnológico de frutales, Manizales, Colombia, 15-17 de noviembre de 2000 pp. 27-36.

MAYO, O. 1980. The theory of plant breeding. Oxford University. Clarendon Press. 293 p.

MEZA, N. Y MANZANO, J. 2009. Características del fruto de tomate de árbol (*Cyphomandra betaceae* [Cav.] Sendtn) basadas en la coloración del arilo, en la Zona Andina Venezolana. *Revista UDO Agrícola*. 9(2): 289-294.

PARENTONI, S.N., MAGALHÃES, J.V., PACHECO, C.A.P., SANTOS, M.X., ABADIE, T., GAMA, E.E.G., GUIMARÃES, P.E.O., MEIRELLES, W.F., LOPES, M.A., VASCONCELOS, M.J.V. AND PAIVA, E. 2001. Heterotic groups based on yield-specific combining ability data and phylogenetic relationship determined by RAPD markers for 28 tropical maize open pollinated varieties. *Euphytica*. 121: 197-208.

PRINGLE, G.J. Y MURRAY, B.G. 1991. Interspecific hybridization involving the tamarillo, *Cyphomandra betacea* (Cav.) Sendt. (Solanaceae). *New Zealand Journal of Crop and Horticultural Science*. 19:103-111.

ROBLEDO V., GONZALES, J.,R., NUÑEZ, A., BENAVIDES, A. y RAMIREZ, F. 2002. Estudio de la heterosis en fríjol común en condiciones de temporal. Rev. Fitotec. Mex. 25 (1):65-70.

RUELAS, P., CARO, F., PEREZ, R. Y VALDIVIA, R. 2008. Aptitud combinatoria y heterosis en un cruzamiento dialélico en Jamaica (*Hibiscus sabdariffa* L.). Unidad Académica de Agricultura, Universidad Autónoma de Nayarit. Revista Chapingo, Serie Horticultura Vol. 14 No. 3. pp 325-330.

SINGH, R.K. Y CHAUDHARY, B.D. 1985. Biometrical methods in quantitative genetic analysis. Second Edition. New Delhi, Ludhiana, Kalyani Publishers. 318 p.

STEEL, R. Y TORRIE, J. 1995. Bioestadística: principios y procedimientos. 2a. Edición. Traducido al español por Martínez Ricardo. México, McGraw-Hill. 622p.

TAFUR, R. 2006. Propuesta frutícola para Colombia y su impacto en la actividad económica, nacional, regional y departamental. En: Sociedad Colombiana de Ciencias Hortícolas. Memorias Primer Congreso Colombiano de Horticultura. 240p.

TORO, J.C. 2000. Estado del arte, análisis y perspectivas sobre la producción de frutales en el occidente colombiano. En: Red temática sobre los frutales del CORPES del occidente colombiano. Cali, CIAT, BIOTEC y PRONATTA. 8p (Hojas sueltas).

TORO, J.C. 2001. Situación actual de la investigación y desarrollo de frutas tropicales en Colombia. In: CIAT. CENTRO INTERNACIONAL DE AGRICULTURA TROPICAL. Propuesta para un programa de frutas tropicales. Bogotá, CIAT. Pp1-42.

VALLEJO, F., ESPITIA, M., ESTRADA, E., RAMIREZ, H. 2011. Genética Vegetal. Correlaciones Fenotípicas, Genéticas y Ambientales. Universidad Nacional de Colombia. Sede Palmira. p. 294-304.

VALLEJO, F., ESPITIA, M., ESTRADA, I. Y RAMIREZ, H. 2010. Genética vegetal. Palmira, Universidad Nacional de Colombia. 383 p.

VALLEJO, F., GARCIA, A. 1989. Habilidad combinatoria para el carácter producción por planta y sus componentes primarios en un cruzamiento dialélico de siete líneas de Tomate "Chonto" *Lycopersicum esculentum*, Mill. Acta Agronómica. Universidad Nacional de Colombia. Vol 39. No 1-2. Sede Palmira. P 111-118.

VEGA, P.C. 1988. Introducción a la teoría de genética cuantitativa: con especial referencia al mejoramiento de plantas. Caracas, Universidad Central de Venezuela. 398p.

VIRMANI S.S., SUN Z.X., MOU, T.M., JAUHAR ALI, A. AND MAO C.X. 2003. Two-Line hybrid rice breeding manual. Los Baños (Philippines), International Rice Research Institute. 88p.

WEAVER, R. 1987. Reguladores del crecimiento de las plantas en la agricultura. Trillas, México. p. 128-140.

# ANEXOS

ANEXO A. Datos de pasaporte para los parentales de tomate de árbol *Cyphomandra betaceae* Cav. Sendt.

Accesión	Colecta	Lugar	ASNM	Latitud	Longitud
CBa09	28/02/2009	La Cocha	2040	1°31'26.4"	77°06'11.9"
CBb01	27/02/2009	Pajajoy	2100	1°8'7.05"	77°10'52.2"
CBb03	27/02/2009	Pajajoy	2159	1°21'55.58"	77°10'56.4"
CBb04	27/02/2009	Vda. Veracruz	2073	1°21'56.3"	77°09'50"
CBb06	27/02/2009	El Bado	2109	1°19'41"	7°09'1.3"
CBb08	27/02/2009	Buesaco	2029	1°22'16,2"	77°09'33.3"
CBb73	28/02/2009	Buesaco	2030	1°22'16,2"	77°09'33.3"
CBb75	01/03/2009	Buesaco	2031	1°22'16,2"	77°09'33.3"
CBc11	28/02/2009	La Rinconada	2112	1°30'29.8"	77°06'40.08"
CBc12	28/02/2009	La Rinconada	2112	1°30'29.51"	77°06'40.15"
CBc14	28/02/2009	Botanilla	2125	1°30'36.8"	77°06'32.9"
CBc15	28/02/2009	Botanilla	2132	1°31'1.2"	77°05'46.6"
CBc16	01/03/2009	Botanilla	2133	1°31'1.2"	77°05'46.6"
CBc17	02/03/2009	Botanilla	2134	1°31'1.2"	77°05'46.6"
CBco39	27/02/2009	Chair	2556	00°51'51,1"	77°33'14,7"
CBco40	27/02/2009	El Mirador	2730	00°52'31"	77°32'56,8"
CBco41	27/02/2009	El Mirador	2703	00°52'23"	77°33'3,8"
CBco42	27/02/2009	El Mirador	2703	00°51'48,2"	77°33'14,2"
CBco44	27/02/2009	Chair	2602	00°51'40,9"	77°33'22,3"
CBco46	28/02/2009	Cordoba	2580	00°50'8,2"	77°33'13,7"
CBcon33	27/02/2009	La Proviencia	2391	00°54'32.8"	77°31'50.6"
CBcon34	27/02/2009	La Proviencia	2391	00°54'32.8"	77°31'50.6"
CBcon35	28/02/2009	La Proviencia	2392	00°54'32.8"	77°31'50.6"
CBf89	04/03/2009	La Florida	2281	1°18'20,82"	77°24'10,23"
CBg70	06/03/2009	Guaitarrilla	2631	1°7'55,59"	77°32'57,60"
CBi49	28/02/2009	Ipiales	2938	00°50'48,1"	77°33'16,1"
CBi50	28/02/2009	Ipiales	2938	00°50'48,1"	77°33'16,1"
CBi51	28/02/2009	Ipiales	2938	00°50'48,1"	77°33'16,1"
CBI77	16/02/2009	San Lorenzo	2411	1°30'20,48"	77°12'10,45"
CBI78	17/02/2009	San Lorenzo	2164	1°30'7,68"	77°12'40,06"
Cbl79	18/02/2009	San Lorenzo	1918	1°30'20,64"	77°13'16,10"
Cbl80	19/02/2009	San Lorenzo	2045	1°30'20,93"	77°12'58,01"
CBI81	20/02/2009	San Lorenzo	2000	1°30'24,39"	77°13'4,56"
CBp19	27/02/2009	La Caldera	2066	1°19'58"	77°20'29,6"
CBp24	27/02/2009	Pasto	2660	1°08'42,7"	77°16'40,6"
CBsj35	27/02/2009	El Rosal	2532	00°53'14"	77°33'23.8"
CBsj36	27/02/2009	Chair	2432	00°52'57"	77°32'5"
CBsj37	27/02/2009	Chair	2526	00°52'21,5"	77°33'23,9"
CBsj38	27/02/2009	Chair	2525	00°52'21,7"	77°33'23,4"
CBu65	08/03/2009	La Union	1647	1°35'53,97"	77°07'59,97"

Accesión	Colecta	Lugar	ASNM	Latitud	Longitud
Cbu82	09/03/2009	La Union	1656	1°35'49,35"	77°07'43,83"
CBu84	10/03/2009	La Union	1676	1°35'41,59"	77°07'34,55"
CBu86	11/03/2009	La Union	1672	1°35'41,62"	77°07'25,38"
CBu87	11/03/2009	La Union	1630	1°35'55,62"	77°07'30,17"
CBu88	11/03/2009	La Union	1663	1°35'47,77"	77°07'49,92"
CBu94	11/03/2009	La Union	1699	1°35'36,87"	77°07'52,8"
CBunt1305	21/02/2009	Ecuador	2183	0°51'48,18"	78°14'57,92"

ANEXO B. Promedio de peso de fruto (PF), peso de pulpa más semilla (PUS), contenido de jugo (CJ), pH, sólidos solubles (BX), acidez titulable (AC), índice de madurez (IM), peso de semilla por fruto (PSF) y número total de semilla (NTS), evaluadas en frutos de 81 genotipos de tomate árbol, bajo condiciones de la región natural andina del departamento de Nariño.

No.	F1/progenitor	PF	PUS	CJ	pH	BX	AC	IM	PSF	NTS
1	CBcon74xCBI79	104,57	50,36	40,57	3,69	10,09	2,26	4,8	1,98	332,75
2	CBcon74xCBc039	123,51*	54,13	43,03*	3,7	10,09	2,15	4,78	1,63	286,23
3	CBcon74xCBb75	77,85	39,8	28,39	3,67	10,68	2,14	5,1	1,25	223,75
4	CBa09xCBc039	108,69	46,43	37,85	3,57	9,89	1,98	5,22	1,6	251,18
5	CBa09xCBb75	72,4	31,62	25,64	3,61	10,19	2,03	5,19	0,77	132,23
6	CBa09xCBg70	94,07	37,98	30,7	3,62	9,48	2,2	4,92	1,15	194,6
7	CBb03xCBb75	70,15	30,99	28,48	3,59	9,69	1,87	5,47	0,9	134,13
8	CBb03xCBg70	108,09	43,88	33,28	3,61	10,68	2,52	4,63	1,63	263,27
9	CBb03xCBu88	92,26	39,5	31,12	3,66	9,99	2,02	5,56	1,42	227,96
10	CBc044xCBg70	127,57*	49,2	34,06	3,69	9,66	2,03	4,92	1,61	253,39
11	CBc044xCBu88	127,11*	55,48*	40,75	3,63	10,31	1,92	5,66	1,95	305,47
12	CBc044xCBsj35	121,14*	48,55	40	3,68	9,65	2,03	4,92	1,63	266,82
13	CBi49xCBu88	127,06*	56,86*	43,39*	3,65	10,15	2,24	4,82	1,75	312,21
14	CBi49xCBsj35	126,94*	48,49	35,48	3,73	9,13	2,11	4,41	1,56	262,01
15	CBi49xCBi50	124,09*	49,13	37,75	3,62	10,6	2,43	4,58	1,68	252,22
16	CBi51xCBsj35	105,6	43,66	31,91	3,7	9,52	2,31	4,6	1,56	287,21
17	CBi51xCBi50	112,97	48,27	32,81	3,66	9,88	2,24	4,91	1,69	260,11
18	CBi51xCBI78	94,27	42,09	31,48	3,55	10,72	1,99	5,56	1,27	232,42
19	CBi81xCBi50	115,21	48,11	37,97	3,73	10,17	1,97	5,46	2,08	372,9
20	CBi81xCBI78	111,57	51,64	36,11	3,57	9,7	2,29	3,93	1,74	309,89
21	CBi81xCBsj37	98,86	44,59	34,1	3,61	9,17	2,4	4,06	1,58	266,16
22	CBunt1305xCBI78	106,4	40,39	40,95	3,66	10,01	2,21	5,01	1,7	296,77
23	CBunt1305xCBsj37	93,4	37,74	30,5	3,6	9,93	1,89	5,4	1,14	162,81
24	CBunt1305xCBc15	90,05	41,26	30,3	3,62	9,8	1,62	6,58	0,9	137,28
25	CBb04xCBsj37	112,88	47,62	41,45	3,69	8,21	1,77	4,84	1,42	230,98
26	CBb04xCBc15	96,85	42,21	26,45	3,66	9,61	2,36	4,41	1,11	161,24
27	CBb04xCBc040	106,83	46,64	37,59	3,54	9,77	2,39	4,26	1,45	238,96
28	CBc14xCBc15	83,14	41,26	30,53	3,54	10,04	2,14	5,08	1,44	259,46
29	CBc14xCBco40	106,07	45,15	33,81	3,61	10,1	2,55	4,32	1,72	289,82
30	CBc14xCBu84	89,67	41,44	31,95	3,59	9,62	2,15	4,9	1,38	251,7
31	CBb02xCBco40	93,12	40,34	37,59	3,71	10,28	1,93	5,81	1,41	232,9
32	CBb02xCBu84	89,02	40,66	32,36	3,52	10,49	1,98	5,53	1,57	267,18
33	CBb02xCBb73	99,65	38,03	30,24	3,7	10,49	1,95	5,48	1,49	239,45
34	CBI80xCBu84	100,63	51,77	37,59	3,51	10,81	1,95	5,79	1,83	274,04

No.	F1/progenitor	PF	PUS	CJ	pH	BX	AC	IM	PSF	NTS
35	CBI80xCBb73	96,61	43,85	37,22	3,6	10,9	2,1	5,29	1,49	250,89
36	CBI80xCBf89	120,53*	53,72	37,14	3,66	9,87	2,4	4,4	1,66	277,19
37	CBc12xCBb73	124,34*	47,2	33,64	3,75	9,88	1,82	5,67	1,76	285,95
38	CBc12xCBf89	107,4	43,88	26,08	3,65	8,02	2,5	4	1,49	255,06
39	CBc12xCBu86	81,82	37,68	29,28	3,61	9,95	1,98	5,32	1,06	158,37
40	CBp25xCBf89	124,12*	46,49	32,31	3,66	8,69	2,11	4,58	1,63	290,58
41	CBp25xCBu86	102,56	46,09	31,83	3,65	9,11	2	4,77	1,5	261,97
42	CBp25xCBsj38	117,19	47,26	32,22	3,7	9,02	2,38	4,15	1,53	272,47
43	CBb08xCBu86	91,49	51,22	42,61*	3,6	9,15	1,91	4,89	1,27	241,2
44	CBb08xCBsj38	95,87	41,95	32,21	3,58	10,6	2,09	5,56	1,43	235,13
45	CBb08xCBc046	96,63	41,77	29,61	3,77	9,96	1,9	5,52	1,36	223,11
46	CBc93xCBsj38	106,77	47,35	34,65	3,68	9,51	1,9	5,38	1,44	249,3
47	CBc93xCBc046	109,37	43,93	26,31	3,77	8,88	2,03	4,59	1,77	319,3
48	CBc93xCBu65	91,09	38,73	30,84	3,63	10,31	2,05	5,22	1,45	257,96
49	CBc042xCBco46	139,58**	60,37*	37,45	3,69	10,52	2,29	5,09	1,8	286,94
50	CBco42xCBu65	109,83	49,95	33,78	3,61	9,52	1,88	5,37	1,54	198,75
51	CBc042xCBcon34	115,19	40,66	27,81	3,4	9,26	2,12	4,93	1,66	291,85
52	CBsj36xCBu65	129,7*	58,74*	41,93	3,66	10	2,29	4,57	2,32	395,02
53	CBsj36xCBcon34	120,62*	56,88*	42,64*	3,63	9,71	2,18	4,56	1,88	295,11
54	CBsj36xCBu87	117,71	45,76	34,53	3,74	15,36	2,41	7,42	1,9	307,22
55	CBcon33xCBcon34	120,81*	47,22	38,67	3,69	9,63	1,89	5,12	1,86	301,7
56	CBcon33xCBu87	116,21	51,33	34,03	3,6	10,55	2,46	4,77	1,79	322,67
57	CBcon33xCBu94	113,02	47,44	35,12	3,72	9,41	1,97	5,13	1,59	269,12
58	CBp19xCBu87	124,63*	49,86	41,11	3,75	10,37	3,91**	4,44	1,86	331,73
59	CBp19xCBu94	117,9	48,68	36,14	3,8	9,54	1,86	5,6	1,74	265,97
60	CBp19xCBc95	120,4*	64,65**	44,59*	3,71	9,91	1,92	5,33	1,36	272
61	CBc11xCBu94	95,93	45,46	30,28	3,6	9,57	2,04	4,87	1,46	254,89
62	CBc11xCBc95	85,48	34,43	28,33	3,57	9,49	2,05	4,85	0,96	164,74
63	CBc11xCBI77	91,86	41,88	25,76	3,64	9,96	2,09	5	1,48	244,48
64	CBb06xCBc95	88	34,47	27,21	3,64	9,77	1,98	5,28	1,1	178,35
65	CBb06xCBI77	100,09	43,35	33,81	3,57	9,73	2,04	4,89	1,62	266,84
66	CBb06xCBc041	108,58	50,26	36,61	3,61	10,43	2,01	5,51	1,6	247,13
67	CBu82xCBI77	118,26	50,54	43*	3,54	10,79	2,37	4,7	2,08	351,54
68	CBu82xCBco41	111,04	63,51**	37,42	3,68	10,63	2,12	5,41	1,76	319,61
69	CBu82xCBb01	87,42	40,17	45,17*	3,5	9,57	2,01	4,83	1,24	168,43
70	CBI79xCBco41	105,68	50,13	38,74	3,57	10,35	2,15	4,96	1,66	284,78
71	CBI79xCBb01	97,61	46,81	37,86	3,46	10,11	2,22	4,86	1,69	281,77
72	CBc039xCBb01	101,35	44,16	31,83	3,61	9,73	2,08	4,91	1,36	215,97
73	CBc14	86,48	36,41	27,45	4,93**	9,74	2,21	4,85	1,44	232,12
74	CBco39	116,55	47,27	35,2	3,65	10,4	2,08	5,08	1,64	279,88

No.	F1/progenitor	PF	PUS	CJ	pH	BX	AC	IM	PSF	NTS
75	CBco42	104,49	53,71	40,83	3,77	10,52	2,47	5,17	1,88	315,25
76	CBco46	110,81	30,22	22,47	3,68	9,04	1,99	4,7	1,82	303,94
77	CBI80	103,73	54,68*	42	3,56	10,21	2,32	4,62	1,71	282,99
78	CBI81	95,74	47,77	35,06	4,64**	9,26	2,25	4,27	1,68	308,37
79	CBp19	109,58	34,42	27,58	3,65	9,43	2,26	4,25	1,25	176,73
80	CBsb01	134,31**	52,7	42,58	3,68	10	1,9	5,56	2,01	299,58
81	CBsj36	97,25	41,98	34	3,62	9,28	2,21	4,74	5,92	1008,9
Media ( $\mu$ )		105,84	45,83	34,61	3,67	9,93	2,14	5,01	1,61	268,79
DE ( $\sigma$ )		12,43	8,81	7,71	0,33	1,32	0,48	1,03	0,89	160,02
$\mu+\sigma/\mu-\sigma$		118,28	54,64	42,32	4,00	11,25	2,62	6,04	0,74	108,77
$\mu+2\sigma/\mu-2\sigma$		130,71	63,45	50,04	4,32	12,58	3,1	7,07	-0,15	-51,25
Vr. Máximo		139,58	64,65	45,17	4,93	15,36	3,91	7,42	5,92	1008,9
Vr. Mínimo		70,15	30,22	22,47	3,4	8,02	1,62	3,93	0,77	132,23
C.V		11,75	19,22	22,29	8,94	13,33	22,37	20,51	55,56	59,53

ANEXO C. Análisis de correlación múltiple de Pearson para las variables Promedio de peso de fruto (PF), peso de pulpa más semilla (P&S), contenido de jugo (CJ), pH, solidos solubles (BX), acidez titulable (AC), índice de madurez (IM), peso de semilla por fruto (PSF) y número total de semilla (NTS),

Variables	PF	P&S	CJ	pH	Bx	AC	IM	PSF	NTS
PF	1	0,58	0,43	-0,02	-0,04	0,18	-0,16	0,12	0,09
P&S		1	0,68	-0,04	0,16	0,03	0,06	0,21	0,18
CJ			1	-0,07	0,11	0,03	0	0,09	0,07
pH				1	0,08	-0,06	0,15	0,01	0,02
Bx					1	-0,12	0,76	0,17	0,16
AC						1	-0,59	-0,1	-0,09
IM							1	0,22	0,21
PSF								1	0,98
NTS									1

ANEXO D. Heterosis útil para las variables promedio de peso de fruto (PF), peso de pulpa más semilla (P&S), contenido de jugo (CJ), pH, sólidos solubles (BX), acidez titulable (AC), índice de madurez (IM), peso de semilla por fruto (PSF) y número total de semilla (NTS).

F1/progenitor	PF	PUS	CJ	Ph	BX	AC	IM	PSF	NTS
CBcon74xCBI79	-22,14	-7,90	-4,73	-25,09	-4,04	-8,18	-13,78	-66,61	-67,02
CBcon74xCBc039	-8,04	-1,01	1,05	-24,88	-4,07	-12,91	-14,02	-72,52	-71,63
CBcon74xCBb75	-42,03	-27,21	-33,32	-25,62	1,54	-13,05	-8,27	-78,89	-77,82
CBa09xCBc039	-19,08	-15,09	-11,12	-27,65	-5,97	-19,81	-6,23	-72,97	-75,10
CBa09xCBb75	-46,09	-42,17	-39,78	-26,84	-3,15	-17,78	-6,65	-87,05	-86,89
CBa09xCBg70	-29,96	-30,55	-27,91	-26,57	-9,84	-10,88	-11,50	-80,52	-80,71
CBb03xCBb75	-47,77	-43,32	-33,13	-27,11	-7,84	-24,14	-1,74	-84,74	-86,71
CBb03xCBg70	-19,52	-19,76	-21,85	-26,84	1,54	2,37	-16,78	-72,47	-73,91
CBb03xCBu88	-31,31	-27,77	-26,93	-25,69	-5,05	-18,19	0,00	-76,07	-77,41
CBc044xCBg70	-5,02	-10,03	-20,02	-25,15	-8,19	-17,65	-11,56	-72,86	-74,88
CBc044xCBu88	-5,36	1,46	-4,30	-26,30	-1,98	-21,98	1,68	-67,12	-69,72
CBc044xCBs35	-9,81	-11,20	-6,06	-25,29	-8,22	-17,51	-11,62	-72,47	-73,55
CBi49xCBu88	-5,40	3,99	1,90	-26,03	-3,53	-9,13	-13,30	-70,49	-69,05
CBi49xCBs35	-5,49	-11,31	-16,68	-24,34	-13,17	-14,54	-20,79	-73,70	-74,03
CBi49xCBi50	-7,61	-10,16	-11,34	-26,51	0,81	-1,29	-17,62	-71,68	-75,00
CBi51xCBs35	-21,38	-20,15	-25,07	-25,02	-9,49	-6,42	-17,32	-73,65	-71,53
CBi51xCBi50	-15,89	-11,73	-22,96	-25,76	-6,07	-9,26	-11,68	-71,45	-74,22
CBi51xCBI78	-29,81	-23,02	-26,08	-28,06	1,92	-19,40	-0,06	-78,55	-76,96
CBi81xCBi50	-14,22	-12,01	-10,83	-24,34	-3,31	-20,08	-1,86	-64,92	-63,04
CBi81xCBI78	-16,93	-5,57	-15,19	-27,52	-7,75	-6,97	-29,30	-70,55	-69,28
CBi81xCBs37	-26,39	-18,45	-19,91	-26,84	-12,79	-2,77	-27,02	-73,31	-73,62
CBunt1305xCBI78	-20,78	-26,13	-3,84	-25,83	-4,83	-10,34	-10,00	-71,28	-70,58
CBunt1305xCBs37	-30,46	-30,99	-28,37	-27,04	-5,59	-23,19	-2,94	-80,80	-83,86
CBunt1305xCBc15	-32,95	-24,54	-28,85	-26,64	-6,80	-34,28	18,33	-84,74	-86,39
CBb04xCBs37	-15,96	-12,92	-2,67	-25,09	-21,95	-28,06	-12,94	-75,96	-77,11
CBb04xCBc15	-27,89	-22,81	-37,88	-25,69	-8,67	-4,26	-20,79	-81,31	-84,02
CBb04xCBc040	-20,46	-14,70	-11,73	-28,26	-7,08	-3,04	-23,37	-75,45	-76,31
CBc14xCbc15	-38,10	-24,54	-28,30	-28,26	-4,58	-13,32	-8,63	-75,73	-74,28
CBc14xCBco40	-21,03	-17,43	-20,60	-26,77	-4,01	3,45	-22,29	-70,89	-71,27
CBc14xCBu84	-33,24	-24,22	-24,98	-27,18	-8,54	-12,78	-11,92	-76,69	-75,05
CBb02xCBco40	-30,67	-26,23	-11,73	-24,81	-2,23	-21,84	4,49	-76,24	-76,92
CBb02xCBu84	-33,72	-25,64	-24,00	-28,53	-0,27	-19,81	-0,60	-73,48	-73,52
CBb02xCBb73	-25,80	-30,46	-28,99	-24,95	-0,30	-20,89	-1,50	-74,89	-76,27
CBi80xCBu84	-25,08	-5,33	-11,73	-28,74	2,77	-21,03	4,13	-69,14	-72,84
CBi80xCBb73	-28,07	-19,81	-12,59	-26,98	3,66	-14,67	-4,85	-74,83	-75,13

F1/progenitor	PF	PUS	CJ	pH	BX	AC	IM	PSF	NTS
CBI80xCBf89	-10,26	-1,76	-12,77	-25,83	-6,19	-2,50	-20,91	-71,96	-72,53
CBc12xCBb73	-7,42	-13,68	-21,00	-24,00	-6,04	-26,03	1,86	-70,27	-71,66
CBc12xCBf89	-20,04	-19,75	-38,76	-25,96	-23,75	1,55	-28,16	-74,83	-74,72
CBc12xCBu86	-39,08	-31,08	-31,24	-26,71	-5,40	-19,54	-4,31	-82,15	-84,30
CBp25xCBf89	-7,59	-14,97	-24,13	-25,69	-17,41	-14,27	-17,73	-72,47	-71,20
CBp25xCBu86	-23,64	-15,70	-25,24	-25,96	-13,39	-18,73	-14,32	-74,66	-74,03
CBp25xCBsj38	-12,75	-13,57	-24,33	-24,88	-14,24	-3,31	-25,40	-74,21	-72,99
CBb08xCBu86	-31,88	-6,32	0,07	-26,98	-13,01	-22,52	-12,04	-78,60	-76,09
CBb08xCBsj38	-28,62	-23,27	-24,36	-27,38	0,81	-15,21	-0,06	-75,79	-76,69
CBb08xCBc046	-28,06	-23,61	-30,46	-23,53	-5,28	-22,92	-0,78	-77,08	-77,89
CBc93xCBsj38	-20,50	-13,41	-18,64	-25,35	-9,55	-23,05	-3,29	-75,73	-75,29
CBc93xCBc046	-18,57	-19,65	-38,22	-23,46	-15,58	-17,51	-17,55	-70,10	-68,35
CBc93xCBu65	-32,18	-29,18	-27,58	-26,44	-2,01	-16,70	-6,23	-75,45	-74,43
CBc042xCBco46	3,92	10,40	-12,06	-25,15	-0,02	-7,23	-8,45	-69,54	-71,56
CBco42xCBu65	-18,23	-8,65	-20,67	-26,77	-9,46	-23,87	-3,53	-74,04	-80,30
CBc042xCBcon34	-14,24	-25,63	-34,70	-31,10	-11,93	-14,00	-11,32	-71,90	-71,07
CBsj36xCBu65	-3,43	7,43	-1,53	-25,83	-4,93	-6,97	-17,91	-60,81	-60,85
CBsj36xCBcon34	-10,19	4,02	0,13	-26,44	-7,72	-11,56	-18,09	-68,24	-70,75
CBsj36xCBu87	-12,36	-16,31	-18,90	-24,14	45,99	-2,23	33,43	-67,85	-69,55
CBcon33xCBcon34	-10,05	-13,64	-9,19	-25,15	-8,48	-23,46	-7,91	-68,58	-70,10
CBcon33xCBu87	-13,48	-6,13	-20,09	-26,91	0,27	-0,20	-14,20	-69,82	-68,02
CBcon33xCBu94	-15,85	-13,24	-17,53	-24,48	-10,54	-20,08	-7,85	-73,14	-73,33
CBp19xCBu87	-7,21	-8,82	-3,45	-23,94	-1,38	58,75	-20,13	-68,64	-67,12
CBp19xCBu94	-12,22	-10,98	-15,13	-22,92	-9,33	-24,68	0,60	-70,55	-73,64
CBp19xCBc95	-10,36	18,24	4,70	-24,68	-5,81	-21,98	-4,13	-77,08	-73,04
CBc11xCBu94	-28,58	-16,87	-28,88	-26,98	-9,05	-17,11	-12,52	-75,39	-74,74
CBc11xCBc95	-36,36	-37,03	-33,46	-27,59	-9,78	-16,97	-12,88	-83,73	-83,67
CBc11xCBI77	-31,60	-23,41	-39,50	-26,17	-5,34	-15,08	-10,07	-74,94	-75,77
CBb06xCBc95	-34,48	-36,97	-36,10	-26,17	-7,08	-19,81	-5,09	-81,47	-82,32
CBb06xCBI77	-25,48	-20,72	-20,60	-27,59	-7,46	-17,11	-12,04	-72,69	-73,55
CBb06xCBc041	-19,16	-8,08	-14,02	-26,77	-0,81	-18,32	-1,02	-73,03	-75,51
CBu82xCBI77	-11,95	-7,57	0,98	-28,19	2,61	-3,85	-15,58	-64,86	-65,16
CBu82xCBco41	-17,33	16,15	-12,13	-25,29	1,09	-13,86	-2,76	-70,27	-68,32
CBu82xCBb01	-34,91	-26,54	6,07	-29,07	-9,02	-18,46	-13,12	-79,05	-83,31
CBI79xCBco41	-21,32	-8,32	-9,03	-27,52	-1,57	-12,91	-10,90	-71,96	-71,77
CBI79xCBb01	-27,32	-14,39	-11,08	-29,82	-3,91	-10,07	-12,58	-71,40	-72,07
CBc039xCBb01	-24,54	-19,24	-25,24	-26,77	-7,49	-15,48	-11,68	-77,08	-78,59
Padre	CBsb01	CBI80	CBsb01	CBc14	CBco42	CBco42	CBsb01	CBsj36	CBsj36
MPP	134,31	54,68	42,58	4,93	10,52	2,47	5,56	5,92	1008,9

ANEXO E. Aptitud combinatoria específica para las variables peso de fruto (PF), peso de pulpa más semilla (P&S), contenido de jugo (CJ), pH, sólidos solubles (BX), acidez titulable (AC), índice de madurez (IM), peso de semilla por fruto (PSF) y número total de semilla (NTS).

F1/Progenitor	PF	P&S	CJ	pH	Brix	AC	IM	PSF	NTS
CBcon74xCBI79	-2,34	-0,49	-2,63	0,05	-0,08	0,01	0,03	0,01	1,07
CBcon74xCBc039	3,33	-0,02	2,80	-0,02	-0,12	-0,02	-0,08	-0,15	-18,99
CBcon74xCBb75	-0,99	0,51	-0,17	-0,03	0,19	0,01	0,05	0,13	17,92
CBa09xCBc039	-0,99	0,51	-0,17	-0,03	0,19	0,01	0,05	0,13	17,92
CBa09xCBb75	4,06	0,57	-0,71	0,03	0,21	0,09	-0,17	-0,04	-1,65
CBa09xCBg70	-3,07	-1,08	0,88	0,00	-0,41	-0,10	0,12	-0,09	-16,27
CBb03xCBb75	-3,07	-1,08	0,88	0,00	-0,41	-0,10	0,12	-0,09	-16,27
CBb03xCBg70	6,07	3,79	2,21	-0,03	0,67	0,19	-0,15	0,20	35,89
CBb03xCBu88	-3,00	-2,71	-3,09	0,03	-0,26	-0,09	0,03	-0,11	-19,62
CBc044xCBg70	-3,00	-2,71	-3,09	0,03	-0,26	-0,09	0,03	-0,11	-19,62
CBc044xCBu88	3,30	1,46	0,46	-0,02	0,15	0,04	0,01	0,12	12,26
CBc044xCBsj35	-0,30	1,24	2,63	-0,01	0,11	0,05	-0,04	-0,01	7,36
CBi49xCBu88	-0,30	1,24	2,63	-0,01	0,11	0,05	-0,04	-0,01	7,36
CBi49xCBsj35	1,95	-0,41	-2,35	0,03	-0,28	-0,19	0,23	-0,01	-9,09
CBi49xCBi50	-1,65	-0,83	-0,28	-0,02	0,17	0,15	-0,20	0,01	1,73
CBi51xCBsj35	-1,65	-0,83	-0,28	-0,02	0,17	0,15	-0,20	0,01	1,73
CBi51xCBi50	4,97	2,73	0,42	0,01	-0,48	0,09	-0,49	0,04	-4,77
CBi51xCBi78	-3,32	-1,90	-0,14	0,01	0,31	-0,24	0,68	-0,05	3,04
CBi81xCBi50	-3,32	-1,90	-0,14	0,01	0,31	-0,24	0,68	-0,05	3,04
CBi81xCBi78	3,44	3,17	-1,23	-0,03	-0,22	0,01	-0,32	-0,07	-24,48
CBi81xCBsj37	-0,12	-1,28	1,36	0,01	-0,09	0,23	-0,36	0,12	21,44
CBunt1305xCBi78	-0,12	-1,28	1,36	0,01	-0,09	0,23	-0,36	0,12	21,44
CBunt1305xCBsj37	-3,99	-1,34	-4,48	-0,04	0,49	0,04	-0,14	-0,10	-22,88
CBunt1305xCBc15	4,11	2,61	3,12	0,03	-0,40	-0,27	0,50	-0,02	1,44
CBb04xCBsj37	4,11	2,61	3,12	0,03	-0,40	-0,27	0,50	-0,02	1,44
CBb04xCBc15	-0,48	-2,37	-4,07	0,04	0,22	0,27	-0,48	-0,04	-18,45
CBb04xCBc040	-3,63	-0,24	0,96	-0,07	0,18	0,00	-0,02	0,06	17,01
CBc14xCBc15	-3,63	-0,24	0,96	-0,07	0,18	0,00	-0,02	0,06	17,01
CBc14xCBco40	6,18	1,34	-1,87	0,01	0,04	0,11	-0,19	0,10	5,12
CBc14xCBu84	-2,56	-1,10	0,91	0,06	-0,22	-0,11	0,21	-0,16	-22,13
CBb02xCBco40	-2,56	-1,10	0,91	0,06	-0,22	-0,11	0,21	-0,16	-22,13
CBb02xCBu84	1,02	0,50	0,32	-0,06	0,21	0,11	-0,25	0,09	23,03
CBb02xCBb73	1,54	0,60	-1,23	0,00	0,01	0,00	0,04	0,07	-0,90
CBi80xCBu84	1,54	0,60	-1,23	0,00	0,01	0,00	0,04	0,07	-0,90

F1/Progenitor	PF	P&S	CJ	pH	Brix	AC	IM	PSF	NTS
CBI80xCBb73	-12,58	-4,58	-1,03	-0,04	-0,09	0,07	-0,13	-0,19	-20,26
CBI80xCBf89	11,04	3,98	2,26	0,04	0,09	-0,07	0,09	0,12	21,16
CBc12xCBb73	11,04	3,98	2,26	0,04	0,09	-0,07	0,09	0,12	21,16
CBc12xCBf89	-6,20	-0,64	-1,93	-0,02	-0,56	0,18	-0,47	-0,01	5,39
CBc12xCBu86	-4,85	-3,34	-0,34	-0,02	0,48	-0,11	0,38	-0,11	-26,55
CBp25xCBf89	-4,85	-3,34	-0,34	-0,02	0,48	-0,11	0,38	-0,11	-26,55
CBp25xCBu86	0,52	-0,24	-2,42	0,00	0,01	0,00	0,10	0,09	9,59
CBp25xCBsj38	4,33	3,58	2,76	0,02	-0,49	0,11	-0,49	0,02	16,96
CBb08xCBu86	4,33	3,58	2,76	0,02	-0,49	0,11	-0,49	0,02	16,96
CBb08xCBsj38	-2,12	-3,04	-2,86	-0,04	0,56	0,02	0,21	0,08	7,75
CBb08xCBc046	-2,21	-0,55	0,10	0,02	-0,07	-0,14	0,28	-0,10	-24,71
CBc93xCBsj38	-2,21	-0,55	0,10	0,02	-0,07	-0,14	0,28	-0,10	-24,71
CBc93xCBc046	-0,46	-1,29	-2,67	-0,01	-0,69	0,03	-0,40	0,13	24,85
CBc93xCBu65	2,67	1,83	2,57	-0,01	0,76	0,11	0,12	-0,02	-0,13
CBc042xCBco46	2,67	1,83	2,57	-0,01	0,76	0,11	0,12	-0,02	-0,13
CBco42xCBu65	-5,69	-0,25	-0,39	0,07	-0,22	-0,23	0,27	-0,12	-51,96
CBc042xCBcon34	3,02	-1,58	-2,18	-0,06	-0,54	0,12	-0,39	0,15	52,10
CBsj36xCBu65	3,02	-1,58	-2,18	-0,06	-0,54	0,12	-0,39	0,15	52,10
CBsj36xCBcon34	-2,71	4,52	2,71	0,00	-0,90	0,12	-0,63	-0,14	-36,85
CBsj36xCBu87	-0,31	-2,94	-0,52	0,06	1,44	-0,23	1,02	-0,01	-15,25
CBcon33xCBcon34	-0,31	-2,94	-0,52	0,06	1,44	-0,23	1,02	-0,01	-15,25
CBcon33xCBu87	0,41	4,84	-0,29	-0,07	-0,95	-0,24	-0,56	0,04	15,22
CBcon33xCBu94	-0,11	-1,90	0,81	0,01	-0,49	0,48	-0,46	-0,03	0,03
CBp19xCBu87	-0,11	-1,90	0,81	0,01	-0,49	0,48	-0,46	-0,03	0,03
CBp19xCBu94	-4,16	-5,93	-4,15	0,02	0,26	-0,37	0,44	-0,01	-27,37
CBp19xCBc95	4,27	7,82	3,33	-0,03	0,24	-0,10	0,02	0,05	27,34
CBc11xCBu94	4,27	7,82	3,33	-0,03	0,24	-0,10	0,02	0,05	27,34
CBc11xCBc95	-0,24	-5,43	0,41	-0,02	-0,23	0,10	-0,16	0,00	-14,13
CBc11xCBI77	-4,03	-2,40	-3,75	0,05	0,00	0,00	0,14	-0,04	-13,20
CBb06xCBc95	-4,03	-2,40	-3,75	0,05	0,00	0,00	0,14	-0,04	-13,20
CBb06xCBI77	-2,11	2,07	1,26	-0,02	-0,28	-0,07	-0,11	-0,09	-3,52
CBb06xCBc041	6,15	0,32	2,49	-0,03	0,28	0,07	-0,03	0,13	16,73
CBu82xCBI77	6,15	0,32	2,49	-0,03	0,28	0,07	-0,03	0,13	16,73
CBu82xCBco41	-1,31	4,64	-4,68	0,06	-0,02	0,00	0,15	0,04	24,76
CBu82xCBb01	-4,84	-4,96	2,19	-0,02	-0,25	-0,07	-0,12	-0,17	-41,49
CBI79xCBco41	-4,84	-4,96	2,19	-0,02	-0,25	-0,07	-0,12	-0,17	-41,49
CBI79xCBb01	7,18	5,46	0,44	-0,03	0,33	0,06	0,09	0,16	40,42
CBc039xCBb01	-2,34	-0,49	-2,63	0,05	-0,08	0,01	0,03	0,01	1,07
$\sigma^2_{sij}$	16,97	8,31	4,74	0,00	0,19	0,02	0,11	0,01	465,27
$\Sigma_{sij}$	4,12	2,88	2,18	0,04	0,44	0,16	0,34	0,10	21,57

