

**ESTIMACION DE CORRELACIONES GENETICAS, FENOTIPICAS Y
AMBIENTALES EN 81 GENOTIPOS DE TOMATE DE ÁRBOL *Cyphomandra*
betacea Cav. Sendt.**

DAVID ESTEBAN DUARTE ALVARADO

**FACULTAD DE CIENCIAS AGRÍCOLAS
PROGRAMA DE INGENIERÍA AGRONÓMICA
UNIVERSIDAD DE NARIÑO
SAN JUAN DE PASTO
2012**

**ESTIMACION DE CORRELACIONES GENETICAS, FENOTIPICAS Y
AMBIENTALES EN 81 GENOTIPOS DE TOMATE DE ÁRBOL *Cyphomandra*
betacea Cav. Sendt.**

DAVID ESTEBAN DUARTE ALVARADO

ASESOR: TULIO CESAR LAGOS BURBANO

**Trabajo de grado presentado como requisito para optar a título Profesional en:
Ingeniero Agrónomo**

**FACULTAD DE CIENCIAS AGRÍCOLAS
PROGRAMA DE INGENIERÍA AGRONÓMICA
UNIVERSIDAD DE NARIÑO
SAN JUAN DE PASTO
2012**

NOTA DE RESPONSABILIDAD

**“Las ideas y conclusiones aportadas en el trabajo de grado, son
responsabilidad del autor”**

**Artículo 1 del acuerdo N° 324 de octubre 11 de 1966, emanado del Honorable
Consejo Directivo de la Universidad de Nariño.**

Nota de aceptación:

Presidente de pasantía

Jurado

Jurado

San Juan de pasto, Mayo de 2011.

AGRADECIMIENTOS

El autor de este trabajo expresa sus agradecimientos al Grupo de Investigación de Producción en Frutales Andinos de la Universidad de Nariño y a la estudiante de maestría Liz Katherine Lagos Santander por su colaboración en la realización de este trabajo. Igualmente, y al decano de la facultad de Ciencias Agrícolas y presidente de esta tesis el Doctor Tulio Cesar Lagos Burbano.

**ESTIMACION DE CORRELACIONES GENETICAS, FENOTIPICAS Y
AMBIENTALES EN 81 GENOTIPOS DE TOMATE DE ÁRBOL *Cyphomandra
betacea* Cav. Sendt.**

**ESTIMATION OF GENOTYPIC CORRELATIONS, PHENOTYPIC AND
ENVIRONMENTAL IN 81 GENOTYPES OF TOMATO TREE *Cyphomandra
betacea* Cav. Sendt.**

David Esteban Duarte Alvarado¹, Tulio Cesar Lagos Burbano²

RESUMEN

El objetivo de este trabajo fue evaluar diferentes componentes de calidad de fruto, estimar las correlaciones fenotípicas, genéticas y ambientales del tomate de árbol (*C. betacea*) considerando 14 variables relacionados con el tamaño y calidad del fruto, igualmente, establecer los efectos directos e indirectos de las variables componentes de calidad de fruto sobre el peso del fruto. Se utilizaron los datos de 81 híbridos con dos repeticiones, en condiciones del Municipio de Pasto, Colombia. Los resultados obtenidos, indicaron que las correlaciones genotípicas fueron superiores a las fenotípicas y ambientales. El peso de fruto (PF), presentó las mayores correlaciones genéticas ($r_G > 0,60$) con peso de pulpa mas semilla ($r_G = 0,90$), y el diámetro ecuatorial ($r_G = 0,84$). El análisis de sendero con base en correlaciones genotípicas, mostró que el espesor interno fue la variable que tuvo el mayor efecto directo sobre PF (1,63), esto demuestra que una selección por peso de fruto da como resultado un aumento en el espesor interno. Teniendo en cuenta las correlaciones fenotípicas, este análisis permitió establecer que los efectos directos de diámetro ecuatorial y diámetro polar (0,30 y 0,26) son los que mas aportan al PF.

Palabras clave: variables, coeficiente de correlación fenotípica, genotípico y ambiental, efectos directos e indirectos.

¹ Estudiantes de Ingeniería Agronómica. Universidad de Nariño. E-mail: david890223@hotmail.com.

² I. A. M.Sc. PhD. Decano Facultad de Ciencias Agrícolas. Universidad de Nariño. E-mail :tclagos@udenar.com

ABSTRACT

The aim of this study was to evaluate different components of fruit quality, estimate the phenotypic, genetic and environmental correlations tree tomato (*C. betacea*) considering 14 variables related to the size and quality of the fruit, also, establish the direct and indirect effects of traits related whit fruit weight. We used data of 81 hybrids with two replications in terms of the municipality of Pasto, Colombia. The results indicated that genotypic correlations were higher than the phenotypic and environmental. The fruit weight (FW) presented the highest genetic correlations ($r_G > 0,60$) with more seed pulp weight ($r_G = 0,90$), and Equatorial Diameter ($r_G = 0,84$). Path analysis based on genotypic correlations showed that EI (direct effect = 1,63) was the variable that had the greatest direct effect on the PF, this demonstrates that a selection by weight of fruit results in an increase in the internal thickness. Taking into account the phenotypic correlations, this analysis established that the direct effects of DE and DP (0,30) and 0,26) are the major contributors on the PF.

Key words: traits, environmental, phenotypic and genetic correlation coefficient, direct and indirect effects,

TABLA DE CONTENIDO

	Pág.
RESUMEN	6
ABSTRACT	7
INTRODUCCION	9
MATERIALES Y METODOS	11
RESULTADOS Y DISCUSION	14
CONCLUSIONES	22
BIBLIOGRAFIA	23

INTRODUCCION

El tomate de árbol (*Cyphomandra betacea* Cav. Sendt.) es un frutal muy importante para la zona andina de Colombia. Comenzó a tomar un gran auge debido al alto consumo como fruta fresca, como materia prima para la industria y al alto contenido de vitaminas y demás compuestos que ayudan a prevenir enfermedades. Este cultivo genera 642 jornales/ha, lo que significa que una hectárea requiere de 0,89 personas trabajando 261 días al año; es decir, se necesita cultivar 1,23 ha para generar un empleo permanente por año (Agrocadenas, 2008).

Pese a la demanda creciente no ha logrado desarrollarse. Una de las causas es la oferta nula o escasa de cultivares mejorados para la siembra. En la mayoría de los casos, la plantación se lleva a cabo con genotipos seleccionados por los propios productores, los cuales son muy heterogéneos con una base genética estrecha (Lobo, 2001).

El fitomejoramiento es una alternativa clave para el desarrollo de materiales genéticos mejorados con resistencia a plagas y enfermedades y de calidad superior (Lentini, 2001). El trabajo del fitomejorador para identificar los individuos o cultivares que reúnan simultáneamente las características deseables no es fácil, dado que muchos de estos caracteres se encuentran asociados positiva o negativamente.

Las asociaciones entre los caracteres de interés en fitomejoramiento se evalúan por medio de correlaciones fenotípicas, genotípicas y ambientales. La correlación fenotípica es estimada directamente de los valores medios fenotípicos de campo, siendo resultante, por tanto, de causas genéticas y ambientales. La correlación genotípica, en cambio, corresponde, a la porción genética de la correlación fenotípica. Esta es empleada para orientar programas de mejoramiento por ser la única de naturaleza heredable (Cruz, 2001; Cruz y Regazzi, 1997; Falconer y Mackay, 1996; Vencovsky y Barriga, 1992; Mariotti, 1986; Hallauer y Miranda, 1981).

Falconer y Mackay (1996), Cruz y Regazzi (1997) señalan que los coeficientes de correlación, a pesar de ser de gran utilidad en la cuantificación de la magnitud y dirección

de las influencias de factores en la determinación de caracteres complejos, no dan una exacta importancia relativa de los efectos directos e indirectos de esos factores. La solución a este problema, se logra con el análisis de sendero.

Para entender mejor las causas entre las asociaciones entre caracteres, Wright (1921) propuso el análisis de sendero que desdobra las correlaciones estimadas en efectos directos e indirectos de caracteres sobre una variable básica. Los análisis han sido aplicados, en varias especies hortofrutícolas, como en pimentón *Capsicum annuum* (De Carvalho *et al.* 1999) y berenjena *Solanum melongena* (Ingale y Patil, 1995; Aramendiz *et al.*, 2008).

A pesar que el análisis de correlación es una herramienta estadística que mide el grado de asociación entre dos caracteres bajo una condición experimental dada, su descomposición es dependiente del conjunto de caracteres estudiados, las cuales, normalmente, son evaluadas por el conocimiento previo del investigador, con base en su importancia y las posibles interrelaciones expresadas anteriormente (Falconer y Mackay, 1996; Cruz y Regazzi, 1997; Vencovsky y Barriga, 1992).

La literatura colombiana sobre mejoramiento genético de tomate de árbol, no reporta estudios sobre análisis de correlaciones y de sendero para las propiedades del fruto, que contribuyan al proceso de selección y mejoramiento de la especie, en función de satisfacer las demandas de productores y el sector agroindustrial.

Este trabajo de investigación es una contribución a los procesos de selección, que permite obtener las bases conceptuales sobre las correlaciones fenotípicas, genotípicas y ambientales en variables relacionadas con el fruto de tomate de árbol *C. betacea*. Acorde con lo anterior, los objetivos fueron los siguientes: evaluar los diferentes componentes de calidad del fruto en 81 genotipos de tomate de árbol (72 híbridos y nueve testigos), estimar las correlaciones fenotípicas, genéticas y ambientales entre 14 variables asociadas a la calidad de fruto, y establecer la relación causa y efecto entre el peso del fruto en función de diámetro ecuatorial (DE), diámetro polar (DP), espesor interno (EI), peso de pulpa mas semilla (PuS), contenido de jugo (CJ), peso de semilla de fruto (PSFu), numero total de semilla (NTS) y dureza (Du) a través del análisis de sendero, utilizando las correlaciones fenotípicas y genéticas entre tales componentes.

MATERIALES Y METODOS

Localización

El presente trabajo se llevó a cabo en la localidad de la Pradera-Nariño. El ensayo de evaluación de 72 híbridos y nueve testigos de tomate de árbol se ubica a una altura de 1980 msnm, entre los 01°19'33,3" LN y los 77°19'18,9" LW, con una temperatura promedio de 18°C. De este ensayo, se tomaron los frutos que fueron procesados en el Laboratorio de biotecnología de la Universidad de Nariño, localizado en la Ciudad Universitaria Torobajo (Pasto) a 2540 msnm, 01° 12' 13" LN y 77° 15' 23" LW.

Variables evaluadas

Para medir las variables relacionadas con la calidad de fruto de cada parcela se tomaron seis frutos en estado de maduración entre 4 y 5, según la norma ICONTEC NTC 4105 (1997). Estos frutos se colectaron en la cuarta cosecha, cuando las plantas estaban en plena fase productiva. Sobre estos frutos se evaluaron las siguientes variables:

Peso promedio del fruto (PF): se obtuvo el promedio de PF en g de seis frutos por parcela.

Diámetro ecuatorial (DE): es la medida en mm del eje transversal del fruto, tomada sobre la base proximal. Para el cálculo de esta variable se tomaron seis frutos por genotipo.

Diámetro polar (DP): es la longitud en mm, tomada desde la base proximal hasta el ápice del fruto. Esta medición se realizó sobre 6 frutos por genotipo.

Espesor interno (EI): se realizó un corte transversal y con la ayuda de un calibrador se obtuvo la medida en mm del endocarpio del fruto en mm.

Espesor externo (EEX): a través del corte transversal en cada uno de los seis frutos y mediante la ayuda de un calibrador se obtuvo la medida en mm del mesocarpio más pericarpio.

Peso de la pulpa más semilla (PUS): la extracción de la pulpa de cada uno de los frutos se realizó de forma manual y se obtuvo el peso en g.

Contenido de jugo (CJ): una vez pesada la pulpa de cada tomate se extrajo el jugo y se midió su contenido en ml en una probeta.

Peso de semilla por fruto (PSFU): 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.

Numero total de semillas por fruto (NTS): el NTS es la relación entre PSFU y peso de 100 semillas correspondiente a cada genotipo.

Dureza (DU): con la ayuda de un penetrometro manual para frutas. Se midió la dureza del fruto expresada en libras por pulgada cuadrada (Lb/cm²).

Sólidos solubles totales (Bx): Se determino 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 solidos solubles totales.

Acidez Titulable (A.C): se determino por el método de titulación potenciométrica. Se expresa como porcentaje de A.C y se calculo mediante la siguiente ecuación:

$$\%A.C = ((V1 \times N)/V2) \times K \times 100.$$

Donde: V1 = Volumen de NaOH consumido (ml); V2 = Volumen de la muestra (5 ml);

K= peso equivalente del ácido cítrico (0,064 g/meq) y N = normalidad del NaOH (0,1 meq/ml).

Índice de madurez: Se tuvo en cuenta la relación entre el contenido de sólidos solubles y la acidez total (Galvis, 1992), mediante la ecuación: I.M. = S.S.T / acidez, donde I.M.= índice de madurez.

pH: Se calculo usando un potenciómetro “Inolab-WTW series pH 720”.

Análisis Estadístico

Todas las variables bajo un diseño de bloques completos al azar, se sometieron al Análisis de Varianza (ANDEVA). Aquellas donde el efecto de tratamiento no fue significativo, no se tomaron en cuenta en los análisis de correlación genética, fenotípica y ambiental, incluyéndose para éstos, las variables PF, DE, DP, EI, PUS, CJ, PSFU, NTS y DU. En el caso del DP, a pesar de no presentar diferencias significativas entre los genotipos, se introdujo en los análisis debido a que es un componente del tamaño del fruto.

Con base en lo anterior, se hicieron grupos de las variables altamente correlacionadas ($r > 0,60$), escogiéndose para el análisis y la discusión del ANDEVA las variables PF, DE, CJ, NTS y BX. En donde los efectos de tratamientos fueron significativos, se utilizo la prueba de comparación de medias de Tukey ($\alpha = 0,05$). La estimación de los coeficientes de correlación fenotípicos, genéticos y ambientales, los coeficientes de sendero, se llevaron a cabo mediante el uso del programa GENES desarrollado por Cruz (2006). El programa aplica las fórmulas clásicas de correlación:

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

Correlación genética ($r_G(XY)$): $r_G(XY) = COVG(XY)/SG(X) .SG(Y)$

Correlación ambiental ($r_E(XY)$): $r_E(XY) = COVE(XY)/SE(X) .$

En donde: $r(XY)$ y $COV(XY)$ son las 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 las 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 tabular (T_t), al nivel de significancia de 0,05 y con $(n - 2)$ grados de libertad. La regla de decisión fue: sí $T_c \geq T_t$, entonces el valor de r es estadísticamente diferente de cero (Espitia *et al.*, 2008)

Mediante dos Análisis de Sendero que consisten 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), realizados con el paquete GENES (Cruz, 2006), uno empleando la matriz de correlaciones fenotípicas y el otro con base en la matriz de correlaciones 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 DE, el DP, el EI, el PUS, el CJ, el PSFU, el NTS y la DU (variables causas)

RESULTADOS Y DISCUSION

Los resultados del ANDEVA se presentan en la Tabla 1. Se observan diferencias significativas entre las variables DE, EI, EEX, PUS, CJ, PSFU, NTS y DU. La prueba de comparación de medias de Tukey (Tabla 2) para el PF no mostro diferencias significativas entre los tratamientos. Los PF oscilan entre 79,96 y 168,98 g. Según la norma ICONTEC NTC 4105 (ICONTEC, 1997; Bernal y Díaz, 2003) el promedio menor corresponde a un calibre D con un y el dato mayor al calibre A. El 27% de los genotipos se ubica en calibre A (≥ 129 g), el 49% en calibre B (118-128 g), el 22% en calibre C (99-117 g) y el 1% a calibre D (83-98g).

En cuanto al DE (Tabla 2), el genotipo CBc039xCBb01 (59,96 mm) según la norma ICONTEC NTC 4105 (ICONTEC, 1997) se ubico dentro del calibre A (> 61 mm) ,

presentando diferencias significativas solo con el promedio mas bajo que corresponde al CBb03xCBb75 con un DE 45,90 mm (Calibre E = \leq 45 mm). Entre los demás tratamientos, no presentaron diferencias significativas, cuyo DE oscilo entre 45,99 y 57,57 mm con calibres que van desde E hasta A (Bernal y Díaz, 2003).

En CJ (Tabla 2), el genotipo CBI49xCBu88 alcanzo el mayor promedio (52,58 ml) presentando diferencias significativas únicamente con el tratamiento CBI51x CBI78 (22,41 ml). Entre los demás tratamientos no se presentaron diferencias significativas. Su CJ oscilo entre 26,25 y 49,5 ml, esto significa que para obtener 1 L de jugo en el caso del genotipo CBI49xCBu88, se necesitan 19 frutos y para CBI51x CBI78 se necesitan 44 frutos.

Tabla 1. Cuadrados medios del ANDEVA para las variables asociadas a la calidad del fruto de tomate de Árbol (*C. betacea*) bajo condiciones del municipio de Pasto, Colombia.

FV	GL	PE	DE	EI	EEX	PUS	CJ	PSFU	NTS	DU
Bloques	1	1394,62	5,17	90,54	2,22	224,01	0,29	0,39	818,06	2,93
Genotipos	1	505,56 ns	16,67*	9,44*	1,47*	154,69*	61,14*	0,26*	10371,81*	6,05*
Error	80	370,83	10,12	5,28	0,98	90,91	38,99	0,14	5192,00	3,90
MEDIA		102,02	52,13	40,62	5,63	48,58	36,39	2,08	337,55	6,02
C.V		17,50	6,10	5,66	17,63	19,63	17,16	18,08	21,35	32,79

ns = no existen diferencias significativas.* Significativo a un α de 0,05. DE = diámetro ecuatorial, EI = espesor interno, EEX = espesor externo, CJ = contenido de jugo, PSFU = peso de la semilla del fruto, NTS = numero total de semilla y DU =dureza

Tabla 2. Prueba de comparación de medias de Tukey para las variables peso de fruto (PF), diámetro externo (DE) y contenido de jugo (CJ) en tomate de arbol (*C. betacea*) bajo condiciones del municipio de Pasto, Colombia.

PF		DE		CJ	
Genotipo	Media	Genotipo	Media	Genotipo	Media
CBp19	168,98	CBc039xCBb01	59,96 A	CBI49xCBu88	52,59 A
CBI49xCBu88	143,08	CBc12xCBb73	57,57 AB	CBunt1305xCBI78	49,50 AB
CBp25xCBsj38	137,52	CBc044xCBg70	57,0 AB	CBp19xCBc95	46,66 AB

CBc044xCBg70	136,22	CBi49xCBu88	56,79 AB	CBI81	44,75 AB
CBp19xCBc95	134,52	CBp19xCBu94	56,28 AB	CBp25xCBsj38	44,17 AB
CBi49xCBsj35	132,25	CBp25xCBsj38	56,23 AB	CBsb01xCBsb01	44,0 AB
CBc12xCBb73	131,85	CBp25xCBu86	56,06 AB	CBcon74xCBI79	43,54 AB
CBp19xCBu94	131,57	CBsb01	55,96 AB	CBc044xCBg70	43,50 AB
CBsb01	130,66	CBc042xCBco46	55,91 AB	CBp25xCBf89	43,42 AB
CBc044 x CBsj35	129,98	CBc044xCBu88	55,90 AB	CBp19xCBu94	43,33 AB
CBc14xCbc15	86,85	CBunt1305xCBI78	47,39 AB	CBa09xCBb75	29,09 AB
CBa09xCBb75	86,26	CBi51xCBI78	46,48 AB	CBcon33xCBu87	26,83 AB
CBunt1305xCBI78	85,74	CBc14xCbc15	46,42 AB	CBb04xCBco40	26,34 AB
Cbi51xCBI78	84,69	CBc14xCBu84	45,99 AB	CBp19	26,25 AB
CBb03xCBb75	79,96	CBb03xCBb75	45,9 B	CBi51xCBI78	22,42 B

Tukey (0,05)

Medias con diferente letra son estadísticamente diferentes

En la variable BX (Tabla 3) no se presentaron diferencias significativas entre tratamientos. Los BX oscilan entre 7,87 y 11,32. Sin embargo, el 90% de los genotipos evaluados se encuentra entre el rango de 8,5 - 9,9 correspondiente a los estados de maduración 4 y 5 de la norma NTC 4105 (ICONTEC, 2997, Bernal y Díaz, 2003).

La prueba de comparación de medias para NTS (Tabla 3) indica que el genotipo CBU82xCBI77 alcanzo el mayor promedio con 498,79 semillas, seguido de CBcon74xCBc039 (NTS=492,62). Los menores valores los obtuvieron los genotipos CBb03xCBb75 (NTS=170,14) y CBU82xCBb01 (NTS=135,9). Se debe tener en cuenta para la selección aquellos genotipos con menor NTS por fruto, debido a que es un carácter importante para procesos de transformación agroindustriales. Los demás no presentaron diferencias significativas, su NTS oscilo entre 196,76 y 448,81.

Tabla 3. Prueba de comparación de medias de Tukey para las variables grados brix (BX) y numero total de semillas por fruto (NTS), en tomate de árbol (*C. betacea*) bajo condiciones del municipio de Pasto, Colombia.

BX	NTS
----	-----

Genotipo	Media	Genotipo	Media
CBsb01	11,32	CBu82xCBI77	498,79 A
CBp25xCBf89	10,82	CBcon74xCBc039	492,62 A
CBb02xCBu84	10,56	CBI81	448,81 AB
CBI80xCBb73	10,45	CBcon33xCBu87	440,52 AB
CBsj36xCBu87	10,28	CBp25xCBsj38	438,07 AB
CBco46	10,16	CBcon33xCBcon34	437,63 AB
CBcon74xCBI79	10,13	CBI81xCBi50	434,58 AB
CBI80	10,10	CBco46	432,85 AB
CBb08xCBsj38	10,07	CBco42	432,70 AB
CBb03xCBu88	9,99	CBp19xCBu87	422,05 AB
CBb06xCBI77	8,59	CBc11xCBc95	210,93 AB
CBb04xCBc15	8,54	CBco42xCBu65	202,66 AB
CBc93xCBc046	8,34	CBb04xCBco40	196,76 AB
CBp25xCBsj38	8,27	CBb03xCBb75	170,14 B
CBcon33xCBu94	7,87	CBu82xCBb01	135,90 B
Tukey (0,05)			
Medias con diferentes letras son estadísticamente diferentes			

Los coeficientes de correlación fenotípica (r_F), genética (r_G) y ambiental (r_E) están registrados en la Tabla 4. Con pocas excepciones, los r_G fueron, en términos generales, de mayor magnitud que los r_F . Resultados similares fueron encontrados por Espitia *et al.* (2008) y Aramendiz *et al.* (2008) en algodón y berenjena, respectivamente.

Los resultados obtenidos, indican un r_G positiva entre PF y PUS (0,90*), evidenciándose una acción genética común entre estas dos variables, lo cual podría facilitar el proceso de selección, dado que el proceso se haría por cualquiera de las dos. El r_F , en algunos casos, es ligeramente menor que el r_G ($r_{G_{DEvsEI}} = 0,75^*$; $r_{F_{DEvsEI}} = 0,70^*$). Esto, explica la importancia del grado de relación entre estas dos variables, mientras que el valor de la $r_{E_{DEvsEI}}$ (0,66*) sugiere que el efecto del ambiente es determinante a la hora de la manifestación fenotípica de estos caracteres (Vallejo *et al.*, 2011; Tabla 4). Según Searle (1961) una correlación fenotípica menor que la genética y simultáneamente una ambiental positiva, solamente ocurre cuando los genes que gobiernan las dos variables son similares.

Los rF y rG entre PF y las CJ, NTS y DU no fueron significativos, pero si se observó una rG positiva y significativa con PSFU (0,63*), EI (0,74*), DP (0,79*), DE (0,84*) y PUS (0,90*). Estas magnitudes de correlación genética positivas, indican que la selección por PF produce un incremento en los caracteres anteriormente mencionados (Tabla 4).

Otras correlaciones genéticas de interés, son las exhibidas entre PUS con CJ (0,87*) y con PSFU (0,86*). Estas correlaciones positivas y significativas, señalan que una selección por PUS incide de manera directa en el aumento o reducción del CJ y el PSFU. Los rG mayores a 1, como en el caso registrado entre PF y DU (1,30), puede ser explicado por dos situaciones. La primera se puede asumir como una correlación perfecta, o la segunda es que al 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).

Tabla 4. Correlaciones fenotípicas (rF), genéticas (rG) y ambientales (rE) para 10 caracteres asociados al fruto de tomate de árbol (*C. betacea*) bajo condiciones del Municipio de Pasto, Colombia.

Variabes	r's	DE	DP	EI	PUS	CJ	PSFU	NTS	DU
PF	rF	0,69*	0,62*	0,60*	0,54	0,35	0,46	0,30	0,41
	rG	0,84*	0,79*	0,74*	0,90*	0,48	0,63*	0,56	1,30
	rE	0,63*	0,56	0,55	0,37	0,29	0,38	0,16	0,02
DE	rF		0,51	0,70*	0,59	0,39	0,44	0,29	0,31
	rG		0,76*	0,75*	0,83*	0,76*	0,68*	0,53	0,98*
	rE		0,41	0,66*	0,42	0,17	0,27	0,11	-0,08
DP	rF			0,39	0,31	0,23	0,33	0,21	0,49
	rG			0,48	0,41	-0,06	0,43	0,40	1,79
	rE			0,36	0,27	0,36	0,30	0,12	-0,04
EI	rF				0,73*	0,57	0,62*	0,48	0,11
	rG				0,97*	0,90*	0,98*	0,89*	0,30
	rE				0,55	0,35	0,32	0,12	-0,01

PUS	rF	0,56	0,54	0,37	0,08
	rG	0,87*	0,86*	0,58	0,21
	rE	0,36	0,30	0,21	0,00
CJ	rF		0,35	0,31	0,05
	rG		0,57	0,60*	0,21
	rE		0,21	0,11	-0,03
PSFU	rF			0,80*	0,11
	rG			0,95*	0,02
	rE			0,65*	0,17
NTS	rF				0,19
	rG				0,23
	rE				0,17

* = correlación significativo a una $P < 0,05$.

Por otra parte, en las Tablas 5 y 6 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 91% de la variabilidad del PF estuvo explicada por las variables DE, DP, EI, PUS y PSFU, lo cual, indica 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 63% (Tabla 5), considerado alto.

En el análisis de sendero fenotípico, las variables con mayor efecto directo sobre el PF fueron DE y DP con valores de 0,30 y 0,26 y en el genético (Tabla 6) fueron DP y EI con valores de 0,74 Y 1,63.

En el caso del análisis de sendero para r_F (Tabla 5), se observa que el efecto directo de DE (0,30) y DP (0,26) sobre el coeficiente de correlación (PF: 0,69 y 0,62 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).

La descomposición de la correlación ($r_F = 0,60$) entre EI y PF (Tabla 5) están explicadas en mayor proporción por los efectos indirectos de DE (0,25) que por los efectos directos de la variable EI (0,10). Esto indica que la correlación significativa y directa existente entre EI y PF, se debe en mayor proporción a la influencia indirecta, a través de DE.

Con base en el primer análisis de sendero (Tabla 5) se puede inferir que la selección de frutos con mayor DE y DP permite la obtención de frutos mas pesados y con mayor EI, PUS y PSFU.

En el análisis de sendero para correlaciones genéticas (Tabla 6) los efectos directos de las variables PUS y PSFU sobre el PF son negativos (-0,28 y -2,30, respectivamente), por lo tanto, el valor de la correlación se le atribuye a los efectos indirectos de las otras variables.

En esta situación los factores causales indirectos son considerados simultáneamente para los procesos de selección (Singh y Chaudhary, 1985).

Se puede inferir que el efecto directo del EI (1,63) sobre el PF ($r_{G_{EI|PF}}=0,74$), en el análisis de sendero genético (Tabla 6) es mayor que los efectos indirectos de las otras variables. Además, la variable EI está participando como efecto indirecto en los demás coeficientes de correlación, pero presenta un mayor valor que los efectos directos de cada variable.

Los efectos directos de PUS, NTS y DU sobre el PF (Tabla 6), presentan en todos los casos, un aporte negativo. Esto significa que los efectos indirectos son causa de la correlación genética. En esta situación, los factores causales indirectos serán considerados simultáneamente para la correlación (Singh y Chaudhary, 1985).

Tabla 5. Análisis de sendero para el peso del fruto (PF) en función del diámetro Ecuatorial (DE), diámetro polar (DP), espesor interno (EI), peso de pulpa mas Semilla (PUS), peso de semilla del fruto (PSFu) en tomate de árbol (*C. betacea*), bajo condiciones del Municipio de Pasto, Colombia.

Variables	CORRELACIONES FENOTIPICAS								rf
	DE	DP	EI	PUS	CJ	PSFu	NTS	DU	con PF
DE	0,30	0,13	0,11	0,07	-0,004	0,07	-0,03	0,05	0,69*
DP	0,15	0,26	0,06	0,04	-0,002	0,05	-0,02	0,08	0,62*
EI	0,21	0,10	0,15	0,09	-0,006	0,10	-0,05	0,02	0,60*
PUS	0,18	0,08	0,11	0,12	-0,006	0,09	-0,04	0,01	0,54
CJ	0,12	0,06	0,09	0,07	-0,010	0,06	-0,04	0,01	0,35
PSFu	0,13	0,09	0,09	0,07	-0,004	0,16	-0,09	0,02	0,46
NTS	0,09	0,05	0,07	0,04	-0,003	0,13	-0,11	0,03	0,30
DU	0,09	0,13	0,02	0,01	-0,001	0,02	-0,02	0,17	0,41
	R² = 0,63		h = 0,45						

* Significativo al 5%

Tabla 6. Análisis de sendero para el peso del fruto (PF) en función del diámetro Ecuatorial (DE), diámetro polar (DP), espesor interno (EI), peso de pulpa mas Semilla (PUS), peso de semilla del fruto (PSFu) en tomate de árbol (*C. betacea*), bajo condiciones del Municipio de Pasto, Colombia

Variables	CORRELACIONES GENETICAS								rG
	DE	DP	EI	PUS	CJ	PSFu	NTS	DU	con PF
DE	-0,26	0,56	1,23	-0,30	0,10	0,02	-0,50	-0,0071	0,84*
DP	-0,20	0,74	0,78	-0,15	-0,01	0,01	-0,37	-0,0131	0,79*
EI	-0,20	0,36	1,63	-0,35	0,12	0,02	-0,84	-0,0022	0,74*
PUS	-0,22	0,31	1,58	-0,36	0,11	0,02	-0,54	-0,0015	0,90*
CJ	-0,20	-0,04	1,46	-0,32	0,13	0,01	-0,56	-0,0015	0,48
PSFu	-0,18	0,32	1,60	-0,31	0,07	0,02	-0,89	-0,0001	0,63
NTS	-0,14	0,30	1,45	-0,21	0,08	0,02	-0,94	-0,0017	0,56
DU	-0,26	1,33	0,50	-0,07	0,03	0,00	-0,21	-0,0073	1,30
	R² = 0,80		h = 0,61						

* Significativos al 5%

CONCLUSIONES

El peso de fruto no presento diferencias significativas según el análisis de comparación de medias de Tukey. El mayor contenido de jugo lo presento el genotipo CBi49xCBu88.

El peso del fruto esta asociado a las variables peso de pulpa más semilla y diámetro ecuatorial, con los cuales obtuvo valores altos de correlación genética. Por otro lado, las variables diámetro ecuatorial y diámetro polar presentaron altos coeficientes de correlación fenotípica y están asociadas al peso del fruto.

En el análisis de sendero para correlaciones fenotípicas, las variables que mayor efecto directo tienen sobre el peso del fruto fueron diámetro ecuatorial y diámetro polar. Para las correlaciones genéticas, la selección por peso del fruto genera un incremento en el espesor interno y el diámetro polar, debido al mayor efecto directo de estas variables sobre el mismo.

BIBLIOGRAFIA

- AGROCADENAS.** 2008. Análisis - Estadísticas. [En línea]. 2008. [citado 1 mar., de 2011]. Disponible en Internet: <[http:// www.Agronet.gov.co /Agronetweb/AnalisisEstadisticas/ tabid/73/Default.aspx](http://www.Agronet.gov.co/Agronetweb/AnalisisEstadisticas/tabid/73/Default.aspx)>.
- 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 DÍAZ, C.** 2003. Tecnología para el Cultivo de tomate de árbol. Corpoica. Manual Técnico 3., Rio Negro, Antioquia.
- CHECA, C.** 2012. Comunicación personal. Pasto, Universidad de Nariño, Facultad de Ciencias Agrícolas.
- 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/dbg/genes/genes.htm.
- CRUZ, C.** 2001. Programa genes. Versao Windows. Aplicativo computacional em genética e estatística. Ediciones Universidade Federal de Vicoso. Vicoso, MG, Brasil. 648 p.
- CRUZ, C. REGAZZI, C.** 1997. Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético. 2ª ed. Ediciones Universidade Federal de Vicoso. Vicoso, MG, Brasil. 390 p.
- DE CARVALHO, C. RODRIGUES, V. CRUZ, C. DIAS, V.** 1999. Analise de trilha sob multicolinearidade em pimentão. Pesquisa Agropec. Brás. 34(4):603-613.
- ESPITIA, M. VARGAS, L. MARTÍNEZ, G.** 2006. Análisis de sendero para algunas propiedades del fruto de Maracuyá *Passiflora edulis* f. *flavicarpa* Deg. Revista U.D.C.A Actualidad & Divulgación Científica. Bogotá. p. 10
- ESPITIA, M. ARAMENDIZ, H. CADENA, J.** 2008. Correlaciones y Análisis de sendero en Algodón *Gossypium hirsutum* L. en el Caribe Colombiano. Revista Facultad Nacional de Agronomía – Medellín, Vol. 61. Num 1. Universidad Nacional de Colombia. p 4325-4335.
- FALCONER, D. MACKAY, T.** 1996. Introduction to quantitative genetics. 4th edition. Prentice Hall, New Jersey, USA, 464 p.

- 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.
- HALLAUER, A. MIRANDA, J.** 1981. Quantitative genetics in maize breeding. Iowa State University Press, Ames, IA, 468 p.
- ICONTEC. INSTITUTO COLOMBIANO DE NORMAS TECNICAS.** 1997. Norma técnica Colombiana NTC 4105: Frutos frescos. Tomate de árbol. Especificaciones. Bogotá, ICONTEC. CENICAFE. 15 pag.
- INGALE, B. PATIL, S.** 1995. Correlations and path analysis in brinjal. Indian J. Hort. 52(1):55-59.
- MARIOTTI, J.** 1986. Fundamentos de genética biométrica. Aplicaciones al mejoramiento genético vegetal. Secretaría General de la Organización de los Estados Americanos, Washington, D. C. 152 p.
- MAYO, O.** 1980. The theory of plant breeding. Oxford University. Clarendon Press. 293 p.
- LENTINI, Z.** 2001. Conservación y Transformación Genética de Lulo (*Solanum quitoense*) y Tomate de Árbol (*Cyphomandra betacea*). CIAT-centro Internacional de Agricultura Tropical. Valle del Cauca. Colombia.
- LOBO, M.** 2001. Tomate de árbol (*Cyphomandra betacea* Sendt), frutal promisorio para la diversificación del agro andino. FONTAGRO, Colombia. Disponible en Internet: URL www.fontagro.org
- SEARLE, S.** 1961. Phenotypic, Genetic and environmental correlations. Biometrics 22:187-191.
- SINGH, R. y CHAUDHARY, D.** 1985. Biometrical Methods in quantitative Genetic Analysis. Path Analysis. New Delhi, Ludhiana. P. 78.
- 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.
- VENCOVSKY, R. y BARRIGA, P.** 1992. Genética biométrica no fitomelhoramento. Sociedade Brasileira de Genética, Brasil. 496 p.
- WRIGHT, S.** 1921. Correlations and causation. J. Agr. Res. 20:557-585.