

**VARIABILIDAD GENÉTICA DEL CARÁCTER LARGO DE FRUTO EN
POBLACIONES F2 DE PIMIENTO PIMENTONERO EN AMBIENTE
CONTROLADO**

Pulido de Bazán, María Shirley y Contrera, Graciela

Facultad de Ciencias Agrarias, Universidad Nacional de Catamarca
fitotecnia@fcasuser.unca.edu.ar

**GENETIC VARIABILITY OF FRUIT LENGTH CHARACTER IN PEPPER
POPULATIONS WITHIN A CONTROLLED ENVIRONMENT**

SUMMARY

The objective of this study was to assess a large pepper population through the behavior of the “fruit large” parameter and to select higher genotypes, i.e. those with higher fruit large. A basic population with ample genetic variability was chosen in order to have greater possibilities of success in the selection of the genotypes. Eight (8) populations of F2 generation were determined. These populations originate from 16 different parental large pepper. With the 8 populations, a general basic population was formed. Cultivation was conducted in a greenhouse to control the environment. In this way, it was possible to observe and measure only the genotype selected. The statistical results were: for the “fruit large” parameter, the mean for the standard population was 4,6995833 cm; the standard deviation was 1,4479576; and the variance was 2,2482337. Individuals that reached values equal to or higher than the mean 4,6995833 cm were pre-selected. Thus, 50% of the population was selected. A new population was then determined with these individuals. It was calculated to have a genetic improvement or selection response in the next generation of $R=3,4002083$ cm for the “fruit large” parameter. According to predictive values, the following generation should have a mean of $X_2= 8,0997916$ cm. A low response is possible due to the very low pressure of selection, however, we will maintain genetic variability, and this will allow the selection process to continue.

KEY WORDS: pepper, genotypes, genetic variability.

RESUMEN

El objetivo de este trabajo fue evaluar una población de pimiento pimentonero según el comportamiento del carácter: “Largo de Fruto” seleccionando los genotipos superiores, los que alcanzaran mayor largo de fruto y por ende fueran más productivos. Partimos de la Población Base que presentaba una amplia variabilidad genética asegurando una mayor probabilidad de éxito en la selección. Con 8 poblaciones F2 provenientes del cruzamiento de 16 padres diferentes de pimiento pimentonero se formó una Población Base, sobre ella se realizaron los estudios. El cultivo fue conducido en invernadero para controlar el ambiente y el suelo y tener la seguridad de que lo observado y medido en el fenotipo fuera la expresión solo del genotipo. Los parámetros estadísticos calculados para el carácter “Largo de fruto” para la Población Base fueron: Media: 4,6995833 cm, en cuanto a la Desviación Estándar fue: 1,447957 y la Varianza Genética: 2,2482337. Fueron preseleccionados aquellos individuos que alcanzaron para el carácter “Peso de fruto” un valor igual o mayor a la media de 4,6995833 cm, la intensidad de selección aplicada fue muy suave ya que se preseleccionó el 50% de la población. Con estos individuos se conformó una nueva población de individuos selectos. Con estas preselecciones se calculó tener un avance genético o respuesta a la selección, en la próxima generación de $R=3,4002083$ cm para el carácter “Largo de fruto”. Según los valores predictivos la siguiente generación debería tener una media de $X_2= 8,0997916$ cm. Tendríamos una respuesta tal que duplicaría la media de la población original, y esto a pesar de la muy baja presión de selección, aparte mantendremos variabilidad genética lo que nos permitirá seguir avanzando en el proceso de selección.

PALABRAS CLAVES: Pimiento, genotipos, variabilidad genética.

INTRODUCCIÓN

En la Provincia de Catamarca, la producción de pimentón por décadas ha sido baja, llegando en algunos casos a 800 kg/ha. (Martín, 1992). Mientras que en Europa los países productores obtienen una media de 4000 kg/ha. (Cuartero, 1994). Estos bajos rendimientos alcanzados tienen una suma de motivos. Por un lado los serios problemas fitosanitarios que

enfrentan los productores pimentoneros de hongos (*Phytophthora*, principalmente) virus, y nemátodos. Otro motivo es el mal manejo del cultivo, a lo que se agrega una deficiencia en todo el proceso de secado, disminuyendo considerablemente la calidad, especialmente en los aspectos organolépticos de sabor, aroma y color . (Martín,1992).

Pero tal vez el motivo más importante sea la condición de estrés a la que se ven sometidas las plantas por el calor y la sequía, propias de la zona de cultivo, (semiárida), lo que provoca una importante disminución en el rendimiento y en la calidad del pimentón. (Cuartero, 1994; Talesnick, 1994).

Los productores tienen, además, serias deficiencias en los turnos de riego (Martín,1992), lo que profundiza aún más el problema.

Por estas razones enunciadas, se fijó como objetivo principal obtener un material genético de pimiento pimentonero que sea más productivo y de muy buena calidad pero que sea productivo en zonas semiáridas como lo son las zonas productoras de pimiento pimentonero de Catamarca, Mendoza y San Juan.

MATERIAL Y MÉTODO

El material genético elegido como Población Base presenta las características buscadas: buen nivel productivo, muy buena calidad de pimentón y además presenta resistencia a calor y a sequía, (Cuartero,1994) resistencia a Phythoftora y relativa resistencia a nemátodos. (Martín, 1984 y 1992).

El largo del fruto seco es un carácter que está directamente relacionado con la producción de pimentón, es por ello que se seleccionó por mayor largo de fruto seco (Cubero, 2002).

El estudio fue realizado en invernáculo con ambiente totalmente controlado para que el genotipo de cada planta se expresara en plenitud. Así se tuvo la seguridad de que toda la variabilidad observada fue debida al genotipo y no al ambiente. (Allard, 1975)

La Población Base de este trabajo de mejoramiento estuvo conformada por 8 poblaciones de generación F2. (Pulido, 2002). Estas F2 son el resultado del cruzamiento de 16 parentales diferentes de pimiento pimentonero. Los parentales híbridos y sus respectivos cruzamientos se encuentran en el cuadro N° 1.

CUADRO N° 1: Cruzamientos y parentales hibridados

CRUZAMIENTO	PARENTALES	ORIGINÓ a
1	A12 x Trompa de Elefante	F2-1
2	A13 x Trompa de Elefante	F2-2
3	Calafiuco x Bucano	F2-3
4	A12 x Negral	F2-4
5	Calafiuco x Trompa de E.	F2-5
6	A12 x Negral	F2-6
7	A14 x Trompa de Elefante	F2-7
8	A13 x Trompa de Elefante	F2-8

El cultivo fue conducido de abril a marzo (desde siembra a cosecha de fruto seco) en el invernadero de la Facultad de Ciencias Agrarias de la Universidad Nacional de Catamarca.

Se mantuvieron las condiciones óptimas para la producción de Pimiento para Pimentón (Vigliola, 1995): Temperatura media de 25°C, fotoperíodo de 12 hs promedio, suelo bien drenado y fértil y riegos regulares. (Talesnik, 1994).

Se cosecharon los frutos completamente secos en el mes de marzo. La cosecha fue por planta y por población F2, por separado, si bien los datos se incorporaron a una población base general. (Pulido, 2002).

Cada población F2 estuvo integrada por 60 plantas. De cada planta se midió el largo de los pimientos secos y se sacó un promedio por planta, este dato fue incluido como valor representante del individuo dentro de la población F2.

Las plantas estuvieron en macetas. El suelo fue preparado y repartido en igual proporción en cada maceta. Esto permitió tener la seguridad de que tanto el suelo como los riegos fueran idénticos para cada individuo de las poblaciones F2.

Se calcularon los parámetros estadísticos de Media, Desviación Estándar y Varianza.

Se confeccionaron las curvas de frecuencias para cada Población F2 por separado y para la Población Base General.

Aplicando una presión de selección muy suave (50%) para no perder variabilidad (Cubero, 1995) se preseleccionaron aquellos individuos que presentaron un valor de largo de fruto igual o mayor a la media de la población base : 4,699583 cm. Estos individuos pasaron a formar una nueva población, la Población de los Individuos Selectos .Esto nos permitió calcular la Respuesta a la selección o Avance Genético y la media de la población de la siguiente generación F3. (Allard,1975).

RESULTADOS Y DISCUSIÓN

Los datos obtenidos para cada población F2, de Media, Desviación Estándar y Varianza Genética se encuentran en el Cuadro N ° 2 :

CUADRO N°2: Media, Desviación Estándar y Varianza Genética para el carácter largo de fruto.

F2	1	2	3	4	5	6	7	8
Media Poblacional	4,2cm	5,74333	3,77666	4,61333	4,58333	3,46333	6,04833	5,16833
Desviación Estándar	1,27996	1,92647	1,11801	1,29921	1,41303	0,83523	2,09628	1,61544
Varianza Genética	1,63830	3,71131	1,24995	1,68795	1,99666	0,69761	4,39440	2,60965

CURVAS DE FRECUENCIAS DE LAS 8 POBLACIONES INTEGRADAS

En los siguientes gráficos podemos observar el comportamiento de cada población F2 en sus curvas de frecuencias para el carácter Largo de Fruto Seco:

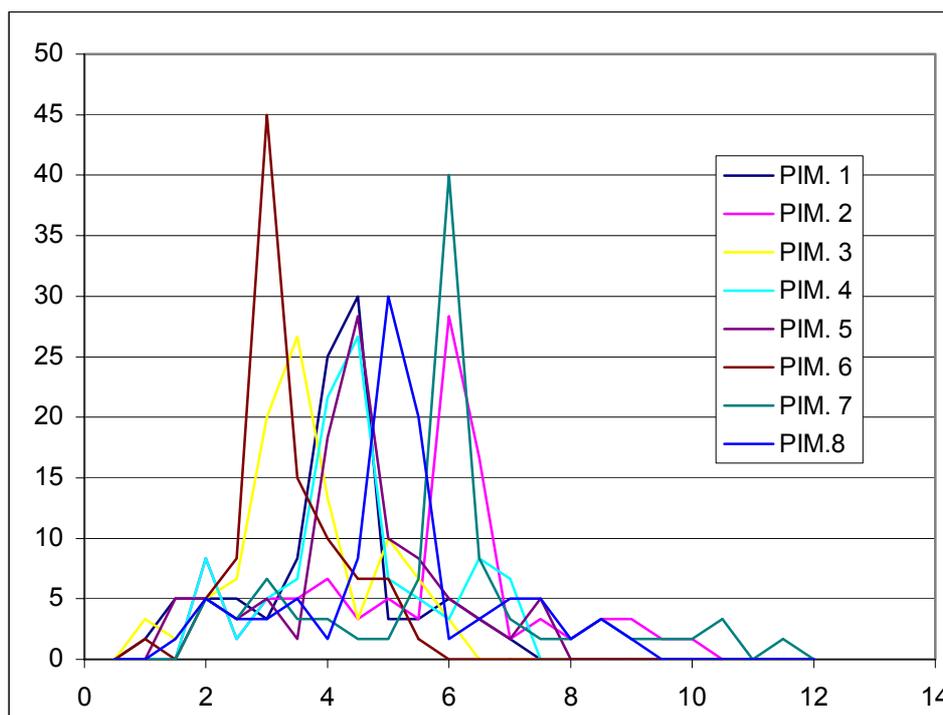
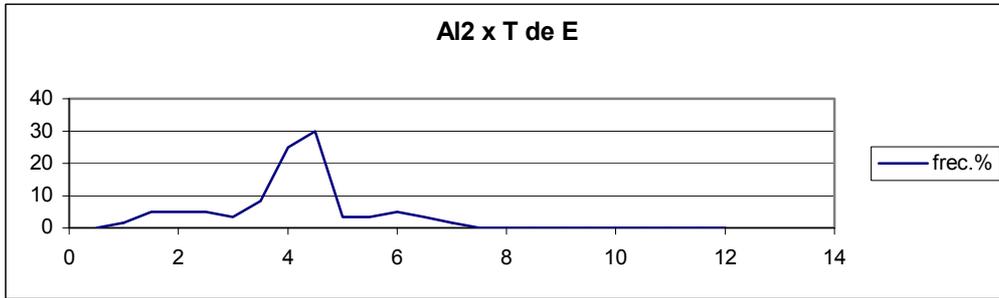


FIGURA 1: CURVAS DE FRECUENCIAS DE LAS 8 POBLACIONES INTEGRADAS

CURVAS DE FRECUENCIAS PARA CADA POBLACIÓN F2

Con los datos obtenidos de largo de fruto seco promedio por planta se confeccionaron las curvas de frecuencias para cada población F2. Dichas curvas se muestran a continuación: en el eje x se hallan los intervalos de clases y en el eje y las frecuencias en porcentaje:

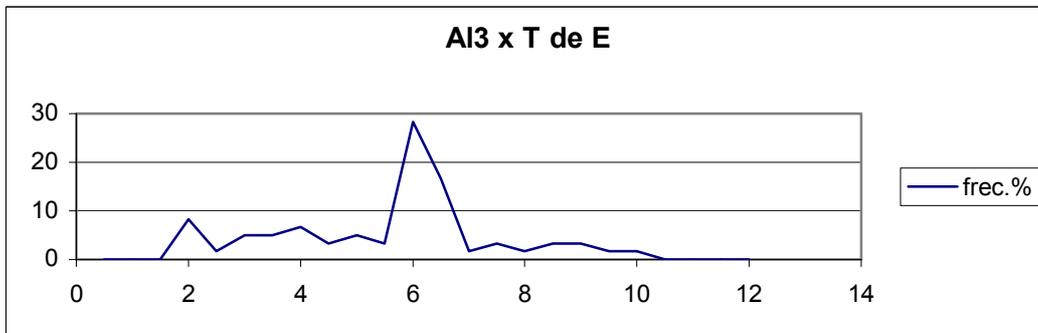
Población F2-1



Media: 4,2cm Desviación Estándar:1,27996 Varianza Genética:1,638305

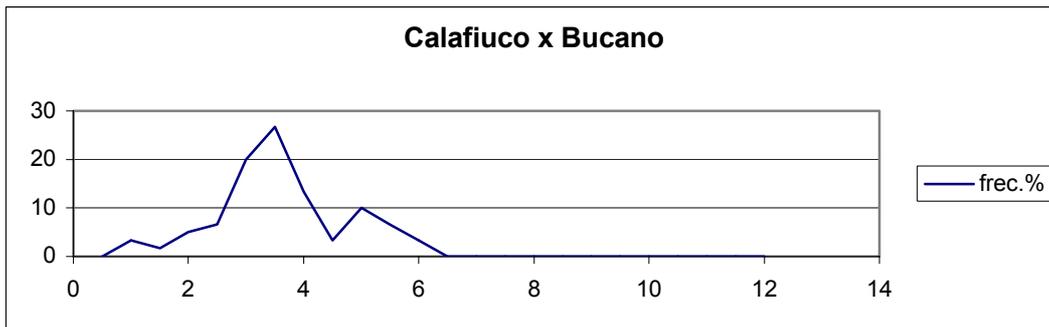
CURVAS DE FRECUENCIAS PARA CADA POBLACIÓN F2

Población F2-2



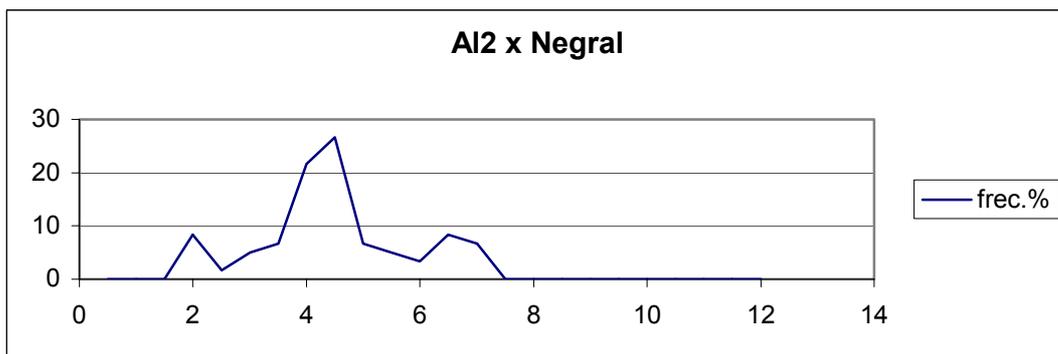
Media: 5,7433333 Desviación Estándar:1,9264762 Varianza Genética:3,71131073

Población F2-3



Media:3,7766666 Desviación Estándar:1,11801378 Varianza Genética:1,2499548

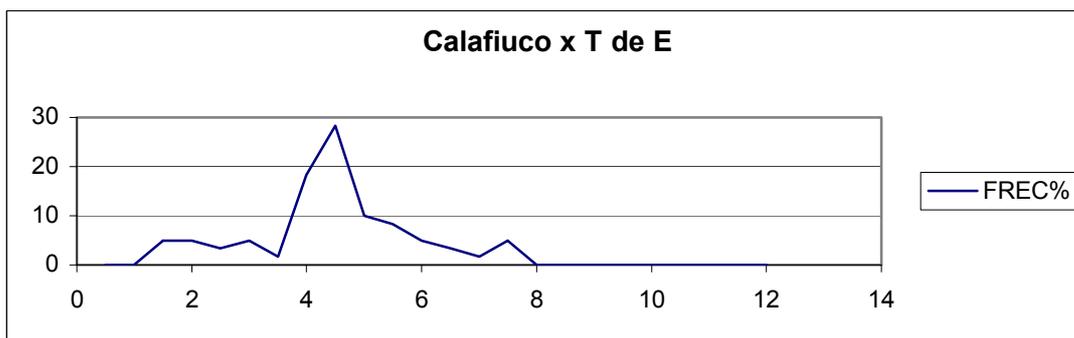
Población F2-4



Media:4,61333333 Desviación Estándar:1,29921315 Varianza Genética:1,6879548

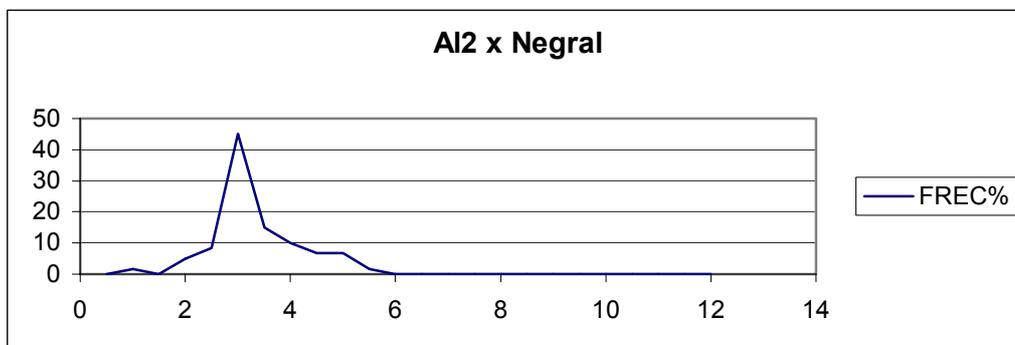
CURVAS DE FRECUENCIAS PARA CADA POBLACIÓN F2

Población F2-5



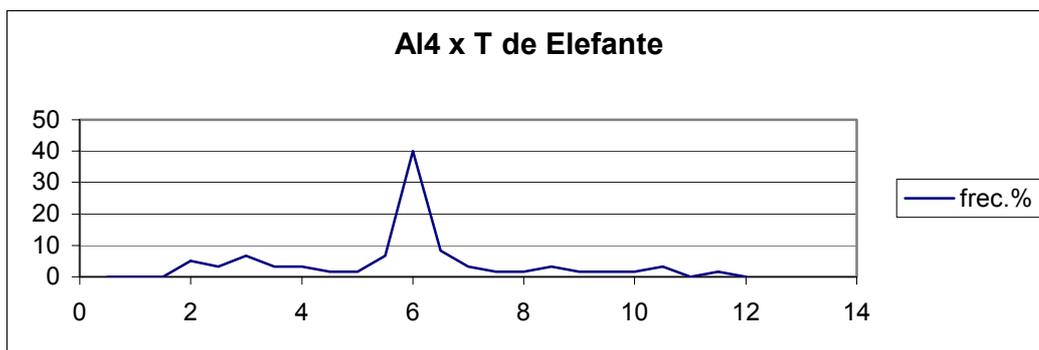
Media:4,5833333 Desviación Estándar:1,41303456 Varianza Genética:1,99666667

Población F2-6



Media:3,4633333 Desviación Estándar:0,83523399 Varianza Genética:0,6976158

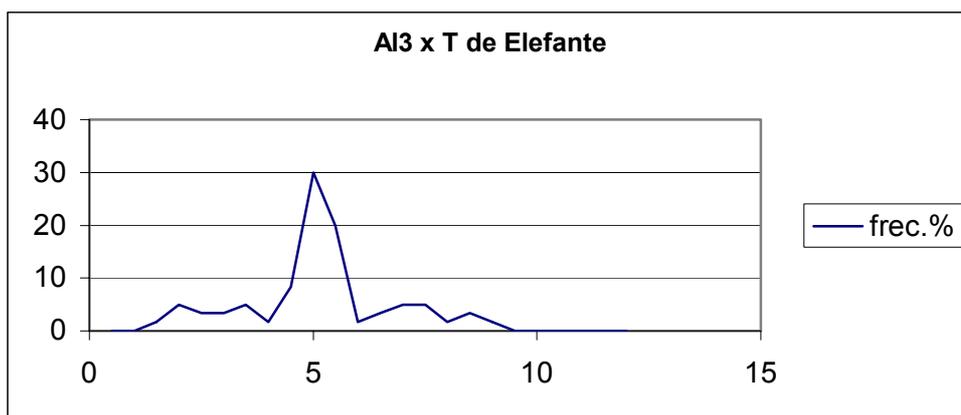
Población F2-7



Media:6,04833333 Desviación Estándar:2,09628337 Varianza Genética:4,39440395

CURVAS DE FRECUENCIAS PARA CADA POBLACIÓN F2

Población F2-8



Media:5,16833333 Desviación Estándar:1,61544365 Varianza Genética:2,60965819

COMPARACIÓN DEL COMPORTAMIENTO DE LAS CURVAS

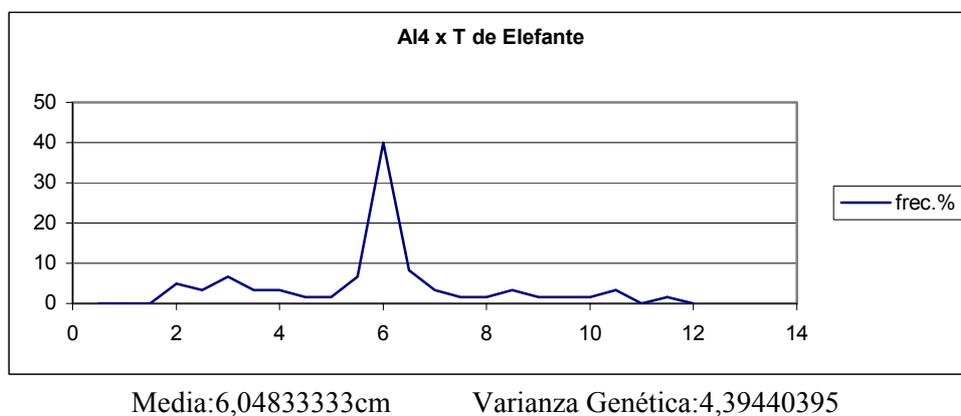
Observando las distribuciones de todas las curvas vemos que la población que mayor variabilidad genética presenta es la población F2-7, correspondiente al cruzamiento de A14 x Trompa de Elefante, y que presentó una varianza genética de: 4,39440395.

A su vez la población que menor variabilidad genética mostró fue la F2-6 correspondiente al cruzamiento de A12 x Negral, con una Varianza genética de:0,69761582.

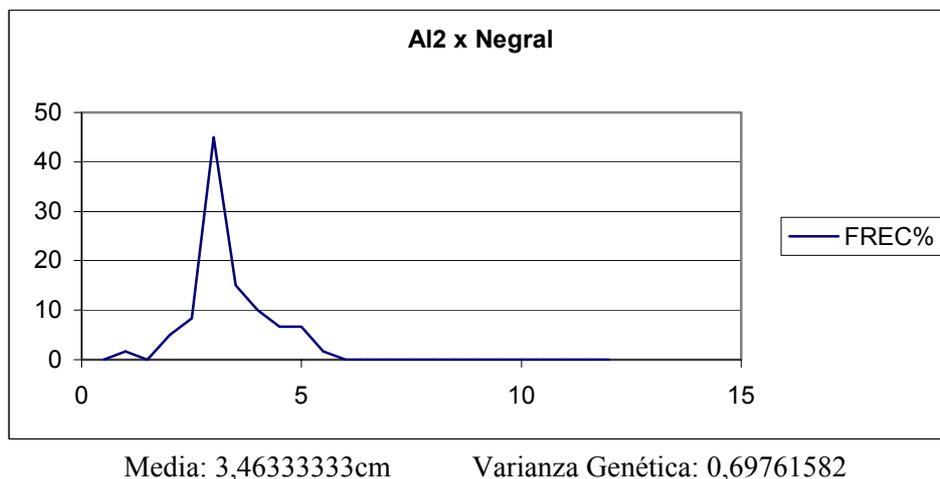
Si comparamos las Medias Poblacionales veremos que la mayor media corresponde a la población F2-7 y la menor media a la F2-6, repitiendo el caso de las varianzas:

CURVAS QUE MUESTRAN LA MAYOR Y MENOR VARIABILIDAD GENÉTICA Y LA MAYOR Y MENOR MEDIA PARA EL CARÁCTER LARGO DE FRUTO:

Población F2-7

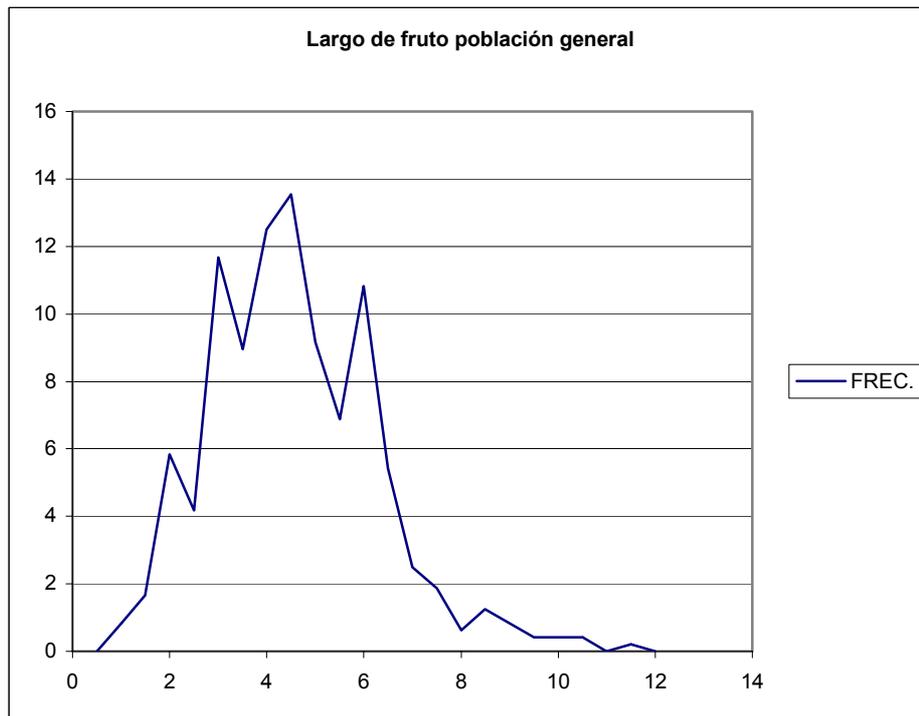


Población F2-6



POBLACIÓN BASE: CARÁCTER LARGO DE FRUTO

Para la confección de la curva de la población base para el carácter Largo de Fruto se reunieron todos los datos obtenidos para cada población F2 y se los integró en una curva de frecuencias única:



Media:4,69958333cm

Varianza Genética:2,2482337

Aplicando una presión de selección muy suave para no perder variabilidad (Cubero, 1995) se preseleccionaron aquellos individuos que presentaron un valor de largo de fruto igual o mayor a la media de la población base:4,69958333cm.Fue aplicada una presión de selección del 50%.

Estos individuos pasaron a formar una nueva población, la Población de los Individuos Selectos. Esta nueva población que presenta una media de 8,0997916cm nos permitió calcular la respuesta a la selección.

CÁLCULO DE LA RESPUESTA A LA SELECCIÓN:

Con todos los datos obtenidos podemos predecir el comportamiento de la siguiente generación, progenie de las selectas, es decir qué respuesta o avance genético tendremos (Cubero, 2002).

R =	Diferencial de Selección	x	Heredabilidad
-----	--------------------------	---	---------------

R = Respuesta a la selección o avance genético

Diferencial de Selección = es la diferencia entre la media de los individuos seleccionados (Xs) y la Media de la población base (X1).

Heredabilidad = indica en qué medida se expresará el genotipo por encima del

$$h = \frac{\text{Varianza Genética}}{\text{Varianza Genética} + \text{Varianza Ambiental}} =$$

ambiente

2

Es = a 0

Como no hay variabilidad debida al ambiente ya que el cultivo se realizó bajo condiciones controladas de ambiente (en invernadero) toda la variabilidad observada es debida al genotipo. Entonces la heredabilidad es = 1

$$\boxed{\text{Heredabilidad} = 1}$$

X1 = Media de la población general = 4,69958333cm

Xs = Media de los individuos seleccionados = 8,0997916cm

Diferencial de Selección = Xs - X1

Diferencial de Selección = 8,0997916 cm – 4,69958333cm =

Diferencial de Selección = 3,4002083 cm

Respuesta a la Selección = Diferencial de Selección x Heredabilidad

R = 3,4002083cm x 1

$$\boxed{R = 3,4002083\text{cm}}$$

Conociendo la respuesta a la selección o avance genético podemos predecir cuál será la media de la población progenie de los individuos seleccionados , X2 .

X2 = X1 + R

X2 = 4,69958333 + 3,4002083cm

$$\boxed{X2 = 8,0997916\text{cm}}$$

CONCLUSIONES

1. A pesar de que la presión de selección aplicada es muy suave (50%), el avance genético o respuesta a la selección esperada es importante : partimos de una media de X1 = 4,699583 cm

y avanzaríamos a una media de $X_2 = 8,0997916$ cm en la siguiente generación es decir casi el doble de media para el largo de fruto.

2. No aplicamos mayor presión de selección ,con lo que obtendríamos una respuesta o avance mayor, por que se quiere mantener la mayor variabilidad genética posible para poder seguir avanzando en la selección en generaciones posteriores.

3. Además como los caracteres aún no se encuentran fijados , no se alcanzó el estado de homocigosis, es prematuro opinar respecto a cuál de todos los materiales genéticos será el más promisor en cuanto a largo de fruto seco pero sí tenemos la seguridad de estar avanzando en el proyecto de selección.

4. Debemos seguir hasta generaciones más avanzadas (F4-F5) con autofecundaciones sucesivas para hacer las selecciones definitivas de los materiales genéticos de mayor largo de fruto.

BIBLIOGRAFÍA

- **ALLARD, R. W.** 1975. Principios de la mejora genética de las plantas. Ed Omega.
- **CUBERO, J. I.** 2002. Introducción a la mejora genética vegetal”.Ed. Mundi Prensa.
- **CUBERO, J. I.** 1995. ”Métodos estadísticos para el estudio de la estabilidad varietal en ensayos agrícolas”.Junta de Andalucía. Sevilla.
- **CUARTERO, J.** 1994. ” Mejora de la productividad y calidad de tomate y pimiento cultivados en condiciones de estrés hídrico, térmico y salino”. Curso PostGrado, Maestría en Horticultura. Facultad de Ciencias Agrarias. Universidad Nacional de Cuyo. INTA Regional Cuyo Mendoza.1994.
- **MARTÍN, G. O.** 1984. ” Genética aplicada al mejoramiento vegetal”.Facultad de Ciencias Agrarias. Universidad Nacional de Catamarca.
- **MARTÍN, G. O.** 1992. ”Fitogenética aplicada: técnicas especiales de evaluación y selección. Facultad de Ciencias Agrarias. Universidad Nacional de Catamarca.
- **PULIDO, M .S.** 2002. “Formación de poblaciones base para mejoramiento genético de pimiento pimentonero. Evaluación estadística I “ II Congreso Nacional e Internacional de Ambiente y Calidad de Vida, Catamarca, Universidad Nacional de Catamarca.
- **PULIDO, M. S.** “Formación de poblaciones base para mejoramiento genético de pimiento pimentonero, II.” Revista C.E.R.S. Tomo XVIII.
- **STRICKBERGER, M. W.** 1980.”Genética”.Ed. Omega.
- **TALESNICK, E.** 1994.”Mejora de la productividad y calidad de tomate y pimiento cultivados en condiciones de estrés hídrico, térmico y salino”. Curso de Post-Grado, Maestría en Horticultura. Facultad de Ciencias Agrarias. Universidad de Cuyo. INTA Regional Cuyo. Mendoza .
- **VIGLIOLA, M. J.** 1995. ”Manual de horticultura”.Ed. Hemisferio Sur.