

## Genetic parameters of the Gema population of husk tomato (*Physalis ixocarpa* Brot. ex Horm.)

## Parámetros genéticos de la población Gema de tomate de cáscara (*Physalis ixocarpa* Brot. ex Horm.)

Aureliano Peña-Lomelí; Nelson Eduardo Ríos-Hernández;  
Oscar Santos-Moreno; Natanael Magaña-Lira\*

Universidad Autónoma Chapingo, Departamento de Fitotecnia. Carretera México-Texcoco km 38.5, Chapingo, Estado de México, C. P. 56230, MÉXICO.

\*Corresponding author: mlnatanael@gmail.com, tel. 595 102 82 88.

### Abstract

The Gema population of the husk tomato (*Physalis ixocarpa* Brot. ex Horm.) is the result of selection towards very large fruit from F1 of the intervarietal crossing of Verde Puebla and CHF1-Chapingo. After six selection cycles, genetic variance and heritability are likely to have decreased, which could make genetic improvement difficult. The aim of this study was to determine (through heritability [ $\hat{h}^2$ ], the coefficient of additive genetic variation [ $CV_A$ ] and the additive genetic correlation) whether it is possible to continue with the genetic improvement of the Gema population. Four quantitative traits were studied in 200 families, obtained from the Gema population, under a randomized complete block experimental design with three replications and 22 plants per experimental unit. The  $CV_A$  ranged from 18.08 to 29.32 %, and the  $\hat{h}^2$  fluctuated between 32.03 and 44.14 %. The highest  $\hat{h}^2$  was found in yield per plant, whose  $1-\alpha$  confidence interval for  $\hat{h}^2$  was estimated to be between 29.2 and 56.3 % ( $\alpha = 0.05$ ). High, positive and significant additive genetic correlations were found between number of fruits per plant and yield per plant. Therefore, it is possible to obtain significant advances by selection in the Gema variety. The greatest gain could be obtained for yield per plant and number of fruits, with emphasis on the first trait.

**Keywords:** heritability, coefficient of additive genetic variation, additive genetic correlation, phenotypic correlation, additive variance.

### Resumen

La población Gema de tomate de cáscara (*Physalis ixocarpa* Brot. ex Horm.) es el resultado de la selección hacia fruto muy grande de F1 de la cruce intervarietal de Verde Puebla y CHF1-Chapingo. Después de seis ciclos de selección, es probable que la varianza genética y la heredabilidad se hayan reducido, lo que podría dificultar su mejoramiento genético. El objetivo de este estudio fue determinar (a través de la heredabilidad [ $\hat{h}^2$ ], el coeficiente de variación genética aditiva [ $CV_A$ ] y la correlación genética aditiva) si es posible continuar con el mejoramiento genético de la población Gema. Se estudiaron cuatro caracteres cuantitativos en 200 familias, obtenidas a partir de la población Gema, bajo un diseño experimental de bloques completos al azar con tres repeticiones y 22 plantas por unidad experimental. El  $CV_A$  varió entre 18.08 y 29.32 %, y la  $\hat{h}^2$  fluctuó entre 32.03 y 44.14 %. La  $\hat{h}^2$  más alta se encontró en rendimiento por planta, cuyo intervalo de confianza  $1-\alpha$  para  $\hat{h}^2$  se estimó entre 29.2 y 56.3 % ( $\alpha = 0.05$ ). Se encontraron correlaciones genéticas aditivas altas, positivas y significativas entre número de frutos por planta y rendimiento por planta. Por lo tanto, es posible obtener avances significativos por selección en la variedad Gema. La mayor ganancia se podría lograr para rendimiento por planta y número de frutos, con énfasis en la primera característica.

**Palabras clave:** heredabilidad, coeficiente de variación genética aditiva, correlación genética aditiva, correlación fenotípica, varianza aditiva.



## Introduction

The green or husk tomato (*Physalis ixocarpa* Brot. ex Horm.) is of great importance in Mexico, as 43 thousand hectares were planted in 2017, resulting in a production volume of 773 thousand tons, with an average yield of 18.1 t·ha<sup>-1</sup> and *per capita* consumption of 5.1 kg. The main producing states are Sinaloa (150,697 t), Zacatecas (89,464 t) and Jalisco (83,162 t). The total volume of national production for the same year provided an economic benefit of MXN 3,515 billion. This volume covers domestic demand, and the surpluses are exported, representing an economic benefit of USD 73.4 million. The main buyer is the US market with USD 73,346,490.00, although it is also exported to England, Holland and Spain (Sistema de Información Agroalimentaria y Pesquera [SIAP], 2018).

The study of metric traits focuses on the study of variation. The basic idea is to distribute into its components the causes of the differences of several factors. The relative magnitude of these components determines the properties of a population (Falconer & Mackay, 2001). Variance measures the variation in a population. Likewise, phenotypic variance ( $V_p$ ) is the sum of the genetic variance ( $V_G$ ), the environmental variance ( $V_E$ ) and the variance of the genotype-environment interaction ( $V_{GxE}$ ); that is,  $V_p = V_G + V_E + V_{GxE}$ . Similarly,  $V_G$  is the sum of the additive variance ( $V_A$ ), the dominance variance ( $V_D$ ) and the interaction variance ( $V_I$ ), which refers to the epistatic effect of the genes; that is,  $V_G = V_A + V_D + V_I$ .

One of the questions that often arises among geneticists working with multifactorial traits is how much of the observed variation in a population is due to genetic differences between individuals and how much is due to the environment. Therefore, heritability is quite useful, since it can be defined as the proportion of phenotypic variation that can be attributed to the genetic variation within a given population in a particular environment. Furthermore, heritability is useful for the development of animal breeds and plant varieties, as it indicates a population's potential response to artificial selection of a quantitative nature; that is, it indicates whether it is possible for a certain quantitative trait to be modified through selection (Klug, Cummings, Spencer, & Palladino, 2013). In husk tomato, the most appropriate methods for its breeding are mass, half-sib family and combined half-sib selection (Peña-Lomelí & Márquez-Sánchez, 1990), which have been studied in relation to their expected response based on genetic parameters and that observed after making the selection (Peña-Lomelí et al., 2002).

Broad-sense heritability ( $H$ ) measures the contribution of  $V_G$  to  $V_p$ :  $H = V_G/V_p$ . The  $V_G$  component used in the

## Introducción

El tomate verde o tomate de cáscara (*Physalis ixocarpa* Brot. ex Horm.) es de gran importancia en México, ya que en 2017 se sembraron 43 mil hectáreas, lo que arrojó un volumen de producción de 773 mil toneladas, con rendimiento promedio de 18.1 t·ha<sup>-1</sup> y consumo *per cápita* de 5.1 kg. Los principales estados productores son Sinaloa (150,697 t), Zacatecas (89,464 t) y Jalisco (83,162 t). El volumen total de la producción nacional para el mismo año representó una derrama económica de 3,515 millones de MXN. Dicho volumen cubre la demanda nacional, y los excedentes son exportados, lo que representa una derrama económica de 73.4 millones de USD. El principal comprador es el mercado estadounidense con 73,346,490.00 USD, aunque también se exporta a Inglaterra, Holanda y España (Sistema de Información Agroalimentaria y Pesquera [SIAP], 2018).

La evaluación de los caracteres métricos se centra en el estudio de la variación. La idea básica es repartir en sus componentes las causas de las diferencias de varios factores. La magnitud relativa de estos componentes determina las propiedades de una población (Falconer & Mackay, 2001). La varianza mide la variación en una población. Asimismo, la varianza fenotípica ( $V_p$ ) es la suma de la varianza genética ( $V_G$ ), la varianza ambiental ( $V_E$ ) y la varianza de la interacción genotipo-ambiente ( $V_{GxE}$ ); es decir,  $V_p = V_G + V_E + V_{GxE}$ . De la misma manera, la  $V_G$  es la suma de la varianza aditiva ( $V_A$ ), la varianza por dominancia ( $V_D$ ) y la varianza por interacción ( $V_I$ ), que se refiere al efecto epistático de los genes; es decir,  $V_G = V_A + V_D + V_I$ .

Una de las cuestiones que se plantea a menudo entre genetistas que trabajan con caracteres multifactoriales es cuánto de la variación observada en una población se debe a las diferencias genéticas entre individuos y cuánto se debe al ambiente. Por lo tanto, la heredabilidad resulta bastante útil, pues esta se puede definir como la proporción de la variación fenotípica que se puede atribuir a la variación genética dentro de una determinada población en un ambiente particular. Además, la heredabilidad resulta útil para el desarrollo de razas de animales y variedades vegetales, pues indica la respuesta potencial de una población a la selección artificial de un carácter cuantitativo; es decir, indica si es posible que un determinado carácter cuantitativo sea modificado a través de la selección (Klug, Cummings, Spencer, & Palladino, 2013). En tomate de cáscara, los métodos más apropiados para su mejoramiento son la selección masal, familiar de medios hermanos y combinada de medios hermanos (Peña-Lomelí & Márquez-Sánchez, 1990), mismos que han sido estudiados en relación con su respuesta esperada con base en parámetros genéticos y la observada después de realizar la selección (Peña-Lomelí et al., 2002).

estimation of  $H$  includes all types of genetic variation in the population, not only the additive effects, and also considers that the genotype-environment interaction is negligible. Therefore, its estimation is not very useful for breeding programs. On the other hand, narrow-sense heritability ( $\hat{h}^2$ ) is the proportion of  $V_p$  due to  $V_A$ ;  $\hat{h}^2 = V_A/V_p$ . Because it only considers additive effects,  $\hat{h}^2$  provides a more accurate prediction of the response to selection than  $H$ .

The coefficient of additive genetic variation ( $CV_A$ ) is a measure that reports on the additive genetic dispersion with respect to the arithmetic mean of the trait; that is, it is a measure of the additive variance in relation to its mean within the population. The  $CV_A$  does not depend on units of measurement, so its values are comparable between traits of a different nature and allows comparison of the additive genetic variance of different traits in a population (Molina-Galán, 1992). With this information, the expected response to the selection in different traits and populations can be compared (Falconer & Mackay, 2001). The existence of genetic variation is essential for varietal improvement. The greater the genetic variance, the greater the opportunities for varietal improvement (Kiebre et al., 2017), so having a measure of additive genetic variance is a valuable tool for defining the most appropriate breeding strategies.

The additive genetic correlation provides information about the nature of the relationship of two metric traits. Analyzing the correlation of variance components with yield and their level of contribution, direct or indirect, is of utmost importance (Talukder, Khan, Das, & Uddin, 2018). Indirect selection refers to choosing one or more secondary traits to obtain a positive response in the primary trait or one of greatest interest. A greater genetic gain of the primary trait can be made in less time and with less effort with indirect selection when the heritability of the secondary trait is higher than that of the primary trait and there is a high correlation between the two traits (Hallauer, Miranda-Filho, & Carena, 2010). The efficacy of indirect selection has been demonstrated in husk tomato (Peña-Lomelí, Guerrero-Ramos, Rodríguez-Pérez, Sahagún-Castellanos, & Magaña-Lira, 2013).

The above indicators are normally recommended for species that have not yet been genetically improved, as it is key to know the genetic variance and heritability of the traits of interest in order to define an appropriate breeding strategy (Kencharahutđ, Mohanē, Shankar, & Balram, 2018). However, empirical results have shown that genetic variance could be reduced in a population, even with only a few selection cycles (Hallauer et al., 2010). Selection can be understood as the process by which parents are chosen to change the genetic properties of a population (Falconer & Mackay, 2001).

La heredabilidad en sentido amplio ( $H$ ) mide la contribución de la  $V_G$  a la  $V_p$ :  $H = V_G/V_p$ . El componente de la  $V_G$  usado en la estimación de la  $H$  incluye a todos los tipos de variación genética de la población, no solo a los efectos aditivos, además de considerar que la interacción genotipo-ambiente es despreciable. Por ello, su estimación no es muy útil para programas de mejoramiento genético. Por su parte, la heredabilidad en sentido estricto ( $\hat{h}^2$ ) es la proporción de la  $V_p$  debida a la  $V_A$ :  $\hat{h}^2 = V_A/V_p$ ; ya que sólo considera los efectos aditivos,  $\hat{h}^2$  proporciona una predicción más exacta de la respuesta a la selección que  $H$ .

El coeficiente de variación genética aditiva ( $CVA$ ) es una medida que informa sobre la dispersión genética aditiva con respecto a la media aritmética del carácter; es decir, es una medida de la varianza aditiva en relación con su media dentro de la población. El  $CVA$  no depende de las unidades de medición, por lo que sus valores son comparables entre caracteres de diferente naturaleza y permite la comparación de la varianza genética aditiva de diferentes caracteres en una población (Molina-Galán, 1992). Con dicha información, se puede comparar la respuesta a la selección esperada en diferentes caracteres y poblaciones (Falconer & Mackay, 2001). La existencia de la variación genética es esencial para el mejoramiento varietal. A mayor varianza genética, mayores serán las oportunidades de mejora varietal (Kiebre et al., 2017), por lo que contar con una medida de la varianza genética aditiva es una herramienta valiosa para definir las estrategias de mejoramiento más adecuadas.

La correlación genética aditiva provee información sobre la naturaleza de la relación de dos caracteres métricos. Analizar la correlación de los componentes de varianza con el rendimiento y su nivel de contribución, directa o indirecta, resulta de suma importancia (Talukder, Khan, Das, & Uddin, 2018). La selección indirecta se refiere a elegir uno o más caracteres secundarios para obtener una respuesta positiva en el carácter primario o el de mayor interés. Una mayor ganancia genética del carácter primario se podrá hacer en menos tiempo y esfuerzo con selección indirecta cuando la heredabilidad del carácter secundario sea más alta que la del carácter primario y exista una correlación alta entre ambos caracteres (Hallauer, Miranda-Filho, & Carena, 2010). En tomate de cáscara se ha demostrado la eficacia de la selección indirecta (Peña-Lomelí, Guerrero-Ramos, Rodríguez-Pérez, Sahagún-Castellanos, & Magaña-Lira, 2013).

Los indicadores anteriores son recomendables normalmente para especies que aún no han sido mejoradas genéticamente, ya que resulta clave conocer la varianza genética y la heredabilidad de los caracteres de interés con el objetivo de definir una estrategia adecuada de mejoramiento (Kencharahutđ, Mohanē, Shankar, & Balram, 2018). No obstante, resultados empíricos han mostrado que se podría reducir la varianza genética

There are previous studies on the estimation of variance components in husk tomato in the varieties M1-Fitotecnia, product of the first selection cycle carried out in the Ixtlahuالتengo variety (Moreno-Maldonado, Peña-Lomelí, Sahagún-Castellanos, Rodríguez-Pérez, & Mora-Aguilar, 2002); Verde Puebla, obtained in the first *in situ* selection cycle in San Mateo Tecamachalco, Puebla (Peña-Lomelí et al., 2004), and CHF1-Chapingo, which was obtained from the Rendidora variety through five mass selection cycles and one maternal half-sib family cycle (Peña-Lomelí et al., 2008).

The original Gema population is the result of selection towards very large fruit from F1 of the intervarietal crossing between Verde Puebla and CHF1-Chapingo (Santiaguillo-Hernández, Cervantes-Santana, & Peña-Lomelí, 2004). After six selection cycles, the Gema variety was obtained, which is registered in the National Catalogue of Plant Varieties with registration TOM-026-061218 and plant breeder's title 2147 (Servicio Nacional de Inspección y Certificación de Semillas [SNICS], 2019). However, more selection cycles are desired to generate other varieties, although genetic variance and heritability are likely to have decreased after the selection process. Therefore, the objective of this study was to determine if it is possible to continue with genetic improvement in the Gema population, this through  $\hat{h}^2$ ,  $CV_A$  and additive genetic correlation.

## Materials and methods

In the spring-summer 2016 growing season and under irrigation conditions, the Gema population was established by transplant in the San Juan Experimental Field of Chapingo Autonomous University, located in Texcoco, State of Mexico (19° 29' 15" NL and 98° 51' 03" WL, at 2,350 masl). From this, 200 maternal half-sib families (MHSF) were derived.

The seedling nursery was located in greenhouse 25 of the Xaltepa Experimental Field of Chapingo Autonomous University (19° 29' 32" NL and 98° 52' 20" WL, at 2,260 masl). Sowing took place on February 18, 2017 in polystyrene trays with 200 cavities each. In black peat, two seeds per cavity were placed 0.5 cm deep and covered with the same substrate without over-compacting them. The seeds were watered and the trays were stowed and covered with plastic for four days to accelerate germination. After emergence, the trays were placed throughout the greenhouse and watering was carried out every morning.

Wet transplant was conducted in the San Martín Experimental Field of Chapingo Autonomous University (19° 29' 52.7" NL and 98° 52' 53.5" WL, at 2,260 masl) on March 25, 2017. Spacing was 0.3 m between plants and 1.2 m between rows, without tutoring. The

en una población, aun con pocos ciclos de selección (Hallauer et al., 2010). La selección se puede entender como el proceso en el que se eligen los progenitores para cambiar las propiedades genéticas de una población (Falconer & Mackay, 2001).

Existen estudios previos sobre estimación de componentes de varianza en tomate de cáscara en las variedades M1-Fitotecnia, producto del primer ciclo de selección realizado en la variedad Ixtlahuالتengo (Moreno-Maldonado, Peña-Lomelí, Sahagún-Castellanos, Rodríguez-Pérez, & Mora-Aguilar, 2002); Verde Puebla, obtenida en el primer ciclo de selección *in situ* en San Mateo Tecamachalco, Puebla (Peña-Lomelí et al., 2004), y CHF1-Chapingo, que se obtuvo de la variedad Rendidora mediante cinco ciclos de selección masal y uno de familiar de medios hermanos maternos (Peña-Lomelí et al., 2008).

La población Gema original es el resultado de la selección hacia fruto muy grande en F1 de la cruce intervarietal entre Verde Puebla y CHF1-Chapingo (Santiaguillo-Hernández, Cervantes-Santana, & Peña-Lomelí, 2004). Después de seis ciclos de selección se obtuvo la variedad Gema, la cual se encuentra inscrita en el Catálogo Nacional de Variedades Vegetales con registro TOM-026-061218 y título de obtentor 2147 (Servicio Nacional de Inspección y Certificación de Semillas [SNICS], 2019). Sin embargo, se desea llevar a cabo más ciclos de selección para generar otras variedades, aunque es probable que la varianza genética y la heredabilidad se hayan reducido después del proceso de selección. Por ello, el objetivo de este estudio fue determinar si es posible continuar con el mejoramiento genético en la población Gema, esto a través de la  $\hat{h}^2$ , el  $CVA$  y la correlación genética aditiva.

## Materiales y métodos

En el ciclo primavera-verano de 2016 y bajo condiciones de riego, se estableció la población Gema por trasplante en el Campo Experimental San Juan de la Universidad Autónoma Chapingo, situado en Texcoco, Estado de México (19° 29' 15" latitud norte y 98° 51' 03" longitud oeste, a 2,350 msnm). A partir de ésta se derivaron 200 familias de medios hermanos maternos (FMHM).

El almácigo se localizó en el invernadero 25 del Campo Experimental Xaltepa de la Universidad Autónoma Chapingo (19° 29' 32" latitud norte y 98° 52' 20" longitud oeste, a 2,260 msnm). Se sembró el 18 de febrero de 2017 en charolas de poliestireno de 200 cavidades cada una. En turba negra, se colocaron dos semillas por cavidad a 0.5 cm de profundidad y se cubrieron con el mismo sustrato sin compactarlas demasiado. Se regó, se estibarón las charolas y se cubrieron con plástico durante cuatro días para acelerar su germinación. A partir de la emergencia, se colocaron las charolas a lo



200 families were evaluated under a randomized complete block experimental design with three replications. The experimental unit was made up of a plot with 22 plants.

The variables evaluated were yield per plant (YPP, in g), weight of 10 fruits (W10F, in g), number of plants per plot (NPP), number of bags per plant (NBP) and number of fruits per plant (NFP). The number of bags per plot was calculated considering the ratio between NBP and NPP. The NFP was calculated with the YPP and W10F data:  $NFP = (YPP \times 10) / W10F$ . The data were taken at harvest, except for the number of bags per family, which was determined at the eighth week of transplant as the number of fruits set in that period, since a bag is a papyrus cover formed by the flower calyx that surrounds the fruit and indicates its presence. A bag or a set fruit was considered to be one with a bag size of 2 cm or more.

The genetic variance components were estimated with the model  $Y_{ij} = \mu + \beta_j + f_i + E_{ij}$ , proposed by Márquez-Sánchez and Sahagún-Castellanos (1994) for the analysis of variance of MHSF, where  $Y_{ij}$  is the value of the variable in the  $i$ -th family in the  $j$ -th block,  $\mu$  is the overall mean,  $\beta_j$  is the effect of the  $j$ -th block,  $f_i$  is the effect of the  $i$ -th family and  $E_{ij}$  is the random error in the  $i$ -th family of the  $j$ -th block.

The format of the analysis of variance and covariance is presented in Table 1. Estimates were made assuming diploid inheritance, two alleles per locus, Hardy-Weinberg equilibrium, linkage equilibrium and absence of epistasis; for this, the formulas proposed by Peña-Lomelí et al. (2004), adapted to a single locality, were used.

**Variance between families ( $\sigma_F^2$ ).** It was estimated with the mean squares of the family ( $M_1$ ) and of the error ( $M_2$ ) (Table 1), as well as the number of replications ( $r$ ):  $\hat{\sigma}_F^2 = \frac{M_1 - M_2}{r}$ .

largo del invernadero y se realizaron riegos diarios en la mañana.

El trasplante en húmedo se realizó en el Campo Experimental San Martín de la Universidad Autónoma Chapingo (19° 29' 52.7" latitud norte y 98° 52' 53.5" longitud oeste, a 2,260 msnm) el 25 de marzo de 2017. La distancia entre plantas fue de 0.3 m y 1.2 m entre surcos, sin tutoreo. Las 200 familias se evaluaron bajo un diseño experimental de bloques completos al azar con tres repeticiones. La unidad experimental se conformó por una parcela con 22 plantas.

Las variables evaluadas fueron rendimiento por planta (RPP, en g), peso de 10 frutos (P10F, en g), número de plantas por parcela (NPP), número de bolsas por planta (NBP) y número de frutos por planta (NFP). El número de bolsas por parcela se calculó considerando el cociente entre el NBP y el NPP. El NFP se calculó con los datos de RPP y P10F:  $NFP = (RPP \times 10) / P10F$ . Los datos se tomaron al cosechar, a excepción del número de bolsas por familia, el cual se determinó a la octava semana del trasplante como la cantidad de frutos amarrados en ese periodo, pues una bolsa es una cubierta papirácea formada por el cáliz de la flor que rodea al fruto e indica la presencia de este. Se consideró una bolsa o un fruto amarrado aquel que presentara un tamaño de bolsa de 2 cm o mayor.

Los componentes de varianza genética se estimaron con el modelo  $Y_{ij} = \mu + \beta_j + f_i + E_{ij}$ , propuesto por Márquez-Sánchez y Sahagún-Castellanos (1994) para el análisis de varianza de FMHM, donde  $Y_{ij}$  es el valor de la variable en la  $i$ -ésima familia en el  $j$ -ésimo bloque,  $\mu$  es la media general,  $\beta_j$  es el efecto del  $j$ -ésimo bloque,  $f_i$  es el efecto de la  $i$ -ésima familia y  $E_{ij}$  es el error aleatorio en la  $i$ -ésima familia del  $j$ -ésimo bloque.

El formato de los análisis de varianza y covarianza se presenta en el Cuadro 1. Las estimaciones se hicieron

**Table 1. Analysis of variance and covariance structure for  $f$  families with  $r$  replications under a random model.**

**Cuadro 1. Estructura del análisis de varianza y covarianza para  $f$  familias con  $r$  repeticiones bajo un modelo aleatorio.**

SV <sup>1</sup> / FV <sup>1</sup>	DF / GL	MS / CM	MCP / PCM	E (MS) / E (CM)	FC (H <sub>0</sub> : $\sigma_{SV}^2 = 0$ ) / FC (H <sub>0</sub> : $\sigma_{FV}^2 = 0$ )
Blocks / Bloques	r-1	C <sub>1</sub>		$\sigma_e^2 + f\sigma_R^2$	C <sub>1</sub> / M <sub>2</sub>
Families / Familias	f-1	M <sub>1</sub>	MCP1 / PCM1	$\sigma_e^2 + r\sigma_F^2$	M <sub>1</sub> / M <sub>2</sub>
Error	Difference / Diferencia	M <sub>2</sub>	MCP2 / PCM2	$\sigma_e^2$	
Total	rf-1				

<sup>1</sup>SV = sources of variation; DF = degrees of freedom; MS = mean squares; MCP = mean cross products; E (MS) = expectations of mean squares; FC = F calculation for the hypothesis that the variance of the source of variation ( $\sigma_{SV}^2$ ) is equal to zero;  $r = 3$ ;  $f = 200$ .

<sup>1</sup>FV = fuentes de variación; GL = grados de libertad; CM = cuadrados medios; PCM = productos cruzados medios; E (CM) = esperanzas de cuadrados medios; FC = cálculo de F para la hipótesis de que la varianza de la fuente de variación ( $\sigma_{FV}^2$ ) es igual a cero;  $r = 3$ ;  $f = 200$ .

**Additive variance ( $\hat{\sigma}_A^2$ ).** It was obtained with the data from  $\hat{\sigma}_F^2$ :  $\hat{\sigma}_A^2 = 4\hat{\sigma}_F^2$ .

**Coefficient of additive genetic variation ( $CV_A$ ).** It was calculated with the estimated additive standard deviation ( $\hat{\sigma}_A$ ) and the phenotypic mean of the trait ( $\bar{X}$ ):  $CV_A = \left(\frac{\hat{\sigma}_A}{\bar{X}}\right) \times 100$ .

**Narrow-sense heritability ( $\hat{h}^2$ ).** It was estimated from the mean squares of the families ( $M_1$ ) and of the error ( $M_2$ ) of the analysis of variance (Table 1):  $\hat{h}^2 = \left(\frac{M_1 - M_2}{M_1}\right) \times 100$ .

**1- $\alpha$  confidence interval for  $\hat{h}^2$  ( $CI\hat{h}^2$ ).** The lower (Ll) and upper (Ul) limits of the interval were calculated from the mean squares of the families ( $M_1$ ) and of the error ( $M_2$ ), the degrees of freedom of the families ( $df_1$ ) and of the error ( $df_2$ ) (Table 1), and the values  $F_{df_1, 1-\alpha/2}^{df_2}$  and  $F_{df_1, \alpha/2}^{df_2}$  of the F distribution ( $\alpha = 0.05$ ):

$$Ll = \left\{ 1 - \left[ \left( \frac{M_1}{M_2} \right) F_{df_1, 1-\alpha/2}^{df_2} \right]^{-1} \right\} \times 100 \text{ and}$$

$$Ul = \left\{ 1 - \left[ \left( \frac{M_1}{M_2} \right) F_{df_1, \alpha/2}^{df_2} \right]^{-1} \right\} \times 100.$$

**Confidence interval width for  $\hat{h}^2$  ( $CIW$ ).** It was calculated as the difference between Ul and Ll.

**Heritability rate (RATE).** It represents the magnitude of the CIW compared to the  $\hat{h}^2$  point estimator:  $RATE = \frac{CIW}{\hat{h}^2}$ .

**Additive genetic correlation.** From the mean cross products of families ( $MCP_1$ ) and of the error ( $MCP_2$ ) of the analysis of covariance (Table 1), the covariance was calculated for families and for each pair of traits ( $COV_F$ ):  $COV_F = \frac{MCP_1 - MCP_2}{r}$ .

Using the result of the above formula, the additive covariance between two traits X and Y ( $COVA_{XY}$ ) was calculated:  $COVA_{XY} = 4COV_F$ . With the value obtained and the additive standard deviations of each pair of variables ( $\hat{\sigma}_{AX}$  and  $\hat{\sigma}_{AY}$ ), the coefficient of additive genetic correlation ( $\rho_{ga}$ ) was calculated:  $\rho_{ga} = \frac{COVA_{XY}}{\hat{\sigma}_{AX}\hat{\sigma}_{AY}}$ , and the t-test was used ( $\alpha = 0.05$ ) to determine its significance.

**Phenotypic correlations.** The Pearson correlation coefficient was calculated for each pair of variables with the SAS statistical package version 9.3 (SAS Institute Inc. [SAS], 2011). Variance components were obtained by the VARCOMP procedure. To calculate mean cross products ( $MCP = SCP/DF$ ), the sums of X - Y cross products (SCP) were obtained for families using the MANOVA option of the ANOVA procedure.

After obtaining the estimates, a comparative table was made of the results obtained from  $CV_A$ ,  $\hat{h}^2$ ,  $CI\hat{h}^2$ ,  $CIW$  and  $RATE$ , in contrast with previous studies carried out with

suponiendo herencia diploide, dos alelos por locus, equilibrio Hardy-Weinberg, equilibrio de ligamiento y ausencia de epistasis; para ello se emplearon las fórmulas propuestas por Peña-Lomelí et al. (2004), adaptadas a una sola localidad.

**Varianza entre familias ( $\hat{\sigma}_F^2$ ).** Se estimó con los cuadrados medios de familias ( $M_1$ ) y el error ( $M_2$ ) (Cuadro 1), así como el número de repeticiones ( $r$ ):  $\hat{\sigma}_F^2 = \frac{M_1 - M_2}{r}$ .

**Varianza aditiva ( $\hat{\sigma}_A^2$ ).** Se obtuvo con los datos de  $\hat{\sigma}_F^2$ :  $\hat{\sigma}_A^2 = 4\hat{\sigma}_F^2$ .

**Coefficiente de variación genético aditivo (CVA).** Se calculó con la desviación estándar aditiva estimada ( $\hat{\sigma}_A$ ) y la media fenotípica del carácter ( $\bar{X}$ ):  $CVA = \left(\frac{\hat{\sigma}_A}{\bar{X}}\right) \times 100$ .

**Heredabilidad en sentido estricto ( $\hat{h}^2$ ).** Se estimó a partir de los cuadrados medios de familias ( $M_1$ ) y del error ( $M_2$ ) del análisis de varianza (Cuadro 1):  $\hat{h}^2 = \left(\frac{M_1 - M_2}{M_1}\right) \times 100$ .

**Intervalo de confianza 1- $\alpha$  para  $\hat{h}^2$  ( $IC\hat{h}^2$ ).** Se calcularon los límites inferior (Li) y superior (Ls) del intervalo a partir de los cuadrados medios de familias ( $M_1$ ) y del error ( $M_2$ ), los grados de libertad de familias ( $gl_1$ ) y del error ( $gl_2$ ) (Cuadro 1), y los valores  $F_{gl_1, 1-\alpha/2}^{gl_2}$  y  $F_{gl_1, \alpha/2}^{gl_2}$  de la distribución F ( $\alpha = 0.05$ ):

$$Li = \left\{ 1 - \left[ \left( \frac{M_1}{M_2} \right) F_{gl_1, 1-\alpha/2}^{gl_2} \right]^{-1} \right\} \times 100 \text{ y}$$

$$Ls = \left\{ 1 - \left[ \left( \frac{M_1}{M_2} \right) F_{gl_1, \alpha/2}^{gl_2} \right]^{-1} \right\} \times 100.$$

**Amplitud del intervalo de confianza para  $\hat{h}^2$  ( $AMIC$ ).** Se calculó como la diferencia entre Ls y Li.

**Tasa de heredabilidad (TASA).** Representa la magnitud de la AMIC en comparación con el estimador puntual de  $\hat{h}^2$ :  $TASA = \frac{AMIC}{\hat{h}^2}$ .

**Correlación genética aditiva.** A partir de los productos cruzados medios de familias ( $PCM_1$ ) y del error ( $PCM_2$ ) del análisis de covarianza (Cuadro 1), se calculó la covarianza para familias y para cada pareja de caracteres ( $COV_F$ ):  $COV_F = \frac{PCM_1 - PCM_2}{r}$ .

Con el resultado de la fórmula anterior, se estimó la covarianza aditiva entre dos caracteres X y Y ( $COVA_{XY}$ ):  $COVA_{XY} = 4COV_F$ . Con el valor obtenido y las desviaciones estándar aditivas de cada par de variables ( $\hat{\sigma}_{AX}$  y  $\hat{\sigma}_{AY}$ ), se calculó el coeficiente de correlación genética aditiva ( $\rho_{ga}$ ):  $\rho_{ga} = \frac{COVA_{XY}}{\hat{\sigma}_{AX}\hat{\sigma}_{AY}}$ , y se utilizó la prueba de t ( $\alpha = 0.05$ ) para determinar su significancia.

**Correlaciones fenotípicas.** Se calculó el coeficiente de correlación de Pearson para cada pareja de variables con el paquete estadístico SAS versión 9.3 (SAS Institute

husk tomato in the M1-Fitotecnia, Verde Puebla and CHF1-Chapingo populations (Moreno-Maldonado et al., 2002; Peña-Lomelí et al., 2004; Peña-Lomelí et al., 2008).

## Results and discussion

Significant block and family effects ( $\alpha = 0.05$ ) were recorded for all traits except for W10F and NBP, which had no significant block and family effects (Table 2). Consequently, estimates of variance, coefficient of additive genetic variation, narrow-sense heritability, and additive genetic correlations for NBP were not calculated. On the contrary, YPP, NFP and W10F traits were found to be highly significant for family effects ( $\alpha = 0.01$ ). This indicates that there is additive genetic variation between families for these traits (Shimelis, 2018), which will be of interest to geneticists and plant breeders.

The  $CV_A$  ranged from 18.08 to 29.32 % in the three studied traits of the Gema population (Table 3). These values indicate that, for these traits, additive genetic variance can still be exploited to achieve significant gains by mass selection, since only a low response to

Inc. [SAS], 2011). Los componentes de varianza se obtuvieron mediante el procedimiento VARCOMP. Para calcular los productos cruzados medios (PCM = SPC/GL), se obtuvieron las sumas de productos cruzados  $X - Y$  (SPC) para familias mediante la opción MANOVA del procedimiento ANOVA.

Después de obtener las estimaciones, se realizó un cuadro comparativo de los resultados obtenidos de CVA,  $\hat{h}^2$ ,  $IC\hat{h}^2$ , AMIC y TASA, en contraste con estudios previos realizados con tomate de cáscara en las poblaciones M1-Fitotecnia, Verde Puebla y CHF1-Chapingo (Moreno-Maldonado et al., 2002; Peña-Lomelí et al., 2004; Peña-Lomelí et al., 2008).

## Resultados y discusión

Se registraron efectos significativos ( $\alpha = 0.05$ ) de bloques y familias en todos los caracteres excepto para P10F y NBP, los cuales no presentaron efecto significativo de bloque y de familias, respectivamente (Cuadro 2). En consecuencia, no se calcularon estimadores de varianza, coeficiente de variación genética aditiva,

**Table 2. Mean squares of the analysis of variance for four traits studied in the Gema population of husk tomato.**

**Cuadro 2. Cuadrados medios del análisis de varianza de cuatro caracteres estudiados en la población Gema de tomate de cáscara.**

SV <sup>1</sup> /FV <sup>1</sup>	DF/GL	YPP/RPP	NBP	NFP/	W10F/P10F
Blocks/Bloques	2	155,999.65**	26.80**	31.19*	254.10ns
Families/Familias	199	22,861.99**	4.20ns	10.92**	22,889.14**
Error	396	12,771.25	3.74	7.42	14,245.76
Total	597				
CV		28.30	39.97	36.98	23.51

<sup>1</sup>SV = sources of variation; DF = degrees of freedom; YPP = yield per plant (g·plant<sup>-1</sup>); NBP = number of bags per plant; NFP = number of fruits per plant; W10F = weight of ten fruits (g); \*, \*\* = significant with  $\alpha$  of 0.05 and 0.01, respectively.

<sup>1</sup>FV = fuentes de variación; GL = grados de libertad; RPP = rendimiento por planta (g·planta<sup>-1</sup>); NBP = número de bolsas por planta; NFP = número de frutos por planta; P10F = peso de diez frutos (g); \*, \*\* = significativo con un  $\alpha$  de 0.05 y 0.01, respectivamente.

**Table 3. Estimated genetic parameters for three traits in the Gema population of husk tomato.**

**Cuadro 3. Parámetros genéticos estimados para tres caracteres en la población Gema de tomate de cáscara.**

Estimator/Estimador	YPP <sup>1</sup> /RPP	NFP	W10F/P10F
$\hat{\sigma}_F^2$	3,363.58	1.17	2,881.13
$\hat{\sigma}_A^2$	13,454.32	4.66	11,524.50
$CV_A/CVA$	29.05	29.32	18.80
$\hat{h}^2$	44.14	32.03	37.8
$CI\hat{h}^2/IC\hat{h}^2$	(29.2, 56.3)	(13.9, 46.9)	(21.2, 51.3)
CIW/AMIC	27.10	33.00	30.20
RATE/TASA	0.61	1.03	0.80

<sup>1</sup>YPP = yield per plant (g); NFP = number of fruits per plant; W10F = weight of ten fruits (g);  $\hat{\sigma}_F^2$  = estimator of variance between families;  $\hat{\sigma}_A^2$  = estimator of additive variance;  $CV_A$  = coefficient of additive genetic variation (%);  $\hat{h}^2$  = narrow-sense heritability (%);  $CI\hat{h}^2$  = 1- $\alpha$  confidence interval for  $\hat{h}^2$  ( $\alpha = 0.05$ ); CIW =  $CI\hat{h}^2$  width; RATE =  $CIW/\hat{h}^2$ .

<sup>1</sup>RPP = rendimiento por planta (g); NFP = número de frutos por planta; P10F = peso de diez frutos (g);  $\hat{\sigma}_F^2$  = estimador de varianza entre familias;  $\hat{\sigma}_A^2$  = estimador de varianza aditiva; CVA = coeficiente de variación genética aditiva (%);  $\hat{h}^2$  = heredabilidad en sentido estricto (%);  $IC\hat{h}^2$  = intervalo de confianza 1- $\alpha$  para  $\hat{h}^2$  ( $\alpha = 0.05$ ); AMIC = amplitud de  $IC\hat{h}^2$ ; TASA =  $AMIC/\hat{h}^2$ .

mass selection with  $CV_A$  values less than 12 % has been detected in cross-pollinated populations (Sahagún, Molina, Castillo, & Sahagún, 1991). It is also possible to carry out genetic improvement by selection of half-sib or full-sib families, which would allow a better exploitation of the additive genetic variance, as suggested by Márquez-Sánchez (1985) for cross-pollinated populations, and Peña-Lomelí and Márquez-Sánchez (1990) for husk tomato.

The W10F trait had the smallest  $CV_A$  of the three traits (18.08 %). Given its origin, it is congruent to infer that in the Gema population it has a low  $CV_A$  for fruit size, since it presents little variation. According to Falconer and Mackay (2001), recurrent selection tends to decrease genetic variance as well as the response to selection. The YPP and NFP traits did not suffer a reduction in their additive variance because these traits were not the reason for selection at the origin of the population, which was reflected in the fact that the  $CV_A$  of W10F was the one with the lowest value in the Gema population, while the rest of the traits had higher values.

For YPP and NFP, in Gema a  $CV_A$  similar to that of M1-Fitotecnia and Verde Puebla was estimated, and all three populations were well above CHF1-Chapingo, which presented values of 10.4 and 14.9 %, respectively (Table 4). For the average weight per fruit (AWF), the  $CV_A$  observed in Gema is close to that of Verde

heredabilidad en sentido estricto, ni correlaciones genéticas aditivas para NBP. Por el contrario, los caracteres RPP, NFP y P10F resultaron ser altamente significativos para efectos de familias ( $\alpha = 0.01$ ). Esto indica que hay variación genética aditiva entre familias para dichas características (Shimelis, 2018), que será de interés para genetistas y fitomejoradores.

El CVA varió entre 18.08 y 29.32 % en los tres caracteres estudiados de la población Gema (Cuadro 3). Dichos valores indican que para estos caracteres aún se puede explotar la varianza genética aditiva para lograr avances significativos por selección masal, pues en poblaciones alógamas sólo se ha detectado una baja respuesta a la selección masal con valores de CVA menores a 12 % (Sahagún, Molina, Castillo, & Sahagún, 1991). También es posible realizar mejoramiento genético por selección de familias de medios hermanos o hermanos completos, lo cual permitiría una mejor explotación de la varianza genética aditiva, como sugieren Márquez-Sánchez (1985) para poblaciones alógamas, y Peña-Lomelí y Márquez-Sánchez (1990) para tomate de cáscara.

El carácter P10F presentó el CVA más pequeño de los tres caracteres (18.08 %). Dado su origen, es congruente inferir que en la población Gema tenga un bajo CVA para tamaño de fruto, pues presenta poca variación. De acuerdo con Falconer y Mackay (2001), la selección recurrente tiende a disminuir la varianza genética al igual que la respuesta a la selección. El RPP y el NFP no

**Table 4. Estimated genetic parameters for three traits in three different husk tomato populations.**

**Cuadro 4. Parámetros genéticos estimados para tres caracteres en tres poblaciones distintas de tomate de cáscara.**

Trait/ Carácter	Parameter/ Parámetro	M1-Fitotecnia (Moreno- Maldonado et al., 2002)	Verde Puebla (Peña-Lomelí et al., 2004)	CHF1-Chapingo (Peña-Lomelí et al., 2008)
YPP <sup>1</sup> /RPP <sup>1</sup>	$CV_A$	26.7	28.6	10.4
	$\hat{h}^2$	50.9	57.2	37.5
	$CI\hat{h}^2/IC\hat{h}^2$	(39.6.4, 59.4)	(40.2, 66.9)	(20.9, 51.2)
	CIW/AMIC	19.7	29.7	30.3
	RATE/TASA	0.38	0.52	0.81
	NFP	$CV_A$	32.7	28.7
$\hat{h}^2$		46.2	53.6	46.6
$CI\hat{h}^2/IC\hat{h}^2$		(33.8, 55.5)	(35.3, 67.4)	(32.3, 58.2)
CIW/AMIC		21.7	32.1	25.9
RATE/TASA		0.46	0.60	0.56
AWF/PPF		$CV_A$	26.9	15.1
	$\hat{h}^2$	65.7	53.8	52.8
	$CI\hat{h}^2/IC\hat{h}^2$	(57.8, 71.7)	(35.5, 67.5)	(40.2, 63.1)
	CIW/AMIC	13.8	32.0	22.9
	RATE/TASA	0.21	0.59	0.43

<sup>1</sup>YPP = yield per plant (g); NFP = number of fruits per plant; AWF = average weight per fruit (g);  $CV_A$  = coefficient of additive genetic variation (%);  $\hat{h}^2$  = narrow-sense heritability (%);  $CI\hat{h}^2 = 1 - \alpha$  confidence interval for  $\hat{h}^2$  ( $\alpha = 0.05$ ); CIW =  $CI\hat{h}^2$  width; RATE =  $CIW/\hat{h}^2$ .

<sup>2</sup>RPP = rendimiento por planta (g); NFP = número de frutos por planta; PPF = peso promedio por fruto (g); CVA = coeficiente de variación genética aditiva (%);  $\hat{h}^2$  = heredabilidad en sentido estricto (%);  $IC\hat{h}^2$  = intervalo de confianza  $1 - \alpha$  para  $\hat{h}^2$  ( $\alpha = 0.05$ ); AMIC = amplitud de  $IC\hat{h}^2$ ; TASA =  $AMIC/\hat{h}^2$ .



Puebla (15.1), and is intermediate between that of M1-Fitotecnia and CHF1-Chapingo. Under this parameter, in the Gema population, as in Verde Puebla, a high response to selection would be expected for YPP and NFP, since according to Kavithamani and Amalabalu (2017) the presence of genetic diversity is important to improve any crop. On the other hand, a moderate response is observed for AWF in these two populations, which belong to the Puebla race and are very large-fruited (Peña-Lomelí et al., 2011), so in selection only maintaining fruit size and selecting for YPP, where a higher gain is expected, is suggested. This is because breeding programs depend on wide genetic variability within the population (Suganthi, Rajamani, John, Suresh, & Renuka, 2018).

The  $\hat{h}^2$  estimated in the three traits of the Gema population ranged from 32.03 to 44.14 % (Table 3). According to the Espitia-Camacho, Araméndiz-Tatis, and Cardona-Ayala (2018) classification, the  $\hat{h}^2$  values of the traits show a moderate magnitude ( $20\% \leq \hat{h}^2 \leq 50\%$ ). From the point of view of this parameter, it is still possible to make genetic improvement by selection with technically and economically viable advances. However, the  $\hat{h}^2$  values obtained for Gema are lower than those of M1-Fitotecnia and Verde Puebla in the three traits compared, and only exceed CHF1-Chapingo in YPP (Table 4).

The  $CI\hat{h}^2$  width in Gema of the three traits (Table 3) was similar to that obtained in Verde Puebla and CHF1-Chapingo, although greater than that of M1-Fitotecnia (Table 4). The lowest width was obtained in YPP, while the highest occurred in NFP, the same traits that presented the lowest and highest heritability RATE respectively, so the precision was good (Knapp, Ross, & Stroup, 1987). That is, in the best case (YPP), where the  $\hat{h}^2$  point estimate was 44.14 %, the actual value of this parameter is between 29.2 and 56.3 % ( $\alpha = 0.05$ ), and for the worst case (NFP), where the  $\hat{h}^2$  point estimate was 32.03 %, the actual value is between 13.9 and 46.9 % ( $\alpha = 0.05$ ).

The results in the comparison between populations can be explained by their origin, since in the case of M1-Fitotecnia and Verde Puebla, the estimation of variance components was made after the first selection cycle, while Gema and CHF1-Chapingo are populations with six selection cycles. This implies that in the latter there was already a reduction in the additive variance for the selected traits (Falconer & Mackay, 2001), unlike the first ones in which the selection process began.

On the other hand, the greater magnitude of  $CV_A$  in the Gema population traits, compared to those of CHF1-Chapingo, is due to the differences in the target of their respective breeding programs. The Gema population started from the selection of plants with very large

sufrieron una reducción en su varianza aditiva debido a que estos caracteres no fueron motivo de selección en el origen de la población, lo cual se reflejó en que el CVA de P10F sea el que ostenta el valor más bajo dentro la población Gema, mientras que el resto de los caracteres presentaron valores más altos.

Para RPP y NFP, en Gema se estimó un CVA similar al de M1-Fitotecnia y Verde Puebla, y las tres poblaciones superaron ampliamente a CHF1-Chapingo, que presentó valores de 10.4 y 14.9 %, respectivamente (Cuadro 4). Para el peso promedio por fruto (PPF), el CVA observado en Gema es cercano al de Verde Puebla (15.1), y se encuentra intermedio entre el de M1-Fitotecnia y CHF1-Chapingo. Bajo este parámetro, en la población Gema, al igual que en Verde Puebla, se esperaría una respuesta alta a la selección para RPP y NFP, pues de acuerdo con Kavithamani y Amalabalu (2017) la presencia de diversidad genética es importante para mejorar cualquier cultivo. Por otro lado, se advierte una respuesta moderada para PPF en estas dos poblaciones, las cuales pertenecen a la raza Puebla y son de fruto muy grande (Peña-Lomelí et al., 2011), por lo que en la selección sólo se sugiere mantener el tamaño de fruto y seleccionar para RPP, donde se espera una mayor ganancia. Lo anterior debido a que los programas de mejoramiento dependen de la variabilidad genética amplia dentro de la población (Suganthi, Rajamani, John, Suresh, & Renuka, 2018).

La  $\hat{h}^2$  estimada en los tres caracteres de la población Gema varió entre 32.03 y 44.14 % (Cuadro 3). De acuerdo con la clasificación de Espitia-Camacho, Araméndiz-Tatis, y Cardona-Ayala (2018), las  $\hat{h}^2$  de los tres caracteres presentan una magnitud moderada ( $20\% \leq \hat{h}^2 \leq 50\%$ ). Desde el punto de vista de este parámetro, aún es posible hacer mejoramiento genético por selección con avances técnica y económicamente viables. No obstante, los valores de  $\hat{h}^2$  obtenidos para Gema son inferiores a los de M1-Fitotecnia y Verde Puebla en las tres características comparadas, y sólo superan en RPP a CHF1-Chapingo (Cuadro 4).

La amplitud de los  $IC\hat{h}^2$  en Gema de los tres caracteres (Cuadro 3) fue similar a la obtenida en Verde Puebla y CHF1-Chapingo, aunque mayor que la de M1-Fitotecnia (Cuadro 4). Se obtuvo la menor amplitud en el carácter RPP, mientras que la mayor se presentó en NFP, mismos caracteres que presentaron la menor y mayor TASA de heredabilidad, respectivamente, por lo que la precisión fue buena (Knapp, Ross, & Stroup, 1987). Es decir, en el mejor de los casos (RPP), donde la estimación puntual de la  $\hat{h}^2$  fue de 44.14 %, el valor real de este parámetro se encuentra entre 29.2 y 56.3 % ( $\alpha = 0.05$ ), y para el peor (NFP), donde la estimación puntual de la  $\hat{h}^2$  fue de 32.03 %, el valor real se encuentra entre 13.9 y 46.9 % ( $\alpha = 0.05$ ).

fruits in an intervarietal hybrid and has subsequently undergone six selection cycles, taking into account yield and fruit size. The CHF1-Chapingo variety was obtained through five cycles of mass selection and one of maternal half-sib family selection from the Rendidora variety (Peña-Lomelí et al., 2008), directing the selection towards yield and earliness. This also explains why Gema has a higher  $\hat{h}^2$  value than CHF1-Chapingo for yield, although because of its origin, Gema has a very low  $\hat{h}^2$  value for fruit size due to its low genetic variability.

Despite having a similar  $CV_A$  to those of CHF1-Chapingo (Peña-Lomelí et al., 2008) and Verde Puebla (Peña-Lomelí et al., 2004), the Gema population had a lower  $\hat{h}^2$  for the studied traits, which can be explained by the environmental effect, since  $\hat{h}^2$  measures the magnitude of the additive genetic variance as a function of total  $V_p$ , which is composed of the  $V_G$ ,  $V_E$  and  $V_I$ . Because it was only evaluated in one environment, there is no interaction variance, and the magnitude of the genetic variance is similar, so the differences in  $\hat{h}^2$  are attributed to the environment. This is consistent with what was stated by Hallauer et al. (2010), who indicate that if the environmental effects are increased, the heritability will be of lesser magnitude, due to the masking that the latter cause on the variance of the populations.

The phenotypic correlation between YPP and NFP was high and significant (Table 5), while for the additive genetic correlations of the same trait (YPP) it was significant with NFP and W10F, although the correlation was only high with NFP. This shows that there is a correspondence between phenotypic and additive genetic correlations between YPP and NFP, as their correlations were high, positive and significant in both cases, suggesting that there is an association between these traits. In practical terms, this means that focusing on either of these two traits is enough to modify the mean of the other (Hallauer et al., 2010). Because the heritability of YPP is greater than that of NFP, and the former variable is easier to assess, the Gema population breeding strategy can be directed at increasing

Los resultados en la comparación entre poblaciones pueden ser explicados por el origen de las mismas, pues en el caso de M1-Fitotecnia y Verde Puebla, la estimación de componentes de varianza se hizo después del primer ciclo de selección, mientras que Gema y CHF1-Chapingo son poblaciones con seis ciclos de selección. Lo anterior implica que en estas últimas ya hubo una reducción de la varianza aditiva para los caracteres seleccionados (Falconer & Mackay, 2001), a diferencia de las primeras en que se comenzaba el proceso de selección.

Por otro lado, la mayor magnitud de  $CVA$  en los caracteres de la población Gema, en comparación con los de CHF1-Chapingo, se debe a las diferencias del objetivo en el mejoramiento que cada una de ellas ha sufrido. La población Gema partió de la selección de plantas con frutos muy grandes en híbrido intervarietal y posteriormente sufrió seis ciclos de selección, tomando en cuenta rendimiento y tamaño de fruto. La variedad CHF1-Chapingo se obtuvo a través de cinco ciclos de selección masal y uno de selección familiar de medios hermanos maternos a partir de la variedad Rendidora (Peña-Lomelí et al., 2008), dirigiendo la selección hacia rendimiento y precocidad. Esto explica también que Gema presente un mayor valor de  $\hat{h}^2$  que CHF1-Chapingo para rendimiento, aunque por su origen, Gema presente un valor muy bajo de  $\hat{h}^2$  para el tamaño de fruto debido a su baja variabilidad genética.

A pesar de tener  $CVA$  similares a los de CHF1-Chapingo (Peña-Lomelí et al., 2008) y Verde Puebla (Peña-Lomelí et al., 2004), la población Gema tuvo una menor  $\hat{h}^2$  para los caracteres estudiados, lo cual puede explicarse por el efecto ambiental, ya que la  $\hat{h}^2$  mide la magnitud de la varianza genética aditiva en función de la  $V_p$  total, la cual se compone de la  $V_G$ ,  $V_E$  y  $V_I$ . Debido a que sólo se evaluó en un ambiente, no existe varianza de interacción, y la magnitud de la varianza genética es similar, por lo que las diferencias en  $\hat{h}^2$  son atribuidas al ambiente. Esto concuerda con lo afirmado por Hallauer et al. (2010), quienes indican que si se incrementan los efectos ambientales la heredabilidad será de menor

**Table 5. Phenotypic (above the diagonal) and genetic-additive (below the diagonal) correlations between three husk tomato traits in the Gema population.**

**Cuadro 5. Correlaciones fenotípicas (arriba de la diagonal) y genético-aditivas (debajo de la diagonal) entre tres caracteres de tomate de cáscara en la población Gema.**

	YPP <sup>1</sup> /RPP <sup>1</sup>	W10F/P10F	NFP
YPP/RPP		0.075	0.778**
W10F/P10F	0.232**		-0.506**
NFP	0.793**	-0.390**	

<sup>1</sup>YPP = yield per plant; W10F = weight of 10 fruits per family; NFP = number of fruits per plant, \*\*: significant with  $\alpha = 0.01$ .

<sup>1</sup>RPP = rendimiento por planta; P10F = peso de 10 frutos por familia; NFP = número de frutos por planta, \*\*: significativo con  $\alpha = 0.01$ .

YPP to make indirect improvement towards NFP, as noted by Peña-Lomelí et al. (2013) for husk tomato.

## Conclusions

Both the values of the coefficient of additive genetic variation and narrow-sense heritability indicate that it is possible to obtain significant gains through selective breeding and to derive new varieties from the Gema population.

The greatest genetic advances in the improvement of the Gema population through selection are expected for yield per plant and number of fruits per plant, although fruit size must be kept very large.

Due to the additive genetic correlation between yield per plant and number of fruits per plant, and to the higher heritability of the first trait, the Gema population breeding strategy can be directly focused on yield per plant, with which a gain in both traits would be expected.

### End of English version

## References / Referencias

- Espitia-Camacho, M., Araméndiz-Tatis, H., & Cardona-Ayala, C. (2018). Parámetros genéticos de las características biométricas del fruto y semillas en *Pachira aquatica* Aubl. *Revista UDCA Actualidad & Divulgación Científica*, 21(1), 33-42. doi: 10.31910/rudca.v21.n1.2018.660
- Falconer, D. S., & Mackay, T. F. C. (2001). *Introducción a la genética cuantitativa*. Zaragoza, España: Longman Group Limited.
- Hallauer, A. R., Miranda-Filho, J. D., & Carena, M. J. (2010). *Quantitative genetics in maize breeding*. New York: Springer. doi: 10.1007/978-1-4419-0766-0
- Kavithamani, D., & Amalabalu, P. (2017). Studies of genetic parameters on seed cotton yield and fibre quality traits in Egyptian cotton (*Gossypium barbadense* L.). *Journal of Cotton Research and Development*, 31(2), 186-193. Retrieved from <https://www.cabdirect.org/cabdirect/FullTextPDF/2018/20183247973.pdf>
- Kencharahutd, M., Mohanē, Y. C., Shankar, V. G., & Balram, M. (2018). Assessment of genetic variability in newly developed rice (*Oryza sativa* L.) hybrids. *Electronic Journal of Plant Breeding*, 9(3), 916-925. doi: 10.5958/0975-928X.2018.00114.X
- Kiebre, Z., Bationo-Kando, P., Barro, A., Sawadogo, B., Kiebre, M., Ouedraogo, M. H., ... & Zongo, J. D. (2017). Estimates of genetic parameters of spider plant (*Cleome gynandra* L.) of Burkina Faso. *International Journal of Agricultural Policy and Research*, 5(9), 138-144. doi: 10.15739/IJAPR.17.016
- Klug, W. S., Cummings, M. R., Spencer, C. A., & Palladino, M. A. (2013). *Conceptos de genética. Décima Edición*. Madrid: Pearson Educación.

magnitud, esto debido al enmascaramiento que éstos últimos originan sobre la varianza de las poblaciones.

La correlación fenotípica entre RPP y NFP resultó alta y significativa (Cuadro 5), mientras que para las correlaciones genéticas aditivas del mismo carácter (RPP) fue significativa con NFP y P10F, aunque la correlación solo fue alta con NFP. Con lo anterior se observa que hay una correspondencia entre las correlaciones fenotípicas y genéticas aditivas entre RPP y NFP, pues sus correlaciones resultaron altas, positivas y significativas en ambos casos, lo que sugiere que existe una asociación entre estos caracteres. En términos prácticos, significa que basta con enfocarse en cualquiera de estas dos características para modificar la media de la otra (Hallauer et al., 2010). Debido a que la heredabilidad de RPP es mayor que la de NFP, y la primera variable es más fácil de evaluar, la estrategia de mejoramiento de la población Gema puede dirigirse a incrementar RPP para hacer mejoramiento indirecto hacia NFP, como lo señalan Peña-Lomelí et al. (2013) para tomate de cáscara.

## Conclusiones

Tanto los valores del coeficiente de variación genética aditiva como de la heredabilidad en sentido estricto indican que es posible obtener avances significativos a través de mejoramiento por selección y derivar nuevas variedades a partir de la población Gema.

Los mayores avances genéticos en el mejoramiento de la población Gema mediante selección se esperan para rendimiento por planta y número de frutos por planta, aunque se debe mantener el tamaño de fruto muy grande.

Debido a la correlación genética aditiva entre el rendimiento por planta y el número de frutos por planta, y a la mayor heredabilidad del primer carácter, la estrategia de mejoramiento genético de la población Gema se puede enfocar directamente a rendimiento por planta, con lo que se esperaría un avance en ambas características.

### Fin de la versión en español

- Knapp, S. J., Ross, W. M., & Stroup, W. W. (1987). Precision of genetic variance and heritability estimates from sorghum populations 1. *Crop science*, 27(2), 265-268. doi: 10.2135/cropsci1987.0011183X002700020029x
- Márquez-Sánchez, F. (1985). *Genotecnia Vegetal: métodos, teoría, resultados. Tomo I*. México: AGT Editor, S.A.
- Márquez-Sánchez, F., & Sahagún-Castellanos, J. (1994). Estimation of genetic variances with maternal half-sib families. *Maydica*, 39(3), 197-201. Retrieved from [https://www.researchgate.net/publication/290921255\\_Estimation\\_of\\_genetic\\_variances\\_with\\_maternal\\_half-sib\\_families](https://www.researchgate.net/publication/290921255_Estimation_of_genetic_variances_with_maternal_half-sib_families)

- Molina-Galán, J. D. (1992). *Introducción a la genética de poblaciones y cuantitativa (algunas implicaciones en genotecnia)*. México: AGT Editor, S.A.
- Moreno-Maldonado, M., Peña-Lomelí, A., Sahagún-Castellanos, J., Rodríguez-Pérez, J. E., & Mora-Aguilar, R. (2002). Varianza aditiva, heredabilidad y correlaciones en la variedad M1-Fitotecnia de tomate de cáscara (*Physalis ixocarpa* Brot). *Revista Fitotecnia Mexicana*, 25(3), 231-237. Retrieved from <https://www.revistafitotecniamexicana.org/documentos/25-3/1a.pdf>
- Peña-Lomelí, A., Guerrero-Ramos, H., Rodríguez-Pérez, J. E., Sahagún-Castellanos, J., & Magaña-Lira, N. (2013). Selección temprana en familias de medios hermanos maternos de tomate de cáscara de la raza Puebla. *Revista Chapingo Serie Horticultura*, 19(1), 5-13. doi 10.5154/r.rchsh.2012.01.18
- Peña-Lomelí, A., Magaña-Lira, N., Montes-Hernández, S., Sánchez-Martínez, J., Santiaguillo-Hernández, J. F., Grimaldo-Juárez, O., & Contreras-Rodríguez, A. (2011). *Manual gráfico para la descripción varietal de tomate de cáscara (Physalis ixocarpa* Brot. ex Horm.). México: Servicio Nacional de Inspección y Certificación de Semillas-SAGARPA.
- Peña-Lomelí, A., & Márquez-Sánchez, F. (1990). Mejoramiento genético de tomate de cáscara (*Physalis ixocarpa* Brot.). *Revista Chapingo*, 15(71-72), 84-88.
- Peña-Lomelí, A., Mejía-Contreras, A., Rodríguez-Pérez, M. E., Carballo-Carballo, A., Rodríguez-Pérez, J. E., & Moreno-Maldonado, M. (2004). Parámetros genéticos de tomate de cáscara (*Physalis ixocarpa* Brot.) variedad Verde Puebla. *Revista Fitotecnia Mexicana*, 27(1), 1-7. Retrieved from <https://www.revistafitotecniamexicana.org/documentos/27-1/1a.pdf>
- Peña-Lomelí, A., Molina-Galán, J. D., Márquez-Sánchez, F., Sahagún-Castellanos, J., Ortiz-Cereceres, J., & Cervantes-Santana, T. (2002). Respuestas estimadas y observadas de tres métodos de selección en tomate de cáscara (*Physalis ixocarpa* Brot.). *Revista Fitotecnia Mexicana* 25(2), 171-178. Retrieved from <https://www.revistafitotecniamexicana.org/documentos/25-2/7a.pdf>
- Peña-Lomelí, A., Molina-Galán, J. D., Sahagún-Castellanos, J., Ortiz-Cereceres, J., Márquez-Sánchez, F., Cervantes-Santana, T., & Santiaguillo-Hernández, J. F. (2008). Parámetros genéticos en la variedad CHF1 Chapingo de tomate de cáscara (*Physalis ixocarpa* Brot.). *Revista Chapingo. Serie Horticultura*, 14(1), 5-11. doi 10.5154/r.rchsh.2006.11.046
- Sahagún, C. L., Molina, G. J. D., Castillo, G. F., & Sahagún, C. J. (1991). Efecto de la selección masal en las varianzas genéticas de la variedad de maíz Zac. 58. *Agrociencia*, 2(1), 65-79.
- Santiaguillo-Hernández, J. F., Cervantes-Santana, T., & Peña-Lomelí, A. (2004). Selección para rendimiento y calidad de fruto de cruza planta x planta entre variedades de tomate de cáscara. *Revista Fitotecnia Mexicana*, 27(1), 85-91. Retrieved from <https://www.revistafitotecniamexicana.org/documentos/27-1/11a.pdf>
- SAS Institute Inc. (SAS). (2011). *SAS/ QC 9.3 User's Guide, version 9.3*. Cary, N.Y., USA.: Author. Retrieved from <https://support.sas.com/documentation/cdl/en/qcug/63964/PDF/default/qcug.pdf>
- Servicio Nacional de Inspección y Certificación de Semillas (SNICS). (2019). *Catálogo Nacional de Variedades Vegetales*. Retrieved Noviembre 10, 2019 from <https://www.gob.mx/snics/articulos/catalogo-nacional-de-variedades-vegetales-en-linea>
- Sistema de Información Agroalimentaria y Pesquera (SIAP). (2017). *Atlas agroalimentario*. México: Author. Retrieved from <http://online.pubhtml5.com/clsi/ibhs/>
- Shimelis, D. (2018). Estimation of genetic parameters of sugarcane (*Sacharrum officinarum* L.) varieties grown at Arjo-Dedessa sugar Projest, Western Ethiopia. *International Journal of Advanced Research in Biological Sciences*, 5(8), 30-35. doi 10.22192/ijarbs.2018.05.08.005
- Suganthi, S., Rajamani, K., John, J. A., Suresh, J., & Renuka, R. (2018). Studies on genetic variability analysis in black nightshade (*Solanum nigrum* L. complex). *International Journal of Chemical Studies*, 6(3), 2551-2555. Retrieved from <http://www.chemijournal.com/archives/2018/vol6issue3/PartAK/6-3-302-722.pdf>
- Talukder, Z. H., Khan, M. H., Das, A. K., & Uddin, N. (2018). Assessment of genetic variability, heritability and genetic advance in bitter melon (*Momordica charantia* L) for yield and yield contributing traits in Bangladesh. *Scholar Journal of Applied Sciences and Research*, 1, 09-18. Retrieved from <http://innovationinfo.org/articles/SJASR/SJASR-6-161.pdf>