ESTIMACION DE LA HEREDITABILIDAD DE COMPONENTES DEL RENDIMIENTO EN EL FRIJOL COMUN

(Phaseolus vulgaris L.)

Tesis de Grado

de

Magister Scientiae

César Ventura Paniagua Guerrero

INSTITUTO INTERAMERICANO DE CIENCIAS AGRICOLAS DE LA OEA
Centro Tropical de Enseñanza e Investigación
Departamento de Cultivos y Suelos Tropicales
Turrialba, Costa Rica
Noviembre, 1973

ESTIMACION DE LA HEREDITABILIDAD DE COMPONENTES DEL RENDIMIENTO EN EL FRIJOL COMUN (*Phaseolus vulgaris* L.)

Tesis

Presentada al Consejo de la Escuela para Graduados
como requisito parcial para optar al grado

de

Magister Scientiae

en el

Instituto Interamericano de Ciencias Agrícolas de la OEA

APROBADA:

Antonio Pinchinat, Ph.D. — Consejero

Gilberto Páez, Ph.D. — Comité

Manuel Ruiz, Ph.D. — Comité

Jeremy Lawrence, Ph.D. — Comité

Noviembre 1973

A Irma y César Caonabo

AGRADECIMIENTO

El autor desea expresar su sincero agradecimiento:

Al Dr. Antonio Pinchinat, Consejero Principal, por su valiosa orientación en el desarrollo del presente trabajo de tesis.

A los miembros del Comité Consejero: Dr. Gilberto Páez, Dr. Manuel Ruiz y Dr. Jeremy Lawrence, por su asesoramiento.

Al Gobierno de Holanda, por haber auspiciado sus estudios de postgrado.

A la Secretaría de Agricultura, República Dominicana, por las facilidades brindadas para hacer realidad sus estudios.

A todas las personas que prestaron su colaboración en el presente trabajo.

BIOGRAFIA

El autor nació en San Juan de la Maguana, República Dominicana el 20 de Diciembre de 1945.

Realizó sus estudios de Bachillerato en el Liceo Eugenio María de Hosto, de Santo Domingo.

Ingresó en septiembre de 1964 en la Escuela Superior de Agricultura "Antonio Narro" de la Universidad de Coahuila, en México, donde en 1969 recibió el título de Ingeniero Agrónomo.

En ese mismo año ingresó a la Estación Experimental Arrocera-Juma de la Secretaría de Agricultura, prestando servicio en el Departamento de Mejoramiento de Plantas. En enero de 1970 fue promovido al cargo de Director de la Sub-estación Experimental Arrocera de la Zona Suroeste, desempeñando hasta septiembre de 1971.

En octubre de 1971 ingresó a la Escuela para Graduados del Instituto Interamericano de Ciencias Agrícolas de la OEA, en Turrialba, Costa Rica, realizando sus estudios en Fitomejoramiento, mediante una beca del Gobierno de Holanda, graduándose como Magister Scientiae en noviembre de 1973.

CONTENIDO

Página

1. INTRODUCCION 1

2. REVISION DE LITERATURA 2

2.1 Conceptos Básicos de la Hereditabilidad. . . . 2

2.2 Métodos para la Estimación de la Hereditabilidad 3
2.2.1 Método de regresión 3
2.2.2 Método de componentes de variancia. . . 4
2.2.3 Método factorial. 5

2.3 Algunos Valores de Hereditabilidad 5

2.4 Uso del Concepto de Hereditabilidad. 6

2.5 Limitación del Concepto de Hereditabilidad . . 7

2.6 Progreso Genético. 8

2.7 Correlaciones Fenotípica y Genotípica. 9

3. MATERIALES Y METODOS 10

3.1 Localización del Estudio 10

3.2 Descripción del Material 10

3.3 Definición de las Poblaciones y de la Muestra. 12

3.4 Cruzamientos 12

3.5 Manejo del Experimento 13
3.5.1 Invernadero 13
3.5.2 Campo 13

3.6 Diseño Experimental. 14

3.7 Recolección de Datos 14
3.7.1 Variables botánicos 14
3.7.2 Variables agronómicos 15

3.8 Análisis de la Información
3.8.1 Estimación de la hereditabilidad. . . . 15
3.8.2 Significancia estadística de la hereditabilidad 16
3.8.3 Estimación del progreso genético. . . . 17
3.8.4 Determinación de las correlaciones fenotípicas y genotípicas 17

4. RESULTADOS 19

4.1 Hereditabilidad. 19

4.2 Progreso Genético. 19

4.3 Correlaciones Fenotípicas y Genotípicas. . . . 22

Página

5. DISCUSION 25

6. CONCLUSIONES 28

7. RESUMEN 29

7a. SUMMARY 31

8. LITERATURA CITADA 33

9. APENDICE 37

LISTA DE CUADROS

Cuadro No.		Página
TEXTO		
1	Descripción de cuatro líneas puras de frijol común	11
2	Número de semillas por generación de frijol común	12
3	Medias, variancias, hereditabilidad y progreso genético esperado, en el experimento 1	20
4	Medias, variancias, hereditabilidad y progreso genético esperado, en el experimento 2	21
5	Coeficientes de correlaciones fenotípica y genotípica de siete caracteres en el experimento 1	23
6	Coeficientes de correlaciones fenotípica y genotípica de siete caracteres en el experimento 2	24
APENDICE		
1A	Suma de cuadrados del error (CE) de siete caracteres del experimento 1 (E_1) y experimento 2 (E_2)	37
2A	Suma de productos del error (SPE) en siete caracteres del experimento 1 (E_1) y experimento 2 (E_2)	38
3A	Determinación del coeficiente de correlación genotípica entre el diámetro del tallo (A) y el número de nudos por planta (B) en el experimento 1	39

1. INTRODUCCION

Se encuentra el frijol común (Phaseolus vulgaris L.) entre los cultivos más importantes, por el aporte sustancial de proteínas y la utilización en la dieta de la población. Sin embargo, resulta necesario mejorar genéticamente los rendimientos y la calidad comercial del grano, para aumentar la producción y ampliar el mercado del producto.

El problema a resolver estriba en la estimación de la hereditabilidad de los factores que más directa o indirectamente se asocian al rendimiento. La información obtenido podría servir para delinear el método correspondiente de mejoramiento genético más apropiado.

El objetivo general del presente trabajo consiste en determinar los componentes primarios de rendimiento y otros caracteres asociados al mismo, que tengan la más alta hereditabilidad, permitiendo así lograr el mayor éxito en la selección de líneas altamente productivas.

Los objetivos específicos son:

1- Estimar, en cuatro líneas de frijol común, la hereditabilidad del: a) diámetro del tallo, b) número de nudos por planta, c) longitud de vaina, d) número de vainas por planta, e) número de granos por vaina, f) peso individual del grano y g) rendimiento de grano por planta.

2- Calcular el progreso genético que puede lograrse con cada uno de esos caracteres.

3- Determinar el grado de correlación fenotípica y genotípica entre esas siete variables.

2. REVISION DE LITERATURA

2.1 Conceptos Básicos de la Hereditabilidad

La variación biológica total de un carácter se denomina variancia fenotípica y proviene de la variancia genotípica y la variancia ecológica (4). Cockerham (9) incluye además en la variancia fenotípica la variancia de la interacción entre el genotipo y el ambiente. Al describir el fenotipo de un carácter, debe expresarse esta acción conjunta en una forma linear, tal que: $A = u + a + e + ea$ en la cuál A denota el fenotipo; u, la media de la población; a, el genotipo; e, el ambiente; y ea, la interacción entre el genotipo y el ambiente (2).

Según Hayes et al. (21), la división de la variancia genotípica (V_a^2 ó V_G^2) en porciones aditivas (V_g^2), dominante (V_d^2), y epistática (V_i^2) fue propuesta originalmente por Fisher y posteriormente por Wright. En estudios posteriores se encontró que también pueden dividirse la variancia epistática (25) y la variancia de la interacción del genotipo con el ambiente (29).

Falconer (15) hace notar que la variancia aditiva es el componente importante en la variancia genética, puesto que es la causa principal del parecido entre parientes y, por lo tanto, el principal determinante de las propiedades genéticas observables de la población y de la respuesta de ésta a la selección. Además, es el único componente que puede ser estimado directamente.

Brim y Cockerham (5) trabajando con soya, encontraron que la variancia debido a dominancia fue de poca importancia, mientras que la variancia aditiva fue el componente principal en todos los caracteres estudiados.

La variabilidad en los cultivos autógamos después de la cuarta generación del cruzamiento, es aditiva ya que el efecto no aditivo de los genes casi desaparece por el aumento de la homozigosis (19).

El término hereditabilidad, de acuerdo con Lush (28), puede emplearse en dos formas: a) en sentido amplio, expresando la proporción de la variancia genética (V_G^2) en relación con la variancia fenotípica (V_F^2), o sea: $H = V_G^2/V_F^2$ y b) en sentido estricto, expresando la proporción de la variancia genética aditiva (V_g^2) en relación con la variancia fenotípica, o sea: $H = V_g^2/V_F^2$.

2.2 Métodos para la Estimación de la Hereditabilidad

Según Warner (38), los métodos utilizados en la determinación de la hereditabilidad son tres: método de regresión, método de componentes de variancia, y método de la igualación de la variancia ambiental de poblaciones genéticamente uniformes para estimar la variancia genética total (método factorial).

Todos estos métodos permiten estimar primero la porción de la variancia fenotípica que proviene de los efectos del ambiente y sus interacciones y despejar luego la variancia genética (12).

2.2.1 Método de regresión

Este método se usa en la determinación del grado de parecido entre familiares, proporcionando un medio para estimar la variancia aditiva. La medición del grado de parecido se basa en la partición de la variancia fenotípica en componentes correspondientes a la agrupación de los individuos en familias. Esos

componentes pueden ser estimados directamente usando los valores fenotípicos (15).

Si el grado de parecido entre familiares es alto, la aditividad es alta y por consiguiente la hereditabilidad es alta (37).

La estimación de la hereditabilidad por medio de la regresión de los descendientes con un padre, es igual a dos veces el coeficiente de regresión; con la media de ambos padres, la hereditabilidad será igual al coeficiente de regresión (15, 37).

2.2.2 Método de componentes de variancia

Según Allard (2), el método de componentes de variancia se emplea para medir los valores genotípicos, haciendo referencia a un conjunto de medios ambientes, generalmente los que ocurren a lo largo de un período de años en varias localidades dentro de zonas geográficas comparativamente homogéneas.

En este caso la variancia fenotípica de las líneas comparadas en R repeticiones, L localidades y Y años, se dá por la fórmula:

$$V^2_{F_2} = V^2_a + V^2_{al}/L + V^2_{ay}/Y + V^2_{aly}/LY + V^2_e/RLY \qquad [1]$$

Donde:

$V^2_{F_2}$ = variancia fenotípica

V^2_a = variancia genotípica

V^2_{al} = variancia de la interacción genotipo x localidad

V^2_{ay} = variancia de la interacción genotipo x año

V^2_{aly} = variancia de la interacción genotipo x localidad x año

V^2_e = variancia del error.

En este método la variancia genética se obtiene mediante manipulaciones algebraicas de las esperanzas matemáticas de los cuadrados de las medias provenientes del análisis de variancia (2).

La hereditabilidad estimada por el método de componentes de variancia, se da en sentido amplio por la fórmula: $H = V_a^2/V_{F_2}^2$ (2, 10, 20).

2.2.3 Método factorial

La hereditabilidad estimada por el método factorial se basa en la variación de la F_2 y la retrocruza con cada uno de los padres (38).

Para emplear este método se debe suponer: a) independencia entre la variancia ambiental y la variancia genotípica, b) efectos aditivos entre los loci, y c) magnitudes comparables de la variancia de la retrucruza y de la variancia de la F_2.

Este método tiene la ventaja de no requerir necesariamente la estimación de la variancia ambiental, y la hereditabilidad puede estimarse en sentido estricto (21).

2.3 Algunos Valores de Hereditabilidad

Los valores o índices de hereditabilidad se expresan generalmente en porcentaje (17).

Los índices de hereditabilidad obtenidos por Robinson *et al.* (34) para ocho caracteres en maíz (*Zea mays* L.), fueron muy similares en los tres métodos empleados, habiendo sido ligeramente superiores los valores estimados por el método de componentes de variancia; explican esos resultados con base en posibles interacciones entre el genotipo y el ambiente.

Johnson y Bernard (22), revisando los valores de hereditabilidad en soya (Glycine max L.), encontraron que los índices de hereditabilidad para X (número de vainas por planta), Y (número de granos por vaina) y Z (peso del grano individual), fueron de 36, 60 y 54%, respectivamente, pero el valor de hereditabilidad del rendimiento varió desde 25% a 53%. Gopani y Kabaria (18), también en soya, encontraron que el rendimiento (W) fue el carácter de más baja hereditabilidad con 11,5%; los otros valores calculados fueron 51,7% para X; 77,7% para Y y 82,2% para Z. Esta misma relación de hereditabilidades fue obtenida por Denis (12), en el frijol común.

Pinchinat (32) encontró que en frijol común tanto el rendimiento como sus componentes primarios, son caracteres muy variables, siendo el número de granos por vaina el más estable de todos. Utilizando el método de componente de variancia en dos poblaciones de soya, Johnson et al. (23) encontraron valores de hereditabilidad de 64,2 y 63,5% para el número de nudos por planta.

En dos cruzas con cuatro variedades diferentes de Phaseolus aureus Roxb., Sandra y Chandra (35) encontraron para la longitud de la vaina índices de hereditabilidad de 34,6% en la primera cruza y 14,6% en la segunda.

2.4 Uso del Concepto de Hereditabilidad

Para efectuar una elección juiciosa de progenitores dentro de un programa de fitomejoramiento es necesario entender la constitución genética del material con el cual se trabaja (2).

La función más importante de la hereditabilidad en el estudio genético de los caracteres es su papel predictivo, que expresa la confiabilidad del valor fenotípico como indicación del valor reproductivo (15).

La hereditabilidad se usa como ponderador de los caracteres por seleccionar, y su valor evidencia la importancia que debe darse a estos caracteres en la selección (36).

La estimación de la hereditabilidad para predecir la ganancia genética, provee a los programas de mejoramiento genético una ayuda útil (16) ya que el éxito de la selección de plantas mejoradas se relaciona estrechamente con la magnitud de la hereditabilidad del caracter considerado (21).

2.5 Limitaciones del Concepto de Hereditabilidad

Hasta ahora no está bien definido como el genotipo, el medio y sus interacciones influyen en el proceso de la selección. Son muy pocas las estimaciones que se han hecho evitando los errores debido a las interacciones genotipo-ambiente (2).

La estimación de la hereditabilidad puede diferir bajo diferentes ambientes. Así la hereditabilidad no es un parámetro poblacional estable pues varía con la precisión con la cual se estima la variancia ambiental (16).

Es importante apreciar que la hereditabilidad de un carácter cuantitativo no representa únicamente la propiedad del carácter, sino del carácter en una determinada población bajo circunstanciascias determinadas. Así el índice de hereditabilidad de un caracter puede cambiar con la generación y teóricamente resulta necesario estimar el valor en cada generación, para lograr una

mejor predicción de la respuesta a la selección. Sin embargo, en la práctica la respuesta a la selección permanece frecuentemente estable durante algunas generaciones, de forma que las predicciones basadas en las estimaciones de la hereditabilidad de una generación, mantendrán su nivel de exactitud durante algunas generaciones (40).

2.6 Progreso Genético

Por lo general es muy difícil hacer selecciones efectivas de genotipos deseados en generaciones segregantes, cuando tales genotipos estén condicionados por herencia cuantitativa. Si la práctica de selección no es efectiva, no hay progreso genético. Sin embargo, el conocimiento del índice de hereditabilidad puede ayudar a mejorar la eficiencia de la selección (29).

El progreso genético Δ_G conocido también como respuesta a la selección R, representa el producto de la selección diferencial S y la hereditabilidad H, es decir, $\Delta_G = SH$; o expresado en términos de intensidad de selección i, $\Delta_G = i\ \sigma\ H$. Donde σ es desviación estandar de la F_2. Por lo tanto, con estimaciones exactas de las desviaciones de las poblaciones y del índice de hereditabilidad, se puede predecir el progreso genético en generaciones siguientes (22).

Empig *et al.* (14) en *P. aureus* Roxb. encontraron ganancias genéticas bajas para el rendimiento y sus componentes; el valor más alto correspondió al número de vainas por planta, con un 15% sobre la media F_2. Johnson *et al.* (23) encontraron resultados semejantes en soya, además de ganancia genética del 11,1% para el número de nudos por planta.

2.7 Correlaciones Fenotípica y Genotípica

La determinación de los coeficientes de correlación entre los caracteres de interés permite, junto con las estimaciones de la hereditabilidad, orientar mejor el trabajo de selección.

Los coeficientes de correlación entre los componentes del rendimiento de grano han sido calculados en frijol común y otros cultivos (3, 11, 12, 18, 33). Entre esos componentes se encuentran correlaciones negativas, siendo generalmente bajas y poco frecuentes (11).

Pinchinat y Adamas (33) trabajando en frijol común, comprobaron que hay correlaciones fenotípicas positivas y generalmente muy altas entre el rendimiento (W) y el número de vainas por planta (X); bajas y positivas entre (W) y los demás componentes primarios Y (número de granos por vaina) y Z (peso del grano individual); bajas y negativas entre X y Y y entre X y Z; positivas pero muy bajas entre Y y Z.

Anand y Torrie (3) en soya, encontraron que X y Y están altamente asociados positiva y fenotípicamente con W.

Los resultados presentados por Johnson et al. (24) indican que el W tiene una ligera correlación genotípica y fenotípica positiva con el número de nudos por planta. Con este último carácter los componentes del rendimiento tuvieron una correlación positiva genotípica y fenotípica baja.

3. MATERIALES Y METODOS

3.1 Localización del Estudio

La presente investigación se llevó a cabo en los invernaderos del Programa de Cultivos Alimenticios (PCA) del IICA-CTEI y en el campo de la Estación Experimental de la Universidad de Costa Rica en San Antonio de Belén (Alajuela), Costa Rica.

3.2 Descripción del Material

De la colección de material genético del PCA se tomaron cuatro líneas puras de cultivares de frijol común cuyas características se indican en el Cuadro 1.

Esas líneas se escogieron de acuerdo con los planes de mejoramiento genético del frijol común en varios países latinoamericanos, particularmente El Salvador.

3.3 Definición de la Población y la Muestra

El trabajo se realizó con dos grupos de frijol: uno constituido por los frijoles de grano negro NH-154 y NH-401 y el otro, por los frijoles de grano rojo RH-29 y RH-228.

El grupo de frijoles de grano negro se llamará en adelante experimento 1 (E_1) y el de frijoles de grano rojo experimento 2 (E_2). Para las generaciones se contaba con los números de semillas indicados en el Cuadro 2.

En E_1, las generaciones tienen el siguiente significado:

P_1 y P_2 = los progenitores NH-154 y NH-401 respectivamente

F_1 = descendencia del cruzamiento de P_2 x P_1

RC_1 y RC_2 = descendencia del retrocruzamiento de F_1 x P_1 y F_1 x P_2 respectivamente

F_2 = descendencia de la F_1

Cuadro 1. Descripción de cuatro líneas puras de frijol común

Características	Líneas			
	NH-154	NH-401	RH-29	RH-228
Cultivar original	México 497	S-184-N	27-R	Rojo de Seda
Color de semilla	Negro brillante	Negro brillante	Rojo claro	Rojo ruoí
Forma de semilla	Elíptica	Elíptica	Oblongo	Oblongo
Color del hipocótilo	Rojo	Rojo	Verde	Rojo
Color de la flor	Morada	Morada	Lila	Blanca
Hábito de crecimiento 1/	Semi-guía	Guía	Arbustivo	Guía
Siembra a primera flor (días) 2/	31	30	30	30
Diámetro del tallo (mm)	5	6	5	4
Número de nudos por planta	12	23	12	17
Longitud de vaina (cm)	13,0	11,5	9,5	9,0
Número de vainas por planta	11	23	11	20
Número de granos por vaina	4,2	5,5	3,6	4,5
Peso de 100 granos (g)	49	25	49	28
Rendimiento de grano por planta(g)	25	34	19	15

1/ El tipo guía o semiguía es de crecimiento indeterminado y el tipo arbustivo, de crecimiento determinado.

2/ Intervalo entre la fecha de siembra y la aparición de la primera flor.

Cuadro 2. Número de semillas por generación de frijol común

Generación	Población	
	E_1	E_2
P_1	40	25
P_2	40	25
F_1	40	25
RC_1	80	50
RC_2	80	50
F_2	400	400

En E_2, las generaciones tienen el siguiente significado:

P_1 y P_2 = los progenitores RH-29 y RH-228 respectivamente

F_1 = descendencia del cruzamiento de P_1 x P_2

RC_1 y RC_2 = descendencia del retrocruzamiento de F_1 x P_1 y F_1 x P_2 respectivamente

F_2 = descendencia de la F_1

La diferencia de muestras entre las poblaciones se debió a la dificultad presentada en la línea RH-228 para hacer efectivos los cruzamientos. El tamaño de las muestras se basó en las indicaciones de Weber y Moorthy (39).

3.4 Cruzamientos

Los cruzamientos se realizaron emasculando la flor y frotándole el estigma con las anteras de la flor deseada conforme a la técnica que sugiere Buishard (6).

Se realizaron 100 cruzamientos directos e igual cantidad de cruzamientos recíprocos (para detectar posibles efectos maternos, los cuales no aparecieron). Una parte del material obtenido F_0

(semilla con endosperma maternal y embrión F_1), fue sembrado para obtener la F_1 y hacer los retrocruzamientos. Parte de la F_1 se volvió a sembrar para formar la generación F_2.

Para desechar posibles plantas derivadas de autofecundación en los cruzamientos, se utilizaron dos carácteres marcadores. En el cruce de NH-154 x NH-401, sirvió de marcador el color negro en la F_1 del pulvínulo de las hojas cotiledonares, que según las observaciones realizadas por el autor durante el experimento parece ser un caracter monofactorial dominante de negro sobre verde. En el cruce de RH-29 x RH-228, el carácter marcador utilizado fue el color rojo en la F_1 del hipocótilo, el cuál es monofactorial de acción dominante de rojo sobre verde (30).

3.5 Manejo del Experimento

3.5.1 Invernadero

Las semillas (P_1, P_2, F_0 y F_1) previamente tratadas con una mezcla de insecticida y fungicidas (Aldrín, PCNB, y Captan), fueron sembradas en latas circulares con capacidad de cuatro kilogramos de suelo. La densidad de siembra fue de dos semillas por lata. El suelo fue desinfectado con bromuro de metilo y abonado a razón de 100, 450 y 30 kg/ha de N, P_2O_5 y K_2O respectivamente. La humedad del suelo se controló por medio de tensiómetros colocados a diferentes alturas en diferentes latas (26). Se hicieron aplicaciones quincenales de Malatión y Tedión, para prevenir el desarrollo de insectos y arañitas rojas.

3.5.2 Campo

Las semillas (P_1, P_2, F_1, RC_1, RC_2 y F_2) fueron tratadas igual que para el invernadero. El control de insectos se hizo

con Sevin y la prevención de enfermedades con Dithane M-45. Se utilizó la misma fórmula de abonamiento del invernadero. Los experimentos 1 y 2 se sembraron en campos separados.

3.6 Diseño Experimental

Las siembras en el invernadero se realizaron sólo para efectos de cruzamientos, para ello se utilizó un arreglo sistemático de las plantas dentro del invernadero.

Para la siembra en el campo se empleó el diseño irrestrictamente al azar. La distancia entre surcos fue de 70 cm y entre plantas, de 20 cm. La longitud de surcos fue de 10 m. Se estableció un borde de protección de 2,5 m. El experimento 1, de 680 semillas, ocupó un área de 95,2 m^2 y el experimento 2, de 575 semillas, ocupó un área de 80,5 m^2.

3.7 Recolección de Datos

Las variables se clasificaron en botánicas, agronómicas y comerciales. La recolección de datos se hizo después de las cosechas individuales de las plantas y abarcó las variables siguientes:

3.7.1 Variables botánicas

Para la medición del diámetro del tallo (A) se usó un calibrador. Las mediciones se hicieron debajo de las hojas cotiledonares, ajustándose hasta la décima de milímetro.

El número de nudos por planta (B) se determinó contando los nudos soportando las hojas trifoliadas.

La longitud de la vaina (C) se calculó promediando la longitud de 10 vainas mediante una regla métrica.

3.7.2 Variables agronómicas y comerciales

El rendimiento (W) se evaluó con base en los componentes primarios: número de vainas por planta (X), número de granos por vaina (Y), y peso del grano individual (Z).

La variable X se determinó por medio del número total de vainas en cada planta con por lo menos una semilla viable.

La variable Y se obtuvo promediando el número de granos en 10 vainas.

La variable Z, se basó en el peso promedio del número de granos disponibles, limitándose a un máximo de 100 granos.

Tanto W como Z se refieren a grano conteniendo aproximadamente el 13% de humedad.

3.8 Análisis de la Información

3.8.1 Estimación de la hereditabilidad

La hereditabilidad en sentido estricto se estimó utilizando el método factorial propuesto por Warner (38), que consiste en determinar la variancia asociada con:

1. La F_2, dada por la fórmula

$$V^2_{F_2} = 1/2A + 1/4D + E \qquad [2]$$

donde:

$V^2_{F_2}$ = variancia de la F_2

A = efecto de acción aditiva de los genes

D = efecto de dominancia de los genes

E = efecto del ambiente

2. La variancia asociada con los retrocruzamientos

$$V^2_{RC_1} + V^2_{RC_2} = 1/2\ A + 1/2\ D + 2\ E \qquad [3]$$

donde:

$V^2_{RC_1}$ y $V^2_{RC_2}$ = variancia de los retrocruzamientos 1 y 2 respectivamente

A, D y E tienen el mismo significado que en el caso anterior.

Con base en las ecuaciones [2] y [3], se calculó la variancia genética aditiva, como

$$V^2_A = 1/2A \qquad [4]$$

Luego se estimó la hereditabilidad en sentido estricto, dada por la ecuación:

$$H = V^2_A/V^2_{F_2} \qquad [5] \text{ ó}$$

$$H = \left[2(V^2_{F_2}) - (V^2_{RC_1} + V^2_{RC_2})\right]/V^2_{F_2} \qquad [6]^*$$

3.8.2 Significancia estadística de la hereditabilidad

La estimación de la hereditabilidad no se puede especificar dentro de límites estrechos debido a que se refiere a relaciones de cantidades y las variancias de estas relaciones son difíciles de manejar. Sin embargo, Liang *et al.* (27) consideran que empleando la ecuación [6], se puede estimar la significancia estadística de la hereditabilidad por medio de una prueba aproximada

---

* Del análisis realizado por el autor y el Dr. Gilberto Páez, se desprende que se puede usar el cuadrado medio del error de un análisis de variancia conjunto de los retrocruzamientos, en lugar de la suma independiente de la variancia de cada retrocruzamiento. Con la consiguiente ventaja de este último en que el cuadrado medio combinado ya viene ponderado por los grados libres de cada una de las generaciones individuales.

de F (designada F^1) como una relación linear entre las variancias de la F_2, RC_1 y RC_2 (8). Así:

$$F^1 = 2V^2_{F_2}/(V^2_{RC_1} + V^2_{RC_2}) \qquad [7]$$

El número de grados de libertad para el numerador (GL_n) sale igual al de la F_2 y el número de grados de libertad para el denominador (GL_d), se calcula como:

$$GL_d = (V^2_{RC_1} + V^2_{RC_2})^2(GL_{RC_1}.GL_{RC_2})/\ (V^2_{RC_1})^2.GL_{RC_2} + (V^2_{RC_2})^2.GL_{RC_1} \qquad [8]$$

3.8.3 Estimación del progreso genético

Considerando un nivel de 5% de intensidad de selección (i= 2,06), se estimó el progreso genético esperado para cada caracter, utilizando la fórmula:

$$\Delta_G = i\ V_{F_2} H \qquad [9]$$

donde:

Δ_G = progreso genético

i = intensidad de selección

V_{F_2} = desviación estandar de la F_2

H = hereditabilidad

3.8.4 Determinación de las correlaciones fenotípica y genotípica

En la determinación de los coeficientes de correlación se emplearon las fórmulas propuestas por Weber y Moorthy (39):

$$r_{P_{XY}} = Cov_{XY_{F_2}}/V_{X_{F_2}}.V_{Y_{F_2}} \qquad [10]$$

$$r_{G_{XY}} = Cov_{XY_G}/V_{X_G}.V_{Y_G} \qquad [11]$$

donde:

$r_{P_{XY}}$ = coeficiente de correlación fenotípica de XY

$Cov_{XY_{F_2}}$ = covariancia de XY en la F_2

$V_{X_{F_2}}$ y $V_{Y_{F_2}}$ = desviaciones de X y Y en la F_2 respectivamente

$r_{G_{XY}}$ = coeficiente de correlación genotípica entre XY

Cov_{XY_G} = covariancia genotípica de XY

V_{X_G} y V_{Y_G} = desviaciones genéticas de X y Y respectivamente

Las correlaciones fenotípicas se calcularon en la forma usual (31).

Las correlaciones genotípicas se determinaron de la siguiente manera: el cuadrado medio del error (variabilidad entre plantas dentro de P_1, P_2 y F_1) se obtuvo de un análisis de variancia para un diseño irrestrictamente al azar de 3 tratamientos, siendo éstos, las generaciones P_1, P_2 y F_1. El cuadrado medio del error de estas generaciones se utilizó como la variancia ambiental. La covariancia ambiental provino de un análisis de covariancia para los diferentes caracteres entre las generaciones P_1, P_2 y F_1. La variancia y covariancia de la F_2, se obtuvieron de la generación F_2 y la variancia y covariancia genéticas provinieron de la variancia y covariancia de la F_2 menos la variancia y covariancia ambiental.

La variancia y covariancia genéticas provenientes de la variancia y covariancia de la F_2, así como la variancia y covariancia de P_1, P_2 y F_1, fueron calculadas con base en datos individuales de cada planta.

4. RESULTADOS

4.1 Hereditabilidad

En este trabajo la hereditabilidad fue estimada en sentido estricto y expresada como la porción de la variancia de la F_2 que corresponde a la variancia aditiva. Los Cuadros 3 y 4 muestran los índices de hereditabilidad, de los caracteres considerados en los experimentos 1 y 2 respectivamente. Los índices de hereditabilidad para diámetro del tallo (A), número de nudos por planta (B), y longitud de vaina (C), fueron altos y significativos en el experimento 1, pero no se detectó significancia estadística en el experimento 2.

La hereditabilidad estimada para el rendimiento, en ambas poblaciones, además de insignificante estadísticamente fue la más baja. En E_1 la hereditabilidad más alta fue para Y y en el E_2, para Z, siendo altamente significativos los valores correspondientes. Como W, la variable X tuvo una hereditabilidad estadísticamente insignificativa y relativamente baja en ambos experimentos.

4.2 Progreso Genético

Los resultados obtenidos en la estimación del progreso genético con base en el 5% de selección, se presentan en el Cuadro 3 para E_1 y en el Cuadro 4 para E_2. En ambos experimentos y en porcentajes excediendo la media de la F_2, el mayor progreso genético correspondió a B (73,4% en E_1 y 75,6% en E_2) y los más bajos valores correspondieron a Z en E_1 (22,2%) y a A en E_i (25,2%) y E_2 (15,7%). Los demás caracteres en ambos experimentos, así como Z en E_2 mostraron un progreso genético intermediario, oscilando entre 25,2% (A en E_1) a 64,4% (C en E_1).

Cuadro 3. Medias, variancias, hereditabilidad y progreso genético esperado, en el experimento 1

Estadísticas	Generación	No. de plantas	Carácter 1/ A	B	C	X	Y	Z	W
Media	P_1	20	5,21	12,30	13,37	11,80	6,10	0,33	24,45
	P_2	25	6,14	23,08	11,54	23,08	6,31	0,24	34,77
	F_1	31	5,13	22,35	11,70	21,29	5,83	0,28	34,93
	RC_1^1	45	5,23	17,67	11,07	16,22	4,64	0,29	21,60
	RC_1^2	67	5,48	21,95	10,79	20,82	5,46	0,26	29,11
	F_2	246	5,24	18,31	10,52	16,99	4,61	0,27	20,92
Variancia	P_1	20	0,2984	11,1784	8,2432	14,2737	0,6105	0,0011	101,8177
	P_2	25	0,3242	25,2433	3,9116	51,2433	0,5361	0,0006	122,5491
	F_1	31	0,3175	32,1032	5,4800	44,6129	0,2736	0,0003	143,4064
	RC_1^1	45	0,6497	84,0909	19,1185	56,5858	1,0939	0,0019	104,9326
	RC_1^2	67	0,6348	51,9222	9,7913	61,1189	1,1532	0,0012	192,1170
	F_2	246	0,9545	100,7792	22,2554	69,9550	1,8217	0,0022	178,1063
Variancia aditiva			0,6245	65,5453	15,5349	22,2052	1,3913	0,0014	45,2298
Hereditabilidad (%)			65,43**	65,04*	69,80*	31,74	76,37**	63,62*	25,39
Progreso genético 2/			1,32	13,45	6,78	5,48	2,39	0,06	6,98

1/ Las letras tienen el siguiente significado:

A Diámetro del tallo en mm
B Número de nudos por planta
C Longitud de vainas (en cm), promedio de 10 vainas
X Número de vainas por planta
Y Número de granos por vaina, promedio de 10 vainas
Z Peso promedio de un grano (en g), promedio de hasta 100 granos
W rendimiento por planta (en g)

2/ Al nivel de 5% de intensidad de selección
* Significativo ($P < 0,05$)
**Significativo ($P < 0,01$)

Cuadro 4. Medias, variancias, hereditabilidad y progreso genético esperado, en el experimento 2

Estadísticas	Generación	No. de plantas	Carácter 1/ A	B	C	X	Y	Z	W
Media	P_1	20	5,31	12,35	9,67	13,80	3,80	0,37	19,64
	P_2	22	4,22	17,14	8,90	12,68	4,62	0,27	15,54
	F_1	18	5,02	19,44	8,58	16,72	4,30	0,30	21,57
	RC_1	31	5,09	17,84	8,32	14,29	3,43	0,31	15,28
	RC_1	27	4,33	16,59	7,85	11,78	3,49	0,25	10,66
	F_2	284	4,91	19,96	7,75	13,34	3,07	0,28	11,99
Variancia	P_1	20	0,1862	6,5558	6,1063	8,9053	1,1916	0,0004	28,6798
	P_2	22	0,1349	36,5043	2,5714	20,6082	0,2647	0,0003	29,6599
	F_1	18	0,2921	25,0850	2,4065	19,6242	0,1629	0,0003	30,7666
	RC_1	31	1,1427	147,5398	7,0273	54,9462	0,5223	0,0016	75,8960
	RC_1	27	0,3671	38,9430	6,8336	20,4872	0,6167	0,0014	35,3080
	F_2	284	0,9378	136,2564	9,4913	47,6957	0,8952	0,0026	65,3110
Variancia aditiva			0,3638	86,0300	5,0217	19,9580	0,6516	0,0021	19,4180
Hereditabilidad (%)			38,79	63,13	52,91	41,94	72,79*	80,77**	29,73
Progreso genético 2/			0,77	15,10	3,36	5,94	1,41	0,08	4,95

1/ Las letras tienen el siguiente significado:

A Diámetro del tallo (en mm)
B Número de nudos por planta
C Longitud de vaina (en cm) promedio de 10 vainas
X Número de vainas por planta
Y Número de granos por vaina, promedio de 10 vainas
Z Peso promedio de un grano (en g), promedio de hasta 100 granos
W Rendimiento por planta (en g)

2/ Al nivel de 5% de intensidad de selección

* Significativo ($P < 0,05$)
**Significativo ($P < 0,01$)

El progreso genético para diámetro del tallo, fue bajo en las poblaciones 1 y 2. A la variable C, correspondieron valores intermediarios de progreso en ambos.

4.3 Correlaciones Fenotípicas y Genotípicas

La suma de cuadrados y la suma de producto de P_1, P_2, F_1 y F_2 para el cálculo de los coeficientes de correlaciones genotípicas para los experimentos 1 y 2 se presentan en el Apéndice en los Cuadros 1A y 2A.

El Cuadro 3A del Apéndice es un ejemplo de la forma como fueron calculados los coeficientes de correlación genotípica para los experimentos 1 y 2.

Los coeficientes de correlación fenotípica y genotípica entre los distintos caracteres estudiados se presentan en el Cuadro 5 para E_1 y el Cuadro 6, para E_2.

Las correlaciones más consistentes fenotípica y genotípicamente, en ambos experimentos fueron entre A y X, C y Y, C y W, X y W y entre Y y W, todas positivas y altamente significativas. Dentro del grupo de correlaciones fenotípicas, la más alta correspondió a la entre W y X en ambos experimentos y dentro del grupo de correlaciones genotípicas la más alta también correspondió a la entre W y X, pero sólo en E_2. En E_1, la correlación genotípica más alta correspondió no solamente a la entre W y X sino también a la entre W y B, igualmente positiva y altamente significativa.

Cuadro 5. Coeficientes de correlaciones fenotípicas y genotípicas de siete caracteres en el experimento 1

Caracter 1/	Correlación 2/	Caracter 1/ A	B	C	X	Y	Z
B	F	0,65**					
	G	0,29**					
C	F	0,20**	0,26**				
	G	0,21**	0,25**				
X	F	0,69**	0,69**	0,08			
	G	0,51**	0,73**	0,00			
Y	F	0,16*	0,24**	0,71**	0,08		
	G	0,19**	0,27**	0,74**	0,11		
Z	F	-0,05	-0,08	0,10	-0,05	-0,15	
	G	-0,06	0,09	-0,04	0,07	0,14*	
W	F	0,59**	0,66**	0,42**	0,82**	0,51**	0,11
	G	0,68**	0,75**	0,40**	0,75**	0,70**	0,02

1/ Las letras tienen el siguiente significado:

A Diámetro del tallo (en mm)
B Número de nudos por planta
C Longitud de vainas (en cm) promedio de 10 vainas
X Número de vainas por planta
Y Número de granos por vaina, promedio de 10 vainas
Z Peso promedio de un grano (en g), promedio hasta 100 granos
W Rendimiento por planta (en g)

2/ Las letras tienen el siguiente significado:

F Coeficiente de correlación fenotípica
G Coeficiente de correlación genotípica

* Significativo ($P < 0,05$)
** Significativo ($P < 0,01$)

El carácter Z fue el que estuvo menos correlacionado con los demás, con los coeficientes prácticamente nulos o muy bajos.

Entre las poblaciones, las correlaciones fenotípicas y genotípicas entre A y C, A y W, B y W y entre C y X no parecen ser muy consistentes.

Los demás coeficientes de correlación, fenotípica o genotípica, aunque estadísticamente significativos en ciertos casos, resultaron relativamente bajos desde el punto de vista práctico.

Cuadro 6. Coeficientes de correlaciones fenotípica y genotípica de siete caracteres en el experimento 2

Carácter 1/	Correlación 2/	Carácter 1/ A	B	C	X	Y	Z
B	F	0,62**					
	G	0,65**					
C	F	0,14*	0,13				
	G	0,10	0,15*				
X	F	0,46**	0,34**	0,17*			
	G	0,43**	0,25**	0,17*			
Y	F	-0,10	-0,21**	0,60**	0,21**		
	G	0,12	-0,22**	0,58**	-0,28**		
Z	F	0,00	-0,02	0,24**	-0,01	-0,01	
	G	0,00	0,00	0,30**	-0,01	0,00	
W	F	0,31**	0,19**	0,45**	0,83**	0,57**	0,22**
	G	0,22**	0,72**	0,45**	0,81**	0,70**	0,25**

1/ Las letras tienen el siguiente significado:

A Diámetro del tallo (en mm)
B Número de nudos por planta
C Longitud de vainas (en cm), promedio de 10 vainas
X Número de vainas por planta
Y Número de granos por vaina, promedio de 10 vainas
Z Peso promedio de un grano (en g), promedio de hasta 100 granos
W Rendimiento por planta (en g)

2/ Las letras tienen el siguiente significado:

F Coeficiente de correlación fenotípica
G Coeficiente de correlación genotípica

* Significativo ($P < 0,05$)
** Significativo ($P < 0,01$)

5. DISCUSION

El índice de hereditabilidad obtenido en los experimentos 1 y 2 para W es más bajo que el de cualquiera de los componentes primarios (X, Y y Z) y concuerda con lo obtenido por algunos investigadores en frijol común (12) o en soya (15, 23). La baja hereditabilidad de W indica que la variancia genética no aditiva y, más probablemente, el efecto ambiental constituyeron la mayor porción de la variancia fenotípica de la población F_2, para este carácter.

Cabe pensar que la mejora efectiva del rendimiento en esas poblaciones de frijol común, podría lograrse seleccionando para el número de granos por vaina, y para el número de vainas por planta, por sus altas y consistentes correlaciones fenotípicas y genotípicas positivas con el rendimiento. Duarte y Adams (13) concluyen que el número de vainas por planta es el componente más importante del rendimiento. En el mismo sentido podría seleccionarse también para el número de nudos por planta, por su alta y positiva correlación genotípica con el rendimiento. Además, tanto para el número de nudos por planta como para el número de granos por vaina, son altos los índices de hereditabilidad calculados. En cuanto a progreso genético, la prioridad para obtener un alto rendimiento se dará a el número de nudos por planta luego a el número de granos por vaina y finalmente a el número de vainas por planta. No se descuidaría tampoco la selección para altos valores de longitud de vaina, por la alta correlación fenotípica y genotípica positivas de esta variable con el número de granos por vaina.

Seleccionando para el peso del grano, como otro componente primario del rendimiento, sería difícil lograr la mejoría directa en el rendimiento, pues aunque tenga una heredatibilidad alta, fenotípica y genotípicamente la correlación positiva entre el rendimiento y el peso del grano es baja. En realidad el peso del grano se correlacionó muy débilmente con cualquier otro de los demás caracteres estudiados, además de dar lugar a progresos genéticos relativamente muy limitados en ambos experimentos. El bajo progreso genético correspondiente al peso del grano, se debió en gran parte a la estrecha magnitud de la variancia genotípica de esa variable a la F_2.

La tendencia de los valores de hereditabilidad de los componentes primarios del rendimiento concuerda con los resultados obtenidos por Gopani y Kabaria (18), en soya. Los rangos de los índices de hereditabilidad para el número de nudos por planta fueron casi iguales a los mencionados por Johnson et al. (23). Para la longitud de la vaina los valores de hereditabilidad encontrados en el presente estudio fueron mayores que los obtenidos por Sandra y Chandra (35) en frijol mung (Phaseolus mung L.).

El diámetro del tallo a pesar de no haberse asociado con un alto progreso genético, podría constituir un factor positivo favorable en la selección para altos rendimientos de grano. Este supuesto se apoya en que el diámetro del tallo y el rendimiento guardaron correlaciones fenotípicas y genotípicas sustanciales particularmente en el experimento 1, y al diámetro del tallo le correspondieron índices de hereditabilidad apreciables, especialmente en el experimento 1.

Es de especial interés que los coeficientes de correlación en su mayoría resultaron positivos, haciendo menos complicado el proceso de seleccionar por un conjunto de caracteres determinados. Los coeficientes de correlación negativos encontrados fueron tan bajos que, al parecer, no podrían constituir un problema serio de ligamiento indeseable de carácteres. Así pues, parecen halagadoras las posibilidades de desarrollar líneas que podrían alcanzar mayores rendimientos de grano mediante el incremento de los valores de los componentes primarios (X, Y, Z) y secundarios (A, B, C) de W. Esto concuerda con las observaciones de Pinchinat y Adams (33), y Coyne (11), en frijol común y con Weatherspoon (39) y Woodworth (42) en soya.

Respecto al rendimiento del grano en el frijol común, Adams (1) concibe el ideotipo como una planta que reuna: a) un número elevado de vainas, hasta el límite alcanzable por el número de posiciones nodales, b) un número de semillas por vaina lo suficientemente elevado para que este componente no constituya una limitación al tamaño del vertedero, c) vainas largas con paredes delgadas en la madurez, d) tallo de diámetro grande para que haya resistencia al volcamiento y mayor libertad para el transporte de agua y nutrimentos, e) un número de nudos tan alto como sea posible puesto que esto determina el número de racimos en la planta. El tamaño de la semilla no se define por estar sujeto a las preferencias del mercado.

De los resultados obtenidos en este trabajo se deduce que todos los caracteres estudiados, exceptuando tal vez el peso de la semilla, deben de tomarse en consideración en la estructuración de un ideotipo para rendimientos mayores en frijol común.

6. CONCLUSIONES

En las condiciones en que se realizó esta investigación y con las líneas de frijol utilizadas, se concluye que:

1. El rendimiento de grano de Phaseolus vulgaris L. no es un criterio satisfactorio para seleccionar exitosamente debido a su bajo índice de hereditabilidad.

2. Puede mejorarse el rendimiento, seleccionando en la F_2 para los mejores: número de nudos por planta, longitud de vaina, número de vainas por planta y número de granos por vaina.

3. Para el mismo propósito, convendría retener las plantas con el mayor diámetro del tallo.

4. El peso del grano individual no parece constituir un criterio prioritario para el mejoramiento del rendimiento de grano en el frijol común.

7. RESUMEN

Debido a la necesidad de conseguir una información útil, aplicable a un programa de selección para alto rendimiento en cuatro líneas de frijol común, se juzgó útil realizar el presente trabajo.

Se realizaron dos experimentos. En el primero (E_1) se utilizaron las líneas de frijoles de grano negro NH-154 y NH-401 y en el segundo (E_2), las líneas de frijoles de grano rojo RH-29 y RH-228. Ambos experimentos estuvieron formados por las generaciones P_1, P_2, F_1, RC_1, RC_2 y F_2. El diseño experimental fue irrestrictamente al azar.

Se estudiaron dos grupos de variables: botánicas y agronómicas.

Las variables botánicas consideradas fueron: diámetro del tallo (A), número de nudos por planta (B) y longitud de vaina (C). Las variables agronómicas abarcaron: número de vainas por planta (X), número de granos por vaina (Y), peso individual del grano (Z) y rendimiento de grano por planta (W).

La hereditabilidad fue determinada en sentido estricto por el método factorial y el progreso genético esperado se calculó con base en el 5% de intensidad de selección. Además se determinaron las correlaciones fenotípicas y genotípicas entre los caracteres estudiados.

Las hereditabilidades más altas en E_1 correspondieron a Y y en E_2, a Z; las más bajas correspondieron a W, en ambos experimentos.

En ambos experimentos el mayor progreso genético correspondió a B y los más bajos valores correspondieron a Z en E_1 y a

A en E_1 y E_2.

Dentro del grupo de correlaciones fenotípicas, la más alta correspondió a la entre W y X en ambos experimentos y dentro del grupo de correlaciones genotípicas, la más alta también correspondió a la entre W y X, pero sólo en E_2. En E_1, la correlación genotípica más alta correspondió no solamente a la entre W y X sino también a la entre W y B, igualmente positiva y altamente significativa.

En ambos experimentos la variable Z fue la que estuvo menos correlacionada con las demás, con los coeficientes prácticamente nulos o muy bajos.

Los coeficientes de correlación en su mayoría resultaron positivos haciendo menos complicado el proceso de seleccionar por un conjunto de caracteres determinados.

Los resultados obtenidos parecen indicar que se puede mejorar el rendimiento seleccionando plantas con los mejores: 1) número de nudos por planta, 2) longitud de vaina, 3) número de vainas por planta y 4) número de granos por vaina.

El diámetro del tallo a pesar de no presentar un alto progreso genético, podría constituir un factor positivo favorable en la selección para altos rendimientos de grano.

El peso del grano individual no parece constituir un criterio prioritario para el mejoramiento del rendimiento de grano en el frijol común.

No se mejoraría eficientemente el rendimiento de grano por selección directa de W, debido a la baja hereditabilidad y el bajo progreso genético asociados con este carácter.

7a. SUMMARY

The present work was carried out to obtain useful information, applicable to a breeding programme for high yield in four lines of the common bean.

Two experiments were carried out; the black grained lines NH-154 and NH-401 were used in the first (E_1), the red grained lines RH-29 and RH-228 in the second (E_2). The P_1, P_2, F_1, RC_1, RC_2 and F_2 generations were used in both experiments. Experimental design was strictly randomized.

Two groups of variables were studied; botanical and agronomical.

The botanical variables considered were stem diameter (A), number of nodes per plant (B) and pod length (C). The agronomical variables were number of pods per plant (X), number of grains per pod (Y), individual weight of grain (Z) and grain yield per plant (W).

Heritability was determined in its strict sense by the factorial method and the expected genetic progress was calculated based on the 5% selection intensity. The phenotypic and genotypic correlations were also determined between the studied characters.

The highest heritabilities corresponded to Y in E_1 and to Z in E_2; the lowest corresponded to W in both experiments.

The greatest genetic progress in both experiments corresponded to B with the lowest values corresponding to Z in E_1 and A in both E_1 and E_2.

Within the phenotypic correlations group, the highest correlation was between W and X in both experiments. Within the

genotypic correlations group, the highest correlation was also between W and X in E_2, but in E_1 the highest correlation was not only between W and X but also between W and B, both being equally positive and highly significant.

In both experiments the lowest correlation occurred between the Z variable and the other variables, correlation coeficients being close to nil or very low.

The correlation coeficients generally were positive thus facilitating the process of selection of a group of determined characters.

The results obtained seem to indicate that yield can be improved by selecting plants with the best: 1) number of nodes per plant, 2) pod length, 3) pod number per plant and 4) grain number per pod.

The stem diameter, in spite of not presenting a high genetic progress, could constitute a favorable positive factor in the selection of high grain yield.

Weight of individual grain does not seem to provide a useful criterion in breeding for higher grain yield in the common bean.

Grain yield can not be efficiently improved by direct selection of W, due to its low heritability and the low genetic progress associated with this character.

8. LITERATURA CITADA

1. ADAMS, M. W. Arquitectura vegetal y eficiencia fisiológica del frijol común. In Seminario sobre potenciales del frijol y otras leguminosas comestibles en América Latina. Febrero 26-Marzo 1, 1973. Cali, Colombia, 1973. p. 25 (en prensa)

2. ALLARD, R. W. Principio de la mejora genética de las plantas. Traducción del inglés por J. L. Montoya. Barcelona, Omega, 1967. pp. 102-121.

3. ANAND, S. C. y TORRIE, J. H. Heritability of yield and other traits and interrelationships among traits in the F_3 and F_4 generations of three soybeans crosses. Crop. Sci. 3: 508-511. 1963.

4. BREWBAKER, J. L. Genética agrícola. Traducción del inglés por H. sausa. México, D. F., UTHEA, 1967. pp. 8-14.

5. BRIM, C. A. y COCKERHAM, C. C. Inheritance of quantitative characters in soy bean. Crop Sci. 1:187-190. 1961.

6. BUISHAND, T. J. The crossing of bean (Phaseolus spp.). Euphytica 5:41-50. 1956.

7. CHANDRA, S. Heritability of some quantitative fodder characters in three crosses of sorghum (Sorghum vulgare Pers) and sudan grass (Sorghum sudanense (Piper) Stapf). Tropical Agriculture 47:251-255. 1970.

8. COCHRAN, W. C. Testing a linear relation among variances. Biometrics 7:17-32. 1951.

9. COCKERHAM, C. C. Analysis of quantitative gene action. In Genetics in Plant Breeding, report of symposium held. May 21-23, 1956. Upton, New York, 1956. pp. 53-68.

10. COMSTOCK, R. E. y ROBINSON, H. E. Genetics parameters, their estimation and significance. In International Grassland Congress, 6, 1952. Proceedings. Pennsylvania State College, 1951. v. 1, pp. 284-291.

11. COYNE, D. P. Correlation, heritability and selection of yield components in field beans, Phaseolus vulgaris L. Proc. Amer. Soc. Hort. Sci. 93:388-396. 1968.

12. DENIS, J. C. Estimación de la hereditabilidad del rendimiento y sus componentes primarios en el frijol común (Phaseolus vulgaris L.), correlaciones genotípicas y fenotípicas entre estos caracteres. Tesis Mag. Sci. Turrialba, Costa Rica, IICA, 1967. 46 p.

13. DUARTE, R. A. y ADAMS, M. W. A path coefficient analysis of some yield component interrelation in field beans (Phaseolus vulgaris L.) Crop Sci. 12:579-582. 1972.

14. EMPIG, T. L., LANTICAN, R. M. y ESCURO, P. B. Heritability estimates of characters in mung bean (Phaseolus aureus Roxb.). Crop Sci. 10:240-241. 1970.

15. FALCONER, D. S. Introducción a la genética cuantitativa. Traducción del inglés por F. Marquez Sánchez. 2 ed. México, D. F., Continental, 1970. pp. 167-168.

16. FREY, K. J. Plant breeding. A symposium held at Iowa State University. Ames, Iowa, The Iowa State Univ. Press, 1966. pp. 319-332.

17. _____ y HORNER, T. Heritability in standard units. Agron. J. 49:59-62. 1957.

18. GOPANI, D. D. y KABARIA, M. M. Correlation of yield with agronomic characters and their heritability in soybean (Glycine max L.). Indian J. Agri. Sci. 40:847-853. 1970.

19. GRAFIUS, J. E., NELSON, W. L. y DIRKS, V. A. The heritability of yield in barley as measured by early generation bulked progenies. J. Agro. 44:253-257. 1952.

20. HANSON, W. D. Heritability. In Statistical Genetics and Plant Breeding. National Academy of Sciences, National Research, Council, Publication no. 982. 1963. pp. 125-139.

21. HAYES, H. K., IMMER, F. R. y SMITH, D. C. Methods of plant breeding. 2 ed. New York, McGraw-Hill, 1955. pp. 487-496.

22. JOHNSON, H. W. y BERNARD, R. L. Soybeans genetics and breeding. Advances Agron. 14:149-218. 1962.

23. _____, ROBINSON, H. F. y COMSTOCK, R. E. Estimates of genetic and environmental variability in soybeans. Agron. J. 47:314-318. 1955.

24. _____, _____, _____. Genotypic and phenotypic correlations in soybeans and their implications in selection. Agron. J. 47:314-318. 1955.

25. KEMPTHORNE, O. The theoretical values of correlations between relatives in random mating populations. Genetics 40: 153-167. 1955.

26. LEGARDA, L. Influencia de la succión máxima del agua y del espacio aéreo del suelo sobre la producción de la variedad 27-R de frijol (Phaseolus vulgaris L.). Tesis Mag. Sci. Turrialba, Costa Rica, IICA, 1972. 120 p.

27. LIANG, G. H., REDDY, C. R. y DAYTON, A. D. Heterosis, inbreeding depression, and heritability estimates in a systematic series of a grain sorghum genotypes. Crop Sci. 12:409-411. 1972.

28. LUSH, J. L. Animal breeding plans. 3 ed. Ames, Iowa, Iowa State College Press, 1945. 90-114.

29. MATHER, K. y JONES, R. H. Interaction of genetic and environments in continuous variation. I. Description. Biometrics 14:343-359. 1958.

30. MØH, C. C. y ALAN, J. J. Correlation between seed-coat color and the seedling characters in Phaseolus vulgaris L. Turrialba 21:173-175. 1971.

31. PANSE, V. G. y SUKHATME, P. V. Métodos estadísticos para investigadores agrícolas. Traducción del inglés por Ana Ma. Flores y Ma. Guadalupe Lomelí. 2ed. México, FCE, 1963. pp. 101-130.

32. PINCHINAT, A. M. Variability of yield and yield components in bean. In Bean Improvement Coop. Ann. Rept. 9:29-30. 1966.

33. _____ y ADAMS, M. W. Yield components in beans, as affected by intercrossing and neutron irradiation. Turrialba 16:247-252. 1966.

34. ROBINSON, H. F., COMSTOCK, R. E. y HARVEY, P. H. Estimates of heritability and the degree of dominance in corn. Agron. J. 41:353-359. 1949.

35. SANDRA, G. A. y CHANDRA, S. Heritability of some quantitative characters in two crosses of bengal gram. Indian J. Genet. Plant Breeding 29:216-219. 1969.

36. SRB, A. M., AWEN, D. R. y EDGAR, R. S. Genética general. Traducción del inglés por G. Ribó. 2 ed. Barcelona, Omega, 1971. pp. 557-559.

37. STRICKBERGER, M. W. Genetics. 8 ed. New York, Macmillan, 1971. pp. 289-298.

38. WARNER, J. N. A method for estimating heritability. Agron. J. 44:427-430. 1952.

39. WEATHERSPOON, J. H. y WENTZ, J. B. A statistical analysis of yield factors in soybeans. J. Amer. Sco. Agron. 26: 524-531. 1934.

40. WEBER, C. R. y MOORTHY, B. R. Heritable and nonheritable relationships and variability of oil content and agronomic characters in the F_2 generation of soy bean crosses. Agron. J. 44:202-209. 1952.

41. WILLIAMS, W. Principios de genética y mejora de las plantas. Traducción del inglés por H. M. Noll. Zaragoza, España, Acribia, 1971. pp. 254-355.

42. WOODWORTH, C. M. Genetics of the soybean. J. Amer. Sco. Agron. 25:36-51. 1933.

9. APENDICE

Cuadro 1A. Suma de cuadrados del error (SCE) de siete caracteres del experimento 1 (E_1) y experimento 2 (E_2)

Caracteres[1/]	E_1		E_2	
	SCE[2/]	SCE[3/]	SCE[4/]	SCE[5/]
A	22,981	233,917	11,339	265,460
B	1781,141	24690,910	1317,588	38560,586
C	4150,251	54526,508	2109,375	26719,254
X	2839,430	17138,973	935,586	13497,877
Y	32,834	446,359	11,969	253,381
Z	0,043	0,551	0,018	0,727
W	9178,159	43636,695	1690,837	18483,348

1/ A = diámetro del tallo (en mm)
B = número de nudos por planta
C = longitud de vainas (en cm), promedio de 10 vainas
X = número de vainas por planta
Y = Número de granos por vaina, promedio de 10 vainas
Z = Peso promedio de un grano (en g), promedio de hasta 100 granos
W = rendimiento por planta (en g)

2/ SCE^2 de las generaciones P_1, P_2 y F_1, con GL = 90

3/ SCE^3 de la F_2 del E_1, con GL = 245

4/ SCE^4 de las generaciones P_1, P_2 y F_1 del E_1, con GL = 63

5/ SCE^5 de la F_2 del E_2, con GL = 283

Cuadro 2A. Suma de productos del error (SPE) en siete caracteres del experimento 1 (E_1) y experimento 2 (E_2)

Productos[1/]	E_1		E_2	
	SPE[2/]	SPE[3/]	SPE[4/]	SPE[5/]
AB	129,960	1568,266	62,142	1990,902
AC	58,409	724,219	44,237	389,016
AX	165,271	1393,078	59,051	875,547
AY	2,288	52,088	0,580	-26,614
AZ	-0,030	-0,572	0,126	0,089
AW	266,479	1916,113	82,174	698,879
BC	894,089	9771,752	191,890	4453,626
BX	1610,847	14297,955	745,578	7757,766
BY	40,787	827,102	-21,913	-658,418
BZ	0,588	-10,047	0,713	-3,504
BW	2806,058	21963,348	842,246	5135,751
CX	1043,090	2524,875	271,703	3327,250
CY	234,455	3548,547	114,107	1579,156
CZ	4,728	18,611	0,997	34,737
CW	3513,898	20847,004	887,289	10199,627
XY	12,043	242,992	-2,814	389,265
XZ	0,349	-5,548	-0,071	-1,379
XW	4661,415	22547,019	1128,812	13171,096
YZ	-0,081	-2,085	0,038	-0,261
YW	164,125	2255,508	49,200	1254,789
ZW	5,663	17,344	1,229	25,631

1/ A = diámetro del tallo (en mm)
B = número de nudos por planta
C = longitud de vainas (en cm), promedio de 10 vainas
X = número de vainas por planta
Y = número de granos por vainas, promedio de 10 vainas
Z = peso promedio del grano (en g), promedio de hasta 100 granos
W = rendimiento por planta (en g)

2/ SPE^2 de las generaciones P_1, P_2, y F_1 del E_1, con GL = 90

3/ SPE^3 de la F_2 del E_1, con GL = 245

4/ SPE^4 de las generaciones P_1, P_2 y F_1 del E_2, con GL = 63

5/ SPE^5 de la F_2 del E_2, con GL = 283

Cuadro 3A. Determinación del coeficiente de correlación genotípica entre el diámetro del tallo (A) y el número de nudos por planta (B) en el experimento 1

Símbolos	Valor	Símbolos	Valor	Símbolos	Valor
$\sigma^2_{A_{F_2}}$ 1/	0,935	$\sigma^2_{B_{F_2}}$ 4/	100,775	$Cov_{AB_{F_2}}$ 7/	6,400
$\sigma^2_{A_E}$ 2/	0,255	$\sigma^2_{B_E}$ 5/	19,788	Cov_{AB_E} 8/	4,300
$\sigma^2_{A_G}$ 3/	0,680	$\sigma^2_{B_G}$ 6/	80,987	Cov_{AB_G} 9/	2,100

10/

$$r_{G_{AB}} = \frac{Cov_{AB_G}}{\sqrt{\sigma^2_{A_G} \cdot \sigma^2_{B_G}}} = \frac{2,100}{\sqrt{0,680 \times 80,987}} = 0,29$$

Significado de los símbolos:

1/ $\sigma^2_{A_{F_2}}$ = variancia fenotípica de A en la F_2

2/ $\sigma^2_{A_E}$ = variancia fenotípica de A en promedio de las generaciones P_1, P_2 y F_1.

3/ $\sigma^2_{A_G}$ = variancia genética de A, igual a $\sigma^2_{A_{F_2}} - \sigma^2_{A_E}$

4/ $\sigma^2_{B_{F_2}}$ = variancia fenotípica de B en la F_2

5/ $\sigma^2_{B_E}$ = variancia fenotípica de B en promedio de las generaciones P_1, P_2 y F_1.

6/ $\sigma^2_{B_G}$ = variancia genética de B, igual a $\sigma^2_{B_{F_2}} - \sigma^2_{B_E}$

7/ $Cov_{AB_{F_2}}$ = covariancia fenotípica de AB en la F_2

8/ Cov_{AB_E} = covariancia fenotípica de AB en promedio de las generaciones P_1, P_2 y F_1.

9/ Cov_{AB_G} = covariancia genotípica de AB, igual a $Cov_{AB_{F_2}} - Cov_{AB_E}$

10/ $r_{G_{AB}}$ = coeficientes de correlación genotípica de AB