CENTRO AGRONOMICO TROPICAL DE INVESTIGACION Y ENSEÑANZA
SUBDIRECCION GENERAL ADJUNTA DE ENSEÑANZA
PROGRAMA DE POSGRADO

DESCRIPCION SISTEMATICA Y PARAMETROS GENETICOS PARA CARACTERISTICAS CUALITATIVAS Y CUANTITATIVAS EN LA COLECCION DE BATATA *Ipomoea batatas* (L.) Lam. DEL CATIE

Tesis sometida a la consideración del Comité técnico Académico del Programa de Estúdios de Posgrado en Ciencias Agrícolas y Recursos Naturales del Centro Agronómico Tropical de Investigación y Enseñanza para optar al grado de

Magister Scientiae

por

ANTONIO JOSE LOPEZ MONTES

Centro Agronómico Tropical de Investigación y Enseñanza
Turrialba, Costa Rica
1991

Esta tesis ha sido aceptada, en su presente forma, por la Coordinación del Programa de Estudios de Posgrado en Ciencias Agrícolas y Recursos Naturales Renovables del CATIE y aprobada por el Comité Asesor del estudiante como requisito parcial para optar al grado de:

MAGISTER SCIENTIAE

COMITE ASESOR:

Jorge Morera Monge, Ph. D
Profesor Consejero

Elkin Bustamante, Ph. D
Miembro del Comité

Pedro Ferreira, Ph. D
Miembro del Comité

Assefaw Tewolde, Ph. D
Miembro del Comité

Ramón Lastra, Ph. D
Coordinador, Programa de Estudios de Posgrado

Antonio José López, M. Sc
Candidato

DEDICATORIA

A la memoria de mi padre Antonio José que hoy cumple uno de sus sueños.

A mi adorada madre Antonia María por su amor, sacrificio y apoyo.

Al amor de mi vida Elba Rosa por su constante y sincero amor, por su sacrificio y apoyo en esta y todas las etapas que nos faltan.

A mis dos hijos Miguel Fernando y Margarita Rosa por hacerme sentir el padre más feliz del mundo.

A mis hermanos Cristobal, Carmen, César, Esperanza, Ludín, Socorro y mi cuñado Raúl, quienes han sido piezas fundamentales en mi proceso de formación.

A todos mis sobrinos y demás familiares:

Con mucho afecto.

AGRADECIMIENTOS

Agradecimientos sinceros al Instituto Colombiano Agropecuario (ICA) por hacer posible la relización de esta maestría.

A mi profesor consejero Dr. Jorge Morera Monje por su apoyo y motivaciones incondicionales.

A mis maestros Drs. Assefaw Tewolde y Pedro Ferreira por sus enseñanzas, confianza y motivaciones para el futuro.

Al Dr. Elkin Bustamante por sus recomendaciones, aportes y consejos.

Al Mag. Sc. Orlando Arboleda por su valiosa revisión del escrito final.

Al Instituto Colombiano de Estudios Técnicos en el Exterior (ICETEX) por su cordinación efectiva en la parte económica.

A los Drs. Pedro León Gómez, Julio César Toro y Luis E. López por su apoyo decisivo en los inicios de mi formación técnica en raíces y tubérculos.

Al CATIE por acogerme entre sus estudiantes.

A Jhony Montenegro por su valiosa colaboración en el procesamiento de los datos.

A todos los compañeros y personal del CATIE que de una u otra forma hicieron posible el cumplimiento de esta etapa:

Muchas gracias.

INDICE

página

DEDICATORIA iii
AGRADECIMIENTOS iv
INDICE v
RESUMEN vi
SUMMARY vii
LISTA DE CUADROS viii
LISTA DE FIGURAS xi

I. INTRODUCCION 1

II. REVISION DE LITERATURA 3

1. Descriptores y la descripción. 3
2. Taxonomía numérica. 4
3. Valor discriminativo de un descriptor. 7
4. Relaciones genéticas de las características de la batata. 8

III. MATERIALES Y METODOS 12

1. Descripcion de la coleccion de batata. 12
1.1. Lugar de realización. 12
1.2. Clima y Suelo. 12
1.3. Material experimental y proceso de multiplicación. 12
1.4. Variables y registro. 12
1.5. Procesamiento y análisis de los datos. 14
1.5.1. Criterio de Agrupamiento y disimilitud. 16
1.5.2. Determinación del valor discriminativo de los descriptores. 16

2. Evaluación de progenies versus progenitores. 19
2.1. Lugar de realización. 19
2.2. Clima y suelo. 19
2.3. Material experimental y proceso de multiplicación. 19
2.4. Diseño experimental. 20
2.5. Variables y registro. 20
2.6. Procesamiento y análisis de los datos. 21

IV. RESULTADOS Y DISCUSION 25

1. Descripción de la colección. 25
1.1. Relación entre tipos de agrupamiento. 25
1.2. Relación entre grupos de clones. 28
1.3. El valor discriminativo de los descriptores. 31
1.3.1. Valor discriminativo de descriptores cualitativos para separar grupos en el agrupamiento tipo 1. 31
1.3.2. Valor discriminativo de descriptores cuantitativos para separar grupos en el agrupamiento tipo 1. 33

página

1.3.3. Valor discriminativo de descriptores cualitativos para separar clones en el agrupamiento tipo 1. 34
1.3.4. Valor discriminativo de descriptores cuantitativos para separar clones en el agrupamiento tipo 1. 35
1.4. Clasificación de los grupos: Agrupamiento tipo 1. 41
1.5. Clasificación de los grupos: Agrupamiento tipo 2. 57
1.6. Características de los grupos. 61
1.7. Relaciones entre clones dentro de grupos. 73
1.8. Relación entre descriptores. 84

2. Evaluación de progenies. 89
2.1. Parámetros genéticos. 89
2.1.1. Estimación del indice de herencia. 92
2.1.2. Correlaciones genéticas fenotípicas y ambientales 98
2.1.3. Agrupamiento de descriptores con base en la correlación genética. 106

V. CONCLUSIONES. 110

LITERATURA CITADA. 113

APENDICE. 117

LOPEZ, A.J. 1991. Descripción sistemática y parámetros genéticos para características cualitativas y cuantitativas en la colección de batata Ipomoea batatas (L.) Lam. del CATIE. Tesis Mag.Sc., Turrialba, Costa Rica. CATIE. 132 p.

Palabras claves: Batata, *Ipomoea batatas* (L.) Lam., descripción sitemática, descriptores, valor discriminativo, agrupamiento, indice de herencia, correlaciones genéticas, fenotípicas y ambientales.

Se hizo un estudio de la descripción sistemática de 106 introducciones de Ipomoea batatas (L.) Lam. en Turrialba, Costa Rica, a 602 msnm, 9o 53´ LN y 83o 38´ LO. Se consideraron 14 progenitores y 64 de sus progenies producto de un ciclo de policruzas y en los cuales se estimó el índice de herencia (h^2), correlaciones genéticas (r_g), fenotípicas (r_f) y ambientales (r_A) en Turrialba y Guácimo mediante análisis de covarianzas cruzadas, utilizando la relación progenies progenitores. La descripción se hizo empleando el análisis por conglomerados de mínima varianza, el valor discriminativo "D" de descriptores cualitativos y cuantitativos y análisis de frecuencia.

Se escogieron dos tipos de agrupamiento. Cada uno con siete conglomerados. El tipo 1 con base en 52 descriptores y el tipo 2 con base en diez. El tipo 1 se consideró el más apropiado para fines de mejoramiento, dado que agrupó más clones con caracteres deseables. El tipo 2 fue complementario. Los descriptores pigmentación de venas en el envés, el color de la pulpa, el color predominante de la raíz, el hábito de crecimiento de la planta, y el color y tipo de lóbulos de la hoja madura, tuvieron suficiente valor discriminativo para separar clones y grupos de clones. Estos descriptores han sido utilizados por El Centro Internacional de la Papa (CIP) en Perú y El Highland Agricultural Experiment Station (HAES) en Papúa Nueva Guinea para describir grandes colecciones. Por lo tanto se pueden utilizar para descripción inicial de cualquier colección de batata. Los descriptores cualitativos con mayor poder discriminativo fueron los que tuvieron estados de 4 a 10, mientras que para los cuantitativos, fueron los que tuvieron más diferencias significativas entre grupos. El h^2 y r_g, r_f y r_A variaron con la localidad, indicando la existencia de interacción genotipo x ambiente. La magnitud de las correlaciones genéticas indicó la posible ausencia de asociación consistente en poblaciones para otras poblaciones segregantes, limitando el progreso de un programa de selección. Se prevee poca efectividad de selección simultánea para varios de los caracteres estudiados, debido a la alta magnitud de las correlaciones ambientales.

LOPEZ, A. J. 1991. Systematic description and genetic parameters for qualitative and quantitative characteristics in CATIE's sweetpotato *Ipomoea batatas* (L.) Lam. collection. Thesis. Mag. Sc., Turrialba, Costa Rica. CATIE. 132 p.

Key words: Sweetpotato, *Ipomoea batatas*, Systematic description, descriptors, discriminative value, cluster analysis, clustering, hereability, genetic, phenotypic and environmental correlations.

SUMMARY

A systematic description of 106 accessions of *Ipomoea batatas* (L.) Lam. was obtained in Turrialba, Costa Rica, at 602 masl, 9° 53' LN and 83° 38' LO, by cluster analysis of minimum variance, discriminative value and frequency analysis. Data of 24 traits were collected from 14 parent clones and 64 of their open pollinated offspring in a test with 3 replication and grown under 2 environments (Turrialba and Guácimo). Heredability, genotypic, phenotypic and environmental correlations were obtained by cross covariance analysis with the parent-offspring relation.

Two clustering type were chosen. Each clustering had seven clusters. The type 1 was obtained with 52 descriptors and the type 2 with 10 descriptors. The Type 1 was considered the most appropriate for breeding objectives because it clustered more clones with desirable characters; however the type 2 was complementary. The abaxial leaf vein pigmentation, storage root flesh color, predominant root skin color, plant type, mature leaf color, and the type of leaf lobing were the most discriminative descriptors between and within clusters.

The heredability (h^2), the genetic, phenotypic and environmental correlations were different with the location; showing the existence of genotype x environment interactions. The correlations magnitude indicates a possible absence consistent genetic associations in other segregant populations, limiting the selection program progress. This work point out the reduced effectiveness of simultaneous selection for several of the characters studied, because of the magnitude of environmental correlations.

LISTA DE CUADROS

Página

Cuadro 1. Lista de introducciones de *Ipomoea batatas* del CATIE 13

Cuadro 2. Lista de descriptores de *Ipomoea batatas* utilizados en la descripción de los 106 clones de la colección del CATIE. 15

Cuadro 3. Dependencia entre los dos tipos de agrupamiento de *Ipomoea batatas*. 26

Cuadro 4. Número de clones de *Ipomoea batatas* coincidentes por grupo según los dos tipos de agrupamiento. 26

Cuadro 5. Composición de los grupos a través de los clones coincidentes, según su identificación en los dos tipos de agrupamiento. 27

Cuadro 6. Descriptores cualitativos claves para la discriminación de los siete grupos de clones de *Ipomoea batatas* en el agrupamiento tipo 1. 32

Cuadro 7. Descriptores cuantitativos ordenados por su valor discriminativo "D" para separar grupos de clones de *Ipomoea batatas* en el agrupamiento tipo 1. 34

Cuadro 8. Descriptores cualitativos ordenados por su valor discriminativo "D" para separar clones de *Ipomoea batatas* en el agrupamiento tipo 1. 35

Cuadro 9. Descriptores cuantitativos utilizados para la discriminación de 106 clones de *Ipomoea batatas*, evaluados de acuerdo al valor "D" y "Dw" de Engels (1983a), en el agrupamiento tipo 1. 38

Cuadro 10. Descriptores cuantitativos utilizados para la descripción de los 106 clones de *Ipomoea batatas* y sus estadísticas descriptivas. 39

Cuadro 11. Descriptores cuantitativos utilizados para discriminar 106 clones de Ipomoea batatas, evaluados por su valor de F en el agrupamiento tipo 1. 40

Cuadro 12. Comparación del valor discriminativo Dw de diez descriptores cuantitativos de *Ipomoea batatas* con las pruebas de rango múltiple de Duncan y Tukey. 40

Cuadro 13. Porcentaje de clones del agrupamiento tipo 1, según trece descriptores discriminantes. 64

Cuadro 14. Porcentaje de clones del agrupamiento tipo 2, según seis descriptores cualitativos discriminantes. 72

Cuadro 15. Pruebas estadísticas para la comparación entre tipos de agrupamiento y centros de orígen. 75

Cuadro 16. Promedios, desviaciones standar y coeficiente de variación de 14 descriptores de *Ipomoea batatas* en Turrialba, Costa Rica 1991 90

Cuadro 17. Promedios, desviaciones standar y coeficiente de variación de 15 descriptores de *Ipomoea batatas* en Guácimo, Costa Rica 1991 90

Cuadro 18. Cuadrados medios de 14 descriptores de *Ipomoea batatas* en Turrialba, Costa Rica 1991. 91

Cuadro 19. Cuadrados medios de 15 descriptores de *Ipomoea batatas* en Guácimo, Costa Rica 1991. 92

Cuadro 20. Estimadores de h^2 para 15 descriptores de *Ipomoea batatas* con datos transformados y sin transformar en Turrialba y Guácimo 93

Cuadro 21. Estimados de h^2 y ganancia genética (Gg) para 14 descriptores de *Ipomoea batatas* en Turrialba, Costa Rica 1991. 94

Cuadro 22. Estimados de (h^2) y ganancia genética (Gg) para 15 descriptores de *Ipomoea batatas* en Guácimo, Costa Rica 1991 95

Cuadro 23. Correlaciones genéticas, fenotípicas y ambientales entre 14 descriptores de *Ipomoea batatas* en Turrialba, Costa Rica 1991. 102

Cuadro 24. Correlaciones genéticas, fenotípicas y ambientales entre 15 descriptores de *Ipomoea batatas* en Guácimo, Costa Rica 1991. 105

LISTA DE FIGURAS

Página

Figura 1. Dendrograma mostrando la relación entre los siete grupos de clones de batata, obtenido por el método de la mínima varianza de Ward con 52 descriptores. 29

Figura 2. Dendrograma mostrando la relación entre los siete grupos de clones de batata, obtenido por el método de la mínima varianza de Ward con 10 descriptores. 30

Figura 3. Defectos del periderma de la raíz tuberosa por grupos en el agrupamiento tipo 1. 43

Figura 4. Pigmentación de las venas en el envés por grupos del agrupamiento tipo 1. 43

Figura 5. Color de la pulpa de la raíz tuberosa por grupos en el agrupamiento tipo 1 46

Figura 6. Color secundario del periderma de la raíz por grupos en el agrupamiento tipo 1 46

Figura 7. Pigmentación del pecíolo por grupos en el agrupamiento tipo 1. 48

Figura 8. Color predominante de la raíz tuberosa por grupos, en el agrupamiento tipo 1. 48

Figura 9. Forma de la raíz tuberosa por grupos, en el agrupamiento tipo 1. 50

Figura 10. Distribución de la pubescencia de los ápices por grupos, en el agrupamiento tipo 1. 50

Figura 11. Hábito de crecimiento por grupos, en el agrupamiento tipo 1. 52

Figura 12. Color de la hoja madura por grupos, en el agrupamiento tipo 1. 52

Figura 13. Tipo de lóbulos de la hoja por grupos en el agrupamiento tipo 1. 54

Figura 14. Hábito de floración por grupos, en el agrupamiento tipo 1. 54

Figura 15. Distribución de pigmentos antociánicos en la pulpa de la raíz por grupos en el agrupamiento tipo 1. 56

Figura 16. Defectos de la raíz tuberosa por grupos en el agrupamiento tipo 2. 58

Figura 17. Forma de la raíz tuberosa por grupos, en el agrupamiento tipo 2 58

Figura 18. Color de la pulpa de la raíz tuberosa por grupos, en el agrupamiento tipo 2. 60

Figura 19. Color predominante de la raíz por grupos en el agrupamiento tipo 2. 60

Figura 20. Hábito de crecimiento por grupos, en el agrupamiento tipo 2 62

Figura 21. Distribución de los clones del agrupamiento tipo 1 por centros de origen 74

Figura 22. Dendrograma del grupo 1, agrupamiento tipo 1 detallando la relación entre clones y subgrupos A y B. 77

Figura 23. Dendrograma del grupo 2, agrupamiento tipo 1, detalle de la relación entre clones y subgrupos A y B. 78

Figura 24. Dendrograma del grupo 3, agrupamiento tipo 1, detallando la relación entre clones y subgrupos A y B. 79

Figura 25. Dendrograma del grupo 4, agrupamiento tipo 1, detalle de la relación entre clones. 80

Figura 26. Dendrograma del grupo 5, agrupamiento tipo 1, detalle de la relación entre clones y subgrupos A y B. 81

Figura 27. Dendrograma del grupo 6, agrupamiento tipo 1, detalle de la relación entre clones. 82

Figura 28. Dendrograma del grupo 7, agrupamiento tipo 1, detalle de la relación entre clones. 83

Figura 29. Distribución de los clones del agrupamiento tipo 2 por centros de origen. 85

Figura 30. Agrupamiento de los descriptores por el método de unión promedio con |r| como medida de disimilaridad. 88

Figura 31. Agrupamiento de descriptores con base en la correlación genética (r_g) en Turrialba, Costa Rica, 1991. 108

Figura 32. Agrupamiento de descriptores con base en la correlación genética (r_g) en Guácimo, Costa Rica, 1991. 109

I. INTRODUCCION

La batata o camote *Ipomoea batatas* (L.) Lam. es de gran importancia para los mejoradores, cultivadores, procesadores y consumidores, debido a que ocupa el tercer lugar después de la papa y la yuca en la producción mundial de raíces y tubérculos (Austin 1988). Se consume usualmente como alimento humano, fuente de almidón, alcohol y alimento animal. La mayor importancia del camote radica en que se puede obtener estabilidad del rendimiento, incrementar la resistencia a enfermedades y plagas, mejorar el comportamiento a nivel ambiental y mejorar la calidad del producto final.

La descripción sistemática de una determinada colección es una etapa fundamental en los centros de conservación y manejo de los recursos genéticos vegetales, pues esto permite identificar los materiales de una colección, su uso potencial y sus posibles duplicados cuando se hace a nivel bioquímico. Según Burton y Davies (1984), la caracterización en sentido ámplio incluye las etapas identificación de las introducciones y los colectores, descripción e identificación de caracteres con indices de herencia moderadamente altos y fáciles de observar por el hecho de que son controlados por pocos genes y expresados con reducida influencia del ambiente y, evaluación preliminar de aspectos agronómicos de importancia, resistencia a plagas y enfermedades y estabilidad espacial y temporal entre otros. La descripción propiamente dicha, permite determinar correlaciones entre caracteres y su utilidad en los procesos de selección.

Con cultivos propagados vegetativamente como la batata la identificación clonal es un problema por la ocurrencia frecuente de mutaciones. Dicha identificación según Jarret (1988) provee información para estimar la

diversidad genética dentro de la colección y también suministra información sobre las relaciones interclonales e interespecíficas cuando el material colectado incluye especies cultivadas y/o silvestres.

Dentro de la evaluación preliminar, la determinación de parámetros como indices de herencia, correlaciones genéticas fenotípicas y ambientales en una población, permite establecer las bases de un programa de selección. Los trabajos propiamente en batata del CATIE han sido en aspectos agronómicos y conservación como colección viva e In vitro. Poco se ha hecho en la caracterización y determinación de parámetros genéticos asociados con características cuantitativas y cualitativas. Por esto, el presente trabajo tuvo como objetivos los siguientes:

1. Identificar descriptores cualitativos y/o cuantitativos con suficiente valor discriminativo para separar clones y/o grupos de clones.

2. Conocer los grados de similitud o disimilitud inter e intra grupos de clones utilizando algunos descriptores cualitativos y cuantitativos.

3. Realizar la descripción morfológica de 106 introducciones de batata, para conocer la variabilidad genética de la colección e identificar grupos de genotipos.

4. Obtener estimadores de parámetros genéticos como indices de herencia (h^2), correlaciones genéticas (r_G), fenotípicas (r_F) y ambientales (r_A) para 24 características.

II. REVISION DE LITERATURA

A pesar de la importancia de la batata en cuanto a producción mundial, se ha hecho poca investigación en sistemática y recursos genéticos comparado con las otras dos especies de importancia.

La importancia fundamental de la descripción morfológica radica, en estimar la diversidad genética de una colección y proveer información de las relaciones interclonales e interespecíficas cuando incluye material silvestre, entre sus indivíduos. La descripción morfológica de una colección de batata y la estimación de sus parámetros genéticos debe concentrar esfuerzos sobre la descripción propiamente dicha, los descriptores y sus estados, la taximetría, el valor discriminativo de cada descriptor y, las bases genéticas de las características de la especie.

1. Descriptores y la descripción.

El IBPGR (1980) elaboró una lista de descriptores para ser utilizados en la descripción de las colecciones de batata. Dicha lista incluyó descriptores de pasaporte, descripción propiamente dicha, evaluación preliminar y evaluación avanzada.

Huaman (1988b), indicó que la lista del IBPGR había sido probada en la descripción de varias colecciones en Fiji y Papua Nueva Guinea. Estas evaluaciones, evidenciaron la necesidad de algunas modificaciones. El Centro Internacional de la Papa (CIP) describió 1500 introducciones utilizando la lista del IBPGR con varias modificaciones y adiciones. Aun así, la lista fue inadecuada para describir la variación morfológica de la colección.

Según Huaman (1988b), El CIP actualmente utiliza una lista con más descriptores, incluyendo gran parte de los que contempla el IBPGR, otros descriptores que fueron utilizados en la descripción de colecciones de países de América, Polinesia, Melanesia y Sureste de Asia, publicadas por Yen (1974). Además, otros caracteres de la raíz tuberosa descritos por otros mejoradores de batata y publicados por Martin y Rhodes (1983).

2. Taxonomía numérica

Según Sneath y Sokal (1973), la taxonomía numérica consiste en el agrupamiento de unidades taxonómicas por métodos numéricos sobre la base del estado de sus características. La posición fundamental de la taxonomía numérica indica que entre mayor es el contenido de la información en la taxa de una clasificación y entre más sean los caracteres sobre los cuales esté basada, mejor será la clasificación. Cada caracter es de igual peso en la creación de una taxa natural. La similitud general entre dos entidades, es función de sus similaridades individuales en cada uno de los caracteres para los cuales son comparados. Las distintas taxas podrán ser reconocidas debido a que las correlaciones de caracteres difieren en los grupos de organismos bajo estudio. A partir de la estructura taxonómica y de las correlaciones entre caracteres de un grupo, se pueden hacer inferencias filogenéticas, dando ciertos supuestos acerca de rutas y mecanismos de evolución y finalmente, las clasificaciones se apoyan en la similitud basada sobre un grupo de caracteres fenotípicos de los objetos u organismos bajo estudio; dependiendo esta de la clase de caracteres y el coeficiente de similitud empleado.

Dentro de la taxonomía numérica de caracteres la técnica de conglomerados o cluster análisis ha sido empleada

como un instrumento efectivo en la búsqueda científica de varias áreas del conocimiento. La utilización de algoritmos en el proceso de agrupamiento permite obtener tipos de agrupamientos más consistentes que procedimientos visuales convencionales. Según Anderberg (1973), el análisis por conglomerados puede ser usado para revelar la estructura y relaciones de los datos además de que puede contribuír directamente al desarrollo de esquemas válidos de clasificación. El mismo autor agrega que no hay lugar para saber si un agrupamiento es bueno o malo, dado que los grupos no son interesantes en sí mismos en todo y que el punto de interés está en las inferencias acerca de la estructura de los datos a través del agrupamiento. La mayoría de los métodos de análisis por conglomerados, requieren una medida de similaridad a ser definida para cada par de unidades taxonómicas que serán agrupadas. Es decir, cuando se agrupan unidades de datos, la proximidad de individuos usualmente se expresa como una distancia, mientras que el agrupamiento de variables generalmente incluye una correlación como medida de asociación.

Existen dos grandes métodos de agrupamiento: los jerárquicos y los no jerárquicos (Anderberg 1973). Los primeros operan sobre la matriz de similaridad construída a partir de las medidas de asociación aplicada a los datos; el resultado final es un árbol o dendrograma que identifica relaciones entre las entidades agrupadas. Los no jerárquicos se basan en escoger una partición inicial de las unidades de datos y luego alterar los miembros de cada grupo para obtener una mejor partición. Anderberg (1973) también definió que además de ser los únicos que permiten agrupar variables, los métodos jerárquicos parecen caer dentro de tres agrupamientos principales como el método de ligamiento, método del centroide y método de suma de cuadrados de la varianza del error.

Según varios autores los métodos que involucran la varianza del error son de gran precisión y actualmente los más empleados. Dentro de ellos, uno de los más utilizados es el método de Ward el cual fue formulado para maximizar una función objetivo. Según Ward (1963) este método hace posible encontrar en cada estado, aquellos dos grupos cuya unión produzca el mínimo incremento en la suma total de cuadrados del error, dentro de grupos. Adicionalmente, el mínimo incremento en la suma de cuadrados del error es proporcional al cuadrado de la distancia Euclidiana entre los centroides de los grupos unidos. Wishart (1969a) demostró como el algoritmo de Ward podía ser implementado a través de la introducción de una matriz del cuadrado de las distancias Euclidianas entre centroides de grupos.

En el caso específico de *Ipomoea batatas*, Austin (1988) comparó tres métodos de análisis por conglomerados jerárquicos para la construcción de dendrogramas en el estudio de la filogenia de la batata. A pesar de haber obtenido diferentes patrones de agrupamiento, los dos métodos de ligamiento simple mostraron una alta similitud y revelaron una relación de origen mucho más acorde con la especie.

Bouwkamp y Unertl (1984) desarrollaron un programa de cómputo utilizando un procedimiento de análisis jerárquico por conglomerados, para clasificar clones de batata dentro de grupos con una diferente similitud de compatibilidad. El agrupamiento obtenido puede ayudar a los mejoradores con indicaciones sobre los cruces a realizar, teniendo en cuenta que la disimilitud es distancia genética.

3. Valor discriminativo de un descriptor

Engels (1983a) definió el valor discriminativo o índice "D" de un descriptor cuantitativo como el número de diferencias significativas detectadas por la prueba Duncan, expresadas como una fracción del número total de posibles comparaciones dentro de un grupo de clones. La comparación de los valores de "D" entre un grupo de descriptores, permitirá seleccionar los descriptores con mayor valor discriminativo. El valor índice "D" para caracteres cualitativos, se basa en el número de pares de taxa que un cierto descriptor pueda separar y sobre la cantidad de información que este descriptor comparta con otros descriptores del mismo estudio. La comparación de valores de "D" entre un grupo de descriptores permitirá seleccionar los descriptores con mayor valor discriminativo. En general, la magnitud de "D" expresa la mayor o menor relación entre clones de un grupo con relación a determinado caracter; entre mayor sea la relacion de los clones de un grupo, menor será el valor de "D". Por el contrario, incrementará su valor si la variación entre clones para un determinado caracter aumenta.

El poder discriminativo de "D" para varios descriptores puede ser refinado a un valor "Dw". Este nuevo valor se calcula como la media de los valores de "D" encontrados en un grupo de clones y ponderados por el número de clones en ese grupo. Igualmente, el descriptor con mayor "Dw" será el más discriminativo. El valor "D" depende del número de clones o variedades usados en la prueba, dicho valor es relativo y solamente dará información del valor discriminativo de los descriptores para el grupo particular.

Otra forma y quizás la más utilizada para definir el poder discriminativo de un descriptor cuantitativo continuo es mediante la prueba de homogeneidad de varianza o

prueba de F. En el caso de los descriptores cualitativos, el poder discriminativo puede ser definido a través del análisis de frecuencia y sus pruebas estadísticas como Coeficiente de Contingencia, Chi cuadrado, Valor Cramer y el Coeficiente Phi. Al respecto, Engels (1983b) recomendó el valor índice "D", el cual está basado sobre el número de pares de taxa que pueden ser separados y el número total de pares.

La utilización del valor índice "D" en las descripción sistemática de la batata no se encontró en la literatura consultada. Takagi (1988) reportó la utilización de seis caracteres claves para identificar duplicados dentro de una colección de batata. Sin embargo, no explicó los criterios de selección de dichos caracteres. Al respecto Rao y Georges (1985) utilizaron seis caracteres en Santa Lucía y, Huaman (1988a) en El CIP, Perú, utilizó ocho caracteres claves para agrupamiento rápido de accesiones morfológicamente semejantes.

4. Relaciones genéticas de las características de la batata

El conocimiento de las relaciones genéticas entre caracteres cualitativos o cuantitativos de importancia, podría facilitar la interpretación de resultados ya obtenidos o proveer las bases para una planificación más eficiente de los programas de mejoramiento a futuro.

Pocos son los estúdios sobre la utilización de las relaciones genéticas entre caracteres en la fase de descripción y evaluación de germoplasma en Latinoamérica. Morera (1981) al describir 81 cepas de Pejibaye *(Bactris gasipaes)* correlacionó fenotípicamente 66 pares de caracteres, obteniendo un rango entre -0.65 y 0.91, identificando con base en dichas correlaciones, caracteres

de interés para acelerar el proceso de selección de algunos genotipos en la población de pejibaye. Sin embargo dicha identificación no contempló el efecto ambiental. Arce (1984) estimó correlaciones fenotípicas (-0.41 hasta 0.90) en 57 pares de características cuantitativas de 81 plantas de Achiote *(Bixa orellana)*, estableciendo igualmente algunos parámetros a tener en cuenta al seleccionar clones. Sin embargo recomendó la necesidad de considerar el efecto ambiental.

Al correlacionar varios caracteres de la batata y después del análisis por conglomerados y con funciones discriminantes de 277 clones Martin (1983), encontró correlaciones entre ellas de -0,76 a 0,38 (todas $P \leq 0,01$) para caracteres de postcocción y de - 0,57 a 0,68 (todas $P \leq 0,01$) para caracteres de precocción (calidad y rendimiento). La magnitud de las correlaciones fenotípicas fué indicio de que posiblemente son varios los factores que se interrelacionan en la determinación de cada una de ellas. La utilización de las correlaciones fenotípicas junto con las funciones discriminantes permitió reunir clones en grupos con caracteres comunes. Las correlaciones entre características cualitativas fueron frecuentes, y moderadas en valor permitiendo la factibilidad de seleccionar por caracteres deseados.

La correlación fenotípica (r_F) entre dos caracteres, describe la extención a la cual indivíduos que estan por encima del promedio de un caracter tienden a estar por encima, debajo o cercano al promedio del otro caracter (Hohenboken 1985). El sentido y magnitud de la r_F plantean interrogantes sobre si esta es expresión de asociación genética o ambiental entre los caracteres en estudio. Por esta razón, la correlación fenotípica debe ser dividida en sus componentes genéticos y ambientales.

La correlación genética (r_g) es una medida de la extensión a la cual los mismos genes o genes estrechamente ligados, causan variación simultánea en dos caracteres diferentes (Hohenboken 1985). Esta describe la extensión a la cual individuos genéticamente superiores al promedio de un caracter, son genéticamente superiores, iguales o inferiores al promedio del otro caracter. La correlación ambiental entre dos caracteres en una población es el efecto neto de factores ambientales y genéticos no aditivos sobre la covariación de dichos caracteres en sentido positivo y negativo (Hohenboken 1985).

El uso de las distintas correlaciones en selección y mejoramiento de la batata ha sido estudiado por Jones (1970, 1971). Utilizando las covarianzas cruzadas progenie progenitor para estimar la correlación genética, la correlación fenotípica en los progenitores y la ambiental a partir de estas dos, encontró que de los 420 pares de correlaciones fenotípicas, genotípicas y ambientales, involucrando 21 caracteres de batata, no fueron impedimento serio para la selección de clones obtenidos por el método de selección masal; lo cual permitió lograr avances genéticos respecto a caracteres deseables. Sin embargo, encontró pares de caracteres sin correlación fenotípica pero genéticamente correlacionados y algunas veces con una correlación ambiental de signo opuesto.

Consideró que la variación genotípica y ambiental podrían afectar los caracteres a través de mecanismos fisiológicos lo que podía conducir a interpretaciones sesgadas debido a que el método de estimación de la correlación ambiental incluyó correlaciones debido a causas no aditivas. Caracteres secundarios como la pigmentación del tallo, la longitud del entrenudo, el diámetro del tallo y la pigmentación de venas en el envés fueron genéticamente correlacionados con los caracteres de importancia económica.

Esto sugirió que su uso en índices de selección puede ser de gran utilidad para programas de mejoramiento en batata. Agregó que la estimación de correlaciones fenotípicas y la complementación con las correlaciones genéticas en las progenies debe ser una garantía para las decisiones en el proceso de selección en las poblaciones bajo estudio.

La heredabilidad de una característica, es útil para la estimación de la correlación fenotípica (r_f), la ganancia esperada en un programa de selección y también en la construcción de indices de selección. Todos los métodos que se utilizan para estimar heredabilidad dependen del grado de parentezco entre los indivíduos. Uno de los métodos más usuales está basado sobre el parentezco padre-progenie, el cual según Kempthorne y Tandon (1953) es afectado seriamente por el ambiente.

El parentesco entre padre y progenie puede ser medido tanto por la correlación como por la regresión de progenies sobre progenitor. En este sentido, Kempthorne y Tandon (1953) comprobaron que cuando se utilizan registros repetidos de los progenitores, el promedio de las progenies de cada progenitor y registros ponderados, el coeficiente de regresión tiene pocas diferencias. Según dichos autores, la regresión (β) del fenotipo de la progenie sobre el de los progenitores en una población apareada al azar sin epistasis será igual a:

$$1/2\ (\sigma^2 g/\sigma^2 f)$$

Teniendo en cuenta que $\sigma^2 g/\sigma^2 f$ es indice de herencia (h^2) en sentido astrecho, doblando el coeficiente β se obtiene un estimado de h^2, el cual además es insesgado.

III. MATERIALES Y METODOS

1. Descripcion sistemática de la colección.

1.1. Lugar de realización del estudio.

El estudio se realizó en la Estación Experimental "La Montaña" propiedad del CATIE Turrialba, Costa Rica, ubicada a 602 msnm, 9º 53" Latitud Norte y 83º 38´ Longitud Oeste.

1.2. Clima y Suelo.

El tipo de suelo de la Estación Experimental donde se realizó la descripción sistemática, correspondió según Aguirre (1971) a un Typic Dystropept (fine, mixed, isohyperthermic), con textura Franco arcillosa, fertilidad moderada y con bajo nivel de acidez. Respecto al clima y suelo, los detalles se pueden apreciar en el Apendice, Cuadro 1A.

1.3. Material experimental y proceso de multiplicación.

La colección descrita correspondió a 106 clones de *Ipomoea batatas (L.) Lam.* conservados en las colecciones vivas del CATIE, procedentes en su mayoría de Centro y Suramérica (Cuadro 1). El material clonal se multiplicó por un período de 50 días bajo condiciones de campo. Se sembraron 20 plantas por introducción en dos surcos de 10 plantas cada uno separados a 1,2 m y 1,0 m entre plantas.

1.4. Variables y registro.

Con base en la lista de descriptores y evaluación preliminar de *Ipomoea batatas* aprobada por el IBPGR (1981) y complementada por Huaman (1988), se utilizaron los

Cuadro 1. Lista de introducciones de Ipomoea batatas del CATIE.

Número Clon	Número CATIE	PAIS	LOCALIDAD	Número Clon	Número CATIE	PAIS	LOCALIDAD
1	7721	Guatemala	Santa Lucía	54	8482	Perú	Lima, Estac. "La Molina"
2	8475	Perú	Lima, Estac. "La Molina"	55	8474	Costa Rica	Puntarena
3	8509	Perú	Lima, Estac. "La Molina"	56	8445	Perú	Lima, Estac. "La Molina"
4	8470	Costa Rica	Estación "Fabio Baudrit"	57	8459	U.S.A	Florida
5	8447	Guatemala	————	58	8480	Perú	Lima, Estac. "La Molina"
6 *	7137	Costa Rica	Cartago	59	8453	U.S.A	Florida
7	6077	Guatemala	Guatemala	60	8486	Perú	Lima, Estac. "La Molina"
8	6079	Guatemala	Sacatepequez	61	8521	Costa Rica	Guanacaste
9	8467	Argentina	Tucumán	62	8448	Perú	Lima, Estac. "La Molina"
10	7723	Guatemala	Escuintla	63	6076	Guatemala	Suchitepequez
11 *	8490	Perú	Lima, Estac. "La Molina"	64	8456	Puerto Rico	————
12	8463	Costa Rica	Estación "Fabio Baudrit"	65	12448	Panamá	Coclé
13 *	10880	Honduras	Comayagua	66	8485	Perú	Lima, Est. La Molina
14	8466	Argentina	Tucumán	67	8502	Perú	Lima, Est. La Molina
15	8464	Argentina	Tucumán	68	6579	Honduras	Yoro
16	8589	Costa Rica	Limón	69	8505	Perú	Lima, Est. "La Molina"
17	9257	México	Chiapas	70	8462	México	México D.F
18	8488	Perú	Lima, Estac. "La Molina"	71	8086	El Salvador	San Miguel
19	8473	U.S.A	————	72	8514	Costa Rica	Estación "Fabio Baudrit"
20	8489	Perú	Lima, Estac. "La Molina"	73	8483	Perú	Lima, Est. "La Molina"
21	8516	Costa Rica	Estación "Fabio Baudrit"	74	8465	Argentina	Tucumán
22 *	9365	México	Jalapa	75	8497	Perú	Lima, Estac. "La Molina"
23	8450	U.S.A	Florida	76	12177	Honduras	Cortes
24	8455	Costa Rica	Cartago	77 *	8394	Perú	Lima, Estac."La Molina"
25 *	8494	Perú	Lima, Estac. "La Molina"	78	10870	Honduras	Comayagua
26	8492	Perú	Lima, Estac. "La Molina"	79	11753	Costa Rica	San José
27	6075	Guatemala	Suchitepequez	80	8517	Costa Rica	Estación."Fabio Baudrit"
28	7138	Costa Rica	Cartago	81	9360	México	Jalapa
29	8520	Costa Rica	estación "Fabio Baudrit"	82	8506	Perú	Lima, Estac. "La Molina"
30	8524	Costa Rica	Estación "Fabio Baudrit"	83	8507	Perú	Lima, Estac. "La Molina"
31 *	8508	Perú	Lima, Estac. "La Molina"	84	8518	Costa Rica	Estación."Fabio Baudrit"
32	8481	Perú	Lima, Estac. "La Molina"	85	C-15	El Salvador	————
33	8513	Costa Rica	Estación "Fabio Baudrit"	86	84679	El Salvador	————
34	8488	Perú	Lima, "Estac". "La Molina"	87	8500	Perú	Lima, Estac. "La Molina"
35	8504	Perú	Lima, Estac. "La Molina"	88	8498	Perú	Lima, Estac. "La Molina"
36	8449	U.S.A	Florida	89	10996	Honduras	Comayagua
37	8461	Costa Rica	Puntarenas	90	8587	Costa Rica	Limón
38 *	7044	Costa Rica	Estación"Fabio Baudrit"	91	8501	Perú	Lima, Estac. "La Molina
39	8476	Perú	Lima, Estac. "La Molina"	92	8452	U.S.A	Florida
40	8499	Perú	Lima, Estac. "La Molina"	93	8503	Perú	Lima, Estac. "La Molina"
41	8442	Perú	Lima, Estac. "La Molina"	94	8523	Taiwán	Tai Nung
42	8452	U.S.A	Florida	95	8491	Perú	Lima, Estac. "La Molina"
43	8469	Argentina	Tucumán	96	8493	Perú	Lima, Estac. "La Molina"
44	8444	Perú	Lima, Estac. "La Molina"	97	8457	El Salvador	————
45	8521	Costa Rica	Guanacaste	98	8484	Perú	Lima, Estac. "La Molina"
46 *	8491	Perú	Lima, Estac. "La Molina"	99	8522	Taiwán	Tai Nung
47	8479	Perú	Lima, Estac. "La Molina"	100	6080	Guatemala	Sacatepequez
48 *	8511	Costa Rica	Alajuela	101	6312	Costa Rica	Heredia
49 *	8588	Costa Rica	Limón	102	8519	Panamá	David
50	8512	Costa Rica	Estación "Fabio Baudrit"	103 *	8473	U.S.A	————
51	8524	Costa Rica	Estación"Fabio Baudrit"	104	6078	Guatemala	Sacatepequez
52	8487	Perú	Lima, Estac. "La Molina"	105 *	8515	Costa Rica	Estación."Fabio Baudrit"
53	8510	Costa Rica	Estación"Fabio Baudrit"	106 *	8451	U.S.A	Florida

* Clones progenitores en la estimación de los parámetros genéticos.

descriptores que se presentan en el Cuadro 2, cuyas escalas se amplían en el Cuadro 4A, del apendice. Con la excepción de la velocidad de crecimiento del tallo que se registró a los 50 días, el resto de caracteres del Cuadro 2 fueron registrados a los 110 días después de la siembra. Los descriptores relacionados con longitud o tamaño fueron registrados en cinco plantas de cada introducción.

1.5. Procesamiento y análisis de los datos.

Para el agrupamiento de clones se utilizó el método de Ward (1963). Para el agrupamiento de los descriptores se utilizó el método de agrupamiento jerárquico de unión promedio. Este último utilizó como matriz de disimilitud el complemento del coeficiente de correlación o coeficiente de no determinación ($1-r^2$). Considerando la descripción sistemática como un paso fundamental en el manejo de los recursos genéticos, se realizaron dos tipos de descripciones grupal a saber: en el primero (tipo 1) se utilizaron 52 descriptores (Cuadro 2) y en el segundo (tipo 2) se consideraron diez caracteres de importancia agronómica y de mejoramiento. En el método de Ward (1963), existen al inicio m unidades de datos siendo cada una en este estado un grupo; el objetivo es encontrar en cada estado aquellos dos grupos cuya unión produzca el mínimo incremento en la suma de cuadrados total del error dentro del grupo. El algoritmo involucra los siguientes pasos: Almacena el triángulo inferior de la matriz de similitud del cuadrado de las distancias; en cada estado une dos grupos, los cuales como un par dan el menor incremento a la suma de cuadrados del error, luego actualiza entradas en la matriz de similitud y repite los pasos 2 y 3 para m-1 estados donde m es el número de unidades de datos.

Cuadro 2. Lista de descriptores de Ipomoea batatas utilizados en la descripción de los 106 clones de la colección del CATIE.

Nº DEL DESCRIPTOR	DESCRIPTOR	Nº DEL DESCRIPTOR	DESCRIPTOR
1	Hábito de crecimiento *	29	Número de venas en los sépalos (conteo)
2	Velocidad de crecimiento del tallo *	30	Forma de los sépalos
3	Longitud de entrenudos en cm *	31	Apice de los sépalos
4	Diámetro de entrenudos en mm *	32	Pubescencia de los sépalos
5	Pigmentación del tallo *	33	Color de los sépalos
6	Pubescencia de los ápices *	34	Color del estigma
7	Tipo de lóbulos de la hoja *	35	Color del estilo
8	Número de lóbulos de la hoja (conteo)*	36	Exerción del estigma
9	Forma lóbulo central de la hoja *	37	Producción de cápsulas con semilla
10	Tamaño de la hoja madura en cm *	38	Forma de la raíz tuberosa
11	Color de la hoja madura	39	Defectos de la raíz tuberosa *
12	Color de la hoja inmadura	40	Grosor de la corteza de la raíz en mm *
13	Pigmentación de venas en el envés *	41	Color predominante de la raíz *
14	Longitud del pecíolo en cm	42	Intensidad del color predominante *
15	Pigmentación del pecíolo	43	Color secundario periderma de raíz *
16	Hábito de floración	44	Color de la pulpa de la raíz *
17	Hoja madura color amarillo	45	Distribución de antocianinos en la pulpa
18	Hoja madura pigmentada	46	Formación de la raíz tuberosa
19	Hoja inmadura color amarillo	47	Unión de la raiz tuberosa al tallo
20	Hoja inmadura pigmentada	48	Largo de la raíz tuberosa en cm
21	Venas color verde en envés	49	Diámetro de la raíz tuberosa en cm
22	Venas del envés pigmentadas	50	Presencia de constricciones en raíz tuberosa
23	Pecíolos verdes	51	Presencia de hendiduras en raíz tuberosa
24	Color de la flor	52	Presencia de lenticelas en raíz tuberosa
25	Largo de la flor en cm	53	Rendimiento de raíces en Kg/ha. *
26	Ancho de la flor en cm	54	Agrietamiento de la raíz tuberosa *
27	Forma del limbo	55	Oxidación de la pulpa de la raíz *
28	Igualdad de longitud sépalos	56	Numero de Botones florales por cima *

* Descriptores utilizados en la evaluación de progenies. versus progenitores

El algoritmo actúa directamente sobre la matriz de similitud, la cual no es más que un arreglo de números. La matriz de similitud es utilizada por otro procedimiento (Proc Tree) para construir el árbol o dendrograma, el cual muestra las relaciones entre indivíduos y entre grupos. Este procedimiento toma como medida de referencia alguna medida de similitud entre grupos (R^2, semiparcial R^2, Número de grupos, $1-r^2$ etc.).

Para aplicar el método de unión promedio se utilizó la matriz de correlación entre todas las variables con la cual se construyó un dendrograma que muestra la relación entre las variables.

1.5.1. Criterio de Agrupamiento y disimilitud

Se utilizaron los criterios seudo F y seudo t^2, los cuales son indicadores útiles del número de grupos a pesar de que no se distribuyen como los estadísticos F y t^2. Como0 medida de disimilitud entre grupos se utilizó el R^2 semiparcial; es decir, la correlación múltiple cuadrada semiparcial, por agrupar dos unidades, la cual mide el cambio de varianzas al pasar de un nivel a otro en el dendrograma. Esto indica que proporciones reducidas de R^2 semiparcial demuestran poca disimilitud entre grupos. Para el agrupamiento de descriptores en el dendrograma, se utilizó como medida de disimilitud el valor absoluto del coeficiente de correlación de Spearman $|r|$.

1.5.2. Determinación del valor discriminativo de los descriptores

La determinación fue dividida en valor discriminativo para separar grupos y valor discriminativo para separar clones tanto para descriptores cualitativos como para descriptores cuantitativos (Cuadro 2).

El valor discriminativo de los descriptores cualitativos para separar grupos se determinó con base en la prueba X^2 y dos medidas de asociación Cramer V y el Coeficiente de Contingencia (P) como estadísticos del análisis de frecuencia. La X^2 de Pearson involucra las diferencias entre las frecuencias observadas y esperadas, con hipótesis alternativa de asociación general entre grupos y descriptor. Por su parte, el valor Cramer V derivado del Chi cuadrado, toma valores entre 0 y 1 tal que $0 \leq V \leq 1$ y el Coeficiente de Contingencia, también derivado del Chi cuadrado con límite superior menor que uno, depende de la distribución marginal tal que $0 \leq P \leq 1$.

Respecto al valor discriminativo de los descriptores cualitativos para separar clones, se determinó a través del valor índice "D" de Pankhurt (1978) y Engels (1983b) con Cacao. Dicho valor "D" está basado en el número de pares de taxa que pueden ser separados (numerador) y el número total de pares (denominador); cuya fórmula descrita es:

$$D = \frac{n_I \times n_{II}}{N(N-1)/2}$$

Donde "D" es el valor discriminativo del descriptor; n_I es el número de clones presentando el estado I; n_{II} es el número de clones presentando el estado II y N es el número total de clones.

Dado que en esta descripción se usaron descriptores con más de tres estados, se utilizó la fórmula general para un descriptor con K estados:

$$D = \frac{\sum_{i=1}^{k} \sum_{j=i+1}^{k} n_i \, n_j}{\binom{N}{2}} \quad \text{(Engels, 1983b)}$$

Para determinar el valor discriminativo de los descriptores cuantitativos diámetro de la raíz, largo de la raíz unión de la raíz con el tallo, grosor de la corteza de la raíz, latgo de la flor, ancho de la flor, longitud de entrenudos, diámetro del entrenudo y tamaño de la hoja en la separación de clones, se utilizó el valor índice "D" según como fue definido por Engels (1983a). Este valor "D" es una expresión de la proporción entre el número de diferencias significativas detectadas por la prueba de Duncan y el número total de comparaciones posibles dentro de un grupo de clones. Entre más bajo sea el valor de "D" mayor será la similitud entre los clones. Descriptores con valores altos de "D" tendrán alto poder discriminativo; sin embargo el valor de "D" puede ser refinado corrigiendo cada uno por aquella parte de la información total que es compartida con otros descriptores. Así, se calculó un "D_w" para cada descriptor como el promedio de los valores "D" correspondientes a cada uno de los clones de cada grupo, ponderado por el número de clones en cada uno de los grupos. Los descriptores con los valores más altos de "D" independientemente de su magnitud, se consideraron con mayor poder discriminativo.

El poder discriminativo de los descriptores cuantitativos para separar grupos de clones se determinó con el mismo valor índice "D" definido por Engels (1983a), pero utilizando las medias de grupos en las comparaciones múltiples de Duncan. Se aplicó el mismo criterio de selección para "D", pero en este caso no se pudo calcular el "D_w".

2. Evaluación de progenies versus progenitores

2.1. Lugar de realización.

Se realizaron dos experimentos duplicados en la Estación Experimental "La Montaña" Turrialba y otro en la Estación de la Escuela Agricola para la Región Tropical Húmeda (EARTH), localizada en el Cantón de Guácimo de la Provincia de Limón, Costa Rica a 12 msnm, 10° 13´ de Latitud Norte y 83° 47´ de longitud Oeste.

2.2. Clima y suelo.

El tipo de suelo de la Estación Experimental La "Montaña" corresponde según Aguirre (1971) a un Typic Dystropept (fine, mixed, isohyperthermic), con textura Franco-arcillosa, fertilidad moderada y con un bajo nivel de acidez. Mientras que en la Estación de la Escuela Agrícola para la Región Tropical Húmeda (EARTH), según Sancho et al (1989), el suelo corresponde a un Typic Hapluland, con textura franco arenosa, fertilidad moderada y con un nivel de acidez intermedia. Para más detalle ver Cuadros 2A y 3A en el Apendice.

2.3. Material experimental y proceso de multiplicación.

Se utilizó una población de 14 clones progenitores apareados al azar durante 1990 y 64 de sus progenies. La semilla colectada (progenies) fue escarificada con ácido sulfúrico al 90% durante 30 minutos, luego pregerminada en papel húmedo y posteriormente sembrada en gavetas de arena bajo condiciones de invernadero. A los 10 días de germinación, las plántulas fueron trasplantadas al campo donde se dejaron crecer por 45 días hasta obtener suficiente follaje permitiendo una nueva multiplicación. Durante el

proceso de multiplicación los tallos fueron cortados en secciones de uno y dos nudos con hojas; los cuales fueron enraizados en vasos de polietileno con grava y agua según la técnica desarrollada por Martin (1982) para enraizar hojas. A los cuatro días, los nudos con raíces fueron pasados a bolsas con tierra durante una semana bajo invernadero. Se sembraron en campo a una densidad de 2500 pl/ha; en lomillos de 40 cm de alto y separados a 1,2 m. Finalmente a los 40 días se tomó material vegetativo para establecer los dos experimentos antes mencionados.

2.4. Diseño experimental.

Se utilizó un diseño de bloques completos al azar con tres repeticiones en las dos localidades; cada bloque con 78 parcelas; 14 parcelas de progenitores y 64 de progenies; la parcela consistió de cinco plantas/surco, separada 0,60 m entre plantas y 1,2 m entre surco.

2.5. Variables y registro.

El grupo de variables utilizadas en la evaluación incluyó: hábito de crecimiento, velocidad de crecimiento del tallo, longitud de entrenudos, diámetro de entrenudos, pigmentación del tallo, pubescencia de los ápices, tipo de lóbulos de la hoja, número de lóbulos de la hoja, forma del lóbulo central de la hoja, largo y ancho de hoja, relación largo/ancho de la hoja, pigmentación de venas en el envés, defectos de la raíz tuberosa, grosor de la corteza de la raíz, color predominante del periderma de la raíz, intensidad del color predominante de la raíz, color secundario del periderma de la raíz, color de la pulpa de la raíz, peso de raíces por planta, agrietamiento de la raíz tuberosa, oxidación de la pulpa de la raíz y botones florales por cima. Con la excepción del rendimiento, para

cada variable se tomaron dos registros por parcela, para un total de seis registros por localidad.

2.7. Procesamiento y análisis de los datos

Se hizo un análisis para estimar la regresión de las características de progenies sobre las del progenitor ($\beta y'_{ij}, y_{ij}$). Esta regresión se asume que es un estimador directo de la mitad del h^2 de una determinada característica. Las correlaciones genéticas (r_g) fueron estimadas empleando análisis de covarianzas cruzadas utilizando los progenitores y progenies (Falconer, 1964). Las correlaciones ambientales (r_A) se estimaron empleando análisis de covarianzas en progenies y progenitores según como lo plantea Becker (1975). A partir de las (r_g) y (r_A) se estimaron las correlaciones fenotípicas (r_f).

Las covarianzas cruzadas fueron generadas multiplicando el coeficiente de regresión (β) por el cuadrado medio de la variable sobre la cual se hizo la regresión, partiendo del hecho que

$$\beta y'_{ij}, y_{ij} = \frac{COVy', y}{\sigma^2 y}$$

La varianza del denominador fué generada a partir del siguiente modelo de bloques:

$$Y_{ij} = \mu + B_i + \epsilon_{ij}$$

Donde:

μ = promedio general
B_i = efecto de bloque i= 1.....3
ϵ_{ij} = error.

Como consecuencia del apareamiento al azar y las barreras de incompatibilidad y esterilidad de la especie, el número de progenies por progenitor no fue igual en todos. Debido a este tipo de apareamiento y teniendo en cuenta la alta heterocigosidad y condición hexaploide de la especie, cada progenie fue un individuo genéticamente distinto a cualquiera de los padres, conociendose solamente el aporte genético de la madre.

Con base en lo anterior, la varianza de cada caracter, para progenies y progenitores, se determinó con el siguiente modelo:

$$Y_{ij} = \mu + B_i + \epsilon_{ij}$$

Donde:

μ = promedio general
B_i = efecto de bloque, i = 1.....3
ϵ_{ij} = error.

Este modelo se utilizó con gl=192 y gl=41 para progenies y progenitores, respectivamente. La correlación genética entre las características (rg_{xy}) se estimó de la siguiente manera:

$$\hat{rg}_{xy} = \frac{COV\ xy + COVyx}{\sqrt{(Varx + Varx')(Vary + Vary')}} \quad \text{(Johnson et al, 1955)}$$

Donde:

$\hat{rg}_{xy}$ = Correlación genética entre las características x e y

COV xy , COV yx = Covarianzas cruzadas progenie versus progenitor para las características x e y

Varx = Varianza de la característica x medida en las progenies.

$Varx'$ = Varianza de la característica x medida en los progenitores.

$Vary$ = Varianza de la característica y medida en las progenies.

$Vary'$ = Varianza de la característica y medida en los progenitores.

La correlación ambiental (r_{Axy}) se estimó de la siguiente manera:

$$\hat{r}_{Axy} = \frac{COV\ XY_{P} - 4COV\ XY_{Pr}}{\sqrt{(VARx_{P} - 4VARx_{Pr})(VARy_{P} - 4VARy_{Pr})}} \quad \text{(Becker, 1975)}$$

Donde:

$\hat{r}_{Axy}$ = Correlación ambiental entre las características x e y

$COV\ XY_{P}$ = Covarianza en progenitores para las características x e y

$COV\ XY_{Pr}$ = Covarianza en progenies para las características x e y

$Varx_{P}$ = Varianza de la característica x en los progenitores.

$Varx_{Pr}$ = Varianza de la característica x medida en los progenies se supone que mide 1/4 de la varianza genética aditiva

$Vary_{P}$ = Varianza de la característica y en los progenitores

$Vary_{Pr}$ = Varianza de la característica y medida en las progenies se supone que mide 1/4 de la varianza genética aditiva

La correlación fenotípica se estimó de la siguiente manera (Falconer, 1964)

$$r_f = hxhyr_g + e_x e_y r_A$$

Donde hx y hy es la raíz cuadrada de la heredabilidad para los caracteres X e Y; r_f, r_g y r_A son las correlaciones fenotípicas, genéticas y ambientales, respectivamente.

$$ex = \sqrt{1-h^2 x} \qquad y \qquad ey = \sqrt{1-h^2 y}$$

Con base en los parámetros genéticos estimados y pensando en la factibilidad de recomendar un programa de selección, se calculó la ganancia genética (G_g) por generación de la siguiente manera:

$$G_g = h^2 S$$

Donde h^2 fue la heredabilidad para determinada característica y S fue el diferencial de selección aplicado para el cual se utilizó la desviación estandar fenotípica de la variable en estúdio.

Los descriptores de las características seleccionadas fueron agrupadas por el método de conglomerados gerárquicos de unión promedio. Este agrupamiento utilizó como matríz de disimilitud el complemento de la correlación genética ($1-r_g$). El dendrograma utilizó la r_g como medidad de similitud.

IV. RESULTADOS Y DISCUSION

1. Descripción de la colección

1.1. Relación entre tipos de agrupamiento.

Al utilizar los 52 descriptores registrados, agrupamiento tipo 1, como base de una descripción ámplia para la conservación manejo y utilización de los recursos genéticos de *Ipomoea batatas* y tomando como criterio de selección para el número de grupos el estadístico seudo t^2 y la distribución de individuos por grupo, se seleccionaron un total de siete grupos de clones (Cuadro 5). El agrupamiento tipo 2, por su parte consideró diez caracteres de valor para el mejoramiento y manejo agronómico del cultivo. Tomando en cuenta los mismos criterios de selección de grupos que el agrupamiento tipo 1, se escogió nuevamente un total de siete grupos (Cuadro 5).

Se pudo obtener distintos patrones de aglomeración, dependiendo del número y las clases de variables utilizadas en cada tipo de agrupamiento. Al comparar los dos tipos de agrupamiento, según la prueba Chi cuadrado X^2 = 273,9, el Coeficiente de Contingencia (P) = 0,85 y el Cramer V = 0,66 (Cuadro 3), se encontró dependencia entre ellos, al existir clones que no cambian de grupo al variar el número y la clase de característica.

Cuadro 3. Dependencia entre los dos tipos de agrupamiento de *Ipomoea batatas*.

ESTADISTICO	VALOR	PROBABILIDAD
Chi cuadrado X^2	273,9	0,0001
Coeficiente de Contingencia P	0,85	
Valor Cramer V	0,66	

Cuadro 4. Número de clones de *Ipomoea batatas* coincidentes por grupo según los dos tipos de agrupamiento.

		TIPO 2							TOTAL
		2	3	5	6	7	1	4	
TIPO 1	2	11							11
	1	23	1						24
	6	1	1	6	8	6			22
	7			2	1	3			6
	4		9	9	4		4		26
	5			1		1	8		10
	3			1				6	7
TOTAL		35	11	19	13	10	12	6	106

El agrupamiento tipo 2 presentó una distribución más homogénea que el tipo 1 (Cuadro 4). Este último agrupa el 78,3% de los individuos en cuatro grupos (1,2,4,6); el tipo 2 agrupó el 67% en seis grupos (1,2,3,5,6,7). La formación de grupos grandes como el 1 en el agrupamiento tipo 2, el 4, el 6 y el 1 en el agrupamiento tipo 2, podría estar indicando alta heterogeneidad dentro de grupos, lo

cual según Anderberg (1973) se identifica en el estúdio detallado de los dendrogramas de cada grupo.

Cuadro 5. Composición de los grupos a través de los clones coincidentes, según su identificación en los dos tipos de agrupamiento.

	AGRUPAMIENTO		
GRUPO	TIPO 1	GRUPO	TIPO 2
1	1,4,7,8,27,28,35,38 44,48,49,56,59,63,71 77,81,88,90,93,100, 101,102,104.	2	1,2,4,7,8,27,28,31,32, 33,35,38,44,48,49,53, 57,58,59,63,68,71,77, 81,88,90,93,97,100, 101 ,102,104,105,106.
2	2,31,32,33,47,53,57 58,97,105,106.		
3	5,10,24,43,62,74,86.	4	5,24,43,62,74,86.
4	6,16,17,18,29,30,34, 36,45,46,50,51,61,64, 67,72,75,76,79,85,89, 92,94,95,99.	3	12,17,18,29,56,64,75, 76,92,99,116.
		5	6,10,11,22,25,46,51 60,61,66,67,72,78,82, 84,85,89,95,96.
5	9,11,14,15,21,37,39, 42,52,54.	1	9,14,20,30,34,36,37, 39,42,52,54,94.
6	3,12,13,21,22,23,25, 26,40,41,60,65,68,70, 73,78,80,84,87,91 96,103.	6	3,13,23,45,50,55,69, 70,73,79,80,91,103.
7	19,66,69,82,83,98.	7	15,19,21,26,40,41, 65,83,87 98.

En el agrupamiento tipo 2, el grupo 2 fusionó los grupos 1 y 2 del agrupamiento tipo 1. Esto indicó que en el primer agrupamiento los grupos 1 y 2 fueron diferenciados por caracteres de más peso y distintos a los de la raíz

utilizados en el tipo 2. Los grupos 3 y 4 del agrupamiento tipo 1 y 2, respectivamente difieren solamente en el clon 10, lo cual indica que el clon 10 es distinto en caracteres de la raíz. Por su parte, el grupo 3 del agrupamiento tipo 2 constituye solamente un subgrupo del grupo 4 en el tipo 1. Esto tiene relación directa con el número de caracteres utilizados en cada descriptor. Según Anderberg (1973), los agrupamientos que incluyen pocas características en general producen grupos más homogéneos o compactos. Sin embargo dicha homogeneidad al escoger pocos grupos como en éste estudio, podría considerarse como poca variabilidad de los caracteres en la población. Esta situación la comprobó Engels (1983) quien encontró que la diversidad en la expresión fenotípica es más importante que el número de caracteres utilizados en la descripción.

1.2. Relación entre grupos de clones.

En las Figuras 1 y 2 se pueden apreciar las relaciones entre los siete grupos estudiados de acuerdo al concepto de similitud fenotípica de Sneath y Sokal (1973).

Notese que el R^2 semiparcial es una medida de disimilitud que cuantifica el cambio proporcional de la varianza entre grupos al unir dos conglomerados. En la Figura 1 al pasar de 2 a 7 conglomerados, esta medida pasa de 0,06 a 0,03, indicando que pequeñas reducciones proporcionales de la varianza permitieron fusionar grupos. En general se puede concluir que existe bastante similitud entre estos grupos. En particular, si se compara con la Figura 2, al pasar de 2 a 7 conglomerados el R^2 semiparcial varía de 0,15 a 0,033, recorriendo un intervalo más amplio, lo cual denota mayor disimilitud entre los agrupamientos.

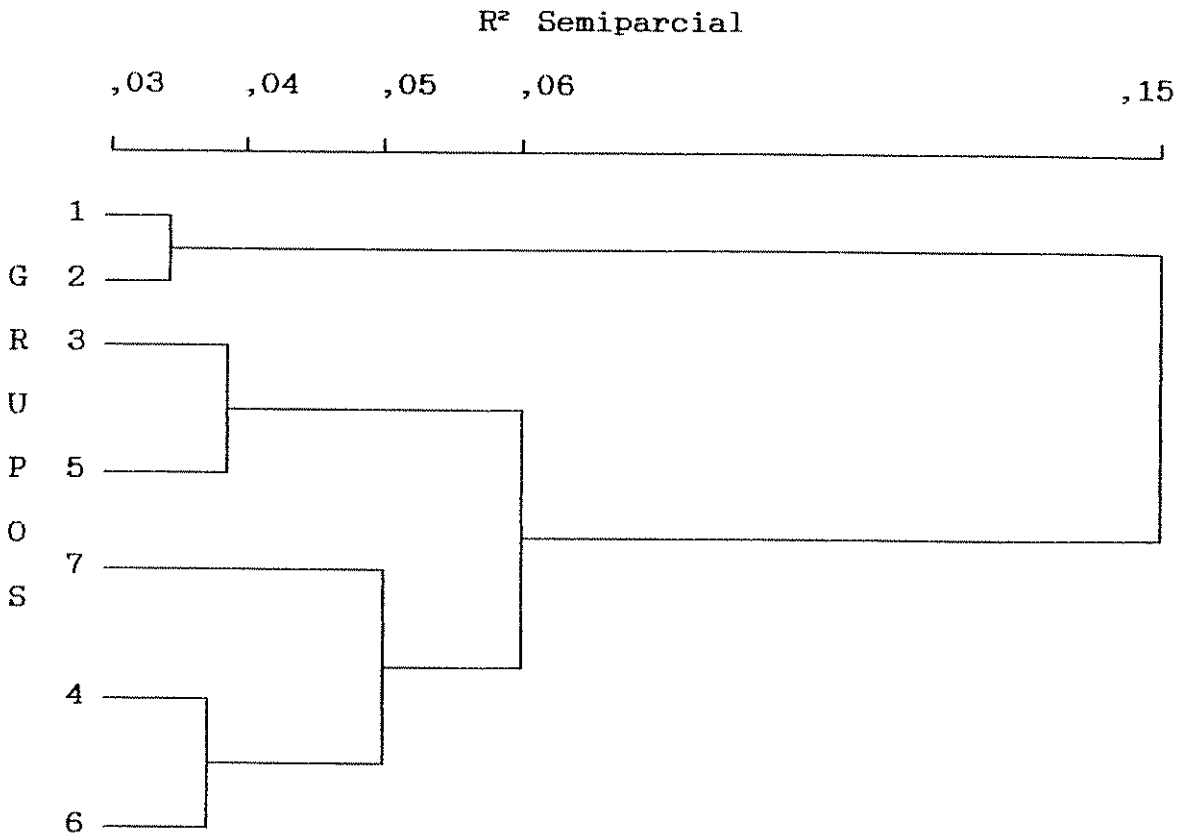

Figura 1. Relación entre los siete grupos de clones de *I. batatas*, obtenido por el método de la mínima varianza de Ward con 52 descriptores (agrupamiento tipo 1).

A pesar de que se decidió trabajar con los siete grupos, debe entenderse que tiene gran interés el estudio de los diferentes niveles de agrupamiento del árbol jerárquico, para inducir juicios sobre la posible presencia de réplicas o duplicados en el material bajo estudio.

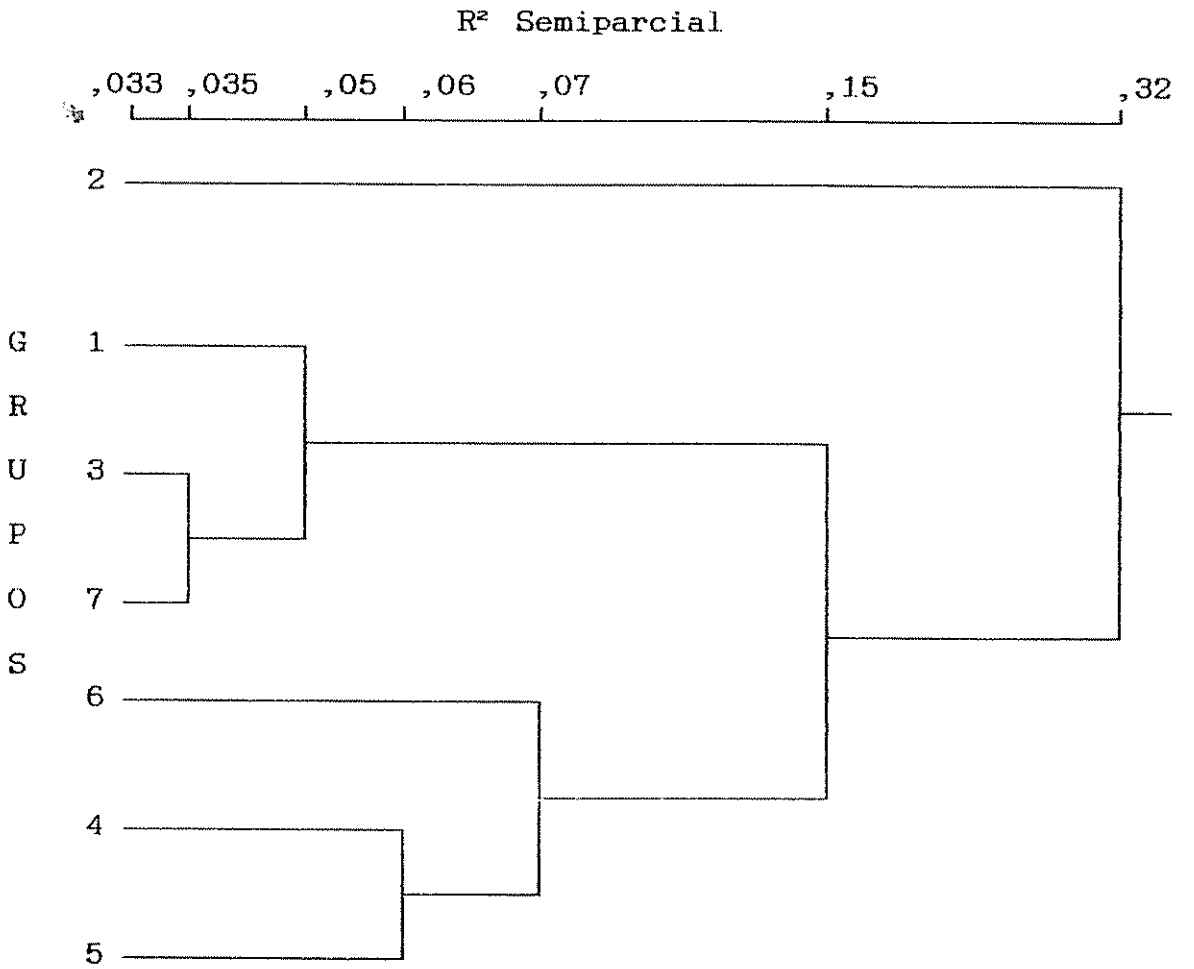

Figura 2. Relación entre los siete grupos de clones de *I. batatas*, obtenido por el método de la mínima varianza de Ward con 10 descriptores (agrupamiento tipo 2).

Adicionalmente, tiene importancia para propósitos de mejoramiento ya que *Ipomoea batatas* es autoincompatible y existen varios grupos de compatibilidad que restringen los cruzamientos intragrupo. Al respecto, Martin (1983) obtuuvo siete grupos con base en caracteres de mesa y cocción en una colección de batata. Encontró que la clasificación en grupos no significa la existencia de relaciones a nivel de subespecie con algun significado biológico; más bién dicha clasificación es reflejo de los caracteres usados, siendo

esta, materia de conveniencia. Teniendo en cuenta lo anterior, los dos tipos de agrupamiento de este estudio deben tomarse como tal.

1.3. El valor discriminativo de los descriptores

El valor discriminativo de los descriptores cualitativos para la separación de grupos de clones se explica con base en los estadísticos Cramer V, Coeficiente de Contingencia P y Chi cuadrado X^2, obtenidos de los análisis de distribucion de frecuencia y con el valor índice "D" de Engels (1983b), El valor discriminativo de descriptores cuantitativos para separar grupos de clones se determinó con base en la prueba de F y el valor discriminativo "D" de Engels (1983a), el cual también permitió determinar la separación de clones dentro de grupos.

1.3.1. Valor discriminativo de descriptores cualitativos para separar grupos en el agrupamiento tipo 1.

Para la escogencia de estos descriptores (Cuadro 6), se tuvo en cuenta principalmente el valor de X^2, el Coeficiente de contingencia (P) y el Valor Cramer (V); los cuales toman valores entre 0 y 1, aunque el primero normalmente tiene cota superior menor a uno.

Cuadro 6. Descriptores cualitativos claves para la discriminación de los siete grupos de clones de *Ipomoea batatas* en el agrupamiento tipo 1.

DESCRIPTOR	X^2	COEFICIENTE (P)	CRAMER (V)
Defectos de la raiz tuberosa	171,8**	0,79	0,52
Pigmentación de venas del envés	169,4**	0,78	0,52
Color de la pulpa de la raíz	167,3**	0,78	0,50
Color secundario de la raíz	157,6**	0,77	0,50
Pigmentación del pecíolo	149,1**	0,76	0,48
Color predominante de la raíz	146,8**	0,76	0,53
Forma de la raíz tuberosa	138,4**	0,75	0,45
Pubescencia de los ápices	132,1**	0,74	0,50
Hábito de crecimiento de planta	127,8**	0,74	0,63
Color de la hoja madura	117,3**	0,72	0,53
Tipo de lobulos de la hoja	117,4**	0,72	0,53
Hábito de floracion	107,8**	0,71	0,45
Distribución de pigmentos antociánicos en la pulpa de la raíz	107,1**	0,71	0,45

** : Significativo al 1%

Basado en los valores significativos de la prueba de X^2, se escogieron los primeros 13 descriptores de mayor poder discriminante entre grupos. Estos valores corresponden a los mayores valores de los coeficientes de asociación que superaron los de 0,70 y 0,45 para el Coeficiente P y el Valor V, respectivamente. La pigmentación de las venas en el envés, el color de la pulpa de la raíz, el color predominante de la raíz, el hábito de crecimiento, el color de la hoja madura y el tipo de lóbulos de la hoja son seis de los ocho descriptores utilizados por Huaman (1988b) como primera prioridad para diferenciar cultivares y concuerdan con cuatro de seis utilizados por Takagi (1988) en Nueva Guinea. Sin embargo, dichos autores no reportaron el criterio de selección para dichos descriptores.

La prueba de X^2 fue altamente significativa para los descriptores cualitativos seleccionados. Sin embargo, dado que en las tablas de frecuencia entre estados

registrados del descriptor y cada uno de los siete grupos, resultó un alto porcentaje de celdas con valores cero, los niveles de significancia de la misma deben entenderse como una aproximación. Por lo anterior, podemos concluir que los descriptores mencionados pueden ser utilizados para diferenciar introducciones de cualquier colección de *I. batatas* en la etapa inicial.

1.3.2. Valor discriminativo de descriptores cuantitativos para separar grupos en el agrupamiento tipo 1.

Los descriptores con mayor poder discriminativo fueron el diámetro y el largo de la raíz tuberosa, la unión de la raíz con el tallo, la longitud de entrenudos del tallo, el tamaño de la hoja y el largo de la flor (Cuadro 7). Los valores de "D" fueron altos para los descriptores de la raíz y la hoja principalmente. Según Engels (1983a) este valor "D" es una buena medida como valor discriminativo entre grupos. Lo anterior, es contrario a lo obtenido con el valor "D" de tales descriptores para discriminar clones; es decir, un descriptor con buen poder discriminativo entre grupos, no necesariamente permite discriminar clones dentro de grupos y viceversa.

Finalmente, dado el valor relativo de "D", los descriptores cuantitativos del Cuadro 7 con altos valores, solo tienen poder discriminativo entre grupos para la población en estudio.

Cuadro 7. Descriptores cuantitativos ordenados por su valor discriminativo "D" para separar grupos de clones de *Ipomoea batatas* en el agrupamiento tipo 1.

DESCRIPTOR	Valor "D"	F
Diámetro de la raíz tuberosa	0,86	129,9 **
Largo de la raíz tuberosa	0,86	36,7 **
Unión de la raíz con el tallo	0,81	24,9 **
Longitud de los entrenudos	0,81	102,7 **
Tamaño de la hoja	0,81	63,6 **
Largo de la flor	0,76	40,9 **

** Significativo al 1%

1.3.3. Valor discriminativo de descriptores cualitativos para separar clones en el agrupamiento tipo 1.

Al comparar los Cuadros 6 y 8, se observa que a excepción de los descriptores Color de los sépalos y Distribución de pigmentos antociánicos en la pulpa de la raíz, los demás descriptores cualitativos con valor discriminativo entre grupos, también lo son para discriminar clones. Esto se debe a que los descriptores tienen varios estados (4-10) y a que la expresión fenotípica de la población fue calificada por los diferentes estados de cada descriptor.

Cuadro 8. Descriptores cualitativos ordenados por su valor discriminativo "D" para separar clones de *Ipomoea batatas*. en el agrupamiento tipo 1.

DESCRIPTOR	ESTADOS	VALOR "D"
Color de la hoja inmadura	9	0,82
Pubescencia de los ápices	6	0,81
Pigmentación del pecíolo	9	0,80
Defectos de la raíz tuberosa	9	0,79
Forma de la raíz tuberosa	9	0,79
Color de la pulpa de la raíz	9	0,78
Hábito de floración	6	0,78
Forma de los sépalos	5	0,76
Tipo de lóbulos de la hoja	6	0,74
Pigmentación de venas del envés	8	0,74
Pubescencia de los sépalos	6	0,74
Forma del limbo	4	0,73
Color de los sépalos	5	0,72
Color predominante de la raíz	9	0,72
Hábito de crecimiento planta	4	0,72
Forma lóbulo central de la hoja	8	0,60
Color secundario de la raíz	10	0,49
Distribución de pigmentos antociánicos en pulpa de la raíz	10	0,34
Color de la hoja madura	9	0,24

Vale anotar que los descriptores forma del lóbulo central de la hoja, color secundario del periderma de la raíz tuberosa, distribución de pigmentos antociánicos en la pulpa de la raíz, y color de la hoja madura, a pesar de que tienen muchos estados descriptivos, la población no presentó mucha variación para toda la gama de estados; de ahí que su valor discriminativo fue bajo. Por tanto, además del número de estados de un descriptor cualitativo, su valor discriminativo depende también de la diversidad de la población

1.3.4. Valor discriminativo de descriptores cuantitativos para separar clones en el agrupamiento tipo 1.

El valor "D" se ponderó de acuerdo a el número de clones de cada grupo, obteniendo el valor "Dw" (Cuadro 9).

Descriptores con mayor valor "Dw" fueron los que tuvieron mayor poder discriminativo en la población.

La comparación de los descriptores de la raíz, la flor, el tallo y las hojas señala que el promedio entre grupos tuvo poca variación, por lo que la desviación estándar debe ser la medida más apropiada para comparar la variación entre ellos (Cuadro 10). En general, los descriptores del largo y ancho de la flor, tuvieron la menor cantidad de variación en la población. Por el contrario, los descriptores de la raíz, el tallo y la hoja variaron entre cinco y diez veces más que los descriptores de la flor. Esto sugiere que el largo y ancho de la flor, necesitan menor tamaño de muestra que las demás características en esta población.

De los resultados presentados en el Cuadro 9 se deduce que los grupos 4, 6 y 7 tienen los valores D de mayor magnitud para la mayoría de los descriptores, indicando teóricamente que los grupos fueron muy heterogéneos.
Al comparar los valores "Dw" del Cuadro 9 se concluye también teóricamente que los descriptores más discriminativos fueron el diámetro de la raíz tuberosa, largo de la flor, ancho de la flor y longitud del pecíolo. Sin embargo, en general sus valores comparados con los otros descriptores fueron marcadamente bajos y similares entre todos los grupos. Según Engels (1983a) esto indica que los clones evaluados son marcadamente similares en las características utilizadas y por lo tanto, dichos valores no permiten caracterizar e identificar clones o cultivares de dicha colección.

Comparando el número de significancias del Cuadro 11, se deduce que de los siete grupos, el 1 y el 3 tuvieron el menor número; mientras que en los grupos 2, 5 y 6 fueron mayores. Teniendo en cuenta que a menor número de

diferencias significativas, los grupos son más similares, los clones de los grupos 1 y 3 son más uniformes que los clones de los grupos 2, 5 y 6 en relación con los diez descriptores utilizados. Los otros grupos quedaron en una posición intermedia. Esto indica que los grupos 2, 5 y 6 son muy diversos.

Se realizó la prueba de Tukey y se comparó con los resultados de la prueba de Duncan la cual evidencia limitaciones cuando se realizan comparaciones múltiples con un gran número de medias Cuadro 12.

Cuadro 9. Descriptores cuantitativos utilizados para la discriminación de 106 clones de *Ipomoea batatas*, evaluados de acuerdo al valor "D" y "Dw" de Engels (1983a), en el agrupamiento tipo 1.

DESCRIPTOR	"D" POR GRUPOS							"Dw"
	1 (24)	2 (11)	3 (7)	4 (26)	5 (10)	6 (22)	7 (6)*	
RAIZ								
Unión de raíz con el tallo	0,50	0,18	0,28	0,32	0,31	0,31	0,00	0,32
Largo de la raíz tuberosa	0,03	0,47	0,42	0,43	0,35	0,45	0,40	0,34
Diámetro de la raíz tuberosa	0,36	0,49	0,52	0,17	0,44	0,54	0,53	0,46
Grosor de la corteza de la raíz	0,08	0,47	0,23	0,29	0,35	0,42	0,73	0,32
$\bar{X}$	[illegible]	[illegible]	[illegible]	[illegible]	[illegible]	0,42	[illegible]	[illegible]
FLOR								
Largo de la flor	0,05	0,36	0,04	0,49	0,64	0,60	0,47	0,38
Ancho de la flor	0,11	0,29	0,23	0,58	0,67	0,34	0,60	0,38
$\bar{X}$	0,08	0,32	0,13	0,53	0,65	0,47	0,53	0,38
TALLO Y HOJA								
Tamaño de la hoja	0,27	0,29	0,23	0,36	0,31	0,45	0,47	0,35
Longitud del peciolo	0,43	0,53	0,57	0,34	0,42	0,40	0,33	0,42
Longitud de entrenudos	0,19	0,18	0,33	0,31	0,11	0,35	0,40	0,26
Diámetro de entrenudos	0,25	0,16	0,42	0,07	0,24	0,61	0,73	0,31
$\bar{X}$	0,28	0,29	0,39	0,27	0,27	0,45	0,48	0,33
PROMEDIO GENERAL	0,23	0,34	0,33	0,34	0,38	0,45	0,47	0,35

* Numero de clones por grupo.

Cuadro 10.Promedios y desviación estandar de descriptores cuantitativos utilizados en la descripción de 106 clones de Ipomoea batatas, CATIE 1991.

DESCRIPTOR	G R U P O S													
	1		2		3		4		5		6		7	
	$\bar{X}$	sd	$\bar{X}$	sd	$\bar{X}$	sd	$\bar{X}$	sd	$\bar{X}$	sd	$\bar{X}$	sd	$\bar{X}$	sd
UNION DE LA RAIZ AL TALLO	1,8	2,8	0,5	1,7	5,3	3,1	3,6	2,3	3,2	1,9	3,2	2.2	5,3	3,4
LARGO DE LA RAIZ	24,9	7,6	20,2	7,2	23,2	5,4	18,8	5,5	16,1	4,6	14,9	6.1	11,8	5,2
DIAMETRO DE LA RAIZ	3,5	0,9	2,4	0,6	3,7	2,1	8,4	2,3	9,6	2,7	7,1	2.2	6,7	2,2
GROSOR CORTEZA DE LA RAIZ	4,5	1,4	4,1	0,7	3,8	1,1	4,1	1,1	3,2	0,9	3,5	1.1	2,9	1,2
Promedio		3,2		2,5		2,9		2,8		2,5		2,9		3
LARGO DE LA FLOR	4,4	0,3	4,5	0,3	3,6	0,4	4,0	0,5	3,5	0,5	4,0	0,5	4,0	0,5
ANCHO DE LA FLOR	4,1	0,3	4,1	0,3	3,6	0,6	4,0	0,5	3,7	0,5	4,0	0,4	3.7	0,5
Promedio		0,3		0,3		0,5		0,5		0,5		0,4		0,5
TAMAÑO DE LA HOJA	12,3	1,8	8,2	1,1	14,1	1,2	10,6	1,7	11,4	1,5	10,7	1,6	11,0	1,8
LONGITUD DEL PECIOLO	20,0	5.7	11,9	4,1	20,2	8,2	18,7	5,0	18,3	5,6	16,1	4,9	17,3	5,2
LONGITUD DEL ENTRENUDO	8,0	1,9	5,6	1,2	6,0	1,4	4,3	1,7	5,7	1,2	3,5	1,2	4,9	0,8
DIAMETRO DEL ENTRENUDO	0.6	0,1	0,5	0,04	0,7	0,1	0,6	0,3	0,5	0,1	0,6	0,1	0,7	0,1
Promedio		2,4		1,6		2,7		2,2		2,1		1,9		2

Cuadro 11. Descriptores cuantitativos utilizados para discriminar 106 clones de Ipomoea batatas evaluados por su valor de F en el agrupamiento tipo 1.

DESCRIPTOR	GRUPOS						
	1	2	3	4	5	6	7
Unión de raiz con el tallo	13,99**	200,5**	4,9**	5,4**	3,8**	4,7**	1,0
Largo de la raiz tuberosa	1,35	9,5**	4,4**	10,7**	6,2**	10,9**	25,3**
Diámetro de la raiz tuberosa	8,01**	5,0**	9,5**	3,3**	6,4**	14,6**	12,1**
Grosor corteza de la raiz	2,09	5,3**	3,5*	5,9**	6,1**	10,1**	43,9**
Largo de la raiz tuberosa	1,63	11,5**	1,6	10,7**	17,7**	20,0**	6,1**
Ancho de la flor	2,42	2,8**	4,5**	21,6**	18,8**	6,4**	15,9**
Tamaño de la hoja	4,66**	4,2**	2,6*	13,4**	4,5**	8,6**	12,3**
Longitud del peciolo	8,08**	8,5*	11,6**	5,2**	5,9**	5,8**	4,2**
Longitud de entrenudos	3,66**	2,9**	4,1**	7,9**	2,5*	5,6**	3,4**
Diámetro de entrenudos	4,62**	2,8*	6,1**	1,0	3,1**	14,4**	30,1**

* Significativo al 5 %
** Significativo al 1 %

Cuadro 12. Comparación del valor discriminativo Dw de diez descriptores cuantitativos de *Ipomoea batatas* con las pruebas de rango múltiple de Duncan y Tukey.

DESCRIPTOR	Duncan "Dw"	Tukey "Dw"	r General
Unión de la raíz con el tallo	0,32	0,12	0,82**
Largo de la raíz tuberosa	0,34	0,17	
Diámetro de la raíz tuberosa	0,40	0,21	
Grosor de la corteza de la raiz	0,32	0,14	
Largo de la flor	0,38	0,22	
Ancho de la flor	0,38	0,22	
Tamaño de la hoja	0,34	0,16	
Longitud del peciolo	0,41	0,17	
Longitud de entrenudos	0,27	0,10	
Diámetro de entrenudos	0,31	0,16	

Se mantuvo la similitud entre los valores "Dw" con Tukey, pero su magnitud fué mucho menor. Al clasificar los indicadores de acuerdo a los valores de "Dw" se observó una inversión en el orden. En particular, los dos descriptores

con indicadores de mayor poder discriminativo de acuerdo a Duncan fueron longitud del pecíolo y diámetro de la raíz tuberosa; mientras que de acuerdo a Tukey fueron el largo y ancho de la flor. Se nota una alta concordancia entre ambos indicadores cuantificada por la correlación entre el "Dw" de Duncan y Tukey, que alcanzó el valor r = 0,82**.

De esta sección se concluye que existen seis descriptores cualitativos con suficiente poder discriminativo para separar clones y grupos de clones, siendo útiles en la descripción de cualquier colección de batata. Igualmente, se encontró que a mayor número de estados del descriptor, mayor poder discriminante. Finalmente, dicho poder discriminante en descriptores cualitativos es función de la precisión de las observaciones y de la diversidad fenotípica de la población.

1.4. Clasificación de los grupos: Agrupamiento tipo 1.

La clasificación de los siete grupos por cada tipo de agrupamiento está fundamentada en las variables que estadísticamente tuvieron alto poder discriminativo. En esta sección se analizan los datos de frecuencia de los descriptores dentro de cada grupo. Este análisis es básico para la caracterización de los grupos. Además se debe tener en cuenta que un descriptor discriminativo no necesariamente significa tipificar grupos con un sólo estado del descriptor. La discriminación se debe dar principalmente por la combinación de frecuencias de los diferentes estados del descriptor dentro de cada grupo.

1.4.1. Defectos de la raíz tuberosa

Los grupos más homogéneos fueron el 1, 2 y 5, los cuales tuvieron el 95,8% (23 clones), 100% (11 clones) y 80% (8 clones) de sus individuos con raíces con muchas lenticelas (MULE), constriciones y hendiduras profundas (COHEPRO) respectivamente (Figura 3).

El grupo 3 por su parte tuvo el 57,1% de sus clones con raíces con constricciones superficiales (COSU), mientras que los grupos 4, 6 y 7 fueron los más heterogéneos, presentando gran gama de defectos como pocas lenticelas (POLE), constricciones profundas (COPRO), hendiduras longitudinales superficiales (HELOSU) y hendiduras longitudinales profundas (HELOPRO).

En general en la Figura 3 se puede observar que el descriptor defectos de la raíz tuberosa, diferenció bien los grupos. Es decir, la heterogeneidad de los grupos 3, 4, 5, 6 y 7, está fundamentada en las diferentes frecuencias de los estados del descriptor en cada grupo de la población. La proporción de clones con defectos leves pocas lenticelas (POLE), muchas lenticelas (MULE) y constricciones superficiales (COSU) fue de 62,3% del total de clones, distribuidos principalmente entre los grupos 1, 2, 4, 6 y 7; lo cual es bastante considerable toda vez que éstos cinco grupos a excepción del grupo 7, agruparon más del 80% de la colección. En general, la población tiene alta proporción de clones con raíces poco defectuosas.

1.4.2. Pigmentación de las venas en el envés de las hojas.

Se observa la formación de tres grupos (36,8 % de la población) con venas de color amarillo; el grupo 1 con

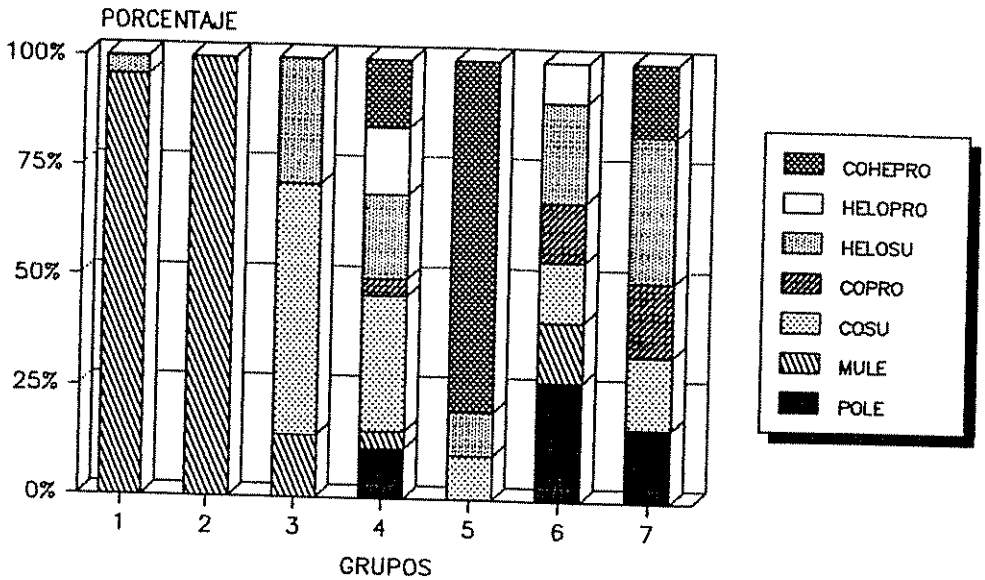

Figura 3. Defectos del periderma de la raíz tuberosa por grupos, en el agrupamiento tipo 1

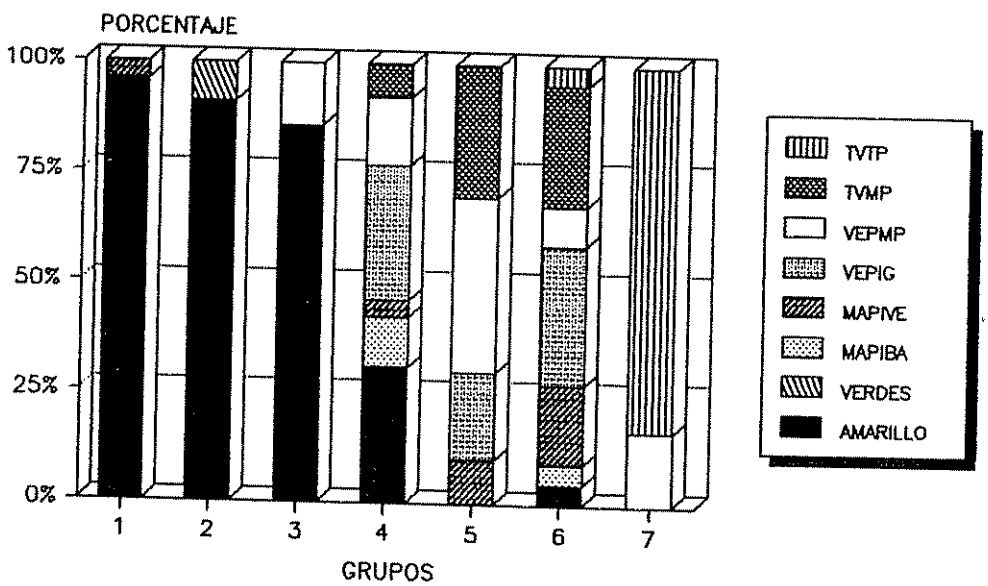

Figura 4. Pigmentación de las venas en el envés por grupos, en el agrupamiento tipo 1.

95,8 % de sus individuos, 90,9 % del grupo 2 y el grupo 3 con 85,7 % (Figura 4). La pigmentación de las venas fue muy variable en la población, dado que los grupos 4, 5 y 6 agruparon el 54,7% de la población. Dentro del grupo 4 predominaron los clones con vena principal parcialmente pigmentada (VEPIG) un 30,8% y clones con venas de color amarillo un 30.8%; en el grupo 5 el 40% de los clones mostraron vena principal mayormente pigmentada (VEPMP); mientras que el grupo 6 mostró el 31,8% de los clones con vena principal parcialmente pigmentada (VEPIG). Sin embargo en estos tres grupos se agruparon clones con manchas pigmentadas en la base (MAPIVE), todas las venas mayormente pigmentadas (TVMP) y todas las venas totalmente pigmentadas (TVTP).

1.4.3. Color de la pulpa de la raíz tuberosa.

Fue el tercer descriptor cualitativo en poder discriminativo para separar grupos. Tres estados tipificaron mayormente a los grupos 1, 2, 3, 4 y 5 (Figura 5). En el grupo 1, el 87,5% (21 clones) fue de pulpa color crema al igual que el 91% (10 clones) del grupo dos. Por su parte, el grupo 3 fue tipificado principalmente por raíces con pulpa de color amarillo y anaranjado en el 85,7% de los clones. Los grupos 4, 6 y 7 fueron los más heterogéneos; esto indica una alta variabilidad del caracter. Los colores blanco, crema, crema oscuro y amarillo pálido, los más deseables, se encuentran en el 75,5% de la población de clones descritos.

1.4.4. Color secundario del periderma de la raíz tuberosa.

La presencia de un color secundario del periderma de la raíz, acompañada de una alta frecuencia de las mutaciones en la especie, hacen que éste descriptor sea

clave para la identificación y descripción de genotipos (Edmond y Ammerman, 1971). Brotes con mutación en un área de color secundario, generalmente originan un nuevo genotipo con raíz predominantemente de ese color, comolo comprueban los resultados obtenidos por Miller (1935) quien encontró mutaciones en el color del periderma, contenido de azúcar, almidón y rendimiento de cinco clones de Puerto Rico.

De la Figura 6 se deduce que los grupos 1 y 5 fueron predominantes en la población con color único en el periderma de la raíz. Sin embargo, todos los grupos tienen raíces sin color secundario, representando el 69,8% de todos los clones. Los grupos 4, 6 y 7 volvieron a ser los más heterogéneos; Esto sugiere que el manejo de estos grupos debe ser cuidadoso, ya que son los más propensos a posibles mutaciones.

1.4.5. Pigmentación del pecíolo.

La pigmentación del pecíolo fue muy heterogénea entre los grupos (Figura 7). El grupo más típico fue el 7 con 83,3 % de sus clones con pecíolo totalmente pigmentado; seguido por el grupo 1 con 70,8% y el grupo 2 con 72,7% de sus clones con pecíolo verde. Los grupos 1, 2, y 3 fueron muy similares en cuanto a la frecuencia de los estados verde y moderadamente pigmentado.

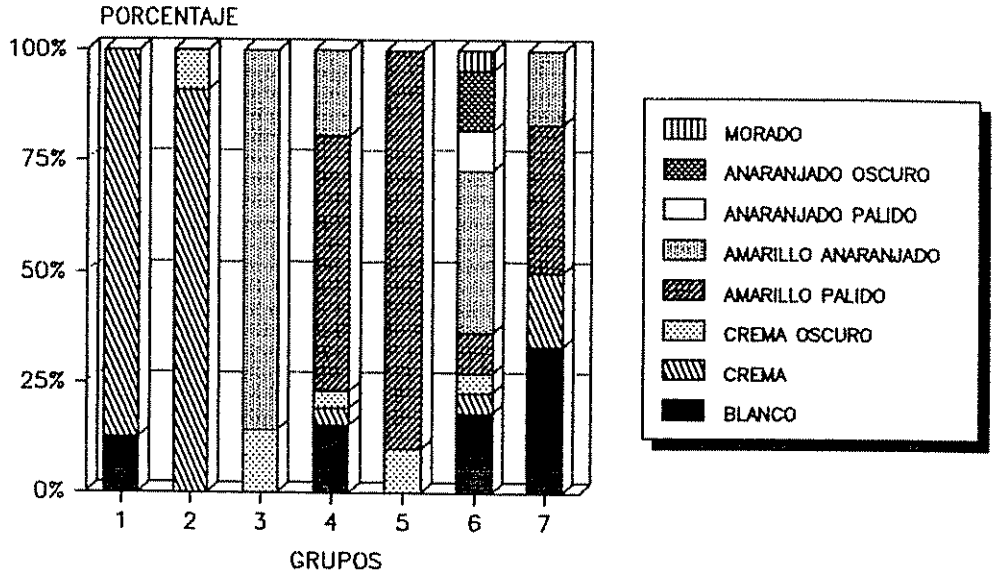

Figura 5. Color de la pulpa de la raíz tuberosa por grupos, en el agrupamiento tipo 1.

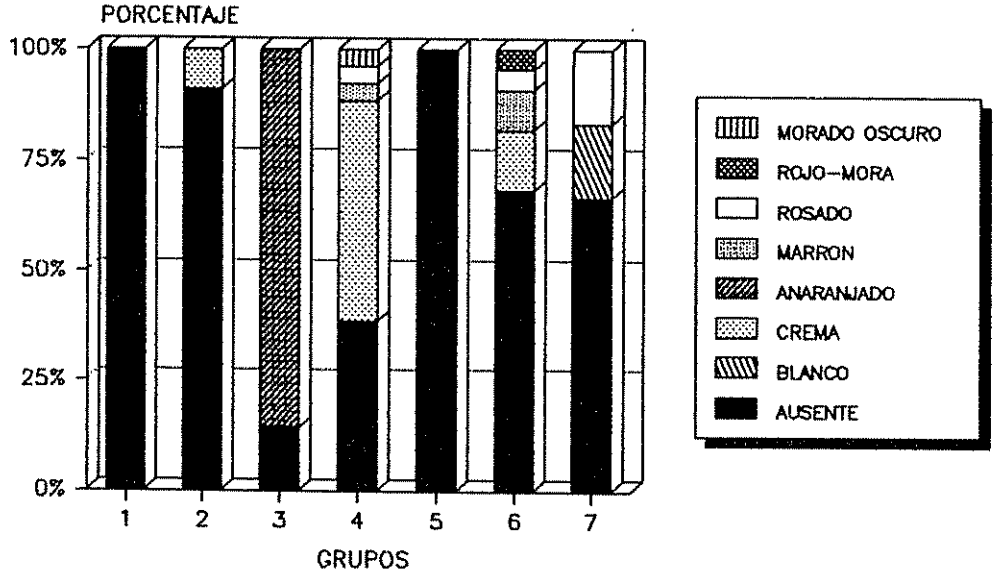

Figura 6. Color secundario del periderma de la raíz por gruposen, el agrupamiento tipo 1.

1.4.6. Color predominante de la raíz tuberosa.

Este descriptor claramente separó tres grupos (Figura 8) a saber : el grupo 1 con 91,7% de sus individuos con raíz rojo mora; el grupo 3 con raíces color crema en el 100% de sus clones y el grupo 5 con 80% de sus individuos con raíces color morado.

1.4.7. Forma de la raíz tuberosa.

En los siete grupos predominaron tres formas de raíz (Figura 9); larga irregular 87,5% del grupo 1 y 100% del grupo 2, representando el 30,2% de la población; larga elíptica 85,7% del grupo 3 y 34,6% del grupo 4; ovada 80% del grupo 5, 31.8% del grupo 6 y 50% del grupo 7. Los grupos 4, 6 y 7 fueron los más heterogéneos; mientras que el resto de ellos fueron mayormente definidos por un estado del descriptor.

1.4.8. Pubescencia en los ápices del tallo.

Como en muchos otros cultivos, éste caracter es de importancia cuando se relaciona principalmente a problemas entomológicos. Los grupos 3 y 5 (Figura 10) tuvieron la mayor proporción de indivíduos con pubescencia de ápices ralo (85,7 % y 100 % respectivamente).

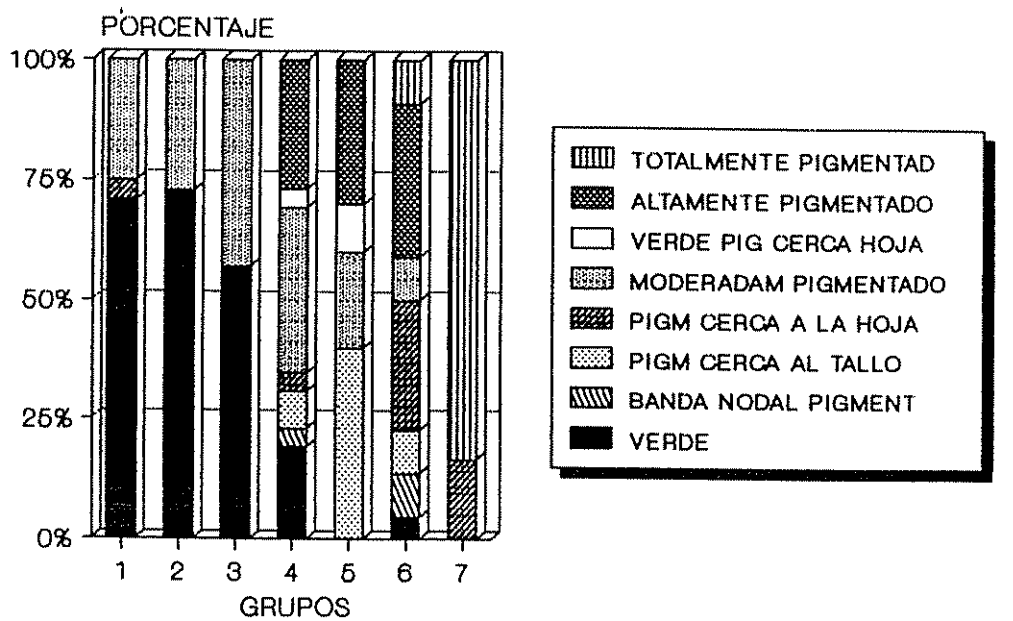

Figura 7. Pigmentación del pecíolo por grupos en el agrupamiento tipo 1.

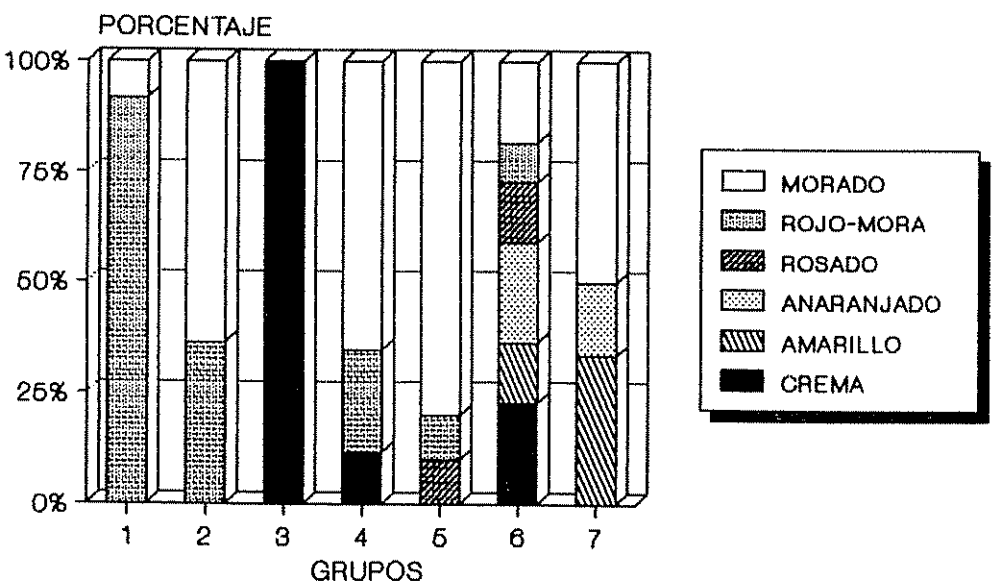

Figura 8. Color predominante de la raíz tuberosa por grupos en el agrupamiento tipo 1.

En general la pubescencia en los ápices del tallo predominó la heterogeneidad dentro de los grupos, siendo mucho más marcada en los grupos 4 y 6; mientras que en los grupos 1 y 2 fue de menor proporción. Adicionalmente, los casos extremos sin pubescencia y pubescencia muy densa, fueron poco frecuentes, a excepción del grupo 7 con el 66,7% de sus clones con ápices sin pubescencia. De todos los estados del descriptor, los estados sin pubescencia, ralo, moderado y denso fueron los más frecuentes en la población; siendo el ralo con 42,4% el de mayor ocurrencia (45 individuos).

1.4.9. Hábito de crecimiento.

Los grupos más homogéneos fueron el 5 y el 7 con el 100 % de sus clones con hábito de crecimiento disperso y semicompacto, respectivamente (Figura 11). El hábito extremadamente disperso predominó en los grupos 1, 2 y 3, con 62,5, 54,5 y 85,7 % de sus clones respectivamente. Estos tres grupos agruparon el 25,5 % de la población total. Los grupos 4 y 6 fueron los más heterogéneos en su hábito de crecimiento; el primero con 19 clones (73%) de hábito semicompacto, 7,7 % con hábito compacto y 19,2 % de hábito disperso; el segundo tuvo 22 clones con el 54,6 % semicompacto, 36,4 % compacto y el 9,1 % de hábito disperso.

Considerando la población total, sólo el 9,4 % de los clones tuvo hábito de crecimiento compacto distribuidos entre los grupos 4 y 6; mientras que el 91,6% se distribuyeron entre semicompacto (35,9%), disperso (29,25%) y muy disperso (25,47%).

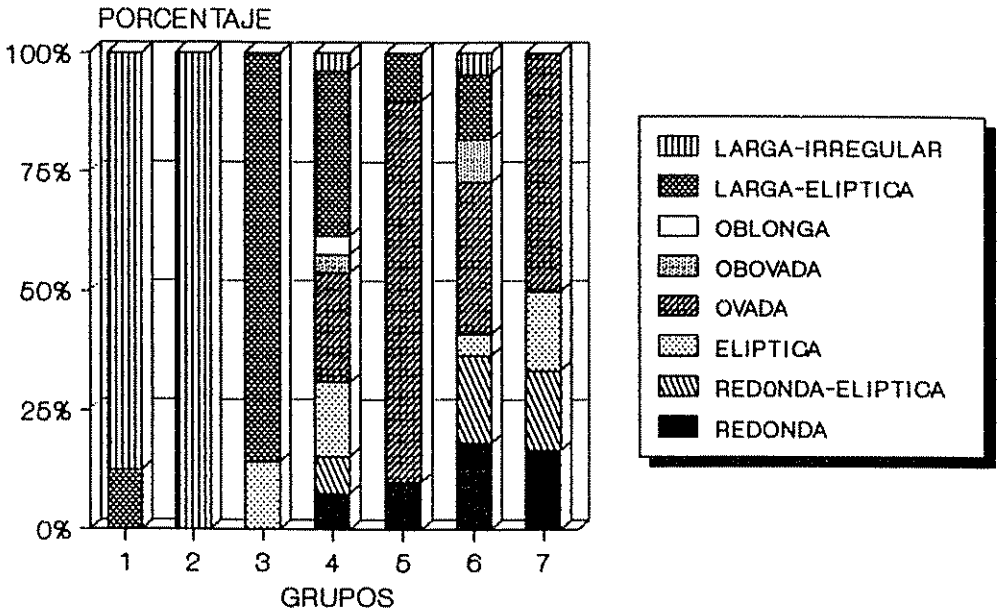

Figura 9. Forma de la Raíz tuberosa por grupos, en el agrupamiento tipo 1

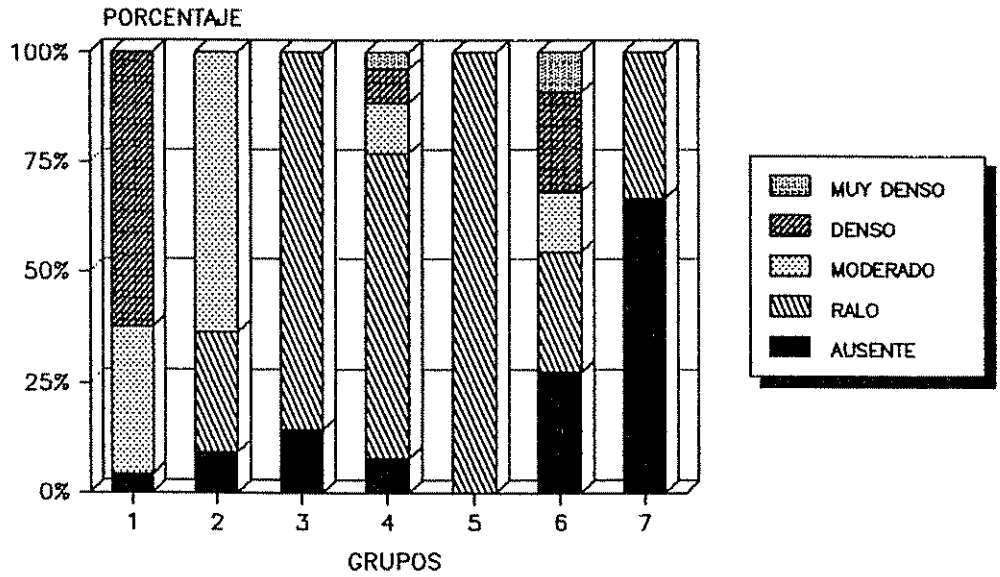

Figura 10. Distribución de la pubescencia de los ápices por grupos, en el agrupamiento tipo 1.

Los hábitos de crecimiento disperso y muy disperso implican varias dificultades de manejo, especialmente cuando se siembran en sistemas múltiples de cultivo por su gran capacidad invasora y agresividad. Dada la importancia de los programas de selección, el tener en cuenta el caracter compacto, tendrá limitaciones por la baja proporción de clones con este hábito. Sin embargo, considerando que éste caracter según tiene valores altos de h^2 (>60 %), puede servir para monitorear cambios de la población bajo determinado esquema de mejoramiento (Jones, 1969) .

1.4.10. Color de la Hoja madura.

Según la Figura 12, el color verde predominó en los grupos 1,2,3,4,5, y 6. Sobresalieron los grupos 2,3 y 4 con el 100% de sus clones con hojas de color verde, lo cual en un determinado esquema de selección que involucre dicho caracter sería muy representativo de la población y los grupos 2,3 y 4 podrían considerarse un solo grupo.

Los clones con hoja madura pigmentada se agruparon principalmente en el grupo 7, siendo el 66,7% de sus individuos con hojas ligeramente pigmentadas. En general, la población estudiada tuvo poca variabilidad para este caracter.

1.4.11. Tipos de lóbulos de la hoja.

Cada grupo tuvo el predominio de un tipo de lóbulo; sin embargo, ningún grupo estuvo caracterizado por un único estado del descriptor (Figura 13) . Se destacó el grupo 5; en el cual el 90% de sus clones tuvieron lóbulos

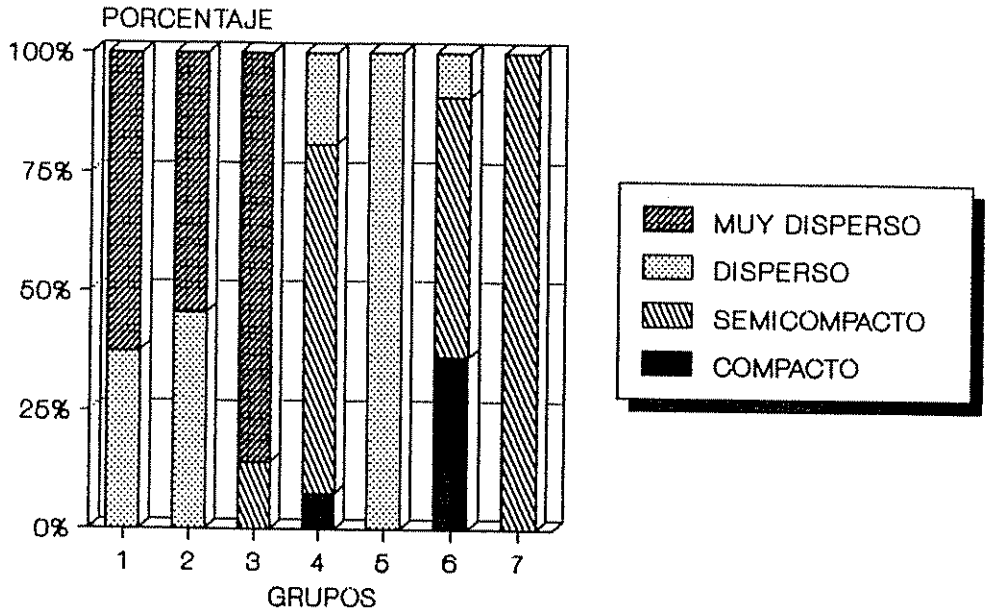

Figura 11. Hábito de crecimiento por grupos, en el agrupamiento tipo 1.

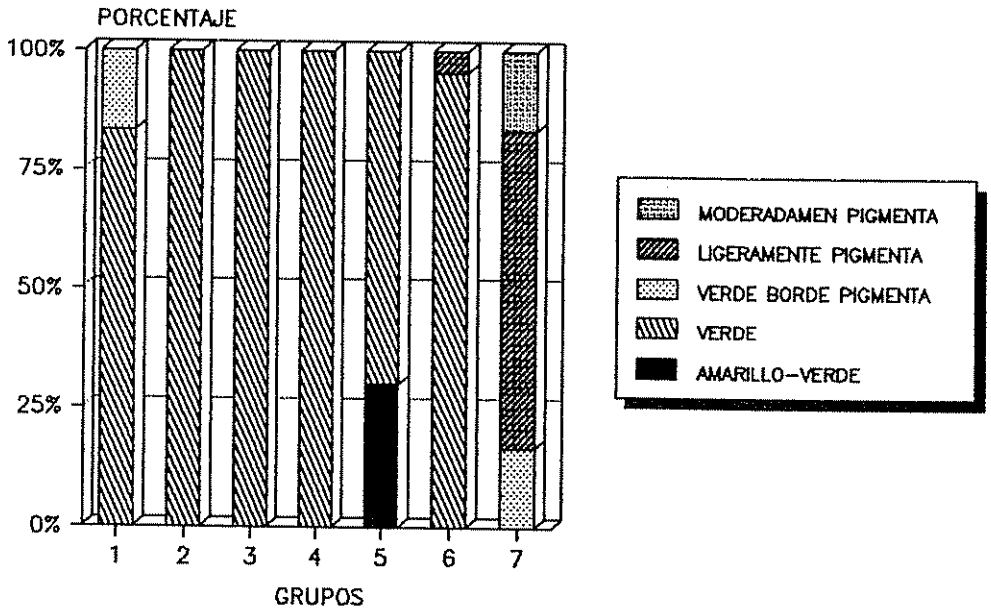

Figura 12. Color de la hoja madura por grupos, en el agrupamiento tipo 1.

superficiales. El grupo 6 fue el más heterogéneo al mostrar los cinco estados del descriptor distribuidos entre sus 22 indivíduos.

1.4.12. Hábito de floración.

Para éste descriptor hubo dos grupos bien típicos el 2 y el 5; ambos con el 100% de sus clones sin ningún hábito de floración (Figura 14). La proporción de estos clones al total de la población fue del 16%; lo cual aparentemente no es muy significativo sabiendo que existen técnicas sencillas para inducir la floración al establecer programas de cruzamientos. El resto de la población 84% de los clones presentó algún hábito de floración bajo las condiciones en que se realizó la descripción.

1.4.13. Pigmentación antociánica de la pulpa de la raíz tuberosa.

La distribución de la población para este descriptor fue muy clara (Figura 15). Los grupos 1,2 y 3 mostró el 100% de sus clones sin pigmentos antociánicos en la pulpa de la raíz. De los cuatro grupos restantes el grupo 5 mostró todos sus clones con los estados manchas dispersas, corteza, cambium y parénquima pigmentados. En general, la población sin pigmentos antociánicos fue de 81,1% del total; lo cual es de gran importancia, toda vez que éste es un caracter deseable para un programa de mejoramiento.

Del agrupamiento tipo 1 podemos concluir que la población tiene buena proporción de clones sin defectos limitantes en la raíz; igualmente, existe una variación considerable en la pigmentación de las venas del envés; alta

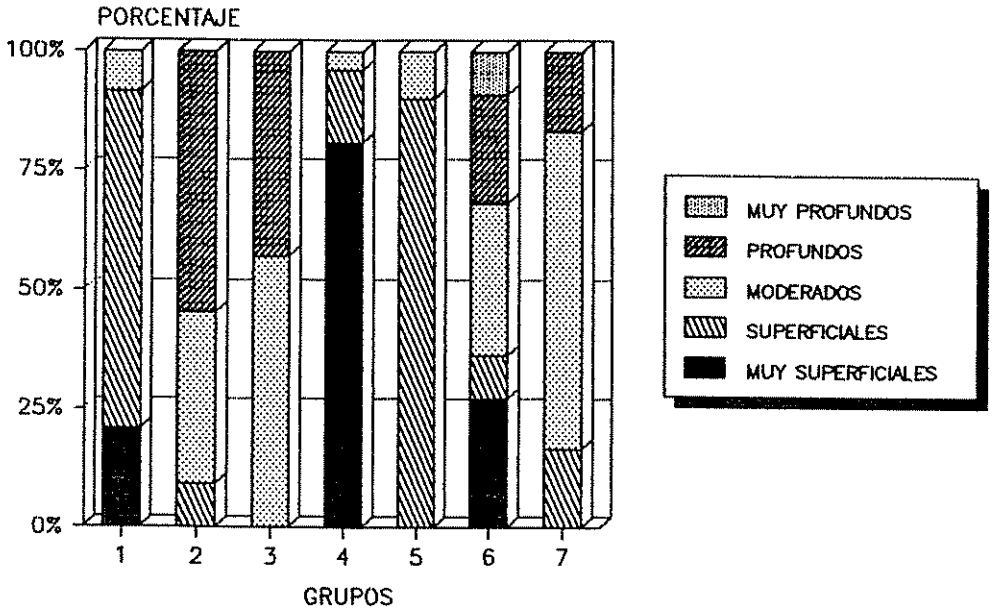

Figura 13. Tipo de lóbulos de la hoja por grupos, en el agrupamiento tipo 1.

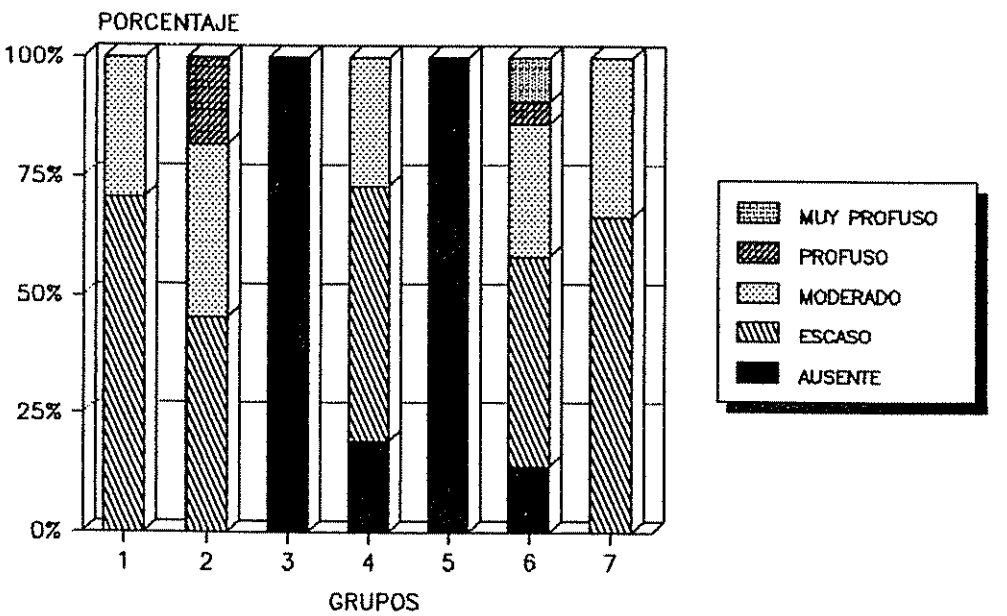

Figura 14. Hábito de floración por grupos, en el agrupamiento tipo 1.

proporción (75.5%) de clones con pulpa de colores deseables. Gran diversidad en pigmentación del pecíolo, predominan las raíces de colores oscuros, con formas deseables en el 70% de la población. Predominaron los hábitos no deseables (disperso y muy disperso) y hubo un 84% con algún hábito de floración y un 81% sin antocianinos en la pulpa.

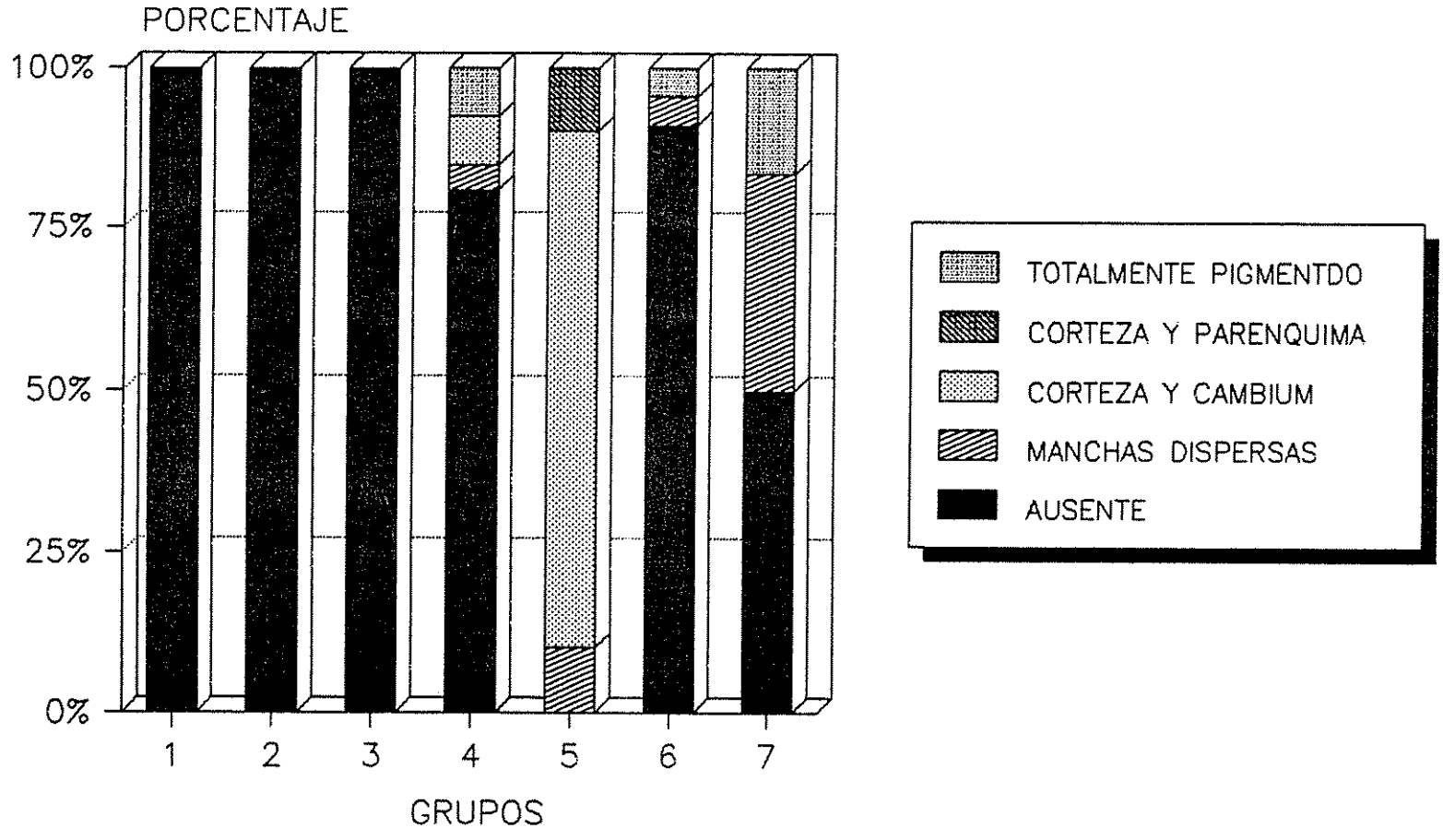

Figura 15. Distribución de pigmentos antociánicos en la pulpa de la raíz por grupos, en el agrupamiento tipo 1.

1.5. Clasificación de los grupos: Agrupamiento tipo 2.

1.5.1. Defectos de la raíz tuberosa.

Considerando la información presentada en la Figura 16 se deduce que los grupos 6 y 2 tuvieron las raíces con menos defectos, pocas (POLE) y muchas lenticelas (MULE) respectivamente. Estos grupos representan la proporción de clones (46,2% del total) con mejor presentación externa de la raíz tuberosa. La presencia de lenticelas en la raíz constituye puerta de entrada a patógenos y otros microorganismos y afecta la presentación del producto para el consumidor.

Los grupos 1 y 2 fueron los más homogéneos, el grupo 1 mostró los defectos más limitantes; dicho grupo en este tipo de agrupamiento constituyó solamente el 11,3% de la población total con 12 individuos. Los grupos 3, 4 y 5 presentaron la combinación de al menos dos defectos con distinto porcentaje entre sus clones. Lo anterior indica que la proporción de clones (46%) con mejor presentación externa de raíz es baja, lo cual podría ser un limitante serio en un programa de cruzamientos.

1.5.2. Forma de la raíz tuberosa.

Sobresalen los grupos 2 y 4 tipificados por raíces largas irregulares y largas elípticas con el 90% y 100% de sus clones respectivamente (Figura 17).

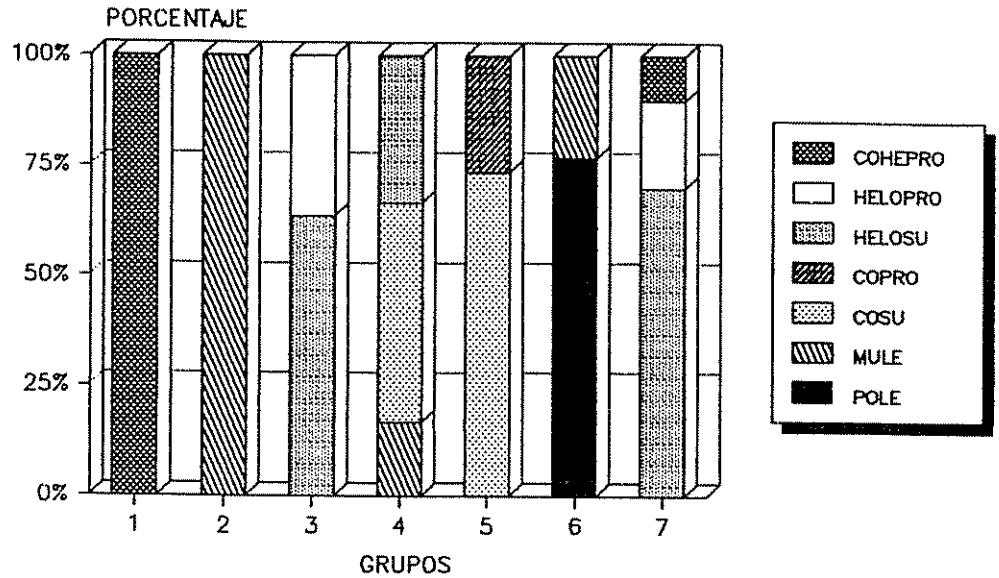

Figura 16. Defectos del periderma de la raíz tuberosa por grupos, en el agrupamiento tipo 2

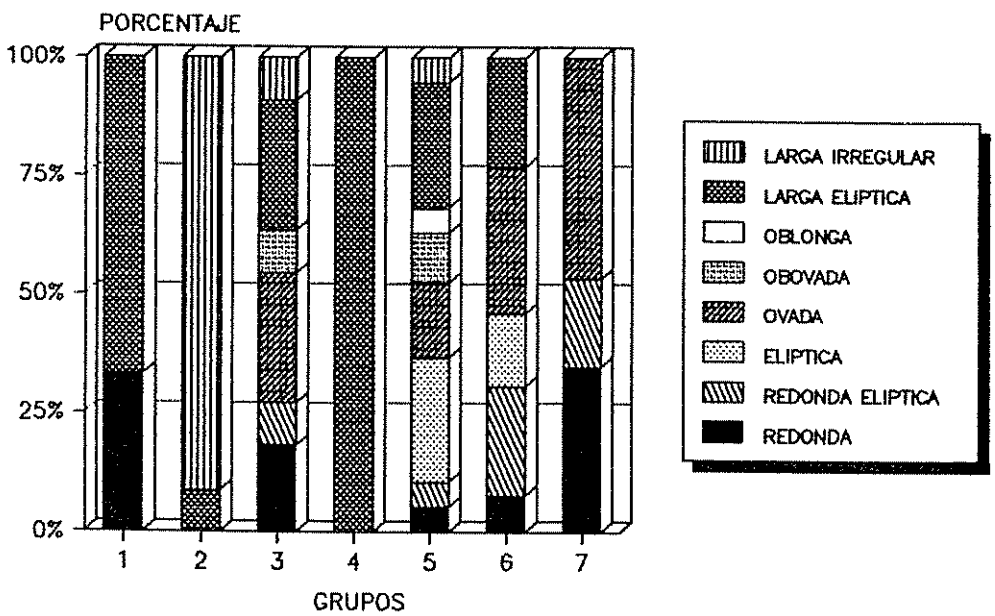

Figura 17. Forma de la raíz tuberosa por grupos, en el agrupamiento tipo 2.

Los grupos 3, 5 y 6 fueron bastante heterogéneos para este caracter. Las formas más deseables elíptica y larga elíptica, representaron el 7% y 21% de la población total (29 individuos).

1.5.3. Color de la pulpa de la raíz tuberosa.

A excepción del grupo 4 (100% de sus indivíduos con pulpa color amarillo y anaranjado), el grupo 2 (88,5% de sus individuos con pulpa color crema); el descriptor tuvo distribución heterogénea en sus diferentes estados a través de los grupos (Figura 18).

Para el color de la pulpa, los grupos más heterogéneos fueron el 3, 5, 6 y 7. Siendo éste caracter de primera importancia para el mejoramiento de la batata, su alta heterogeneidad dentro de éstos grupos define una alta variabilidad genética. La importancia es apreciable dado que dichos grupos, reunieron el 50% de la población.

1.5.4. Color predominante de la raíz tuberosa.

Como se presenta en la Figura 19, Los grupos 5, 6 y 7 fueron los más heterogéneos ; estos grupos constituyeron el 41% de la población total; mientras que el 59% restante tuvo colores desde morado en el grupo 1 y 3 (82% y 81% del grupo respectivamente), hasta rojo-mora en el grupo 2 (74.3% del grupo) y crema en el grupo 4 con el 100% de sus clones . En general, el 71,7% de la población tuvo raíz de color entre rojo-mora y morado.

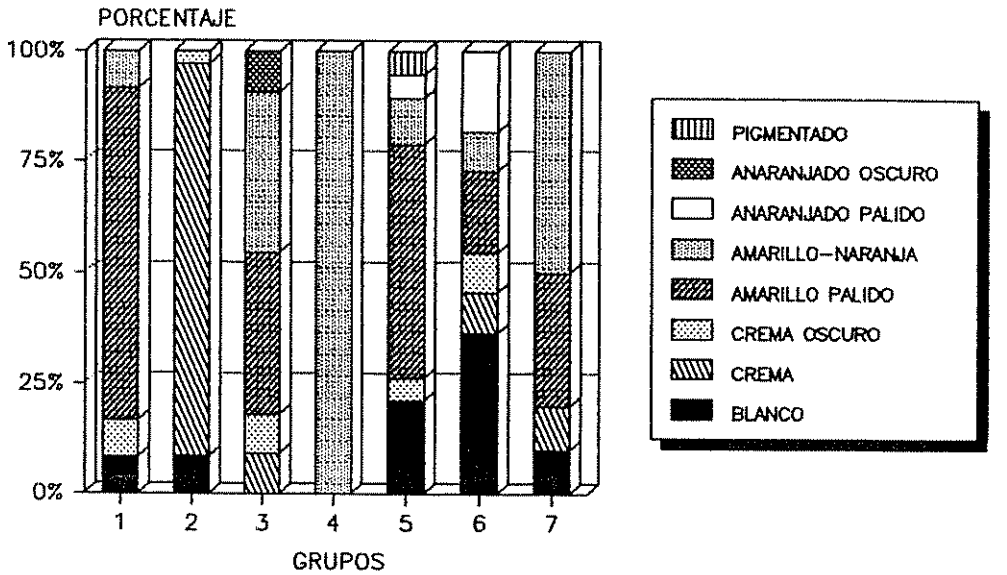

Figura 18. Color de la pulpa de la raíz tuberosa por grupos, en el agrupamiento tipo 2.

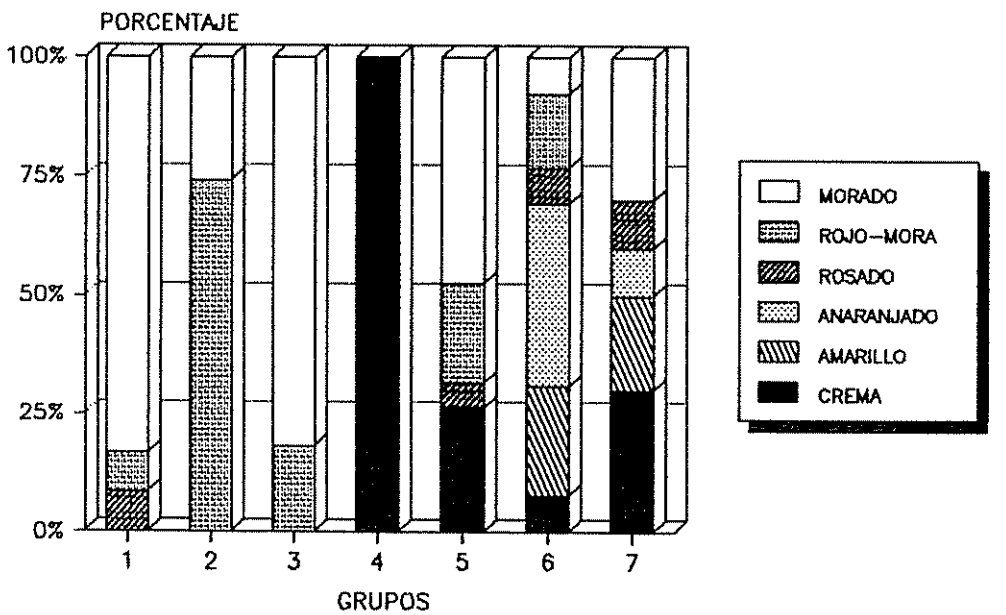

Figura 19. Color predominante de la Raíz por grupos, en el agrupamiento tipo 2

1.5.5. Hábito de crecimiento.

El poco valor discriminativo entre grupos de este caracter produjo grupos muy heterogéneos; predominó la asociación de clones con hábito de crecimiento compacto, semicompacto y disperso en los grupos 1,5,6 y 7 (Figura 20). El grupo 4 fue el más característico con el 100% de sus clones de hábito muy disperso. La frecuencia de los hábitos más deseables compacto y semicompacto, fue de 45.3% de la población.

Como conclusión, con el agrupamiento tipo 2, la población presentó baja proporción de clones (46%) con defectos poco limitantes en la raíz, lo cual afectará un programa de selección debido a la alta frecuencia de defectos más limitantes. Mucho más baja fue la proporción de formas deseables en la raíz (28%). Contrariamente, la heterogeneidad del color de la pulpa tuvo nivel aceptable (50%), mientras que el color externo tuvo alta proporción (71.7%) de clones con colores deseables. Contrario al agrupamiento tipo 1 se agrupó mayor proporción (45.3%) de clones con hábito de crecimiento deseable (compacto y semicompacto)

1.6. Características de los grupos

Agrupamiento tipo 1.

En el Cuadro 13 se observa el porcentaje de cada uno de los grupos con relación a los estados de los 13 descriptores cualitativos de alto valor discriminativo en el agrupamiento tipo 1.

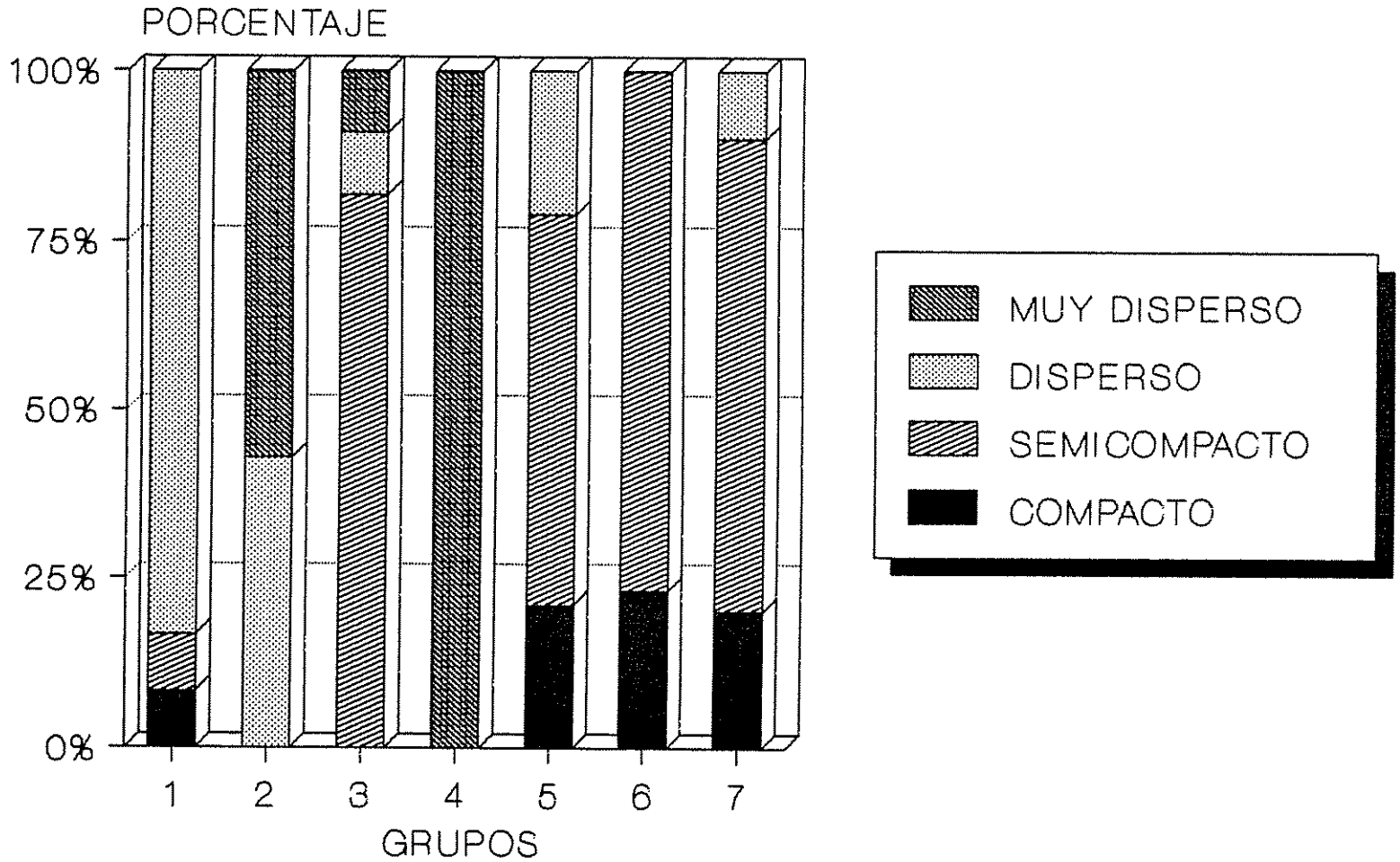

Figura 20. Hábito de crecimiento por grupos, en el agrupamiento tipo 2.

Grupo 1. El 96% de sus clones mostró raíces cuyo defecto principal fue la presencia de muchas lenticelas; éste defecto fué el segundo menos leve en la escala evaluada. La pulpa de la raíz fué de color crema en el 86% de sus clones y ninguno de los 24 clones del grupo mostró pigmentos antociánicos en la pulpa; adicionalmente el 87% de los clones mostró raíz de forma larga irregular y de color rojo mora en el 92% del grupo. Todos los individuos del grupo mostraron un sólo color de raíz; es decir no hubo color secundario. El 37% de las plantas mostró un hábito de crecimiento disperso y un 62% muy disperso. La parte aérea se caracterizó por hojas con lóbulos superficiales en el 71% de los clones y 21% con lóbulos muy superficiales. Respecto a las hojas maduras fueron de color verde en el 83% de ellos y verde con borde pigmentado en el 17% restante. El color de las venas del envés de las hojas en el 96% de los clones fue de color amarillo. El 71% de los clones mostró pecíolo verde y un 25% moderadamente pigmentado. El hábito de floración fue principalmente ralo (71%). Finalmente, los ápices mostraron pubescencia densa en un 60 %.

Grupo 2. En este grupo la raíz se caracterizó por ser de forma larga irregular en los 11 clones y de color morado y rojo-mora en el 63% y 36 %, respectivamente. También mostró raíces con muchas lenticelas en el 100% de sus clones, carne 100% de la pulpa sin antocianina y de color crema en el 91% de los clones. El 90% los clones no mostró color secundario en la raíz. El 45% de los clones mostró hábito de crecimiento disperso, mientras que un 55% fue muy disperso. Todos los 11 clones mostraron hojas maduras de color verde, con el 90% de lóbulos principalmente profundos; 91% de los individuos con venas del envés de color amarillo, 73% con pecíolo verde y un 28% moderadamente pigmentado. El hábito de floración fue principalmente entre ralo (45% de los clones) y moderado (36% de los clones). Los ápices fueron moderadamente pubescentes en el 64% de los clones.

Cuadro 13. Porcentaje de clones del agrupamiento tipo 1 según 13 descriptores discriminativos

DESCRIPTORES	GRUPOS*						
	1	2	3	4	5	6	7
DEFECTOS DE LA RAIZ							
pocas lenticelas				12(3)		27(6)	17(1)
muchas lenticelas	96(23)	100(11)		4(1)		14(3)	
constricciones superficiales			57(4)	31(8)		14(3)	17(1)
constricciones profundas				4(1)		14(3)	17(1)
hendiduras longitudinales superficiales			30(2)	19(5)		23(5)	32(2)
hendiduras longitudinales profundas				15(4)		9(2)	
constricciones y hendiduras profundas				15(4)	80(8)		17(1)
PIGMENTACION DE VENAS EN EL ENVES							
amarillas	96(23)	91(10)	86(6)	37(10)		4(1)	
mancha pigmentada en la base						4(1)	
manchas pigmentadas varias venas					10(1)	19(4)	
vena principal parcialmente pigmentada				37(10)	20(2)	33(7)	
vena principal mayormente pigmentada					40(4)	9(2)	
todas venas mayormente pigmentadas					30(3)	27(6)	
todas venas totalmente pigmentadas						4(1)	83(5)
COLOR DE LA PULPA DE LA RAIZ							
blanco						18(4)	33(2)
crema	86(20)	91(10)				5(1)	
crema oscuro						5(1)	
amarillo palido				60(16)	90(9)	8(2)	33(2)
amarillo anaranjado			86(6)			36(8)	
anaranjado palido						8(2)	
anaranjado oscuro						15(3)	
morado						5(1)	
COLOR SECUNDARIO DEL PERIDERMA DE LA RAIZ							
ausente	100(24)	91(10)		38(10)	100(10)	68(15)	67(4)
blanco							17(1)
marrón				4(1)		9(2)	
rosado				4(1)		5(1)	17(1)
crema				50(13)		14(3)	
anaranjado			80(5)				
rojo-mora							
morado				4(1)			
PIGMENTACION DEL PECIOLO							
verde	71(17)	73(8)	57(4)	19(5)		4(1)	
verde banda nodal pigmentada				4(1)	40(4)	9(2)	
verde y pigmentado cerca al tallo				8(2)		9(2)	
verde y pigmentado cerca a la hoja				4(1)	10(1)	28(6)	
moderadamente pigmentado			43(3)	35(9)	20(2)	9(2)	
pigmentado y verde cerca a la hoja				4(1)			
altamente pigmentado				27(7)	30(3)	32(7)	
totalmente pigmentado						9(2)	83(5)
HABITO DE CRECIMIENTO							
compacto						36(8)	
semicompacto				73(19)		54(12)	100(6)
disperso	37(9)	45(5)			100(10)	10(4)	
muy disperso	62(15)	55(6)	86(6)				

* Número entre paréntesis indica el número de clones por cada estado del descriptor.

Continuación Cuadro 13.....

DESCRIPTORES	GRUPOS						
	1	2	3	4	5	6	7
COLOR PREDOMINANTE DE LA RAIZ							
crema			100(7)			29(5)	
amarillo						14(3)	17(1)
anaranjado						29(5)	
rosado						14(3)	33(2)
rojo-mora	92(22)	36(4)		23(6)		8(2)	
morado		63(7)		65(17)	80(8)	18(4)	50(3)
FORMA DE LA RAIZ							
redonda				8(2)		18(4)	17(1)
redonda elíptica				8(2)		18(4)	17(1)
elíptica				15(4)		4(1)	17(1)
ovada				23(6)	80(8)	32(7)	49(3)
obovada				4(1)		9(2)	
oblonga				4(1)			
larga elíptica			86(6)	34(9)		15(3)	
larga irregular	87(21)	100(11)		4(1)		4(1)	
PUBESCENCIA DE LOS APICES DEL TALLO							
ausente				8(2)		27(6)	67(4)
ralo			86(6)	69(18)	100(10)	27(6)	
moderado		64(7)		11(3)		14(3)	
denso	60(14)			8(2)		23(5)	
muy denso				4(1)		9(2)	
COLOR DE LA HOJA MADURA							
amarillo verde					30(3)		
verde	83(20)	100(11)	100(7)	100(26)	70(7)	95(21)	
verde borde pigmentado	17(4)						17(1)
ligeramente pigmentada							66(4)
moderadamente pigmentada							17(1)
TIPOS DE LOBULOS DE LA HOJA							
muy superficiales				81(21)	80(8)	27(6)	
superficiales	71(17)					9(2)	
moderados			57(4)			32(7)	67(4)
profundos		90(10)	43(3)			23(5)	
muy profundos						9(2)	
HABITO DE FLORACION							
ausente			100(7)	19(5)	100(10)	14(3)	
ralo	71(17)	45(5)		54(14)		46(10)	67(4)
moderado		36(4)		27(7)		28(6)	33(2)
profuso						4(1)	
muy profuso						8(2)	
PIGMENTACION ANTOCIANICA PULPA DE LA RAIZ							
ausente	100(24)	100(11)	100(7)	81(21)		91(20)	50(3)
manchas dispersas							33(2)
pigmentada en corteza y cambium					80(8)		
pigmentada en corteza y parénquima central					10(1)		
totalmente pigmentada							17(1)

Grupo 3. El 86% de los clones mostro raíz de forma larga-elíptica y en el 100% de los individuos agrupados el color predominante fue el crema. Las raíces del 57% de los clones tuvo como defecto las constricciones superficiales, el cual es uno de los tres defectos leves en la escala; un 30% mostró hendiduras longitudinales superficiales, lo cual es un defecto de mayor severidad. El 85.7% de los indivíduos mostró raíces con pulpa de color amarillo con anaranjado o viceversa y el 100% no mostró antocianinas. El anaranjado fue color secundario en la peridermis del 80% de los clones. De los tres primeros grupos fue el de mayor proporción relativa 85.7% de individuos con hábito de crecimiento muy disperso. Las hojas como en los grupos anteriores fueron de color verde en todos los clones, con lóbulos mayormente moderados (57% de los clones) y profundos (43% de los clones). Las venas del envés fueron de color amarillo en el 85.7% de los clones; mientras que el pecíolo fue verde y moderadamente pigmentado en el 57 y 43 % de los clones respectivamente. El 100% de los clones de este grupo no floreció bajo las condiciones normales de cultivo; sinembargo se obtuvo su floración utilizando espalderas de bambú. El grupo 3 fue el que tuvo la mayor proporción de individuos con ápices de pubescencia muy rala (86%). Como se puede ver, con la excepción del color predominante en la raíz tuberosa, los grupos 1,2 y 3 fueron bastante típicos por el mismo hábito de crecimiento, el color de hoja madura, y la pigmentación de las venas del envés.

Grupo 4. Este grupo tuvo forma de raíz bastante variable; mostró individuos en los ocho estados del descriptor (Figura 9), predominó la forma de raíz larga-elíptica y ovada con 35% y 15% respectivamente. El color de la raíz varió entre rojo-mora y morado en un 23 y 65% de los clones del grupo.

Existió gran variación de defectos de la raíz, presentando siete de los ocho estados del descriptor. Situación similar se presentó con el color de la pulpa, incluyendo los colores blanco, crema, crema oscuro amarillo con anaranjado y amarillo palido con la mayor proporción (60% de los individuos); sin embargo, el 81% de sus clones no mostró pigmentos antociánicos en la pulpa. El 73.% de los clones mostró hábito de crecimiento semicompacto. Igual que los grupos 2 y 3, el 100% de los clones mostraron hoja de color verde y el 81% lóbulos muy superficiales. El grupo 4 presentó pigmentación de venas extremadamente variable, predominaron las venas de color amarillo y la vena principal parcialmente pigmentada, cada una en 37% de los genotipos. El hábito de floración fue bastante heterogéneo, variando entre ausente (19%), ralo (54%) y moderado (27%). Finalmente, el grupo también fue heterogéneo en la pigmentación del pecíolo y pubescencia de los ápices. En el primer caracter el grupo mostró individuos con siete de los ocho estados del descriptor, mientras que en el segundo mostró los cinco estados del descriptor, sobresaliendo el 69% (18 clones) con pubescencia rala.

Grupo 5. El 80% de los clones tuvo raíz tuberosa de forma ovada; predominó el color morado (80%) sobre rojo-mora (23%) y crema (10%). El defecto más severo constricciones y hendiduras profundas estuvo presente en el 80% de los clones; mientras que el 90% tuvieron pulpa de color amarillo palido. Los pigmentos antociánicos fueron comunes en la corteza y cambiun del 80% de los clones y el periderma no tuvo color externo secundario. El 100% de los clones de este grupo fueron de hábito de crecimiento disperso con hojas maduras de color principalmente verde (70% de los clones), lóbulos superficiales, pigmentación de venas variable desde manchas pigmentadas en varias venas (10%), vena principal parcialmente pigmentada (20%), vena principal mayormente pigmentada (40%) hasta todas las venas mayormente pigmentada

(30%). La pigmentación del pecíolo por su parte también mostró variación en el grupo. El 40% presentó pecíolo verde y pigmentado cerca del tallo, el 30% fue altamente pigmentado, un 20% moderadamente pigmentado y el 10% pigmentado cerca a la hoja. El grupo fue homogeneo para la pubescencia de los ápices, el 100% de sus clones mostró ápices ralo y el 100% del grupo no floreció en las condiciones bajo las cuales se realizó la descripción.

Grupo 6. Como el grupo 4, tuvo una variada gama de defectos de la raíz. Fué heterogéneo en la forma de raíz incluyendo siete estados del descriptor; Las raíces fueron de colores variados tanto en la pulpa con el 91%, como en la distribución de pigmentos antociánicos, la cual presentó los ocho estados del descriptor. El color predominante y el color secundario del périderma, mostraron seis y cinco estados del descriptor, respectivamente; sin embargo en éste último el 68% de los clones (15) presentó un sólo color en la piel. En este grupo se agruparon el 36% de las plantas con hábito de crecimiento compacto, semicompacto en el 54.% y disperso en el 9% de los clones.

El follaje se caracterizó por hojas maduras de color verde (95% de los clones), lóbulos de tipos muy variados, venas del envés de las hojas y pigmentación del pecíolo altamente variables con siete estados del descriptor cada uno. El hábito de floración también fue bastante heterogéneo con los seis estados del descriptor. Finalmente, la heterogeneidad se mantuvo con la pubescencia de los ápices del tallo al mostrar cinco de los seis estados del descriptor, predominando los clones con pubescencia densa.

Grupo 7. Un 50% de los clones tuvo raíz de forma ovada y el otro 50% entre redonda, redonda-elíptica y elíptica; el grupo fué heterogéneo en cuanto a defectos de raíz se refiere, mostró pocas lenticelas, constricciones

superficiales y profundas, hendiduras longitudinales superficiales y hendiduras profundas. La pulpa de la raíz fue principalmente de color blanco (33.3%) y amarillo palido (33.3%) con manchas antociánicas dispersas en la pulpa y manchas pigmentadas en la corteza y cambium; el color predominante del periderma fue morado en el 50% de los clones, dos clones de color rosado y uno amarillo; mientras que el 67% del grupo no tuvo color secundario. Junto con el grupo 5, fueron los dos grupos claramente caracterizados por el hábito de crecimiento. El 100% de los indivíduos de este grupo tuvieron el hábito semicompacto con hábito de floración principalmente ralo y moderado. El 67% de ellos tuvieron hoja madura ligeramente pigmentada con lóbulos predominantemente moderados, mientras que el 83% (5 clones) tuvo venas del envés y pecíolos totalmente pigmentados; Fué el grupo con mayor proporción de indivíduos sin pubescencia en los ápices (67%).

Agrupamiento tipo 2.

En el Cuadro 14 se observan los porcentajes de cada uno de los grupos con relación a los estados de mayor frecuencia de los seis descriptores cualitativos de alto valor discriminante en el agrupamiento tipo 2.

Grupo 1. En este grupo, el 100% de los clones se caracterizaron por presentar raíces carnosas de forma ovada, con constricciones y hendiduras profundas, con pulpa de color amarillo palido en el 75% de sus clones y periderma de color morado en el 83% de dichos clones. El hábito de crecimiento fue mayormente disperso (86% de los clones).

Grupo 2. fue uno de los dos grupos con mejor calidad de raíz. Todos los 35 clones que conformaron el grupo tuvieron raíces con muchas lenticelas, lo cual es un defecto de pocas implicaciones en cuanto a presentación del producto se

refiere. La forma fue largo-irregular (90% de los clones) y periderma de color rojo-mora y morado. El 88% de sus clones tuvo pula color crema. Las buenas características en cuanto a pocos defectos y buenos colores, fueron anuladas por la forma, la cual es no deseada en cualquier programa de mejoramiento. A tales caracteres radiculares correspondieron plantas con hábitos de crecimiento disperso (43% de los clones) y muy disperso (57%).

Grupo 3. A este grupo pertenecieron 11 clones cuyo defecto principal en la raíz tuberosa fue la presencia de hendiduras en dos grados; no mostró constricciones ni lenticelas; el 64% de lo clones tuvo hendiduras longitudinales superficiales mientras que el 37% del grupo presentó hendiduras longitudinales profundas. El grupo fue de muy heterogéneo en cuanto a la forma de la raíz dado que presentó seis de los ocho estados del descriptor, predominó la forma ovada y larga irregular. Finalmente en este grupo un 83% de los clones mostraron raíz morada y pulpa de color amarillo palido y amarillo con anaranjado en un 36% de los clones cada uno.

Grupo 4. El 83% de los seis clones que integraron este grupo no mostraron lenticelas y el 50% mostró constricciones superficiales, mientras que el 33.% presentó hendiduras longitudinales superficiales. El 100% de los clones en este grupo fue de raíz larga-elíptica, periderma de color crema y pulpa de color amarillo con anaranjado ; todos ellos mostraron hábito de crecimiento muy disperso.

Grupo 5. A este grupo correspondieron 19 clones, los cuales se caracterizaron por raíces sin lenticelas, ni hendiduras; pero sí constricciones superficiales y profundas un 74% y 26% de ellos, respectivamente. La raíz fue de forma muy variada toda vez que en el grupo se registraron los ocho estados del descriptor, se destacó la forma de raíz elíptica

y larga-elíptica. El color igualmente fue muy variado con cuatro de los seis estados del descriptor, predominando el color morado. El color de la pulpa de la raíz presentó seis de los ocho estados, el 57% con color amarillo palido. Finalmente, los 19 clones presentaron tres hábitos de crecimiento con predominio del hábito semicompacto.

Grupo 6. El 77% de los 13 clones tuvo pocas lenticelas en la raíz y el 23% muchas lenticelas, no mostraron constricciones ni hendiduras en ningún grado. Las raíces fueron de forma muy variada con cinco de seis estados del descriptor; predominó el periderma de color anaranjado con 39% de los clones), aunque hubo clones en los otros cinco estados del descriptor. La pulpa de la raíz fue bastante heterogénea en color, presentó seis de los ocho estados con frecuencias muy similares. Finalmente, las plantas mostraron hábito de crecimiento mayormente semicompacto.

Grupo 7. El grupo no tuvo lenticelas, ni constricciones en la raíz tuberosa pero un 90% de los clones presentó hendiduras longitudinales superficiales. Las raíces además fueron de forma ovada y redonda y el color externo predominante varió entre crema, amarillo, anaranjado, rosado y morado. La pulpa en el 50% de los clones fué amarillo con anaranjado y un 30% amarillo palido. Las plantas en el 70% de los clones mostró hábito de crecimiento semicompacto y un 20% con hábito compacto.

Cuadro 14. Porcentaje de clones del agrupamiento tipo 2, según seis descriptores cualitativos discriminativo

DESCRIPTORES	GRUPOS						
	1 (12)	2 (35)	3 (11)	4 (6)	5 (19)	6 (13)	7 (10)*
DEFECTOS DE LA RAIZ TUBEROSA							
Pocas lenticelas						77(10)	
Muchas lenticelas		100(35)				23(3)	
Constricciones superficiales				50(3)	74(14)		
Constricciones profundas					26(5)		
Hendiduras longitudinales superficiales			63(7)	33(2)			90(9)
Hendiduras longitudinales profundas			37(4)				
Constricciones y hendiduras profundas	75(9)						
FORMA DE LA RAIZ TUBEROSA							
Redonda			18(2)		5(1)	8(1)	30(3)
Redonda elíptica			9(1)		5(1)	23(3)	20(2)
Elíptica					27(5)	15(2)	
Ovada	100(12)		27(3)		16(3)	31(4)	50(5)
Obovada			9(1)		10(2)		
Oblonga					5(1)		
Larga elíptica			27(3)	100(6)	27(5)	23(3)	
Larga irregular		91(31)	9(1)		5(1)		
COLOR DE LA PULPA DE LA RAIZ							
Blanco					21(4)	31(4)	10(1)
Crema		88(30)	9(1)			8(1)	10(1)
Crema oscuro			9(1)		5(1)	8(1)	
Amarillo pálido	75(9)		36(4)		59(10)	15(2)	30(3)
Amarillo y anaranjado			36(4)	100(6)	11(2)	15(2)	50(5)
Anaranjado pálido			9(1)		5(1)	8(1)	
Anaranjado oscuro						15(2)	
Morado					5(1)		
COLOR PREDOMINANTE DE LA RAIZ							
Crema				100(6)	26(5)	8(1)	30(3)
Amarillo						23(3)	20(2)
Anaranjado						38(5)	10(1)
Rosado					5(1)	8(1)	10(1)
Rojo mora		74(26)	18(2)		21(4)	15(2)	
Morado	83(9)	26(9)	82(9)		48(9)	8(1)	30(3)
HABITO DE CRECIMIENTO							
Compacto					21(4)	23(3)	20(2)
Semicompacto			82(9)		58(11)	77(10)	70(7)
Disperso	86(10)	43(15)	9(1)		21(4)		10(1)
Muy disperso		57(20)	9(1)	100(6)			

* Número entre paréntesis indica el número de clones por grupo, por cada estado del descriptor.

1.7. Relaciones entre clones dentro de grupos.

Si bien la metodología de análisis por conglomerados permite realizar inferencias acerca de la estructura del agrupamiento de los clones; este trabajo pretende llegar a determinar con base en dichas inferencias, las características de individuos por grupos. En la discusión subsiguiente se harán consideraciones relativas al origen de los clones y a posibles relaciones de parentesco genético.

Agrupamiento tipo 1.

De acuerdo a su procedencia, los clones fueron agrupados en dos centros de origen en Suramérica y Centroamérica (Cuadro 1). Al comparar los centros de origen de los clones con tipo de agrupamiento, se encontró cierta dependencia para el agrupamiento tipo 1. Esto fue comprobado por medio de los Coeficiente de contingencia (P), Cramer´s (V) y X^2 (Cuadro 15).

La formación de ciertos grupos en este agrupamiento se asocia con el centro de origen. Considerando que el Norte del Perú y Noroeste de Suramérica constituyen el centro de origen primario y por tanto donde se encuentra mayor diversidad, la Figura 21 indica que de los 67 clones procedentes de Centroamérica la mayoría (79%) se concentraron en los grupos 1,4 y 6; las introducciones de Suramérica se distribuyeron en forma más homogénea en los siete grupos, indicio de una mayor diversidad de estas introducciones. Sin embargo, a pesar de la heterogeneidad en procedencia de cada grupo, existe alta similitud entre clones de una u otra procedencia. Esto se pone de manifiesto en los dendrogramas establecidos donde veremos que clones de diversos orígenes se unen tempranamente.

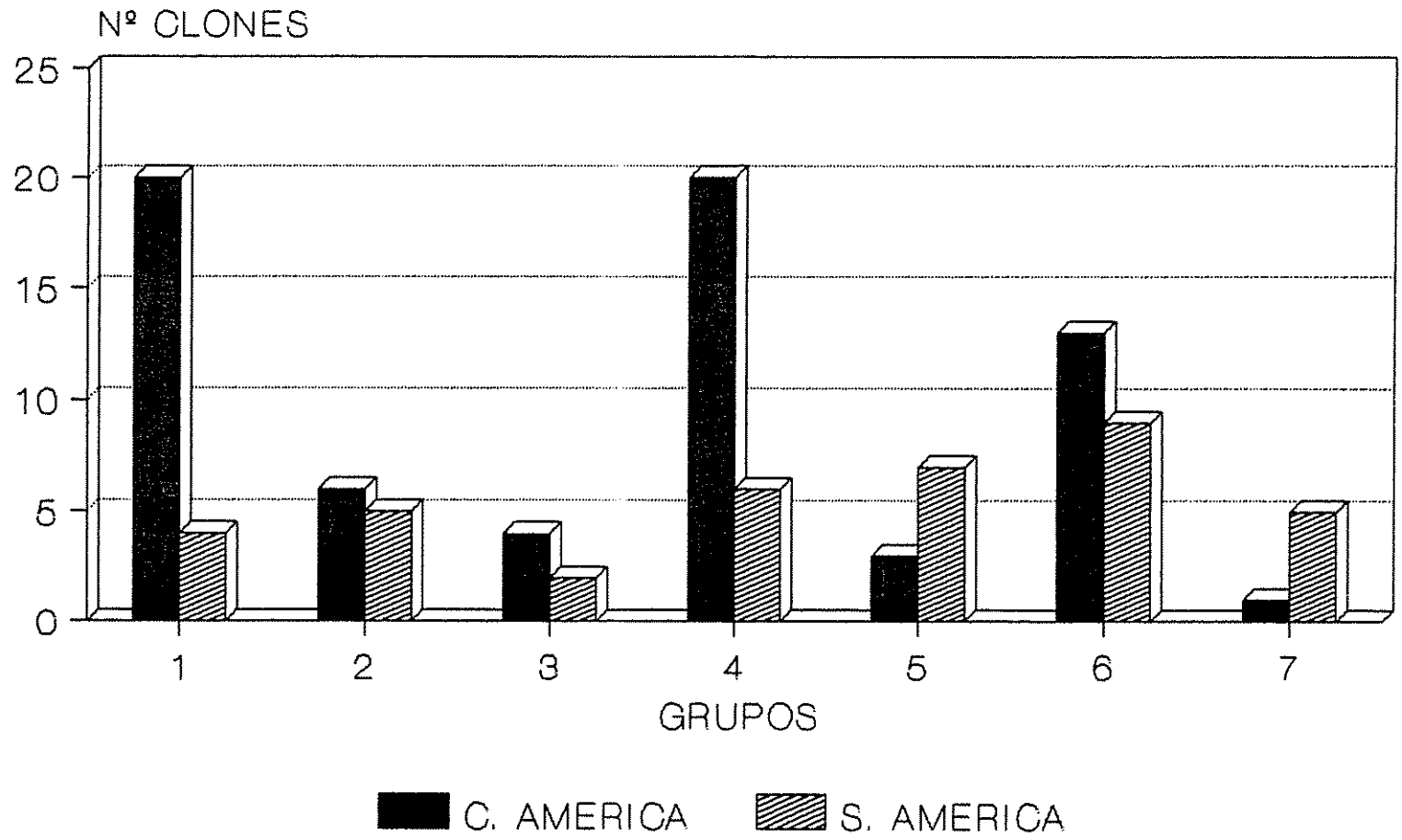

Figura 21. Distribución de los clones en el agrupamiento tipo 1 por centros de origen.

Cuadro 15. Pruebas estadísticas para la comparación entre tipo de agrupamiento y centro de origen; basadas en dos medidas de asociación y el valor de X^2.

PRUEBA		AGRUPAMIENTO			
		TIPO 1	Prob	TIPO 2	Prob
Chi cuadrado	X^2	17,264	0,008	7,807	0,253
Contingencia	P	0,376		0,263	
Cramer	V	0,405		0,273	

Este hecho de dependencia entre grupos y procedencias en el agrupamiento tipo 1 y la similitud entre los clones de diferentes procedencias, pone en evidencia la veracidad de la teoría de Austin (1988) sobre el orígen de *Ipomoea batatas* en el Neotrópico. Según su Hipótesis, los dos más probables ancestros de *I. batatas* (*I. triloba* e *I. trífida)* de acuerdo a evidencias documentadas de viajes, pudieron ser intercambiados en la ruta Río Orinoco - Península de Yucatán a través de la cadena de Antillas Menores.

Dicho intercambio produjo diferentes expresiones fenotípicas relacionadas genéticamente en cada uno de los centros de origen sobre todo Noroeste de Suramérica, Norte del Perú y Guatemala. Adicionalmente, después de la recombinación genética de *Ipomoea batatas*, el intercambio de nuevas razas tomadas en cultivo y clones seleccionados por los agricultores, debió ser posible y dicho germoplasma ha evolucionado en cada centro con los agricultores hasta nuestros días, descansando en este hecho, la similitud estrecha encontrada en este trabajo entre los clones de los centros de orígen; más específicamente el caso de los clones 77,101; 56,88 y 102; 93,104 y 35,100 del grupo 1 (Figura 22); clones 32,33; 31,47 y 53 del grupo 2 (Figura 23); clones 39 y 42 del grupo 5 (Figura 26); los clones 34,36;

6,67; 75,76 del grupo 4 (Figura 25); además de los clones 3,73,13,68; 87, 21 y 80, y 23,91 del grupo 6 (Figura 27).

El intercambio reciente de los clones utilizados en este trabajo se descarta con alta probabilidad dado que según el Dr. Zosimo Huaman del Centro Internacional de la Papa (CIP) (comunicación personal), sólo en el último quinquenio el CIP ha colectado germoplasma de Centroamérica, y los clones que se tienen de Suramérica en el CATIE fueron introducidos en el año 1963, los cuales tampoco han sido distribuidos en la región.

1.7.1. Grupo 1.

El dendrograma del grupo 1, presentado en la Figura 22, contiene los subgrupos A y B.

Según el R^2 semiparcial, la disminución proporcional de la varianza entre subgrupos, es bastante reducida dentro del grupo. Esto indica una alta similitud entre los clones.

Dentro del subgrupo A, la alta similitud atribuida a la unión temprana de los clones 56 y 88 del Perú, 71 y 81 procedentes de El salvador y México, 6 y 27 de Costa Rica y Guatemala y, 8 y 49 de Guatemala y Costa Rica; probablemente se deba a alta relación genética por la existencia de algún progenitor común o genotipos duplicados potenciales, producto del intercambio de germoplasma en la región. Igual situación se presenta en el subgrupo B para los clones 6 y 27 procedentes de Guatemala. El caso de los clones 44 y 90, 77 y 101, 35 y 100 y, 93 y 104 (Figura 22) indica una alta similaridad entre ellos a pesar de tener diferente origen. Si bien esto ocurre igualmente para los clones 48 y 59, lo anterior hace suponer la validez de la hipótesis de origen de la batata planteada por Austin (1988).

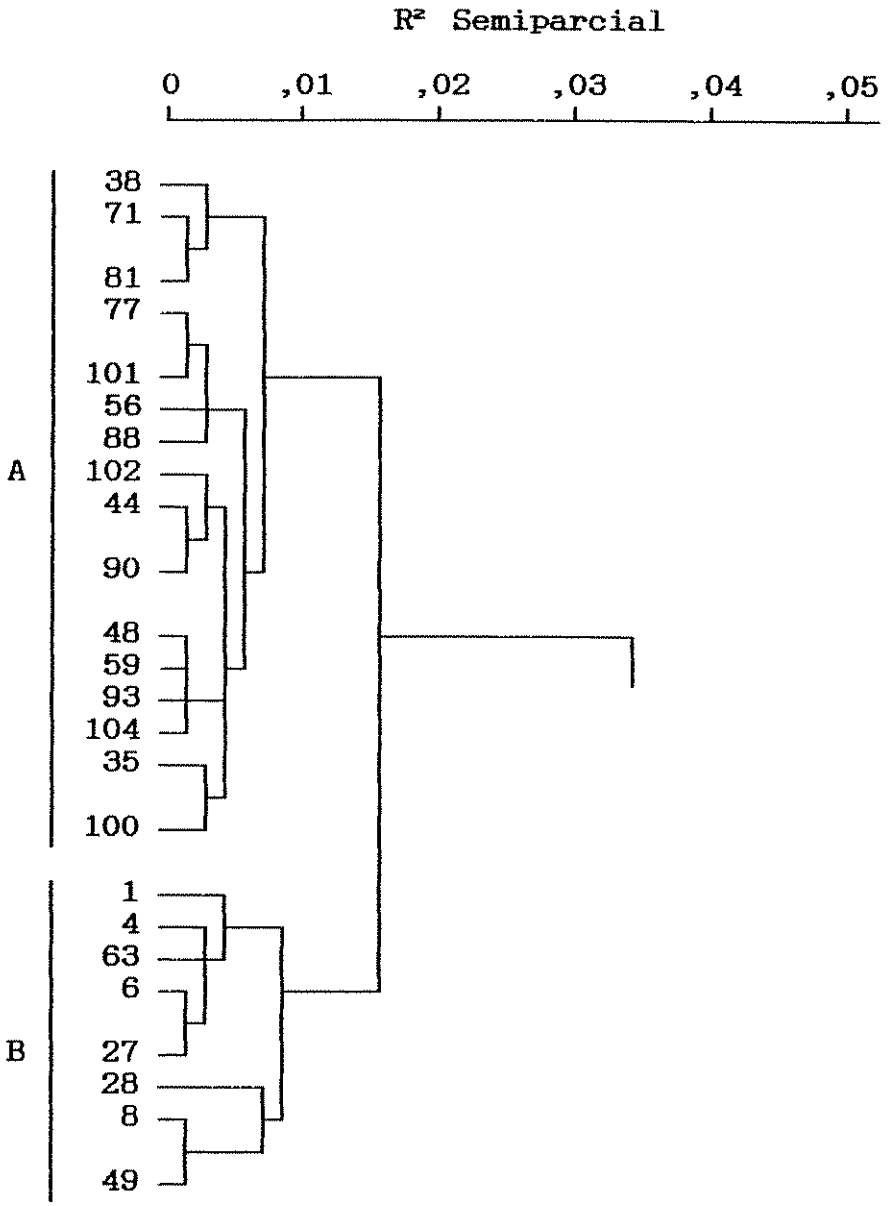

Figura 22. Dendrograma del grupo 1, agrupamiento tipo 1 detallando la relación entre clones y subgrupos A y B.

De los 24 clones del grupo 1, diecinueve de ellos son originarios de Centroamérica y tipificados como plantas

con hábito de crecimiento muy disperso y venas del envés de las hojas de color amarillo. Según Jones (1969) estos caracteres del tallo muestran valores altos de heredabilidad; lo cual permite aseverar aún más la alta relación genética entre estos clones por derivación de antecesores muy cercanos o comunes.

1.7.2. Grupo 2.

El grupo 2 (Figura 23), está compuesto principalmente por dos subgrupos A y B y el clon 106. En términos de proporción de varianza (R^2 semiparcial) los clones están altamente relacionados. En el subgrupo A, los clones 2 y 58 y en el subgrupo B los clones 31 y 47 procedentes del Perú, cada par parece tener una alta relación genética o antecesor común.

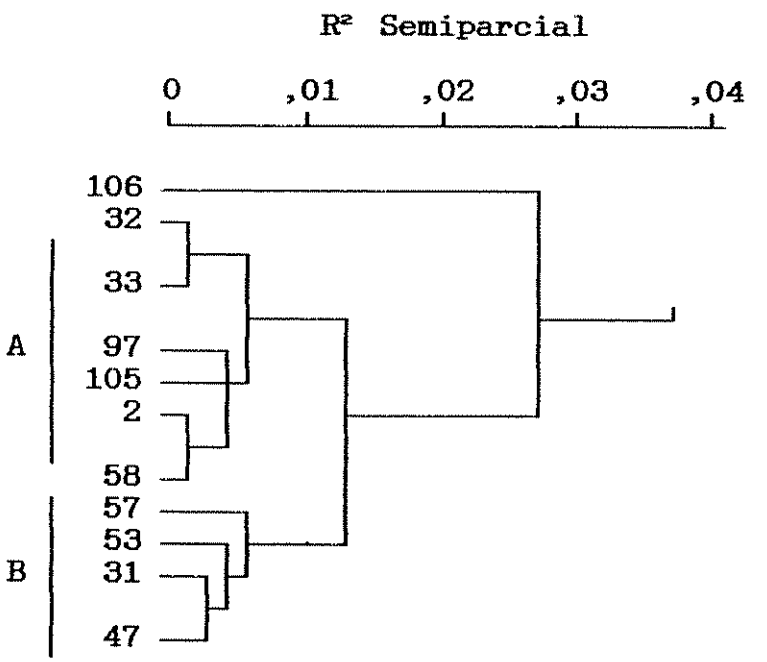

Figura 23. Dendrograma del grupo 2, agrupamiento tipo 1, detalle de la relación entre clones y subgrupos A y B.

1.7.3. Grupo 3.

Los clones 24 y 86 (Figura 24), constituyeron el subgrupo A y son poco diferenciables entre sí, dado que la disminución proporcional de la varianza al separarlos es bastante reducida. En el subgrupo B, los clones 43 y 74 procedentes de Argentina, presentan una alta similitud, lo cual hace suponer una estrecha relación genética.

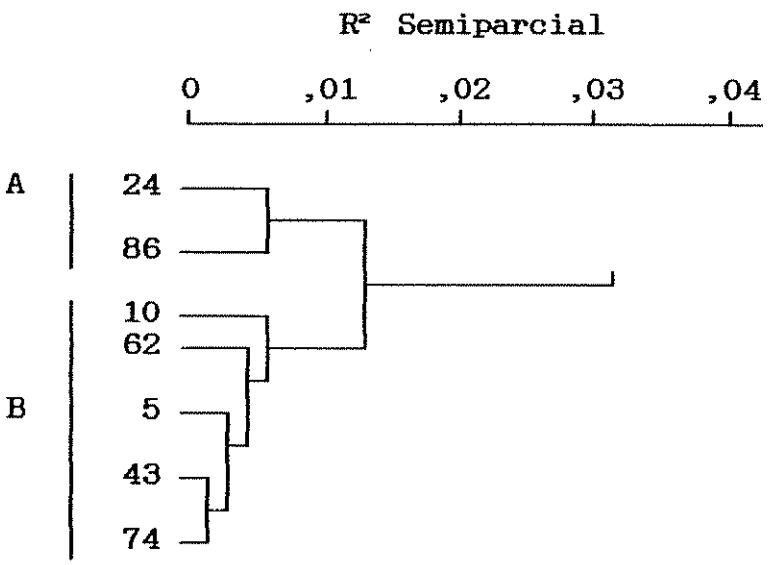

Figura 24. Dendrograma del grupo 3, agrupamiento tipo 1, detallando la relación entre clones y subgrupos A y B.

1.7.4. Grupo 4.

Los grupos 1,4 y 6 fueron los tres grupos que concentran los clones procedentes de Centroamérica. De los cuatro subgrupos del grupo 4 (Figura 25), los clones del subgrupo D son muy similares, siendo éstos principalmente procedentes de Costa Rica. Dentro del grupo en general, los clones de Costa Rica constituyeron el 50% de los clones.

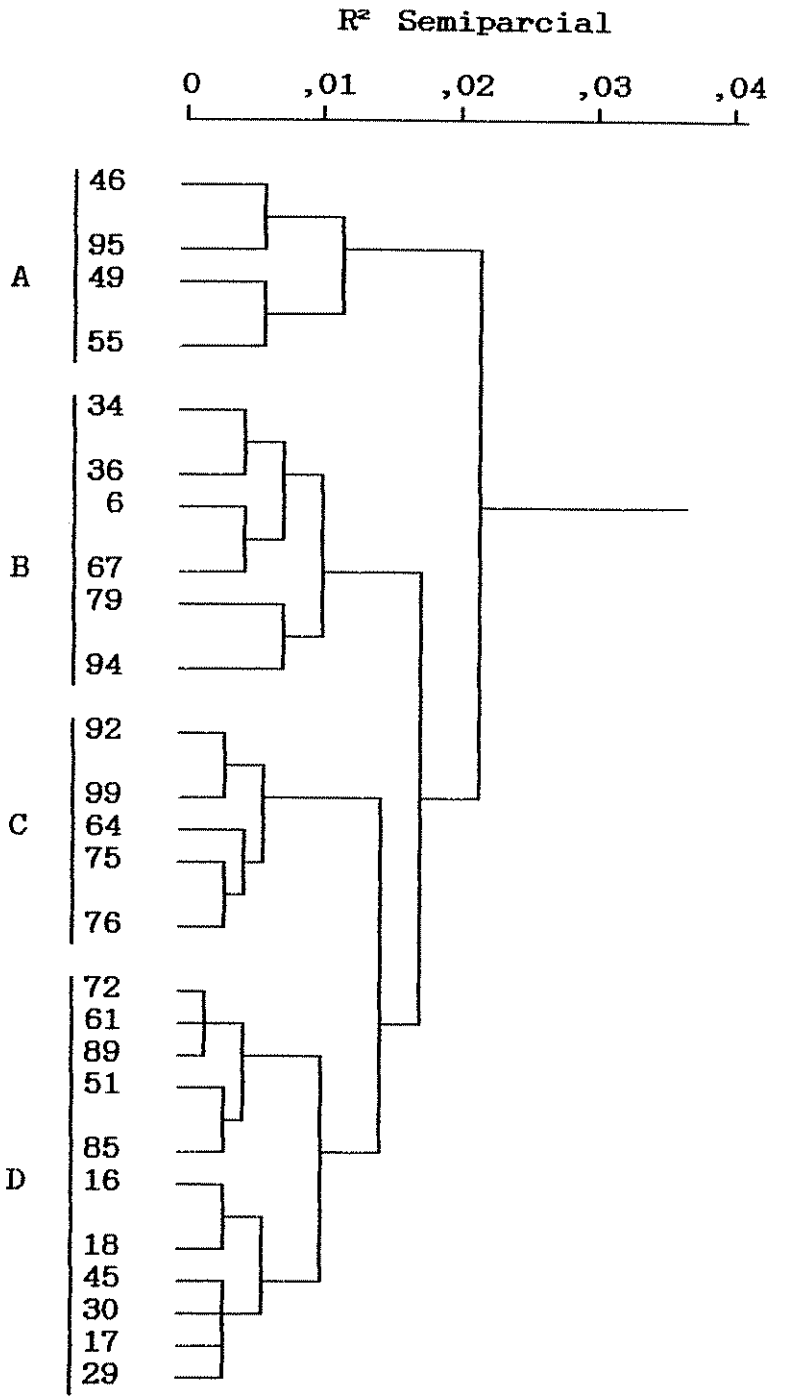

Figura 25. Dendrograma del grupo 4, agrupamiento tipo 1, detalle de la relación entre clones.

1.7.5. Grupo 5.

El grupo 5 (Figura 26), tuvo dos subgrupos. En el subgrupo B, los clones 39 y 42 procedentes de Perú y Estados Unidos respectivamente presentan una alta similitudridad; los clones 28, 52 y 44 teniendo en cuenta la tesis de Austin (1988), podrían haber sido recombinaciones génicas homólogas en los dos centros de origen o posiblemente haber ocurrido en tiempos remotos un intercambio de genotipos domesticados entre los dos centros. Se destaca la similitud del clon 28 procedente de Argentina con los clones 52 y 54 procedentes del Perú.

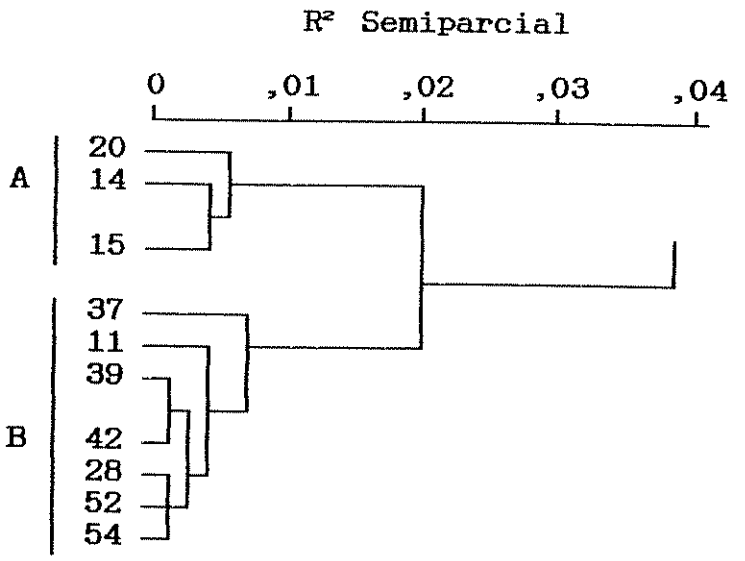

Figura 26. Dendrograma del grupo 5, agrupamiento tipo 1, detalle de la relación entre clones y subgrupos A y B.

1.7.6. Grupo 6.

El grupo 6 fue extremo, dado que presenta los clones con menor similitud; al separar sus clones, el rango de disminución de la varianza fue mayor que en los otros

grupos. Esto indica que este es el grupo mas heterogéneo y diferente, lo cual puede ser debido a la relación con la heterogeneidad de sus procedencias (Figura 27).

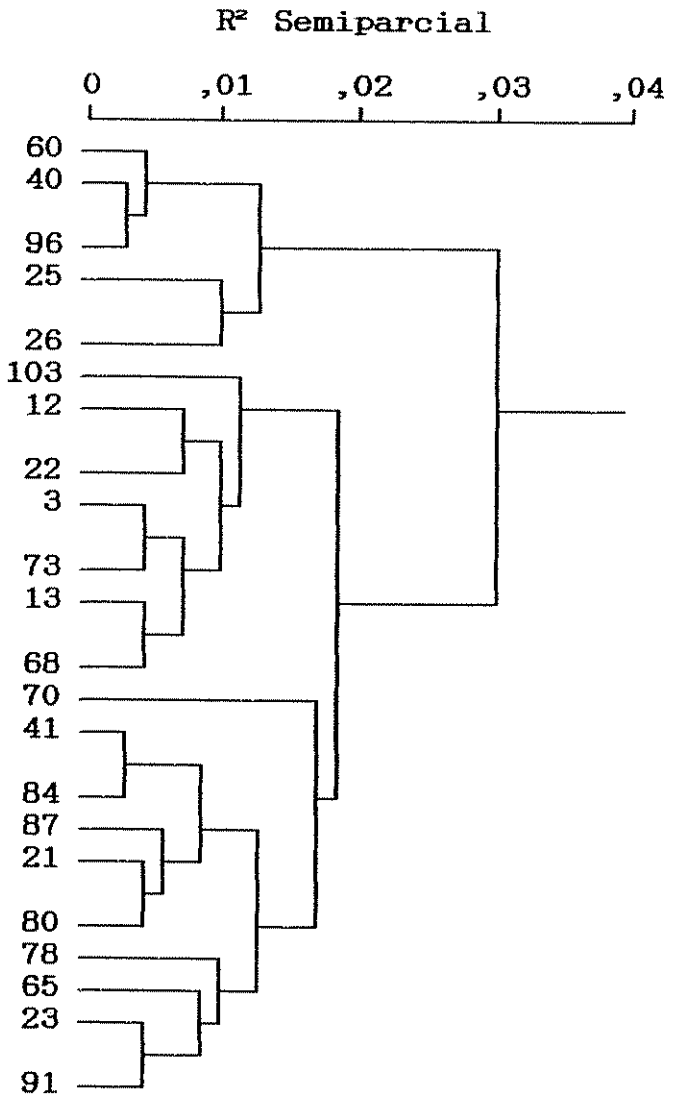

Figura 27. Dendrograma del grupo 6, agrupamiento tipo 1, detalle de la relación entre clones.

1.7.7. Grupo 7.

Solo presenta con una alta similaridad los clones 82 y 83 procedentes del Perú (Figura 28). El grupo se caracteriza por tener plantas de tipo semicompacto y hojas con venas del envés totalmente pigmentadas.

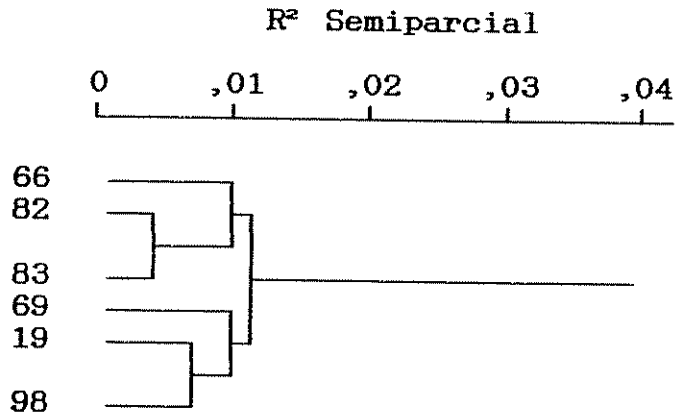

Figura 28. Dendrograma del grupo 7, agrupamiento tipo 1, detalle de la relación entre clones.

Agrupamiento tipo 2.

En este tipo de agrupamiento, dado el bajo número de caracteres escogidos para realizar el agrupamiento, los clones presentaron poca variación de los estados de los descriptores. En casi todos los grupos, la mayoría de los clones fueron agrupados desde los primeros pasos del proceso; es decir la alta similitud de los clones para dichos caracteres garantiza que los grupos son altamente homogéneos para los descriptores discriminativos. La homogeneidad en los descriptores tipificantes para este tipo de agrupamiento, puede arrastrar consigo una alta heterogeneidad para otros caracteres, lo cual en un proceso de selección a partir de apareamiento al azar, producirá

clones con caracteres homogéneos de la raíz tuberosa y alta variabilidad para los otros caracteres de la planta.

Al comparar en este tipo de agrupamiento la procedencia por grupos de clones, no se encontró independencia según Chi cuadrado X^2, Cramer´s V y Coeficiente de contingencia (P) (Cuadro 16). Sin embargo, al igual que en el agrupamiento tipo 1, los clones procedentes de Suramérica se distribuyeron más homogéneamente entre los siete grupos, indicando una mayor diversidad genética (Figura 29). Por su parte los clones procedentes de Centroamérica se concentraron en cuatro grupos (2,3,5 y 6). Hubo similitud entre clones dentro del grupo, independientemente de su lugar de procedencia.

Debido a la alta homogeneidad grupal en este tipo de agrupamiento no se presentó el detalle del dendrograma de cada grupo como se hizo en el agrupamiento anterior.

1.8. Relación entre descriptores.

El agrupamiento de 52 descriptores (Figura 30), por el método aglomerativo de unión promedio, para el cual se tomó el valor absoluto del coeficiente de correlación $|r|$ como medida de disimilitud, mostró que los descriptores con alta correlación se ubicaron en el subgrupo B del dendrograma. Estos descriptores tuvieron entre sí, valores intermedios a bajos de disimilitud ; mientras que en el subgrupo A, los descriptores en su mayoría estuvieron relacionados a valores altos de disimilitud (poca correlación); esto indicó independencia entre los dos grandes grupos de descriptores.

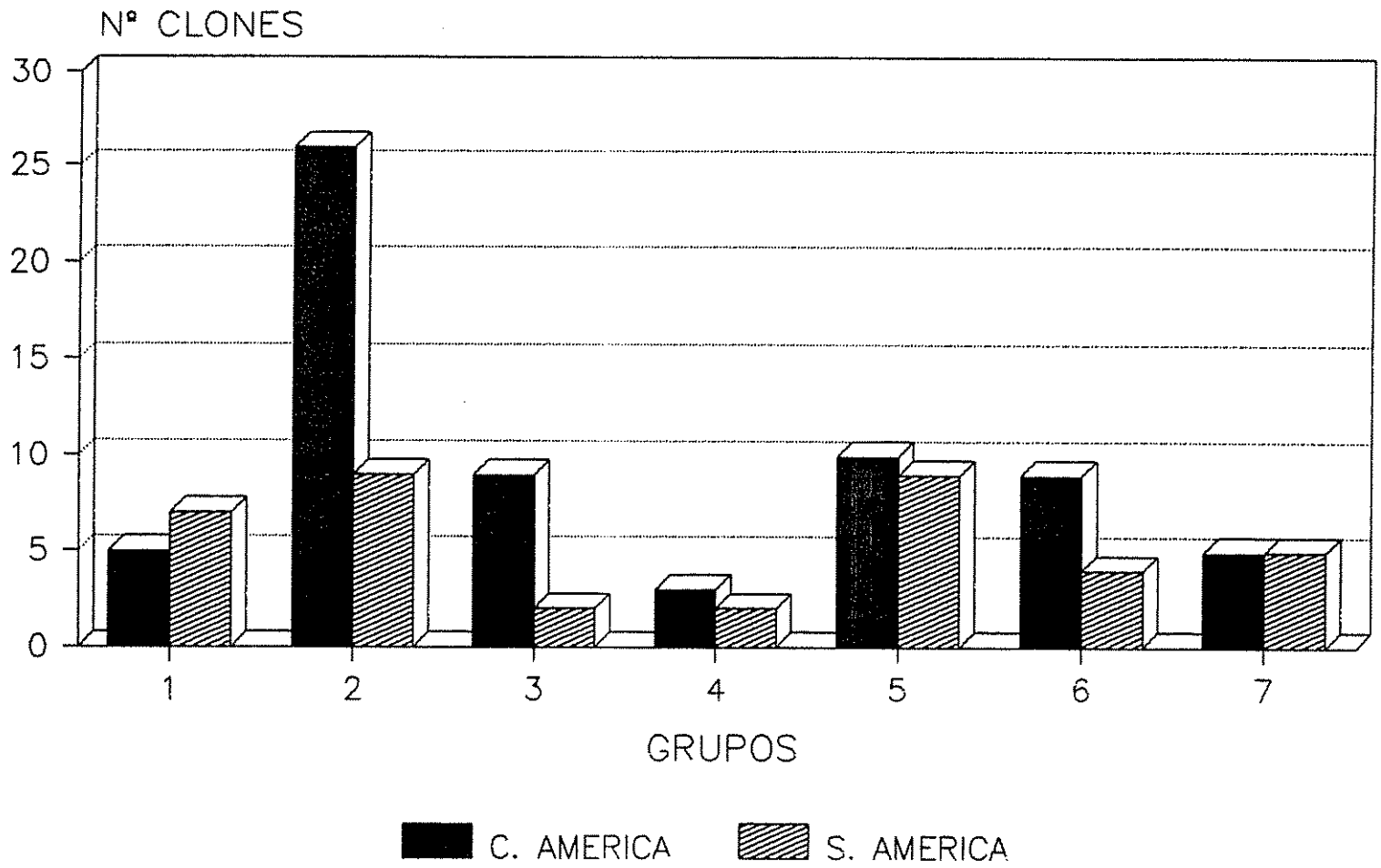

Figura 29. Distribución de los clones del agrupamiento tipo 2 por centro de origen.

En la sección A, se agruparon los descriptores con coeficientes de correlación de menor magnitud y mayormente no significativos; sin embargo en dicha figura se destaca la estrecha relación entre los descriptores 7 (tipo de lóbulos) y 9 (número de lóbulos en la hoja),(r = 0,77**) lo cual indica que a mayor número de lóbulos el área de la hoja es más dividida; ésto es de importancia ya que una de sus ventajas es que hojas muy lobuladas permiten mayor paso de la energía lumínica hacia hojas de estratos inferiores las cuales según Kays (1989), sean no lobuladas o poco lobuladas, presentan la menor tasa fotosintética en la planta.

Dentro de la sección B, el agrupamiento de los descriptores 38 forma de la raíz tuberosa, 49 diámetro de la raíz, 52, presencia de lenticelas, 39 defectos de la raíz, 51 presencia de hendiduras, 6 pubescencia de los ápices, 13 pigmentación de las venas del envés, 5 pigmentación del tallo, 15 pigmentación del pecíolo, 48 largo de la raíz tuberosa, 3 longitud de entrenudos, 1 hábito de crecimiento y 2 velocidad de crecimiento del tallo, correspondió a valores altos de correlación, con un r promedio entre ellas de r = 0,30. Estos descriptores incluyeron los que se seleccionaron con mayor poder discriminativo para separar grupos de clones, lo cual permite confirmar la utilización de dichos desciptores para separar grupos en dicha población.

En general, en cuanto a caracteres comunes, las diferencias principales entre los dos tipos de agrupamiento fueron entre otras: el agrupamiento tipo 1 agrupó mayor proporción de clones con defectos poco limitantes y formas deseables en la raíz; además agrupó una alta proporción (84%) de clones con algún hábito de floración. Mientras que el agrupamiento tipo 2, agrupó mayor proporción de clones

con hábito de crecimiento deseable y colores externos deseables en la raíz. Por estas razones, en cuanto a este trabajo se refiere, el agrupamiento tipo 1 pareciera el más apropiado para propósitos de mejoramiento. Sin embargo, el tipo 2 presentó ventajas en dos caracteres por lo tanto se deben considerar complementarios.

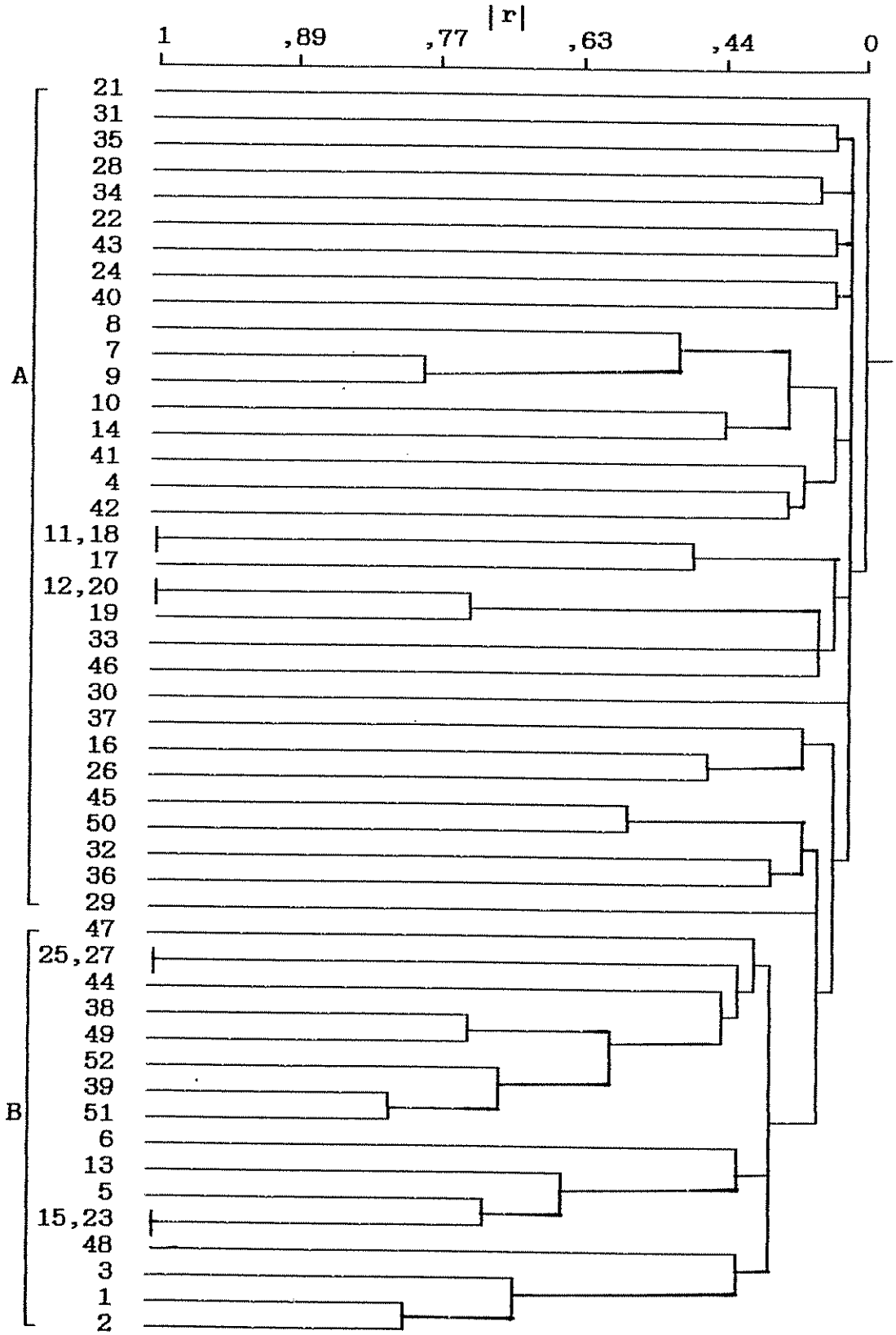

Figura 30. Agrupamiento de los descriptores por el método de unión promedio con |r| como medida de disimilitud. La identificación de cada descriptor aparece en el Cuadro 2.

2. Evaluación de progenies

2.1. Parámetros genéticos

Los Cuadros 16 y 17 presentan los promedios, desviación estándar y coeficiente de variación de los descriptores en los dos sitios de evaluación. En Turrialba, el promedio para los descriptores de progenies hubo poca variación comparado a los progenitores. Esto indica que hubo poca ganancia o disminución promedio por descriptor. El rango de variación de las progenies fue entre 20 y 266%; mientras que para los progenitores estuvo entre 17 y 206%;.

En Guácimo, la diferencia entre promedios para las progenies fue mayor que en los progenitores. La variación porcentual para los progenitores tuvo un rango entre 9 y 343% mientras que para las progenies este varió entre 13 y 419%.

La alta variación de los datos (CV) se debió por una parte a la utilización de escalas ordinales discretas y escalas continuas y por la otra, a la expresión de la variabilidad genética de las progenies y efecto ambiental. Sin embargo dicha variación fue una muestra de la realidad observada en ambas localidades. La magnitud de la variación porcentual para la mayoría de los descriptores aun cuando indica la necesidad de alguna transformación, esta no se hizo para la estimación de el h^2 por el hecho de que este parámetro fué estimado a través de regresión progenie-progenitor.

Las diferencias entre las progenies y progenitores fueron altamente significativas para varios descriptores a excepción del diámetro de entrenudos entre progenitores para la localidad de Guácimo (Cuadros 18 y 19).

Cuadro 16. Promedios, desviaciones estandar y coeficiente de variación de 14 descriptores de Ipomoea batatas en Turrialba, Costa Rica 1991.

DESCRIPTOR	PROMEDIO		D.ESTANDAR		C.V	
	PROGENITOR	PROGENIES	PROGENITOR	PROGENIES	PROGENITOR	PROGENIES
Largo de la hoja	10,0	10,4	1,7	2,1	17,2	20,2
Forma del lóbulo central	2,8	2,5	0,9	0,7	32,4	28,5
Pigmentación de venas del envés	3,0	3,5	2,6	2,5	86,4	72,6
Hábito de crecimiento	6,5	6,4	1,7	1,6	25,9	25,2
Velocidad de crecimiento del tallo	6,9	6,9	1,7	1,5	24,4	21,5
Diámetro de entrenudos	0,5	0,5	0,1	0,1	22,2	24,0
Botones florales por cima	4.2	3,2	5,8	3,9	139,8	125,7
Forma de la raíz tuberosa	6,6	7,6	3,1	2,4	46,3	31,2
Color predominante de la raíz	7,1	6,6	1,8	2,7	25,1	41,4
Intensidad del color predominante de la raíz	1,4	1,9	0,6	0,7	2,0	40,6
Color de la pulpa de la raíz	3,7	2,7	2,9	2,0	79,1	75,9
Agrietamiento de la raíz	0,4	0,3	0,9	0,8	206,3	266,7
Oxidación de la pulpa de la raíz	3,4	3,2	1,3	1,2	38,4	37,0
Peso de raíces por planta	0,2	0,3	0,1	0,3	76,1	109,5

Cuadro 17. Promedios, desviaciones estandar y coeficientes de variación de 15 descriptores de Ipomoea batatas en Guácimo, Costa Rica 1991.

DESCRIPTOR	PROMEDIO		D. ESTANDAR		CV	
	PROGENITOR	PROGENIES	PROGENITOR	PROGENIES	PROGENI	PROGENI
Largo de la hoja	10,4	9,8	2,2	2,1	21,6	21,2
Pigmentación de venas del envés	3,0	3,6	2,1	2,4	70,7	67,1
Número de lóbulos de la hoja	4,7	3,9	1,3	2,2	28,8	56,7
Velocidad de crecimiento del tallo	6,3	6,5	1,1	1,4	17,2	21,7
Hábito de crecimiento	6,3	6,5	1,3	1,5	20,2	22,9
Diámetro de entrenudos	0,5	0,5	0,1	0,3	22,0	63,8
Agrietamiento de la raíz	0,2	0,1	0,8	0,6	344,0	419,1
Color predominante de la raíz	6,2	6,3	1,1	2,5	18,2	39,4
Color secundario de la raíz	1,1	0,3	1,2	0,9	109,5	278,3
Color de la pulpa de la raíz	3,5	2,4	2,8	1,4	80,4	56,7
Forma de la raíz	8,8	8,6	0,8	1,3	9,0	15,4
Defectos de la raíz	3,8	2,6	1,6	1,5	42,7	59,6
Oxidación de la pulpa de la raíz	2,5	3,1	1,1	1,2	42,4	37,2
Grosor de la corteza de la raíz	0,2	0,2	0,1	0,1	38,8	34,1
Peso de raíces por planta	0,1	0,1	0,04	0,1	54,1	106,7

Esto corrobora la variación expresada por las descriptores en los Cuadros 16 y 17. En este sentido, a pesar de que las progenies son producto solamente de un ciclo de recombinación, la menor variación en ellas fue el reflejo de la variación existente en los progenitores, siendo en la mayoría de los casos de menor magnitud en las progenies para las dos localidades. Esto muestra además el efecto del ambiente en la variación de cada descriptor.

Cuadro 18. Cuadrados medios entre progenitores o progenies para 14 descriptores de *Ipomoea batatas* en Turrialba, Costa Rica 1991.

DESCRIPTOR		PROGENITORES	PROGENIES
Nº	NOMBRE		
1	Largo de la hoja	32,7**	9,6**
2	Forma lóbulo central hoja	2,9**	2,7**
3	Pigmentación de las venas	55,3**	27,9**
4	Hábito de crecimiento	12,7**	11,1**
5	Velocidad de crecimiento	12,7**	9,5**
6	Diámetro de entrenudos	0,2**	0,1**
7	Botones florales por cima	86,8**	66,2**
8	Forma de la raíz tuberosa	21,0**	23,1**
9	Color predominante de raíz	65,2**	34,6**
10	Intensidad color predominante	2,2**	1,8**
11	Color de la pulpa de raíz	11,0**	18,6**
12	Agrietamiento de la raíz	1,6**	2,5**
13	Oxidación de pulpa de raíz	6,5**	4,7**
14	Peso de raíces por planta	0,6**	0,5**

** ($P < 0,01$)

A excepción del diámetro de entrenudos en Guácimo, los resultados de los Cuadros 18 y 19, indican que existe amplia expresión fenotípica de los descriptores. En ambas localidades, el color de la pulpa de la raíz y la forma de la raíz tuberosa en las progenies, tuvieron varianzas de mayor magnitud que en los progenitores, reflejando una mayor

recombinación de estos genes en la población parental y el efecto del medio ambiente.

Cuadro 19. Cuadrados medios entre progenitores o progenies para 15 descriptores de *Ipomoea batatas* en Guácimo, Costa Rica 1991.

DESCRIPTOR		PROGENITORES	PROGENIES
Nº	NOMBRE		
1	Largo de la Hoja	32,4 **	7,5 **
2	Pigmentación de las venas	57,9 **	17,1 **
3	Número de lóbulos de la hoja	36,4 **	20,9 **
4	Velocidad de crecimiento tallo	5,5 **	8,4 **
5	Hábito de crecimiento	8,2 **	9,1 **
6	Diámetro de entrenudos	0,1 NS	0,1 *
7	Agrietamiento de la raíz	0,9 **	2,1 **
8	Color predominante de raíz	35,6 **	29,0 **
9	Color secundario de la raíz	3,6 **	2,7 **
10	Color de la pulpa de la raíz	3,3 **	12,0 **
11	Forma de la raíz tuberosa	5,2 **	9,1 **
12	Defectos de la raíz tuberosa	8,6 **	6,1 **
13	Oxidación de la pulpa de raíz	5,3 **	4,1 **
14	Grosor de la corteza de raíz	0,01 **	0,0 **
15	Peso de raíces por planta	0,03 **	0,0 **

** ($P < 0,01$)
* ($P < 0,05$)
NS No significativo.

2.1.1. Estimación del indice de Herencia (h^2).

Para ambas localidades, la transformación en la mayoría de los casos no afectó la magnitud del coeficiente de regresión (β) como estimador de la mitad del indice de herencia. Sin embargo en el caso del color de la pulpa de la raíz se tornó negativo; en general, con unos descriptores sobreestimó el h^2 y con otros lo subestimó a consecuencia de las transformaciones aplicadas (Cuadro 20). Teniendo en cuenta esta situación y que el estimador β es insesgado, se

trabajó con los estimados obtenidos a partir de los datos sin transformar.

Cuadro 20. Estimadores de h^2 para 15 descriptores de Ipomoea batatas con datos transformados y sin transformar en Turrialba y Guácimo.

DESCRIPTOR	TURRIALBA		GUACIMO	
	T ‡	ST ‡	T	ST
Largo de la hoja	0,38 ± 0,16	0.34 ± 0.16	0,50 ± 0,12	0,50 ± 0.12
Pigmentación de venas	0.54 ± 0,14	0.60 ± 0.12	1,00 ± 0,14	1.00 ± 0.14
Agrietamiento de raíz	0.10 ± 0.12	0.10 ± 0.10	0.26 ± 0.12	0.22 ± 0.10
Diámetro de entrenudos	0.74 ± 0.16	0.74 ± 0.14	0.74 ± 0.24	0.80 ± 0.32
Velocidad crecimiento	0.18 ± 0.12	0.16 ± 0.12	0.14 ± 0.14	0.12 ± 0.18
Color de pulpa raíz	-0.04 ± 0.10	0.01 ± 0.10	0.06 ± 0.08	0.07 ± 0.06
Hábito de crecimiento	0.11 ± 0.14	0.10 ± 0.14	0.36 ± 0.16	0.36 ± 0.16
Forma de la raíz tuberosa	0.34 ± 0.10	0.34 ± 0.10	0.26 ± 0.26	0.28 ± 0.24
Color predominante raíz	1.20 ± 0.24	1.20 ± 0.22	0.84 ± 0.34	0.68 ± 0.32
Oxidación pulpa de raíz	0.22 ± 0.12	0.22 ± 0.12	0.26 ± 0.14	0.32 ± 0.16
Peso de raíces/planta	0.08 ± 0.28	0.16 ± 0.34	0.14 ± 0.32	0.20 ± 0.36
Botones florales/cima	0.17 ± 0.12	0.12 ± 0.10		
Forma lóbulo central hoja	0.12 ± 0.12	0.12 ± 0.10		
Intesidad color predominante	0.60 ± 0.16	0.62 ± 0.18		
Color secundario raíz			0.10 ± 0.10	0.08 ± 0.12
Número de lóbulos hoja			0.18 ± 0.22	0.36 ± 0.24
Defectos de la raíz			0.14 ± 0.12	0.14 ± 0.01
Grosor de corteza raíz			0.01 ± 0.10	0.02 ± 0.10

‡ T= Con transformación $\sqrt{x+0.5}$.
ST= Sin transformación.

De 24 descriptores evaluados en ambas localidades, solo 14 en Turrialba y 15 en Guácimo tuvieron h^2 positiva (Cuadros 21 y 22).

Cuadro 21. Estimados de h^2 y ganancia genética (Gg) para 14 descriptores de *Ipomoea batatas* en Turrialba, Costa Rica 1991.

DESCRIPTOR	CME	SD	h^2	Gg
Largo de la hoja *	9,63	3,10	0,35	1,09
Forma lóbulo central hoja	2,68	1,64	0,13	0,21
Pigmentación de las venas	27,86	5,28	0,60	3,17
Hábito de crecimiento	11,08	3,33	0,11	0,37
Velocidad de crecimiento	9,52	3,08	0,15	0,46
Diámetro de entrenudos *	0,05	0,22	0,74	0,16
Botones florales por cima *	66,24	8,14	0,12	0,98
Forma de la raíz tuberosa	23,15	4,81	0,34	1,63
Color predominante de raíz	34,62	5,88	1,24	7,30
Intensidad color predominante	1,78	1,33	0,62	0,83
Color de la pulpa de raíz	18,56	4,31	0,01	0,04
Agrietamiento de la raíz	2,51	1,58	0,10	0,16
Oxidación de pulpa de raíz	4,74	2,17	0,22	0,48
Peso de raíces por planta *	0,49	0,70	0,16	0,11

* Características poligénicas

Del Cuadro 21 se deduce que el color de la pulpa de la raíz tuvo la menor proporción de varianza genética aditiva y su mérito fenotípico indicó muy poco a cerca de su verdadero merito genético. Situación similar se presentó con el número de botones florales por cima, el agrietamiento de la raíz, la velocidad de crecimiento de los tallos, el hábito de crecimiento y el peso de raíces por planta; siendo en estos casos un poco más considerable la expresión del mérito fenotípico.

Cuadro 22. Estimados de h^2 y ganancia genética (Gg) para 15 descriptores de *Ipomoea batatas* en Guácimo Costa Rica 1991.

DESCRIPTOR	CME	SD	h^2	Gg
Largo de la hoja *	7,50	2,74	0,50	1,37
Pigmentación de venas envés	17,10	4,13	1,00	4,13
Número de lóbulos de la hoja *	20,96	4,58	0,37	1,69
Velocidad de crecimiento del tallo	8,43	2,90	0,13	0,38
Hábito de crecimiento	9,13	3,02	0,36	1,09
Diámetro de entrenudos *	0,14	0,37	0,08	0,03
Agrietamiento de la raíz	2,11	1,45	0,14	0,20
Color predominante de la raíz	29,03	5,39	0,02	0,11
Color secundario de la raíz	2,75	1,66	0,09	0,15
Color de la pulpa de la raíz	12,05	3,47	0,07	0,24
Forma de la raíz tuberosa	9,10	3,02	0,29	0,87
Defectos de la raíz tuberosa	6,10	2,47	0,13	0,32
Oxidación de la pulpa de la raíz	4,10	2,02	0,32	0,35
Grosor de la corteza de la raíz *	0,01	0,10	0,22	0,02
Peso de raíces por planta *	0,05	0,22	0,21	0,05

* Características poligénicas

En el caso de la pigmentación de las venas del envés, el diámetro de entrenudos, color predominante de la raíz y su intensidad (Cuadro 21), según la definición de h^2, fueron descriptores para los cuales las progenies estuvieron 60; 74; 1,24 y 62 unidades respectivas de heredabilidad por encima del promedio de los valores de mejoramiento para cada descriptor en la población. Estos valores indican que la población está genéticamente por encima del promedio genético de dichos descriptores y que en los padres seleccionados de dicha población, será la proporción realizable de su superioridad sobre el promedio de sus progenies.

Con excepción del diámetro de entrenudos, las otras tres características son rasgos gobernados por pocos

genes y poco afectados por el ambiente. Por lo cual la magnitud del h^2 para dichos descriptores se debe mayormente a la varianza genética aditiva.

Con respecto a la ganancia genética en Turrialba, sobresalieron el largo de la hoja con una ganancia de 109%, la pigmentación de las venas con 317%, el número de botones florales por cima con 98%, la forma de la raíz con 163%, el color predominante de la raíz con 730%. De estos, el largo de la hoja, la pigmentación de las venas y el color predominante tuvieron valores altos de h^2 en ambas localidades, lo cual indica que dicha ganancia podría ser transmisible en gran proporción a las próximas generaciones. Sin embargo, al considerar el sentido y la magnitud de la correlación genética (r_g) entre dichos descriptores (Cuadro 23), se observa que aunque de baja magnitud, predominaron las (r_g) de signo negativo, lo cual indica que dicha ganancia no necesariamente será alta como lo predice la heredabilidad. La ganancia en el color predominante indica que las progenies tuvieron 730% más colores deseables (rojo mora y morado) que los progenitores.

Se debe destacar la ganancia del número de botones florales por cima, dadas las limitaciones de esterilidad e incompatibilidad de la especie, lo cual es un buen logro para ciclos futuros de policruzas. La ganancia en forma de raiz indica que hubo predomínio de valores altos de la escala, correspondiendo uno de estos a la forma deseada (larga elíptica); siendo por tanto otra ganancia de importancia. Por su parte, la poca ganancia del agrietamiento de la raíz y color de la pulpa, también es de gran importancia dado que esto indica que en las progenies predominaron valores bajos de las escalas representando respectivamente la ausencia de dicha afección y la presencia de colores deseables para consumo fresco como el blanco y el crema.

Comparando los resultados de los Cuadros 21 y 22 se observa que en Guácimo, el largo de la hoja, la pigmentación de las venas, el hábito de crecimiento, el color de la pulpa, el agrietamiento de la raíz, la oxidación de la pulpa de la raíz y el peso de raíces por planta, tuvieron 15, 40, 25, 6, 4, 10 y 5 % más de heredabilidad. Esto indica que en dicha localidad el ambiente tuvo poco efecto en la expresión del mérito fenotípico de estas características.

La situación anterior fue contraria con el color predominante de la raíz, el diámetro de entrenudos y la forma de la raíz, las cuales tuvieron respectivamente 122, 66 y 5% menos que en Turrialba

Se destaca la ganancia genética de el largo de la hoja con 137% la pigmentación de venas en el envés con 413%, número de lóbulos de la hoja con 169%, el hábito de crecimiento con 109% y la forma de la raíz tuberosa con 87% (Cuadro 21). La ganancia para el número de lóbulos de la hoja junto con el largo de la hoja, es de suma importancia dado que entre más lóbulos tenga la hoja, mayor luz penetra a las hojas inferiores, aumentando su efectividad fotosintética (Kays, 1989). La oxidación excesiva de la pulpa de la raíz, es un caracter no deseable, por lo que su ganancia y asociación con otros caracteres serían desfavorable.

En conclusión, la estimación de h^2 es independiente de la variación en los datos. Además, al aplicar transformación se produjo sobrestimación y subestimación de este parámetro. Este parámetro varió con la localidad para cada característica, siendo de mayor magnitud en Turrialba. Los valores de h^2 de 1,24 y 1,00 para los descriptores color predominante de raíz en Turrialba y

Pigmentación de venas del envés en Guácimo, podrían considerarse tanto reales como sobrestimados. Sin embargo para ambos descriptores, estos resultados concuerdan con los obtenidos por Jones (1969) y Jones et al 1969) quienes estimaron un h^2 entre 82 y 102% para pigmentación de venas y un h^2 entre 49 y 90% para el color predominante de raíz respectivamente. Los descriptores largo de la hoja, la pigmentación de venas en el envés y la forma de la raíz tuberosa tuvieron el mayor h^2 y Gg en ambas localidades por lo que dicha ganancia será transmitida en gran proporción a las próximas generaciones. Además del índice de herencia, al analizar la ganancia genética se debe considerar la magnitud y sentido de las correlaciones genéticas para estar seguros de dicha ganancia.

2.1.2. Correlaciones genéticas (r_g), fenotípicas (r_f) y ambientales (r_A).

En los Cuadros 23 y 24 se presentan las correlaciones correspondientes a las dos localidades; las varianzas y covarianzas utilizadas en la estimación de dichas correlaciones se presentan enlos Cuadros 5A, 6A, 7A Y 8A del apendice. En el Cuadro 23 (Turrialba), los primeros seis descriptores, conforman la submatriz del follaje; el septimo es un caracter floral y desde el octavo hasta el 14, son descriptores de la raíz tuberosa.

Los sentidos contrarios y las diferencias en magnitud de las correlaciones entre varios pares de características de la población, mostró diferencias en las relaciones entre caracteres. Según Johnson et al (1955), podría indicar la ausencia de asociaciones consistentes entre ellos en otras poblaciones segregantes; sin embargo, el hecho de que las progenies son producto de un primer ciclo de recombinación, además de que las causas principales

de correlaciones genéticas son pleiotropía y ligamiento, y estos a su vez dependen de frecuencias de apareamientos, la magnitud de las correlaciones genéticas debe considerarse como un indicativo de las asociaciones entre características en poblaciones segregantes futuras.

En general, la magnitud de las correlaciones genéticas fue entre baja y moderada, lo cual se puede considerar favorable ya que al seleccionar por una característica dada, la respuesta correlacionada por otra característica tendrá la misma asociación. Sin embargo, en el caso de las r_g positivas, sería un limitante al aplicar un programa de selección para caracteres deseables. La magnitud de dichas correlaciones también tiene su explicación en que de 14 clones progenitores, los clones número 31, 38, 48, 49, 77, 105 y 106 (Cuadro 2) fueron agrupados en el grupo 1 del agrupamiento tipo 2 (Cuadro 5). Es decir estos progenitores son de gran similitud para caracteres de la raíz por lo que las causas de correlaciones genéticas estan actuando basicamente en los mismos genes o en genes muy similares. Esta misma situación se presentó con los progenitores 6, 11, 22, 25 y 46 agrupados en el grupo 5 del agrupamiento tipo 2 (Cuadro 5)

En la submatriz de los descriptores del follaje del Cuadro 21, las correlaciones genéticas (r_g) variaron entre -0,22 y 0,22 (Cuadro 23). Por su parte las correlaciones ambientales (r_A) fluctuaron entre -0,74 y 0,42; mientras que r_f varió entre -0,63 y 0,18.

Segun esta submatriz, seleccionar por plantas con hojas largas aumentaría el diámetro de entrenudos, tenderá a reducir la frecuencia de plantas con velocidad de crecimiento rápido y muy rápido. Esto es de gran importancia para un programa de mejoramiento ya que el crecimiento rápido y muy rápido es un indicativo de la capacidad de un

cultivo para el establecimiento y competencia contra las malezas.

En el mejoramiento de la batata, los caracteres florales son de especial importancia por múltiples problemas de incompatibilidad y esterilidad. En este estudio, el número de botones florales por cima, no mostró correlación genética importante con otro descriptor; su aparente correlación fenotípica r_F = 0,49 para la pigmentación de venas se debió principalmente a una correlación ambiental tan alta de r_A = 0,81. Por lo tanto seleccionar por pigmentación de venas no mejorará la floración. Estos resultados son contrarios a los de Jones (1970) quien en una población con dos ciclos de selección encontró entre estos dos descriptores una r_G de -0.32 y una r_A de -0.46, lo que contribuyó a una correlación fenotípica negativa.

Los caracteres de importancia económica están en la raíz. En esta oportunidad, el rango de las correlaciones genéticas r_G entre dichos descriptores varió entre -0,24 y 0,28; las ambientales r_A entre -0,54 y 0,55 y las fenotípicas r_F entre -0,47 y 0,46. Por lo tanto la aparente asociación fenotípica se debe a efecto ambiental.

La forma de la raíz tuberosa mostró relación adversa con largo de hoja y diámetro de entrenudos. Respecto a la diámetro de entrenudos, los resultados concuerdan con los obtenidos por Jones (1970) quien encontró una rg de -0.34 significativa, indicando que aplicar selección a plantas con tallos delgados, aumentaría la frecuencia de formas no deseadas de la raíz. Esto también se presentaría al seleccionar plantas con hojas largas.

La baja magnitud de r_G indica que la aplicación de selección por la forma del lobúlo central, pigmentación de las venas, el hábito de crecimiento, la velocidad de

crecimiento de los tallos, el número de botones florales por cima, la intensidad del color predominante, el color de la pulpa de la raíz, el agrietamiento de la raíz y el peso de raíces por plantas, no se logra respuesta correlacionada en la forma de la raíz tuberosa.

La aparente correlación fenotípica entre forma de raíz tuberosa con el peso de raíces por planta se debe a una alta r_A=0,52. Por lo tanto al aplicar selección por forma de raíz, no mejorará el rendimiento. Su r_B=0,22 con el color predominante de la raíz, indica que seleccionar raíces con forma deseable, aumentaría en alguna proporción la presencia de colores oscuros en la raíz.

Debido a la baja magnitud con la forma del lóbulo central, pigmentación de las venas, el hábito de crecimiento, la velocidad de crecimiento de los tallos, el número de botones florales por cima, la intensidad del color predominante, el color de la pulpa de la raíz, el agrietamiento de la raíz y el peso de raíces por plantas, no se logra respuesta correlacionada en el color de la pulpa de la raíz, sin embargo, al seleccionar plantas con hojas largas podría aumentar la frecuencia de colores oscuros en la pulpa y tambien plantas con tallos más gruesos.

El agrietamiento de la raíz si bién no tuvo correlación genética apreciable, su correlación fenotípica opuesta con el peso de raíces por planta de -0,47 se debe a la contribución de r_A = -0,54; es decir que a medida que se seleccione por mayor peso de raíces, generalmente habrá poco agrietamiento de la raíz, dependiendo básicamente del efecto ambiental.

Cuadro 23. Correlaciones genéticas fenotípicas y ambientales entre 14 descriptores de batata (Ipomoea batatas) en Turrialba, Costa Rica. *

Descriptor	** 1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	13	14
1	0,35	0.15 0.19	0.05 -0.07	-0.17 0.06	-0.22 0.05	0.22 -0.68	0.09 0.06	-0.21 0.35	-0.14 0.05	-0.06 0.09	0.23 -0.11	0.01 0.002	-0.01 -0.24	-0.01 -0.19
2	0,18	0.13	-0.02 -0.06	0,10 0.05	0,11 0.13	-0,18 0.42	-0.04 0.04	0.06 0.25	0.19 0.27	0.15 0.18	0.17 -0.34	0.09 -0.26	-0.05 0.08	-0.01 0.02
3	-0,02	-0.04	0,60	-0.06 -0.06	-0.08 -0.15	-0.16 0.02	0.06 0.81	-0.07 0.22	-0.07 -0.22	0.08 -0.16	-0.09 0.55	0.03 -0.09	-0.11 -0.07	0.14 0.06
4	0,02	0.06	-0.05	0.11	0.07 -0.74	-0.09 0.28	-0,10 -0.04	0.12 -0.05	0.12 0.33	0.11 0.27	-0,10 0.08	-0.05 0.22	0.08 -0.12	-0.09 0.55
5	-0,003	0.13	-0.11	-0.63	0.15	-0.13 0.22	-0,10 0.13	0.15 0.17	0,20 0.31	0.13 0.25	-0.08 -0.03	-0.02 0.11	0.07 -0,10	-0.08 0,40
6	-0,26	0.16	-0.08	0.13	0.08	0.74	0.06 -0.13	-0.24 0.14	-0.14 -0.12	-0.07 -0.07	0.28 0.01	-0.003 -0.04	-0.06 0.12	-0.01 -0.21
7	0,06	0.03	0.49	-0.05	0,10	-0.26	0.12	-0.11 -0.14	-0.13 -0.01	-0.06 0.07	0.07 0.21	0.04 -0.18	-0.13 -0.38	0.18 -0.03
8	0,18	0,20	0.08	-0.02	0.16	-0.04	-0.13	0.34	0.22 0.03	0.03 0.05	-0.17 -0.02	-0.08 0.28	0.13 -0.46	0.01 0.52
9	-0,07	0.06	-0.06	0.04	0.08	-0.11	-0.04	0.13	1,24	0.09 -0.13	-0.15 -0.23	-0.08 -0.09	0.07 0.22	-0.02 -0.08
10	0,02	0.15	-0.01	0.18	0.18	-0.07	0.02	0.04	0.07	0.62	-0.07 -0.28	-0.04 0.01	-0.05 0.01	-0.06 0,10
11	-0,08	-0.32	-0.35	0.08	-0.03	0.02	0.2	-0.03	-0.01	-0.17	0.006	0.03 -0.07	-0.12 0.22	0.09 -0,20
12	-0,003	-0.22	-0.05	0.19	0.09	-0.02	-0.16	0.2	-0.02	-0.006	-0.07	0,10	-0.03 0.14	0.01 -0.54
13	0,18	0.06	-0.08	-0.09	-0.07	0.04	-0.34	-0.3	0.03	-0.01	0.19	0.12	0.22	-0.06 0,50
14	-0,15	0.013	0.08	0.46	0.32	-0.12	-0.0005	0.39	-0.008	0.04	-0.18	-0.47	0.39	0.16

* Correlación genética y ambiental en la parte superior de la diagonal
Correlación fenotípica en la parte inferior de la diagonal
Valores en la diagonal representan la heredabilidad de cada descriptor
** Descriptor identificados en el Cuadro 18.

El rendimiento expresado como el peso de raíces por planta, tuvo las correlaciones ambientales de mayor magnitud. Teniendo en cuenta que la r_A fue estimada excluyendo la proporción de varianza genética aditiva en las progenies, sus altos valores de r_A con el hábito de crecimiento, la forma de la raíz tuberosa, el agrietamiento de la raíz y la oxidación de la pulpa, indican que la seleccion por alguno de estos caracteres no mejorará el rendimiento por planta debido a que el rendimiento es muy influenciado por el ambiente.

Para la localidad de Guácimo, como en el caso de Turrialba, los sentidos contrarios y las diferencias en magnitud de las correlaciones entre varios pares de descriptores de la población, mostró diferencias en las relaciones entre ellas (Cuadro 24). La submatriz del follaje la conforman los descriptores 1 a 7 y la de raíz, los descriptores 8 a 16. Dentro de la submatriz de follaje, todas las correlaciones genéticas fueron de baja magnitud por lo que se puede considerar ausencia de correlación genética (r_g).

La selección por hojas largas aumentará el número de lóbulos en la hoja. La alta correlación ambiental (r_A = -0,72) entre velocidad del crecimiento y el habito de crecimiento indica que al seleccionar plantas de hábito compacto, con alta velocidad de crecimiento, se deben principalmente al efecto ambiental, lo cual se refleja en una correlación fenotípica intermedia r_f = -0,51.

Comparando las dos submatrices se observa que las correlaciones ambientales entre caracteres de la raíz, fueron de mayor magnitud que entre los descriptores del follaje, lo cual indica que su correlación fenotípica no es expresión de la proporción de variación genética entre dos descriptores.

En esta localidad, se puede seleccionar independientemente para el agrietamiento de la raíz, el color predominante de la raíz, el color secundario de la raíz, la forma de la raíz, los defectos de la raíz, la oxidación de la pulpa de la raíz y el peso de raíces por planta, ya que estos descriptores no mostraron correlación genética de magnitud apreciable con los demás caracteres de la raíz.

Es de importancia la correlación genética (r_g=0,40) entre largo de la hoja y color de la pulpa de la raíz, indicando que dirigir la selección hacia plantas con hojas largas, aumentaría los colores anaranjados y morados en la pulpa de la raíz, lo cual es un aumento no deseado. Esta asociación fue igual en Turrialba, lo cual indica que dichos caracteres tienen poca interacción con el ambiente.

Debido al manejo de las raíces tuberosas, el grosor de la corteza de la raíz es de suma importancia; según el Cuadro 24, al seleccionar por mayor número de lóbulos reducirá el grosor de la corteza, con la consiguiente desventaja de raíces más susceptibles al daño mecánico. Su gran variación debido al efecto ambiental se reflejó en los valores de la correlación fenotípica con largo de la hoja (r_F = -0,45).

En general, se concluye que las bajas magnitudes de las correlaciones genéticas podría indicar la ausencia de asociaciones consistentes entre los caracteres en otras poblaciones segregantes, limitando el progreso de un programa de selección. Igualmente, dichas magnitudes no permiten selección simultánea para la mayoría de los caracteres. sin embargo, el hecho de que las progenies son producto de un primer ciclo de recombinación, además de que las causas principales de correlaciones genéticas son pleiotropía y ligamiento y estos a su vez dependen de

Cuadro 24. Correlaciones genéticas, fenotípicas y ambientales entre 15 descriptores de batata (Ipomoea batatas) en Guácimo, Costa Rica 1991. *

Descriptor	** 1	2	3	4	5	6	7	8	9	10	11	12	13	14	15
1	0,50	-0,03 0,02	0,32 -0,25	-0,14 -0,04	-0,20 0,14	0,20 -0,18	-0,16 -0.05	-0,13 0.04	0,07 0,30	0.40 0,30	-0,06 0.21	0,16 0.16	-0,09 -0.02	-0.09 -0.62	0,08 -0.37
2	-0.02	1,00	-0.12 -0.34	-0.09 -0.05	-0.09 -0.07	-0.11 0.09	0.24 0.07	-0.004 -0.05	0.05 -0.16	-0.08 -0,30	-0.09 0,20	-0.14 -0.31	-0.16 -0.07	0.03 0.03	0.07 -0.18
3	-0.004	-0.07	0,37	-0,20 -0.03	-0.19 -0.03	0.18 0.0004	-0.05 0.01	-0.001 0.17	-0.006 -0.101	0.47 0,10	0.06 -0.09	0,10 0.15	-0.22 -0.01	-0.33 0.22	-0.12 0.13
4	-0.06	-0.03	-0.07	0,13	0.12 -0.72	0.02 0.16	0.02 0.15	0.05 0.29	0.03 -0.26	-0.04 -0.21	0,10 -0.14	-0.04 -0.18	0.02 -0.09	-0.01 0,30	-0,10 0.27
5	-0.01	-0.06	-0.09	-0.51	0,36	-0.02 0.23	-0.001 0,20	0.06 0.21	-0.02 -0.12	-0.07 -0.18	0.16 -0.15	-0.08 -0.28	0.02 -0.15	-0.09 0.37	-0.15 0.34
6	0.06	-0,10	0,10	0.08	0.08	0,80	-0.15 -0.01	0.03 -0.01	0.0001 0.11	0.19 0.08	0.06 0.02	0.14 0.17	-0.001 -0.16	-0.05 -0.07	-0.02 -0.13
7	-0.09	0.12	-0.05	0.12	0.14	-0.07	0,23	0.003 -0.07	0.12 0.07	-0.14 -0.69	-0.18 0.57	-0.13 -0.07	-0.06 0.15	0.07 -0.13	0,20 -0.55
8	-0.06	-0.004	0.07	0.17	0.13	0.02	-0.03	0,68	-0.22 -0.15	-0.12 -0.14	0.09 0.11	-0.01 0.45	0.02 0.22	0.08 0.18	-0.05 -0.05
9	0.22	0.01	-0.08	-0.23	-0,10	0.05	0.08	-0.14	0,09	-0.06 0.49	-0.08 0.02	-0.02 -0.02	0.02 0.01	0.04 -0.35	0.007 0.06
10	0.28	-0.02	0.15	-0.19	-0.15	0.08	-0,60	-0,10	0.44	0,07	-0,10 0,30	0,10 0.42	-0.08 -0.32	0,10 -0.66	0.08 -0.14
11	0.11	-0.05	-0.04	-0.09	-0.05	0.03	0.38	0.09	0.005	0.23	0,29	0.11 -0.09	0.13 -0.37	0.04 0.31	-0.05 0.65
12	0.15	-0.05	0.13	-0.16	-0.22	0.12	-0.08	0.23	-0.02	0.39	-0.05	0,13	0,10 -0,30	-0.02 -0.08	-0.02 -0.01
13	-0.04	-0.08	-0.08	-0.07	-0.09	-0.06	0.09	0.11	0.01	-0.27	-0.22	-0.21	0,32	0.04 0.24	-0.06 0.19
14	-0.45	0.004	0.15	0.28	0.28	-0.04	-0.11	0.11	-0.33	-0.63	0.26	-0.07	0,20	0,016	-0.01 -0.44
15	-0.21	0.03	0.06	0.21	0,20	-0.06	-0.39	-0.04	0.05	-0.11	0.47	-0.01	0.13	-0.39	0,21

* Correlación genética y ambiental en la parte superior de la diagonal
Correlación fenotípica en la parte inferior de la diagonal.
Valores en la diagonal representan la heredabilidad de cada descriptor.
** Descriptores identificadas en el Cuadro 19.

frecuencias de apareamientos, la magnitud de las correlaciones genéticas debe considerarse como un indicativo de las asociaciones entre descriptores en poblaciones de ciclos futuros.

2.1.3. Agrupamiento de descriptores con base en la correlación genética (r_g).

En Turrialba, la velocidad de crecimiento (VCRE), la forma de la raíz tuberosa (FORC) y el color predominante de la raíz (COPRE), mostraron estrecha relación debido a que tuvieron una r_g positiva y moderada entre ellos (Figura 31). Tomando en cuenta dicha magnitud y que la población fué producto de un ciclo de recombinación, en ciclos posteriores de selección sería una asociación a tener en cuenta dado que esta incluye dos descriptores de importancia económica como forma y color predominante de la raíz. En el grupo B de la Figura 31, el hábito de crecimiento (HABCRE), la forma del lóbulo central de la hoja (FOLOCE) y la intensidad del color predominante (INCOPRE) mostraron alguna relación con igual signo pero con menor magnitud en la r_g que el grupo A.

El grupo B, fue el que mostro relación más estrecha. El largo de la hoja (LAHO), el diámetro de entrenudos (DENT) y el color de la pulpa de la raíz (COPU), con mayor magnitud de r_g (Cuadro 23); tuvieron una asociación moderada entre ellos. Se destaca la relación genética entre el largo de la hoja y el color de la pulpa (COPU) con r_A= -0.11 y una r_f= -0.08; entre diámetro de entrenudos (DENT) y color de la pulpa (COPU) con r_A= 0.01 y una r_f= 0.02.

El peso de raíces por planta (PESO), mostró tendencia de asociación con el número de botones florales por cima (BFPC) con una r_A insignificante y ausente r_f (Cuadro 23). Esto estaría indicando que clones con buena

floración, tendrán buen rendimiento, lo cual concuerda con los resultados obtenidos con estos dos descriptores por Jones (1979).

Comparando las Figuras 31 y 32, en Guácimo el grupo C agrupó cinco de los siete descriptores del grupo A en Turrialba. El grupo B agrupó a tres de los cuatro descriptores del grupo C en Turrialba y el grupo B de esta localidad fue un subgrupo del grupo A en Guácimo. Esta concordancia refleja el efecto del ambiente sobre los dos patrones de agrupamiento.

El hábito de crecimiento (HABCRE) y la velocidad de crecimiento de los tallos (VCRE) (descriptores 1 y 2 de la Figura 30), mostraron alta correlación fenotípica; estos mísmos descriptores al ser agrupados por los valores de r_g tuvieron alguna relación genética (Figura 31). Esto sustenta más el poder discriminativo de dichos descriptores para - separar grupos y clones.

En general, el agrupamiento de descriptores con base en la r_g también permitió observar la relación genética y el efecto ambiental entre grupos de ellos.

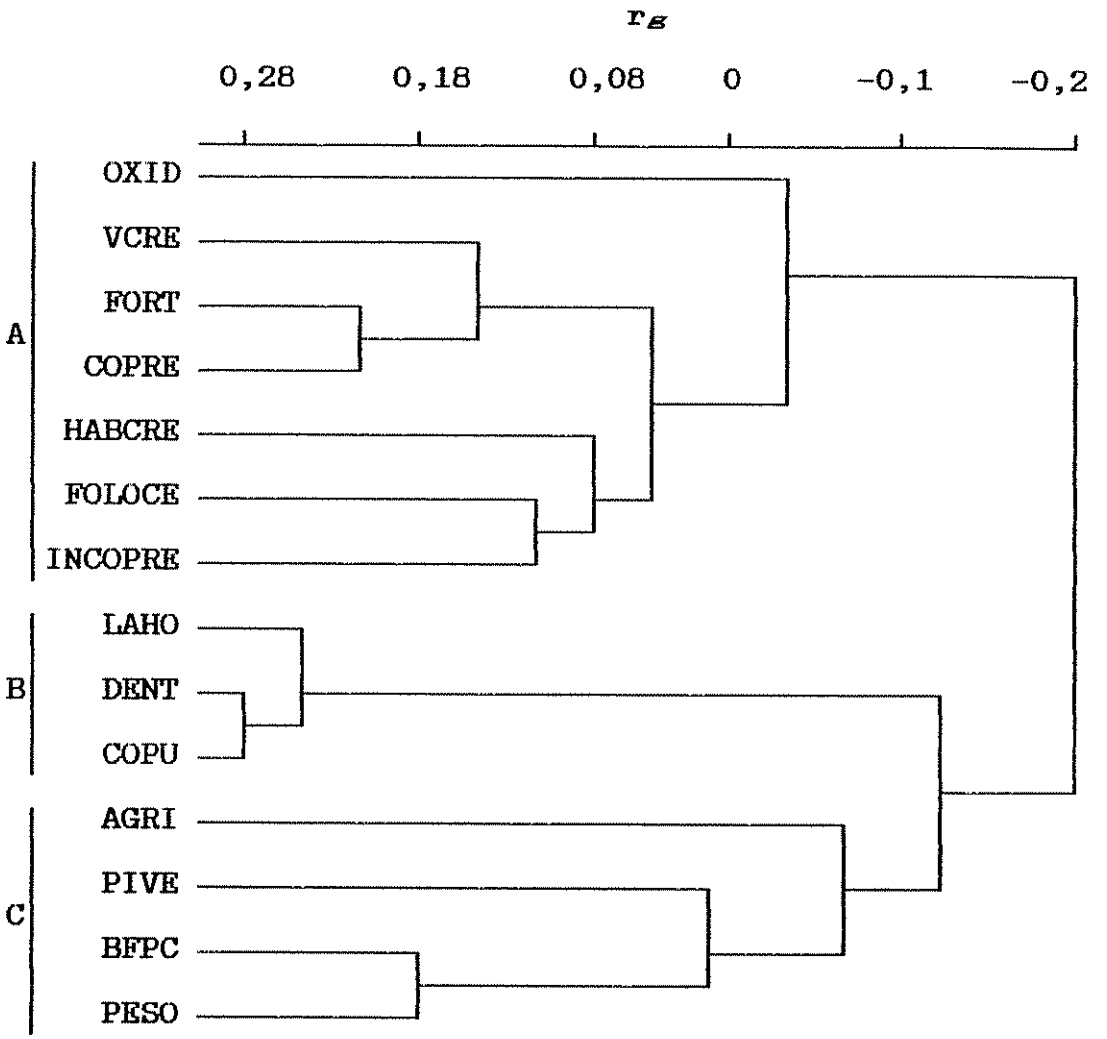

Figura 31. Agrupamiento de descriptores con base en la correlación genética (r_g) en Turrialba Costa Rica 1991.

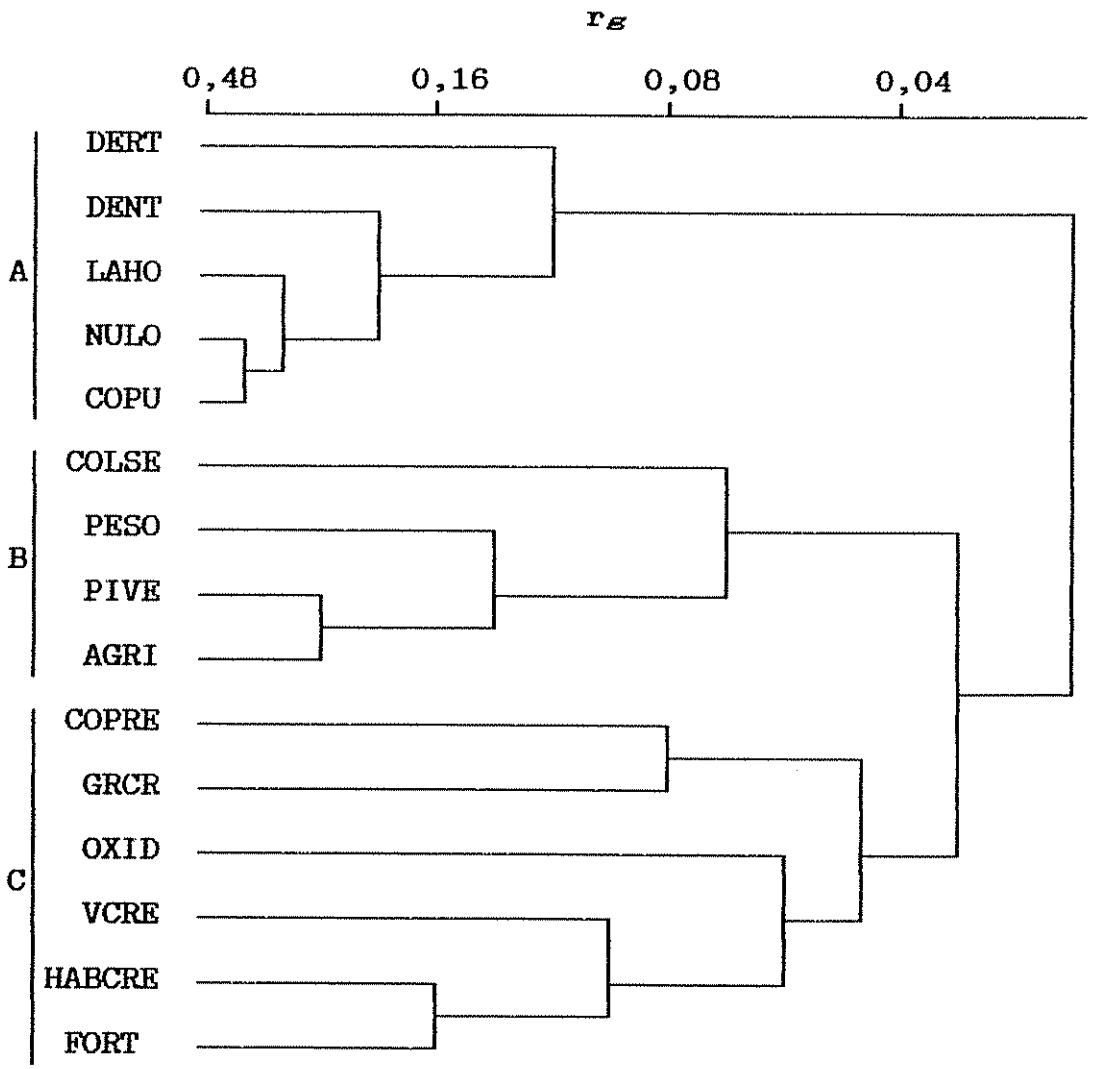

Figura 32. Agrupamiento de descriptores con base en la correlación genética (r_g) en Guácimo, Costa Rica 1991.

V. CONCLUSIONES

1. La mayor disimilitud entre grupos del agrupamiento tipo 2 se debió a que los grupos fueron muy homogéneos y diversos entre ellos para el reducido número de descriptores utilizados, lo cual indicó que la población tien poca diversidad para los caracteres calificados por dichos descriptores.
2. En orden decreciente de importancia, los descriptores cualitativos con mayor poder discriminativo para separar grupos de clones en el agrupamiento tipo 1 fueron: los defectos de la raíz tuberosa, la pigmentación de las venas en el envés de la hoja, el color de la pulpa de la raíz tuberosa, el color secundario de la cutícula de la raíz carnosa, la pigmentación del pecíolo, el color predominante de la cutícula de la raíz tuberosa, la forma de la raíz tuberosa, la pubescencia del ápice de los tallos, el hábito de crecimiento de la planta, el color de la hoja, el tipo de lóbulos de la hoja, el hábito de floración y la distribución de pigmentos antociánicos en la pulpa de la raíz. De estos descriptores, la pigmentación de las venas, el color de la pulpa de la raíz, el color predominante de la raíz, el color secundario de la raíz, el hábito de crecimiento de la planta y el color de la hoja madura concuerdan con los utilizados por Huaman (1988b); esto indica que tales descriptores pueden ser utilizados para la descripción en cualquier población de *I. batatas*.
3. El valor discriminativo "D" de los descriptores cuantitativos fue un buen índice para separar grupos de clones, mientras que con los cualitativos fue bueno para separar clones en el agrupamiento tipo 1.
4. Los descriptores cuantitativos continuos de mayor poder discriminativo para separar grupos de clones fueron: el

diámetro de la raíz, largo de la raíz tuberosa, la unión de la raíz con el tallo, la longitud del entrenudo, el tamaño de la hoja y el largo de la flor.

5. En la separación de clones dentro de los grupos en el agrupamiento tipo 1, los descriptores cualitativos con mayor poder discriminativo fueron: el color de la hoja inmadura, la pubescencia de los ápices, la pigmentación del pecíolo, los defectos de la raíz tuberosa, la forma de la raíz tuberosa, el hábito de floración, el color de la pulpa de la raíz tuberosa, la forma de los sépalos, la pigmentación de las venas del envés, la pubescencia de los sépalos, el tipo de lóbulos de la hoja, el color de los sépalos, el color predominante del periderma de la raíz tuberosa y el hábito de crecimiento.
6. En cuanto a caracteres de la raíz, el agrupamiento tipo 1 agrupó mayor proporción de clones con caracteres deseables, además de una alta proporción con algun hábito de floración. Por tanto se considera el más apropiado para fines de mejoramiento. Aunque el tipo 2 es complementario para color de raíz y hábito de crecimiento.
7. El estudio detallado de los dendrogramas de cada uno de los grupos permitió concluir que a pesar de proceder de diferentes centros de origen de la especie, existen clones con alta similitud, lo cual pone en evidencia la teoría de Austin (1988) sobre el origen de *Ipomoea batatas*.
8. El agrupamiento de descriptores por el método de la unión promedio permitió confirmar que existe correlación entre los descriptores con alto valor discriminativo y la utilización efectiva para separar grupos de clones en la población.
9. La estimación del indice de herencia (h^2) con datos transformados tiende a sobreestimar y a subestimar dicho parámetro.

10. Las bajas magnitudes de las correlaciones genéticas podría indicar la ausencia de asociaciones consistentes entre los caracteres en ciclos posteriores de selección y evaluación, limitando el progreso del programa de selección. Sin embargo, el hecho de que las progenies son producto de un primer ciclo de recombinación, además de que las causas principales de correlaciones genéticas son pleiotropía y ligamiento, y estos a su vez dependen de frecuencias de apareamientos, la magnitud de las correlaciones genéticas debe considerarse como un indicativo de las asociaciones entre descriptores en poblaciones segregantes futuras.
11. Las bajas magnitudes de las correlaciones genéticas entre los caracteres estudiados, no permiten aplicar selección simultánea para muchos de ellos.
12. En general, la magnitud de las correlaciones genéticas, fenotípicas y ambientales varió con la localidad, indicando la existencia de interacción genotipo por medio ambiente. Por tanto, los resultados no son extrapolables.

13. El agrupamiento de los descriptores con base en la correlación genética permitió comprobar por una parte que existen descriptores con poder discriminativo, con correlación fenotípica y genética y, por la otra, descriptores que fueron agrupados independientemente de la localidad

LITERATURA CITADA

AGUIRRE, A., V. 1971. Estúdio de los suelos del área del Centro Tropical de Enseñanza e Investigación, IICA-Turrialba, Costa Rica. Tesis Mag. Sc. Turrialba, C.R., IICA-CTEI. 139 p.

ANDERBERG, M.R. 1973. Cluster analysis for applications. New York, Academic press. 361 p.

ARCE, J.A. 1984. Caracterización de 81 plantas de achiote (*Bixa Orellana* L.) de la colección del CATIE procedentes de Honduras y Guatemala, y propagación vegetativa por estacas. Tesis Mag. Sc. Turrialba, Costa Rica, UCR/CATIE. 149 p.

AUSTIN, D.F. 1988. The taxonomy, evolution and genetic diversity of sweet potatoes and related wild species. In Exploration, maintenance and utilization of sweetpotato genetic resources; report. Lima, CIP. p. 27-59.

BECKER, W. A. 1975. Manual of quantitative genetics. Washington State University, Third edition. 169 p.

BOUWKAMP, J.C.; UNERTL, A.J. 1984. A clustering technique for the classification of sweetpotato incompatibility groups. *In* Symposium of the International Society for Tropical Root Crops (6, 1983, Lima, Perú). Proceeding. Lima ,CIP . by CIP. p 569.

BURTON, G.W.; DAVIES, W.E. 1984. Handling germplasm of cross-pollinated forage crops. In Crop genetic resources: Conservation and evaluation. Eds. J.H.W. Holden; J.T. Williams. London, IBPGR. p 180-190.

CHAPMAN, C. 1989. Principles of germplasm evaluation. In Scientific management of germplasm: Characterization evaluation and enhancement. Eds H.T. Stalker; C. Chapman. Roma, IBPGR. p 55-60.

EDMOND, J.B.; AMMERMAN, G.R. 1971. Sweet potatoes: Production, Processing and Marketing. Major feed and crops in agriculture and food series. Connecticut, the AVI publishing company, inc. p: 58-80.

ENGELS, J.M.M. 1983a. A systematic description of cacao clones. 1. The discriminative value of quantitative characteristics. Euphytica (Holanda) 32: 377-385.

--------. 1983b. A systematic description of cacao clones. 2. The discriminative value of qualitative characteristics and the practical compatibility of the discriminative value of quantitative and qualitative descriptors. Euphytica (Holanda) 32: 387-396.

--------. 1983. A systematic description of cacao clones. 3. Relationships between clones, between characteristics and some consequences for the cacao breeding. Euphytica (Holanda) 32: 719-733.

FALCONER, D.S. 1964. Introducción a la genética cuantitativa. Mexico, D.F., CECSA. 430 p.

HOHENBOKEN, D. S. 1985. Phenotypic, genetic and environmental correlations. *In* General and quantitative genetics. Ed. Chapman, A.B. (Holanda). p 121-149.

HUAMAN, Z. 1988a. Current status on the maintenance of sweetpotato genetic resources at CIP. In Exploration, maintenance and utilization of sweetpotato genetic resources; report. Lima, CIP. p. 101-120.

-------. 1988b. Descriptors for the characterization and evaluation of sweetpotato genetic resources. In Exploration, maintenance and utilization of sweetpotato genetic resources; report. Lima, CIP. p. 331-355.

INTERNATIONAL BOARD OF PLANT GENETIC RESOURCES (IBPGR). 1981. Report of the IBPGR working proup on the genetic resources of sweetpotato. Roma. 30 p.

JARRET, L. R. 1988. The U.S. sweetpotato germplasm repository. In Exploration, maintenance and utilization of sweetpotato genetic resources; report. Lima, CIP. p. 121-128.

JOHNSON, H.; ROBINSON, H.F.; COMSTOCK, R.E. 1955. Genotypic amd phenotypic correlations in soybeans and their implications in selection. Agronomy Journal (EE.UU.) 47: 477-483.

JONES, A. 1969. Quantitative inheritance of ten vine traits in sweetpotatoes. Journal of the American Society for Horticultural Science (EE.UU.) 94(4):408-411.

JONES, A.; STENINBAUER, C. E.; POPE, D. T. 1969. Quantitative inheritance of ten root traits in sweet potatoes. Journal of the American Society for Horticultural Science (EE.UU.) 94: 271-275.

--------. 1970. Phenotypic, genotypic and environmental correlations in sweetpotato. Journal of the American Society for Horticultural Science (EE.UU.) 95 (3): 326-330.

--------. 1971. The use of correlated responses in sweetpotato selection. Journal of the American Society for Horticultural Science (EE.UU.) 96 (4): 538-541.

KAYS, S.J. 1989. The physiology of yield in the sweet potato. In: Sweet potato products: A natural resource for the tropics. s.l., s.e. p 79-132.

KEMPTHORNE, O.; TANDON, O.B. 1953. The estimation of heredability by regression of offspring on parent. Biometrics (EE.UU.) 1(9): 90-100.

MARTIN, F.W. 1982. Technique for rooting sweetpotato leaves. HortScience (EE.UU.) 17(3): 395-396.

-------- ; RHODES, A.M. 1983. Correlations among characteristics of sweetpotato roots and intraspecific grouping. Euphytica (Holanda) 32: 453-463.

MILLER, J.C. 1935. Further estudies of mutations of the Puerto Rico sweet potato. Proceeding of the American Society for Horticultural Science (EE.UU.) 33: 343-346.

MORERA, J.A. 1981. Descripción sistemática de la colección Panamá de pejibaye *(Bactris gasipaes H.B.K.)*. Tesis Mag.Sc. Turialba, Costa Rica, UCR/CATIE 122 p.

-------- 1989. Caracterización de los estipetes de pejibaye *(Bactris gasipaes H.B.K.)* en base a las espinas. Agronomía Costarricense (C.R.) 13 (1): 111-114.

RAO, M.M.; GEORGES, C. 1985. Characterization, classification and preliminary evaluation of sweetpotato accesions in St. Lucia. In Symposium of the International Society for Tropical Root Crops (7, 1985) Gosier, Guadeloupe). Proceeding. Paris, INRA. p. 739-747.

SANCHO, F.M.; MATA, R.; MOLINA, E.; SALAS, R. 1989. Estudio de suelos de la Escuela de Agricultura de la Región Tropical Húmeda, Guácimo, Provincia de Limón. San José, C.R. p 48-54.

SNEATH, P.H.; SOKAL, R.R. 1973. Numerical taxonomy. The principles and practice of numerical classification. Eds. D. Kennedy; R.B. Park. San Francisco, W.H. Freeman. 573 p.

TAKAGI, H. 1988. Sweetpotato colections in Papua New Guinea. In Exploration, maintenance and utilization of sweetpotato genetic resources; report. Lima, CIP. p. 147-157.

WARD, Jr, J.H. 1963. Hierarchical grouping to optimize an objective function. Journal of the American Statistical Association (EE.UU.) 58: 236-244.

WISHART, D. 1969. An algorithm for hierarchical classifications. Biometrics (EE.UU.) 22 (1): 165-170.

YEN, D.E. 1974. The sweetpotato and Oceania: An essay in ethnobotany. Honolulu, Hawaii, Bishop Museum Press. 389 p (Bernice P. Bishop Museum. Bulletin no. 236.

APENDICE

Cuadro1 A. Resultados de los análisis de suelo para la Descripción sitemática de la colección, Estación "La Montaña" CATIE, Turrialba Costa Rica 1991.

M.O %	PH H_2O	P mg/L	Ca	Mg	K	Acid. Extr.	Cu	Zn	Mn
			meq/100ml suelo				mg/l		
5,31	4,3	9,1	4,1	1,14	0,36	0,80	21,3	2,6	27,2

Cuadro 2A. Resultados de los análisis de suelo y datos de precipitación para la Evaluación de progenies, Estación "La Montaña" CATIE, Turrialba Costa Rica 1991.

REP	M.O %	PH H_2O	P mg/L	Ca	Mg	K	Acid. Extr.	Cu	Zn	Mn
				meq/100ml suelo				mg/l		
I	6,0	5,2	10,1	3,7	1,2	0,4	0,8	25,0	4,0	20,0
II	5,9	5,2	10,1	4,7	1,2	0,4	0,5	22,0	3,1	18,2
III	5,7	5,3	10,6	5,1	1,2	0,4	0,4	21,0	2,9	17,0

Precipitación Nov. 1990 - Agosto 1991.

Mes	Precipitación (mm)
Noviembre	67,3
Diciembre	241,8
Enero	17,9
Febrero	152,1
Marzo	31,0
Abril	185,0
Mayo	224,9
Junio	352,0
Julio	299,7
Agosto	96,0
Total	1667,7

Cuadro 3A. Resultados de los análisis de suelo y datos de precipitación para la "Evaluación de progenies". Estación "La EARTH". Guácimo, Limón, Costa Rica 1991.

REP	M.O %	PH H_2O	P mg/L	Ca	Mg	K	Acid. Extr.	Cu	Zn	Mn
				meq/100ml suelo				mg/l		
I	9,3	5,9	7,3	3,3	2,4	0,2	0,1	9,0	2,6	5,6
II	7,4	6,0	7,6	3,1	2,3	0,2	0,1	8,4	2,3	5,2
III	8,0	6,0	5,4	3,1	2,3	0,2	0,1	7,6	2,3	5,2

Precipitación Abril 27 - Julio de 1991.

Mes	Precipitación en mm.	Promedio 16 años
Abril	6,3	208,3
Mayo	582,5	245,8
Junio	330,5	340,6
Julio	632,5	479,4
Total	1551,9	1273,8

Cuadro 4A. Descriptores y sus escalas utilizados en la descripción sistemática de la colección y evaluación de las progenies. CATIE, Turrialba 1991. Adaptado de Huaman (1988b).

HABITO DE CRECIMIENTO
Descripción del hábito de crecimiento a aproximadamente los 90 días de siembra.

3 Compacto
5 Semi-compacto
7 Disperso
9 Extremadamente disperso

VELOCIDAD DE CRECIMIENTO DE LOS TALLOS
Descripción de la velocidad relativa de crecimiento de los tallos principales basado en el tamaño promedio alcanzado en aproximadamente 60 días de la siembra.

3 Lento (menos de 50 cm)
5 Intermedio (50-100 cm)
7 Rápido (100-150cm)
9 Muy rápido(más de 150 cm)

LONGITUD DEL ENTENUDO

1 Muy corto (menos 3 cm)
3 Corto (3-5 cm)
5 Intermedio (6-9 cm)
7 Largo (10-12 cm)
9 Muy largo (más de 12 cm)

DIAMETRO DEL ENTRENUDO

1 Muy delgado (menos de 4 mm)
3 Delgado (4-6 mm)
5 Intermedio (7-9 mm)
7 Ancho 10-12 mm)
9 Muy Ancho (más de 12 mm)

PIGMENTACION DE LOS TALLOS
La extensión de la distribución de pigmentos antocianicos en los tallos.

1 Verde
2 Verde con nudos pigmentados
3 Ligeramente pigmentado
4 Ligeramente pigmentado con nudos pigmentados
5 Moderadamente pigmentado
6 Moderadamente pigmentado con nudos pigmentados
7 Totalmente pigmentado

PUBESCENCIA DEL APICE DE LOS TALLOS

0 Ausente
1 Ralo
3 Moderado
5 Denso
7 Muy denso

TIPO DE LOBULOS EN LA HOJA

0 Ausentes
1 Muy superficiales (dientes)
3 Superficiales
5 Moderados
7 Profundos
9 Muy profundos

NUMERO DE LOBULOS

0
1
3
5
7
9

FORMA DEL LOBULO CENTRAL

0 Ausente
1 Dientes amplios
3 Semi- elíptico
4 Elíptico
5 Lanceolado
6 Oblaceolado
7 Lineal

LARGO DE LA HOJA MADURA

ANCHO DE LA HOJA MADURA

COLOR DE FOLLAJE

Descripción del color del follaje considerando el color de las hojas maduras e inmaduras completamente expandidas mostrando por varias plantas. La variegación en el color de las hojas debido a síntomas de virus no debe se consideró.

COLOR DE LA HOJA MADURA

1 Amarrillo
2 Amarroillo-verde
3 Verde
4 Verde con borde pigmentado

5 Verde-grisáceo (debido a pubescencia densa)
6 Ligeramente pigmentada
7 Moderadamente pigmentada
8 Mayormente pigmentada
9 Totalmente pigmentada

COLOR DE LA HOJA INMADURA

1 Amarrillo
2 Amarrillo-verde
3 Verde
4 Verde con borde pigmentado
5 Verde-grisáceo (debido a pubescencia densa)
6 ligeramente pigmentada
7 Moderadamente pigmentada
8 Mayormente pigmentada
9 Totalmente pigmentada

NUMERO DE LOBULOS DE LA HOJA

Descripción de la distribución de pigmentación antociánica mostrada en las venas de la superficie inferior de las hojas.

1 Amarrillo
2 Verde
3 Mancha pigmentada en la base de la vena principal
4 Manchas pigmentadas en varias venas
5 Vena principal parcialmente pigmentada
6 Vena principal mayormente pigmentada o totalmente pigmentada
7 Todas las venas mayormente pigmentadas
8 Todas las venas totalmente pigmentadas

LONGITUD DEL PECIOLO

La longitud promedio del peciolo de las hojas localizado entre el octavo y el décimo nudo desde los brotes apicales.

1 Muy corto (menos de 10 cm)
3 Corto (10-15 cm)
5 Intermedio (16-20 cm)
7 Largo (21-25 cm)
9 Muy largo (más de 25 cm)

PIGMENTACION DEL PECIOLO

Distribución de pigmentación antociánica en los peciolos de las hojas. El color más predominante es siempre indicado primero.

1 Verde
2 Verde con banda nodal pigmentada (lado externo de la inserción con el tallo)
3 Verde y pigmentado cerca al tallo
4 Verde y pigmentado cerca a la hoja
5 Moderadamente pigmentado a lo largo del pecíolo
6 Pigmentado y verde cerca al tallo
7 Pigmentado y verde cerca a la hoja
8 Altamente pigmentado a lo largo del pecíolo
9 Totalmente pigmentado

FORMA DE LA RAIZ TUBEROSA
Descrita como el perfil de la raíz tuberosa mostrado en una sección longitudinal.

1 Redondo - un perfil casi circular con una proporción de largo a ancho (L/A) de aproximadamente 1 a 1.
2 Redondo elíptico - un perfil ligeramente circular con bordes agudos. La proporción L/A no más de 2 a 1.
3 Elíptico - u perfil con aproximadamente el mismo ancho a igual distancia de ambos extremos los cuales son ligeramente agudos. La proporción L/A no debe ser mayor de 3 a 1.
4 Ovado - un perfil semejando la sección longitudinal de un huevo. La parte más ancha está en el extremo distal (i.e. opuesto a la unión de la raíz con el tallo).
5 Obovado - un perfil que es inversamente ovado. La parte más ancha está en el extremo proximal (i.e. cerca a la unión de la raíz con el tallo).
6 Oblongo - un perfil casi rectangular con lados paralelos y esquinas redondeadas. La proporción es aproximadamente 2 a 1.
7 Largo oblongo - un perfil oblongo con un proporción L/A de por lo menos 3 a 1.
8 Largo elíptico - un perfil elíptico con un proporción L/A de por lo menos 3 a 1.
9 Largo irregular o curvado.

DEFECTOS DE LA SUPERFICIE DE LA RAIZ TUBEROSA

0 Ausente
1 Pocas lenticelas
2 Muchas lenticelas
3 Constricciones superficiales
4 Constricciones profundas
5 Hendiduras longitudinales superficiales
6 Hendiduras longitudinales profundas
7 Constricciones y hendiduras profundas

GROSOR DE LA CORTEZA DE LA RAIZ TUBEROSA

1 Muy delgada (< 1 mm)
3 Delgada (2 mm)
5 Intermedia (2-3 mm)
7 Gruesa (3-4 mm)
9 Muy gruesa (> 4 mm)

COLOR DE LA PERIDERMIS DE LA RAIZ TUBEROSA

Las raíces tuberosas recién cosechadas fueron lavadas y secadas antes de la evaluación. El color registrado correspondió al color más representativo del cultivar. Este fue descrito por el color predominante de la peridermis, la intensidad del color y la presencia de un color secundario distribuído, ya sea como manchas o como pequeñas áreas.

COLOR PREDOMINANTE	INTENSIDAD	COLOR SECUNDARIO
1 Blanco	1 Pálido	0 Ausente
2 Crema	2 Intermedio	1 Blanco
3 Amarillo	3 Oscuro	2 Crema
4 Anaranjado		3 Amarillo
5 Marrón		4 Anaranjado
6 Rosado		5 Marrón
7 Rojo		6 Rosado
8 Rojo-Mora		7 Rojo
9 Morado		8 Rojo-Mora
		9 Morado

COLOR DE LA PULPA DE LA RAIZ

Descrito en secciones transversales de la parte central de las raíces tuberosas.

1 Blanco
2 Crema
3 Crema oscuro
4 Amarillo palido
5 Amarillo oscuro
6 Amarillo con anaranjado o viceversa
7 Anaranjado pálido
8 Anaranjado oscuro
9 Fuertemente pigmentado con antocianinas

DISTRIBUCION DE PIGMENTOS ANTOCIANICOS EN LA PULPA

0 Ausente
1 Anillo delgado en la corteza
2 Anillo ancho en la corteza
3 Manchas esparcidas
4 En el cambium vascular
5 En la corteza y en en el cambium vascular

6 En la corteza y en el parénquima central
7 En el cambium vascular y parénquima central
8 En la corteza, cambium vascular y parénquima central
9 Totalmente o mayormente pigmentado

HABITO DE FLORACION

0 Ausente
1 Escaso
3 Ralo
5 Moderado
7 Profuso
9 Muy profuso

COLOR DE LA FLOR

1 Blanco
2 Limbo blanco con garganta morado
3 Limbo blanco con un anillo morado pálido y garganta morada
4 Limbo morado pálido con garganta morado
5 Morado
6 Otro (especificar)

LARGO DE LA FLOR

ANCHO DE LA FLOR

Largo y ancho promedio de cinco flores típicas expresado en centímetros.

FORMA DEL LIMBO

1 Estrellado
3 Semi- estrellada
5 pentagonal
7 Rotada

IGUALDAD DE LONGITUD DE SEPALOS

Se registró el número más frecuente de venas observadas en los sépalos de cinco flores típicas.

FORMA DE LOS SEPALOS

1 Ovado
2 Elíptico
3 Obovado
4 Oblongo
5 Lanceolado

APICE DE LOS SEPALOS

1 Agudo
2 Obtuso
3 Acuminado
4 Caudado

PUBESCENCIA DE LOS SEPALOS

0 Ausente
1 Muy rala
3 Rala
5 Moderada
7 Densa
9 Muy densa

COLOR DE LOS SEPALOS

1 Verde
2 Verde con borde pigmentado
3 Algunos sépalos verdes, otros pigmentados
4 Pálidamente pigmentado
5 Oscuramente pigmentado

COLOR DEL ESTIGMA

1 Blanco
3 Morado pálido
5 Morado

COLOR DEL ESTILO

1 Blanco
2 Blanco con morado en la base
3 Blanco con morado en el ápice
4 Blanco con manchas moradas a la largo
5 Morado

EXCERCION DEL ESTIGMA

La posición relativa del estigma comparada con la antera más alta.

1 Inserto (más corto que la antera más larga)
3 De la misma altura que la antera más alta
5 Ligeramente exerto
7 Exerto (más largo que la antera más larga)

PRODUCCION DE CAPSULAS CON SEMILLA

0 Ausente
1 Escaso
3 Ralo
5 Moderado
7 Pescado

FORMACION DE LA RAIZ TUBEROSA

Descripción del arreglo de las raíces carnosas en los tallos subterráneos de plantas propagadas por esquejes

1 Racimo cerrado
3 Racimo abierto
5 Disperso
7 Muy disperso

UNION DE LA RAIZ TUBEROSA CON EL TALLO

Descripción de la longitud de la unión de las ráices tuberosas con los tallos.

0 Sésil o ausente
1 Muy corto (menos de 2 cm)
3 Corto (2-5 cm)
5 Intermedio (5-8 cm)
7 Largo (9-12 cm)
9 Muy largo (más de 12 cm)

LONGITUD DE LA RAIZ TUBEROSA

Las dimensiones de la raíz tuberosa fueron registradas en raíces tuberosas del tamaño más predominante producidas por diez plantas. Se tomó la longitud promedio de cinco raíces tuberosas en centímetros.

DIAMETRO DE LA RAIZ TUBEROSA

El promedio del diámetro de cinco raíces tuberosas de tamaño promedio en centímetros.

BOTONES FLORALES POR CIMA

El número máximo de botones florales por cima en cada parcela.

AGRIETAMIENTO DE LA RAIZ TUBEROSA

0 Ausente
1 Leve
2 Moderado
3 Fuerte

OXIDACION DE LA PULPA DE LA RAIZ TUBEROSA

1 Ausente
2 Leve
3 Moderado
4 Fuerte
5 Muy fuerte

CUADRO 5A. VARIANZAS Y COVARIANZAS UTILIZADAS EN LA ESTIMACION DE LAS CORRELACIONES GENETICAS EN TURRIALBA, COSTA RICA 1991.

X (1)	X' (2)	BETA (3)	CME X' (4)	VAR X (5)	VAR X' (6)	COV (7)	X	X'	BETA	CME X'	VAR X	VAR X'	COV	X	X'	BETA	CME X'	VAR X	VAR X	COV
1	1	0.174	2.421	3.399	2.839	0.421	10	5	-3.118	0.012	5.652	0.008	-0.037	5	10	-0.01	9.301	0.015	7.08	-0.093
2	1	0.372	2.421	6.579	2.839	0.901	11	5	-6.346	0.012	7.489	0.008	-0.076	6	10	0.045	9.301	2.223	7.08	0.419
3	1	-0.213	2.421	15.954	2.839	-0.516	12	5	-0.814	0.012	0.576	0.008	-0.010	7	10	-0.002	9.301	4.123	7.08	-0.019
4	1	-0.053	2.421	0.635	2.839	-0.128	13	5	-0.838	0.012	1.38	0.008	-0.010	8	10	0.027	9.301	2.629	7.08	0.251
5	1	0.002	2.421	0.015	2.839	0.005	14	5	0.244	0.012	0.099	0.008	0.003	9	10	0.019	9.301	0.518	7.08	0.177
6	1	-0.083	2.421	2.223	2.839	-0.201	1	6	-0.339	2.887	3.399	2.241	-0.979	10	10	0.173	9.301	5.652	7.08	1.609
7	1	-0.205	2.421	4.123	2.839	-0.496	2	6	-0.339	2.887	6.579	2.241	-0.979	11	10	0.255	9.301	7.489	7.08	2.372
8	1	-0.038	2.421	2.629	2.839	-0.092	3	6	-0.24	2.887	15.954	2.241	-0.693	12	10	0.005	9.301	0.576	7.08	0.047
9	1	-0.024	2.421	0.518	2.839	-0.058	4	6	0.013	2.887	0.635	2.241	0.038	13	10	0.03	9.301	1.38	7.08	0.279
10	1	0.068	2.421	5.652	2.839	0.165	5	6	-0.007	2.887	0.015	2.241	-0.020	14	10	-0.0002	9.301	0.099	7.08	-0.002
11	1	-0.245	2.421	7.489	2.839	-0.593	6	6	0.077	2.887	2.223	2.241	0.222	1	11	-0.217	2.685	3.399	3.284	-0.583
12	1	-0.027	2.421	0.576	2.839	-0.065	7	6	0.063	2.887	4.123	2.241	0.182	2	11	-0.208	2.685	6.579	3.284	-0.558
13	1	0.054	2.421	1.38	2.839	0.131	8	6	0.039	2.887	2.629	2.241	0.113	3	11	0.013	2.685	15.954	3.284	0.035
14	1	0.004	2.421	0.099	2.839	0.010	9	6	0.031	2.887	0.518	2.241	0.089	4	11	0.04	2.685	0.635	3.284	0.107
1	2	-0.06	6.823	3.399	8.853	-0.409	10	6	0.24	2.887	5.652	2.241	0.693	5	11	0.003	2.685	0.015	3.284	0.008
2	2	0.302	6.823	6.579	8.853	2.061	11	6	0.485	2.887	7.489	2.241	1.400	6	11	0.005	2.685	2.223	3.284	0.013
3	2	0.08	6.823	15.954	8.853	0.546	12	6	0.069	2.887	0.576	2.241	0.199	7	11	0.084	2.685	4.123	3.284	0.226
4	2	0.009	6.823	0.635	8.853	0.061	13	6	0.08	2.887	1.38	2.241	0.231	8	11	-0.07	2.685	2.629	3.284	-0.188
5	2	-0.014	6.823	0.015	8.853	-0.096	14	6	-0.023	2.887	0.099	2.241	-0.066	9	11	0.023	2.685	0.518	3.284	0.062
6	2	0.039	6.823	2.223	8.853	0.266	1	7	0.252	8.586	3.399	4.026	2.164	10	11	0.079	2.685	5.652	3.284	0.212
7	2	-0.004	6.823	4.123	8.853	-0.027	2	7	-0.112	8.586	6.579	4.026	-0.962	11	11	0.602	2.685	7.489	3.284	1.616
8	2	0.062	6.823	2.629	8.853	0.423	3	7	0.276	8.586	15.954	4.026	2.370	12	11	0.001	2.685	0.576	3.284	0.003
9	2	0.004	6.823	0.518	8.853	0.027	4	7	0.007	8.586	0.635	4.026	0.060	13	11	0.005	2.685	1.38	3.284	0.013
10	2	0.018	6.823	5.652	8.853	0.123	5	7	0.016	8.586	0.015	4.026	0.137	14	11	-0.0007	2.685	0.099	3.284	-0.002
11	2	-0.056	6.823	7.489	8.853	-0.382	6	7	-0.08	8.586	2.223	4.026	-0.687	1	12	-0.261	0.357	3.399	0.595	-0.093
12	2	0.029	6.823	0.576	8.853	0.198	7	7	0.003	8.586	4.123	4.026	0.026	2	12	0.404	0.357	6.579	0.595	0.144
13	2	-0.018	6.823	1.38	8.853	-0.123	8	7	-0.086	8.586	2.629	4.026	-0.738	3	12	-0.466	0.357	15.954	0.595	-0.166
14	2	0.008	6.823	0.099	8.853	0.055	9	7	-0.026	8.586	0.518	4.026	-0.223	4	12	-0.014	0.357	0.635	0.595	-0.005
1	3	0.063	33.725	3.399	40.176	2.125	10	7	-0.199	8.586	5.652	4.026	-1.709	5	12	-0.004	0.357	0.015	0.595	-0.001
2	3	0.034	33.725	6.579	40.176	1.147	11	7	-0.186	8.586	7.489	4.026	-1.597	6	12	0.282	0.357	2.223	0.595	0.101
3	3	0.06	33.725	15.954	40.176	2.024	12	7	-0.039	8.586	0.576	4.026	-0.335	7	12	0.289	0.357	4.123	0.595	0.103
4	3	-0.000	33.725	0.635	40.176	-0.017	13	7	-0.064	8.586	1.38	4.026	-0.550	8	12	0.414	0.357	2.629	0.595	0.148
5	3	0.0008	33.725	0.015	40.176	0.027	14	7	0.011	8.586	0.099	4.026	0.094	9	12	0.098	0.357	0.518	0.595	0.035
6	3	-0.029	33.725	2.223	40.176	-0.978	1	8	-0.305	2.891	3.399	2.499	-0.882	10	12	0.177	0.357	5.652	0.595	0.063
7	3	-0.028	33.725	4.123	40.176	-0.944	2	8	-0.327	2.891	6.579	2.499	-0.945	11	12	0.912	0.357	7.489	0.595	0.326
8	3	-0.021	33.725	2.629	40.176	-0.708	3	8	-0.35	2.891	15.954	2.499	-1.012	12	12	0.312	0.357	0.576	0.595	0.111
9	3	-0.009	33.725	0.518	40.176	-0.304	4	8	-0.003	2.891	0.635	2.499	-0.009	13	12	-0.028	0.357	1.38	0.595	-0.010
10	3	-0.026	33.725	5.652	40.176	-0.877	5	8	-0.004	2.891	0.015	2.499	-0.012	14	12	-0.082	0.357	0.099	0.595	-0.029
11	3	-0.097	33.725	7.489	40.176	-3.271	6	8	0.074	2.891	2.223	2.499	0.214	1	13	-0.111	1.696	3.399	1.906	-0.188
12	3	-0.01	33.725	0.576	40.176	-0.337	7	8	0.036	2.891	4.123	2.499	0.104	2	13	-0.39	1.696	6.579	1.906	-0.661
13	3	-0.039	33.725	1.38	40.176	-1.315	8	8	0.055	2.891	2.629	2.499	0.159	3	13	-0.232	1.696	15.954	1.906	-0.393
14	3	0.013	33.725	0.099	40.176	0.438	9	8	0.038	2.891	0.518	2.499	0.110	4	13	-0.034	1.696	0.635	1.906	-0.058
1	4	0.262	0.832	3.399	0.597	0.218	10	8	0.245	2.891	5.652	2.499	0.708	5	13	-0.003	1.696	0.015	1.906	-0.005
2	4	0.472	0.832	6.579	0.597	0.393	11	8	0.373	2.891	7.489	2.499	1.078	6	13	0.023	1.696	2.223	1.906	0.039
3	4	0.391	0.832	15.954	0.597	0.325	12	8	0.045	2.891	0.576	2.499	0.130	7	13	-0.043	1.696	4.123	1.906	-0.073
4	4	0.052	0.832	0.635	0.597	0.043	13	8	0.108	2.891	1.38	2.499	0.312	8	13	0.004	1.696	2.629	1.906	0.007
5	4	0.012	0.832	0.015	0.597	0.010	14	8	-0.027	2.891	0.099	2.499	-0.078	9	13	0.0002	1.696	0.518	1.906	.000
6	4	-0.1	0.832	2.223	0.597	-0.083	1	9	-0.056	0.845	3.399	0.7	-0.047	10	13	0.344	1.696	5.652	1.906	0.583
7	4	0.045	0.832	4.123	0.597	0.037	2	9	-0.159	0.845	6.579	0.7	-0.134	11	13	0.255	1.696	7.489	1.906	0.432
8	4	-0.154	0.832	2.629	0.597	-0.128	3	9	-0.09	0.845	15.954	0.7	-0.076	12	13	-0.055	1.696	0.576	1.906	-0.093
9	4	0	0.832	0.518	0.597	0.000	4	9	0.125	0.845	0.635	0.7	0.106	13	13	0.109	1.696	1.38	1.906	0.185
10	4	-0.436	0.832	5.652	0.597	-0.363	5	9	-0.023	0.845	0.015	0.7	-0.019	14	13	-0.023	1.696	0.099	1.906	-0.039
11	4	-0.469	0.832	7.489	0.597	-0.390	6	9	0.205	0.845	2.223	0.7	0.173	1	14	-1.102	0.017	3.399	0.011	-0.019
12	4	-0.054	0.832	0.576	0.597	-0.045	7	9	0.371	0.845	4.123	0.7	0.313	2	14	7.447	0.017	6.579	0.011	0.127
13	4	0.004	0.832	1.38	0.597	0.003	8	9	0.168	0.845	2.629	0.7	0.142	3	14	-0.198	0.017	15.954	0.011	-0.003
14	4	0.01	0.832	0.099	0.597	0.008	9	9	0.063	0.845	0.518	0.7	0.053	4	14	-0.17	0.017	0.635	0.011	-0.003
1	5	6.328	0.012	3.399	0.008	0.076	10	9	0.054	0.845	5.652	0.7	0.046	5	14	-0.216	0.017	0.015	0.011	-0.004
2	5	0.01	0.012	6.579	0.008	.000	11	9	0.725	0.845	7.489	0.7	0.613	6	14	0.543	0.017	2.223	0.011	0.009
3	5	2.824	0.012	15.954	0.008	0.034	12	9	0.165	0.845	0.576	0.7	0.139	7	14	-0.512	0.017	4.123	0.011	-0.009
4	5	-0.875	0.012	0.635	0.008	-0.011	13	9	-0.115	0.845	1.38	0.7	-0.097	8	14	0.54	0.017	2.629	0.011	0.009
5	5	0.371	0.012	0.015	0.008	0.004	14	9	-0.006	0.845	0.099	0.7	-0.005	9	14	0.046	0.017	0.518	0.011	0.001
6	5	-1.661	0.012	2.223	0.008	-0.020	1	10	-0.216	9.301	3.399	7.08	-2.009	10	14	0.758	0.017	5.652	0.011	0.013
7	5	-1.752	0.012	4.123	0.008	-0.021	2	10	-0.118	9.301	6.579	7.08	-1.098	11	14	-1.121	0.017	7.489	0.011	-0.019
8	5	-1.325	0.012	2.629	0.008	-0.016	3	10	-0.218	9.301	15.954	7.08	-2.028	12	14	0.499	0.017	0.576	0.011	0.008
9	5	-0.867	0.012	0.518	0.008	-0.010	4	10	0.004	9.301	0.635	7.08	0.037	13	14	0.248	0.017	1.38	0.011	0.004
														14	14	0.08	0.017	0.099	0.011	0.001

"(1) y (2) = DESCRIPTORES MEDIDOS EN LAS PROGENIES Y PROGENITORES; (3) = COEFICIENTE DE REGRESION DEL MODELO CON gl=191; (4) = CUADRADO MEDIO DEL ERROR DEL DESCRIPTOR EN LOS PROGENITORES DE UN MODELO DE BLOQUES CON gl=191; (5) = VARIANZA DE LAS PROGENIES SEGUN MODELO DE BLOQUES CON gl=191; (6) = VARIANZA DE LOS PROGENITORES SEGUN MODELO DE BLOQUES CON gl = 41; (7) = COVARIANZAS XX' y X'X.

CUADRO 6A. VARIANZAS Y COVARIANZAS UTILIZADAS EN LA ESTIMACION DE LAS CORRELACIONES AMBIENTALES EN TURRIALBA, COSTA RICA 1991.

X (1)	Y (2)	VAR X (3)	VAR Y (4)	COV P (5)	COV Pr (6)	X	Y	VAR X	VAR Y	COV P	COV Pr	X	Y	VAR X	VAR Y	COV P	COV Pr
1	1	3.399	2.839	2.422	3.400	11	5	7.489	0.008	-0.076	0.016	7	10	4.123	7.080	-6.435	-1.519
2	1	6.579	2.839	0.688	0.426	12	5	0.576	0.008	-0.021	.000	8	10	2.629	7.080	3.239	0.959
3	1	15.954	2.839	2.386	0.349	13	5	1.380	0.008	-0.010	-0.015	9	10	0.518	7.080	1.005	-0.038
4	1	0.635	2.839	0.231	0.055	14	5	0.099	0.008	-0.001	0.007	10	10	5.652	7.080	9.301	5.652
5	1	0.015	2.839	0.081	0.147	1	6	3.399	2.241	-1.125	-0.394	11	10	7.489	7.080	2.356	0.416
6	1	2.223	2.839	-1.125	-0.394	2	6	6.579	2.241	-1.301	0.078	12	10	0.576	7.080	0.347	0.023
7	1	4.123	2.839	-0.326	0.239	3	6	15.954	2.241	-5.435	-1.780	13	10	1.380	7.080	1.800	1.322
8	1	2.629	2.839	-0.659	-0.316	4	6	0.635	2.241	-0.863	-0.316	14	10	0.099	7.080	-0.043	-0.328
9	1	0.518	2.839	-0.966	-0.426	5	6	0.015	2.241	-0.117	-0.061	1	11	3.399	3.284	-1.238	-0.542
10	1	5.652	2.839	-0.515	-1.273	6	6	2.223	2.241	2.888	2.223	2	11	6.579	3.284	-1.422	0.833
11	1	7.489	2.839	-1.238	-0.542	7	6	4.123	2.241	-2.613	-0.583	3	11	15.954	3.284	-3.958	-0.941
12	1	0.576	2.839	-0.107	-0.127	8	6	2.629	2.241	2.426	1.957	4	11	0.635	3.284	-0.502	0.033
13	1	1.380	2.839	-0.017	-0.382	9	6	0.518	2.241	0.870	0.118	5	11	0.015	3.284	-0.076	0.016
14	1	0.099	2.839	0.083	0.116	10	6	5.652	2.241	3.844	0.517	6	11	2.223	3.284	1.599	-0.645
1	2	3.399	8.853	0.688	0.426	11	6	7.489	2.241	1.599	-0.645	7	11	4.123	3.284	-0.297	0.975
2	2	6.579	8.853	6.823	6.579	12	6	0.576	2.241	0.401	-0.110	8	11	2.629	3.284	1.251	-0.905
3	2	15.954	8.853	6.305	-2.522	13	6	1.380	2.241	1.030	0.383	9	11	0.518	3.284	0.714	-0.238
4	2	0.635	8.853	0.105	0.162	14	6	0.099	2.241	-0.084	-0.181	10	11	5.652	3.284	2.356	0.416
5	2	0.015	8.853	-0.082	-0.026	1	7	3.399	4.026	-0.326	0.239	11	11	7.489	3.284	2.686	7.489
6	2	2.223	8.853	-1.301	0.078	2	7	6.579	4.026	-3.390	1.174	12	11	0.576	3.284	0.194	0.184
7	2	4.123	8.853	-3.390	1.174	3	7	15.954	4.026	2.928	-0.173	13	11	1.380	3.284	0.730	-0.361
8	2	2.629	8.853	-1.477	-0.191	4	7	0.635	4.026	1.133	0.376	14	11	0.099	3.284	-0.089	0.044
9	2	0.518	8.853	0.616	0.239	5	7	0.015	4.026	0.223	0.053	1	12	3.399	0.595	-0.107	-0.127
10	2	5.652	8.853	-0.630	-0.754	6	7	2.223	4.026	-2.613	-0.583	2	12	6.579	0.595	0.282	0.295
11	2	7.489	8.853	-1.422	0.833	7	7	4.123	4.026	8.586	4.123	3	12	15.954	0.595	-0.785	-0.304
12	2	0.576	8.853	0.282	0.295	8	7	2.629	4.026	-2.192	-0.761	4	12	0.635	0.595	-0.157	-0.042
13	2	1.380	8.853	-1.589	-0.252	9	7	0.518	4.026	-1.076	0.087	5	12	0.015	0.595	-0.021	.000
14	2	0.099	8.853	0.280	0.090	10	7	5.652	4.026	-6.435	-1.519	6	12	2.223	0.595	0.401	-0.110
1	3	3.399	40.176	2.386	0.349	11	7	7.489	4.026	-0.297	0.975	7	12	4.123	0.595	-0.558	0.182
2	3	6.579	40.176	6.305	-2.522	12	7	0.576	4.026	-0.558	0.182	8	12	2.629	0.595	0.420	-0.144
3	3	15.954	40.176	33.726	15.954	13	7	1.380	4.026	-0.455	-0.482	9	12	0.518	0.595	0.276	-0.002
4	3	0.635	40.176	0.342	0.396	14	7	0.099	4.026	-0.158	0.072	10	12	5.652	0.595	0.347	0.023
5	3	0.015	40.176	0.217	0.090	1	8	3.399	2.499	-0.659	-0.316	11	12	7.489	0.595	0.194	0.184
6	3	2.223	40.176	-5.485	-1.780	2	8	6.579	2.499	-1.477	-0.191	12	12	0.576	0.595	0.357	0.576
7	3	4.123	40.176	2.928	-0.173	3	8	15.954	2.499	-5.922	-1.323	13	12	1.380	0.595	-0.019	-0.012
8	3	2.629	40.176	0.000	-1.323	4	8	0.635	2.499	-0.707	-0.396	14	12	0.099	0.595	0.001	-0.020
9	3	0.518	40.176	-1.132	-0.346	5	8	0.015	2.499	-0.087	-0.067	1	13	3.399	1.906	-0.017	-0.382
10	3	5.652	40.176	-5.868	-0.781	6	8	2.223	2.499	2.426	1.957	2	13	6.579	1.906	-1.589	-0.252
11	3	7.489	40.176	-3.958	-0.941	7	8	4.123	2.499	2.192	-0.761	3	13	15.954	1.906	-2.390	0.299
12	3	0.576	40.176	-0.785	-0.304	8	8	2.629	2.499	2.892	2.259	4	13	0.635	1.906	-0.663	-0.267
13	3	1.380	40.176	-2.390	0.299	9	8	0.518	2.499	0.688	0.127	5	13	0.015	1.906	-0.010	-0.015
14	3	0.099	40.176	0.333	0.105	10	8	5.652	2.499	3.239	0.959	6	13	2.223	1.906	1.030	0.383
1	4	3.399	0.597	0.231	0.055	11	8	7.489	2.499	1.251	-0.905	7	13	4.123	1.906	-0.455	-0.482
2	4	6.579	0.597	0.105	0.162	12	8	0.576	2.499	0.420	-0.144	8	13	2.629	1.906	0.856	0.375
3	4	15.954	0.597	0.342	0.396	13	8	1.380	2.499	0.856	0.375	9	13	0.518	1.906	-0.113	-0.075
4	4	0.635	0.597	0.832	0.635	14	8	0.099	2.499	0.096	-0.217	10	13	5.652	1.906	1.800	1.322
5	4	0.015	0.597	0.026	0.010	1	9	3.399	0.700	0.966	-0.426	11	13	7.489	1.906	0.730	-0.361
6	4	2.223	0.597	-0.863	-0.316	2	9	6.579	0.700	0.616	0.249	12	13	0.576	1.906	-0.019	-0.012
7	4	4.123	0.597	1.133	0.376	3	9	15.954	0.700	-1.132	-0.346	13	13	1.380	1.906	1.696	1.380
8	4	2.629	0.597	-0.707	-0.396	4	9	0.635	0.700	-0.289	0.032	14	13	0.099	1.906	-0.075	-0.165
9	4	0.518	0.597	-0.289	0.032	5	9	0.015	0.700	-0.072	-0.046	1	14	3.399	0.011	0.083	0.116
10	4	5.652	0.597	-1.860	-0.854	6	9	2.223	0.700	0.870	0.118	2	14	6.579	0.011	0.280	0.030
11	4	7.489	0.597	-0.502	0.033	7	9	4.123	0.700	-1.076	0.087	3	14	15.954	0.011	0.333	0.105
12	4	0.576	0.597	-0.157	-0.042	8	9	2.629	0.700	0.688	0.127	4	14	0.635	0.011	0.031	0.126
13	4	1.380	0.597	-0.663	-0.267	9	9	0.518	0.700	0.845	0.518	5	14	0.015	0.011	-0.001	0.007
14	4	0.099	0.597	0.031	0.126	10	9	5.652	0.700	1.005	-0.038	6	14	2.223	0.011	-0.084	-0.181
1	5	3.399	0.008	0.081	0.147	11	9	7.489	0.700	0.714	-0.238	7	14	4.123	0.011	-0.158	0.072
2	5	6.579	0.008	-0.082	-0.026	12	9	0.576	0.700	0.276	-0.002	8	14	2.629	0.011	-0.096	-0.217
3	5	15.954	0.008	0.217	0.090	13	9	1.380	0.700	-0.113	-0.075	9	14	0.518	0.011	-0.009	-0.006
4	5	0.635	0.008	0.026	0.010	14	9	0.099	0.700	-0.009	-0.006	10	14	5.652	0.011	-0.043	-0.328
5	5	0.015	0.008	0.012	0.016	1	10	3.399	7.080	-0.515	-1.273	11	14	7.489	0.011	-0.089	0.044
6	5	2.223	0.008	-0.117	-0.061	2	10	6.579	7.080	-0.630	-0.754	12	14	0.576	0.011	0.001	-0.020
7	5	4.123	0.008	0.223	0.053	3	10	15.954	7.080	-5.868	-0.781	13	14	1.380	0.011	-0.075	-0.165
8	5	2.629	0.008	-0.087	-0.067	4	10	0.635	7.080	-1.860	-0.854	14	14	0.099	0.011	0.017	0.099
9	5	0.518	0.008	-0.072	-0.046	5	10	0.015	7.080	-0.188	-0.079						
10	5	5.652	0.008	-0.188	-0.079	6	10	2.223	7.080	3.844	0.517						

(1) Y (2) = DESCRIPTORES MEDIDOS EN PROGENIES Y PROGENITORES; (3) = VARIANZA DE LAS PROGENIES SEGUN MODELO DE BLOQUES CON gl = 191;
(4) = VARIANZA DE LOS PROGENITORES SEGUN MODELO DE BLOQUES CON gl = 41; (5) = COVARIANZA EN LOS PROGENITORES; (6) = COVARIANZA EN LAS PROGENIES

CUADRO 7A. VARIANZAS Y COVARIANZAS UTILIZADAS EN LA ESTIMACION DE LAS CORRELACIONES GENETICAS EN GUACIMO, COSTA RICA 1991.

X (1)	X' (2)	VAR X (3)	VAR X' (4)	BETA (5)	CME X' (6)	COV (7)	X	Y	VAR X	VAR X'	BETA	CME X'	COV	X	Y	VAR X	VAR Y	BETA	CME X'	COV
1	1	3.62	3.66	0.254	4.961	1.260094	1	4	3.62	0.99	-0.591	1.122	-0.59578	1	11	3.62	0.36	0.058	0.474	0.02749
2	1	6.09	3.66	0.048	4.961	0.238128	2	4	6.09	0.99	-0.625	1.122	-0.70125	2	11	6.09	0.36	-0.467	0.474	-0.22136
3	1	4.84	3.66	0.325	4.961	1.612325	3	4	4.84	0.99	-0.853	1.122	-0.95707	3	11	4.84	0.36	0.181	0.474	0.08579
4	1	2.05	3.66	-0.01	4.961	-0.04961	4	4	2.05	0.99	0.063	1.122	0.07069	4	11	2.05	0.36	-0.119	0.474	-0.05641
5	1	2.2	3.66	-0.025	4.961	-0.12402	5	4	2.2	0.99	0.003	1.122	0.00337	5	11	2.20	0.36	-0.007	0.474	-0.00332
6	1	0.06	3.66	0.017	4.961	0.084337	6	4	0.06	0.99	-0.002	1.122	-0.00224	6	11	0.06	0.36	0.019	0.474	0.00901
7	1	0.4	3.66	-0.044	4.961	-0.21828	7	4	0.4	0.99	0.017	1.122	0.01907	7	11	0.40	0.36	-0.041	0.474	-0.01943
8	1	6.29	3.66	-0.209	4.961	-1.05684	8	4	6.29	0.99	0.321	1.122	0.36016	8	11	6.29	0.36	0.996	0.474	0.18770
9	1	0.9	3.66	0.043	4.961	0.213323	9	4	0.9	0.99	-0.107	1.122	-0.12005	9	11	0.90	0.36	-0.072	0.474	-0.03413
10	1	1.99	3.66	0.004	4.961	0.019844	10	4	1.99	0.99	0.00	1.122	0.00366	10	11	1.99	0.36	0.115	0.474	0.05451
11	1	1.88	3.66	0.037	4.961	0.185557	11	4	1.88	0.99	0.206	1.122	0.23113	11	11	1.88	0.36	0.145	0.474	0.06873
12	1	2.31	3.66	0.072	4.961	0.357192	12	4	2.31	0.99	-0.028	1.122	-0.03142	12	11	2.31	0.36	0.027	0.474	0.01280
13	1	1.4	3.66	0.04	4.961	0.19844	13	4	1.4	0.99	0.065	1.122	0.07293	13	11	1.40	0.36	0.111	0.474	0.05261
14	1	0.004	3.66	0.004	4.961	0.019844	14	4	0.004	0.99	-0.0006	1.122	-0.00066	14	11	0.004	0.36	-0.002	0.474	-0.00095
15	1	0.01	3.66	0.007	4.961	0.034727	15	4	0.01	0.99	-0.016	1.122	-0.01795	15	11	0.01	0.36	-0.011	0.474	-0.00521
1	2	3.62	6.08	-0.152	4.683	-0.71181	1	10	3.62	3.48	0.312	7.794	2.43173	1	12	3.62	2.88	0.263	2.749	0.72299
2	2	6.09	6.08	0.501	4.683	2.346183	2	10	6.09	3.48	-0.047	7.794	-0.36632	2	12	6.09	2.88	-0.392	2.749	-1.07761
3	2	4.84	6.08	0.024	4.683	0.112392	3	10	4.84	3.48	0.338	7.794	2.63437	3	12	4.84	2.88	0.152	2.749	0.41785
4	2	2.05	6.08	0.055	4.683	0.257565	4	10	2.05	3.48	-0.023	7.794	-0.17926	4	12	2.05	2.88	-0.066	2.749	-0.18143
5	2	2.2	6.08	0.061	4.683	0.286663	5	10	2.2	3.48	-0.029	7.794	-0.22603	5	12	2.20	2.88	-0.119	2.749	-0.32713
6	2	0.06	6.08	-0.018	4.683	-0.08429	6	10	0.06	3.48	0.012	7.794	0.09353	6	12	0.06	2.88	0.032	2.749	0.08797
7	2	0.4	6.08	0.017	4.683	0.079611	7	10	0.4	3.48	-0.024	7.794	-0.18706	7	12	0.40	2.88	-0.559	2.749	-1.53669
8	2	6.29	6.08	-0.103	4.683	-0.48234	8	10	6.29	3.48	-0.109	7.794	-0.84955	8	12	6.29	2.88	0.034	2.749	0.09347
9	2	0.9	6.08	0.067	4.683	0.313761	9	10	0.9	3.48	0.003	7.794	0.02338	9	12	0.90	2.88	-0.057	2.749	-0.15669
10	2	1.99	6.08	-0.081	4.683	-0.37932	10	10	1.99	3.48	0.035	7.794	0.27279	10	12	1.99	2.88	0.151	2.749	0.41510
11	2	1.88	6.08	-0.07	4.683	-0.32781	11	10	1.88	3.48	-0.042	7.794	-0.32725	11	12	1.88	2.88	0.098	2.749	0.26940
12	2	2.31	6.08	-0.015	4.683	-0.07024	12	10	2.31	3.48	0.029	7.794	0.22603	12	12	2.31	2.88	0.066	2.749	0.18143
13	2	1.4	6.08	-0.049	4.683	-0.22946	13	10	1.4	3.48	-0.031	7.794	-0.24161	13	12	1.40	2.88	0.068	2.749	0.18693
14	2	0.004	6.08	-0.002	4.683	-0.00936	14	10	0.004	3.48	0.002	7.794	0.01559	14	12	0.004	2.88	0.003	2.749	0.00825
15	2	0.01	6.08	0.004	4.683	0.018732	15	10	0.01	3.48	0.003	7.794	0.02338	15	12	0.01	2.88	-0.002	2.749	-0.00550
1	7	3.62	0.66	-0.318	0.699	-0.22228	1	15	3.62	0.001	-9.103	0.002	-0.01821	1	8	3.62	2.69	0.013	1.146	0.01490
2	7	6.09	0.66	1.147	0.699	0.801753	2	15	6.09	0.001	4.534	0.002	0.00907	2	8	6.09	2.69	0.056	1.146	0.06418
3	7	4.84	0.66	-0.032	0.699	-0.02236	3	15	4.84	0.001	-7.856	0.002	-0.01571	3	8	4.84	2.69	0.141	1.146	0.16159
4	7	2.05	0.66	0.03	0.699	0.02097	4	15	2.05	0.001	1.059	0.002	0.00212	4	8	2.05	2.69	0.005	1.146	0.00573
5	7	2.2	0.66	-0.006	0.699	-0.00419	5	15	2.2	0.001	-0.735	0.002	-0.00147	5	8	2.20	2.69	0.047	1.146	0.05386
6	7	0.06	0.66	-0.041	0.699	-0.02865	6	15	0.06	0.001	-0.117	0.002	-0.00023	6	8	0.06	2.69	0.012	1.146	0.01375
7	7	0.4	0.66	0.115	0.699	0.080365	7	15	0.4	0.001	-0.235	0.002	-0.00047	7	8	0.40	2.69	0.005	1.146	0.00573
8	7	6.29	0.66	0.004	0.699	0.002796	8	15	6.29	0.001	-8.089	0.002	-0.01618	8	8	6.29	2.69	0.339	1.146	0.38849
9	7	0.9	0.66	0.335	0.699	0.234165	9	15	0.9	0.001	3.176	0.002	0.00635	9	8	0.90	2.69	0.033	1.146	0.03782
10	7	1.99	0.66	-0.222	0.699	-0.15517	10	15	1.99	0.001	-3.802	0.002	-0.00760	10	8	1.99	2.69	-0.077	1.146	-0.08824
11	7	1.88	0.66	-0.365	0.699	-0.25513	11	15	1.88	0.001	-0.116	0.002	-0.00023	11	8	1.88	2.69	0.078	1.146	0.08939
12	7	2.31	0.66	-0.229	0.699	-0.16007	12	15	2.31	0.001	1.139	0.002	0.00228	12	8	2.31	2.69	-0.117	1.146	-0.13408
13	7	1.4	0.66	-0.145	0.699	-0.10135	13	15	1.4	0.001	2.644	0.002	0.00529	13	8	1.40	2.69	0.075	1.146	0.08595
14	7	0.004	0.66	0.003	0.699	0.002097	14	15	0.004	0.001	0.204	0.002	0.00041	14	8	0.004	2.69	-0.0008	1.146	-0.00092
15	7	0.01	0.66	0.031	0.699	0.021669	15	15	0.01	0.001	0.105	0.002	0.00021	15	8	0.01	2.69	-0.0004	1.146	-0.00046
1	9	3.62	1.67	0.103	1.412	0.145436	1	5	3.62	1.43	-0.515	1.535	-0.79053	1	13	3.62	0.99	-0.565	1.152	-0.65088
2	9	6.09	1.67	-0.099	1.412	-0.13978	2	5	6.09	1.43	-0.549	1.535	-0.84118	2	13	6.09	0.99	-0.586	1.152	-0.67507
3	9	4.84	1.67	0.182	1.412	0.256984	3	5	4.84	1.43	-0.532	1.535	-0.81662	3	13	4.84	0.99	-0.798	1.152	-0.91930
4	9	2.05	1.67	0.14	1.412	0.19768	4	5	2.05	1.43	0.197	1.535	0.30240	4	13	2.05	0.99	-0.013	1.152	-0.01498
5	9	2.2	1.67	0.119	1.412	0.168028	5	5	2.2	1.43	0.179	1.535	0.27477	5	13	2.20	0.99	-0.044	1.152	-0.05069
6	9	0.06	1.67	-0.001	1.412	-0.00141	6	5	0.06	1.43	-0.013	1.535	-0.01995	6	13	0.06	0.99	-0.003	1.152	-0.00346
7	9	0.4	1.67	-0.031	1.412	-0.04377	7	5	0.4	1.43	0.002	1.535	0.00307	7	13	0.40	0.99	0.004	1.152	0.00461
8	9	6.29	1.67	-0.521	1.412	-0.73565	8	5	6.29	1.43	0.272	1.535	0.41752	8	13	6.29	0.99	0.057	1.152	0.06566
9	9	0.9	1.67	0.045	1.412	0.06354	9	5	0.9	1.43	-0.112	1.535	-0.17192	9	13	0.90	0.99	-0.077	1.152	-0.08870
10	9	1.99	1.67	-0.108	1.412	-0.15249	10	5	1.99	1.43	0.023	1.535	0.03531	10	13	1.99	0.99	-0.036	1.152	-0.04147
11	9	1.88	1.67	-0.089	1.412	-0.12566	11	5	1.88	1.43	0.224	1.535	0.34394	11	13	1.88	0.99	0.179	1.152	0.20621
12	9	2.31	1.67	0.086	1.412	0.121452	12	5	2.31	1.43	-0.059	1.535	-0.05987	12	13	2.31	0.99	0.057	1.152	0.06568
13	9	1.4	1.67	0.069	1.412	0.097428	13	5	1.4	1.43	0.049	1.535	0.07522	13	13	1.40	0.99	0.157	1.152	0.18086
14	9	0.004	1.67	0.006	1.412	0.008472	14	5	0.004	1.43	-0.005	1.535	-0.00768	14	13	0.004	0.99	0.003	1.152	0.00346
15	9	0.01	1.67	0.007	1.412	0.009884	15	5	0.01	1.43	-0.016	1.535	-0.02456	15	13	0.01	0.99	-0.011	1.152	-0.01267
1	6	3.62	0.01	5.068	0.01	0.05068	1	3	3.62	1.8	0.383	1.861	0.71276	1	14	3.62	0.004	-6.547	0.007	-0.04589
2	6	6.09	0.01	-2.022	0.01	-0.02022	2	3	6.09	1.8	-0.664	1.861	-1.23570	2	14	6.09	0.004	-3.961	0.007	-0.02773
3	6	4.84	0.01	6.708	0.01	0.06708	3	3	4.84	1.8	0.184	1.861	0.34242	3	14	4.84	0.004	-11.559	0.007	-0.08091
4	6	2.05	0.01	1.709	0.01	0.01709	4	3	2.05	1.8	0.01	1.861	0.01861	4	14	2.05	0.004	-0.325	0.007	-0.00228
5	6	2.2	0.01	1.799	0.01	0.01799	5	3	2.2	1.8	-0.035	1.861	-0.06514	5	14	2.20	0.004	-1.113	0.007	-0.00779
6	6	0.06	0.01	0.405	0.01	0.00405	6	3	0.06	1.8	0.028	1.861	0.05211	6	14	0.06	0.004	-0.042	0.007	-0.00029
7	6	0.4	0.01	-1.099	0.01	-0.01099	7	3	0.4	1.8	-0.053	1.861	-0.09863	7	14	0.40	0.004	0.622	0.007	0.00435
8	6	6.29	0.01	0.763	0.01	0.00763	8	3	6.29	1.8	-0.131	1.861	-0.24379	8	14	6.29	0.004	3.47	0.007	0.02429
9	6	0.9	0.01	-0.15	0.01	-0.0015	9	3	0.9	1.8	-0.128	1.861	-0.23821	9	14	0.90	0.004	-0.577	0.007	-0.00404
10	6	1.99	0.01	1.223	0.01	0.01223	10	3	1.99	1.8	0.147	1.861	0.27357	10	14	1.99	0.004	0.924	0.007	0.00647
11	6	1.88	0.01	1.142	0.01	0.01142	11	3	1.88	1.8	0.109	1.861	0.20286	11	14	1.88	0.004	1.208	0.007	0.00846
12	6	2.31	0.01	-0.465	0.01	-0.00465	12	3	2.31	1.8	0.105	1.861	0.19541	12	14	2.31	0.004	-1.562	0.007	-0.01093
13	6	1.4	0.01	0.227	0.01	0.00227	13	3	1.4	1.8	0.017	1.861	0.03164	13	14	1.40	0.004	0.343	0.007	0.00240
14	6	0.004	0.01	-0.06	0.01	-0.0006	14	3	0.004	1.8	0.0004	1.861	0.00074	14	14	0.004	0.004	0.008	0.007	0.00006
15	6	0.01	0.01	-0.025	0.01	-0.00025	15	3	0.01	1.8	-0.01	1.861	-0.01861	15	14	0.01	0.004	-0.057	0.007	-0.00040

(1) Y (2) = DESCRIPTORES MEDIDOS EN LAS PROGENIES Y LOS PROGENITORES; (3) = VARIANZA DE LAS PROGENIES SEGUN MODELO DE BLOQUES CON gl = 180; (4) = VARIA DE LOS PROGENITORES SEGUN MODELO DE BLOQUES CON gl = 41; (5) = COEFICIENTE DE REGRESION DEL MODELO CON gl = 188; (6) = CUADRADO MEDIO DEL ERROR DEL DES TOR EN LOS PROGENITORES, EN UN MODELO DE BLOQUES CON gl = 179; (7) = COVARIANZAS XX' y X'X.

CUADRO 8A. VARIANZAS Y COVARIANZAS UTILIZADAS EN LA ESTIMACION DE LAS CORRELACIONES AMBIENTALES EN GUACIMO, COSTA RICA 1991.

X (1)	Y (2)	VAR X (3)	VAR Y (4)	COV P (5)	COV Pr. (6)	X	Y	VAR X	VAR Y	COV P	COV Pr.	X	Y	VAR X	VAR Y	COV P	COV Pr.
1	1	3.62	3.66	4.961	3.617	1	4	3.62	0.99	-0.914	-0.147	1	11	3.62	0.36	-0.029	-0.480
2	1	6.09	3.66	-0.063	-0.093	2	4	6.09	0.99	-0.910	-0.082	2	11	6.09	0.36	-0.734	-0.758
3	1	4.84	3.66	0.279	0.562	3	4	4.84	0.99	0.186	0.147	3	11	4.84	0.36	0.372	0.327
4	1	2.05	3.66	-0.914	-0.147	4	4	2.05	0.99	1.122	2.054	4	11	2.05	0.36	0.171	0.327
5	1	2.2	3.66	-1.075	-0.580	5	4	2.2	0.99	1.025	1.567	5	11	2.2	0.36	0.271	0.349
6	1	0.06	3.66	0.121	0.101	6	4	0.06	0.99	-0.016	-0.055	6	11	0.06	0.36	0.013	-0.002
7	1	0.4	3.66	0.318	0.121	7	4	0.4	0.99	-0.336	-0.180	7	11	0.4	0.36	-0.289	-0.449
8	1	6.29	3.66	0.257	-0.099	8	4	6.29	0.99	0.120	-0.887	8	11	6.29	0.36	0.017	-0.363
9	1	0.9	3.66	1.373	0.006	9	4	0.9	0.99	-0.389	0.148	9	11	0.9	0.36	-0.038	-0.030
10	1	1.99	3.66	3.461	0.340	10	4	1.99	0.99	-1.588	-0.096	10	11	1.99	0.36	0.236	-0.356
11	1	1.88	3.66	-0.029	-0.480	11	4	1.88	0.99	0.171	0.327	11	11	1.88	0.36	0.475	1.884
12	1	2.31	3.66	1.541	0.038	12	4	2.31	0.99	0.342	0.395	12	11	2.31	0.36	0.516	0.283
13	1	1.4	3.66	-0.492	-0.038	13	4	1.4	0.99	0.841	0.349	13	11	1.4	0.36	0.057	0.549
14	1	0.004	3.66	-0.051	0.043	14	4	0.004	0.99	0.058	-0.008	14	11	0.004	0.36	-0.008	-0.025
15	1	0.01	3.66	0.021	0.065	15	4	0.01	0.99	0.005	-0.035	15	11	0.01	0.36	-0.017	-0.090
1	2	3.62	6.08	-0.063	-0.093	1	10	3.62	3.48	3.461	0.340	1	12	3.62	2.88	1.541	0.038
2	2	6.09	6.08	4.683	6.097	2	10	6.09	3.48	-1.621	1.014	2	12	6.09	2.88	-2.281	0.259
3	2	4.84	6.08	-2.259	1.041	3	10	4.84	3.48	2.168	0.318	3	12	4.84	2.88	1.357	-0.056
4	2	2.05	6.08	-0.910	-0.082	4	10	2.05	3.48	-1.588	-0.096	4	12	2.05	2.88	0.342	0.395
5	2	2.2	6.08	-0.911	-0.024	5	10	2.2	3.48	-1.669	-0.158	5	12	2.2	2.88	0.070	0.490
6	2	0.06	6.08	-0.063	-0.066	6	10	0.06	3.48	0.127	0.012	6	12	0.06	2.88	0.032	-0.029
7	2	0.4	6.08	1.246	0.237	7	10	0.4	3.48	-0.620	0.199	7	12	0.4	2.88	-0.691	-0.127
8	2	6.29	6.08	-0.444	0.157	8	10	6.29	3.48	-0.259	0.285	8	12	6.29	2.88	0.164	-1.299
9	2	0.9	6.08	0.349	0.323	9	10	0.9	3.48	1.197	-0.061	9	12	0.9	2.88	-0.151	-0.019
10	2	1.99	6.08	-1.821	1.014	10	10	1.99	3.48	7.795	1.988	10	12	1.99	2.88	1.796	-0.117
11	2	1.88	6.08	-0.734	-0.758	11	10	1.88	3.48	0.296	-0.356	11	12	1.88	2.88	0.516	0.283
12	2	2.31	6.08	-2.281	0.259	12	10	2.31	3.48	1.796	-0.117	12	12	2.31	2.88	2.749	2.313
13	2	1.4	6.08	-0.728	-0.025	13	10	1.4	3.48	-1.921	-0.114	13	12	1.4	2.88	0.190	0.456
14	2	0.004	6.08	-0.027	-0.011	14	10	0.004	3.48	-0.155	.000	14	12	0.004	2.88	0.020	0.011
15	2	0.01	6.08	0.023	0.044	15	10	0.01	3.48	-0.047	0.003	15	12	0.01	2.88	-0.015	-0.002
1	7	3.62	0.66	0.318	0.121	1	15	3.62	0.001	0.021	0.065	1	8	3.62	2.69	0.257	-0.099
2	7	6.09	0.66	1.246	0.237	2	15	6.09	0.001	0.023	0.044	2	8	6.09	2.69	-0.444	0.157
3	7	4.84	0.66	-0.859	-0.228	3	15	4.84	0.001	-0.023	-0.034	3	8	4.84	2.69	-0.101	-0.868
4	7	2.05	0.66	-0.336	-0.180	4	15	2.05	0.001	0.005	-0.035	4	8	2.05	2.69	0.120	-0.887
5	7	2.2	0.66	-0.333	-0.215	5	15	2.2	0.001	.000	-0.046	5	8	2.2	2.69	0.121	-0.664
6	7	0.06	0.66	-0.018	-0.003	6	15	0.06	0.001	.000	0.003	6	8	0.06	2.69	0.057	0.017
7	7	0.4	0.66	0.639	0.403	7	15	0.4	0.001	0.016	0.090	7	8	0.4	2.69	-0.057	0.241
8	7	6.29	0.66	-0.057	0.241	8	15	6.29	0.001	0.007	0.014	8	8	6.29	2.69	1.146	6.287
9	7	0.9	0.66	0.295	0.094	9	15	0.9	0.001	0.004	-0.003	9	8	0.9	2.69	-0.445	0.141
10	7	1.99	0.66	-0.620	0.199	10	15	1.99	0.001	-0.047	0.003	10	8	1.99	2.69	-0.259	0.285
11	7	1.88	0.66	-0.289	-0.449	11	15	1.88	0.001	-0.017	-0.090	11	8	1.88	2.69	0.017	-0.363
12	7	2.31	0.66	-0.691	-0.127	12	15	2.31	0.001	-0.015	-0.002	12	8	2.31	2.69	0.164	-1.299
13	7	1.4	0.66	-0.141	-0.112	13	15	1.4	0.001	0.017	-0.016	13	8	1.4	2.69	0.122	-0.521
14	7	0.004	0.66	0.002	0.004	14	15	0.004	0.001	0.001	0.003	14	8	0.004	2.69	0.004	-0.025
15	7	0.01	0.66	0.016	0.030	15	15	0.01	0.001	0.002	0.011	15	8	0.01	2.69	0.007	0.014
1	9	3.62	1.67	1.373	0.006	1	5	3.62	1.43	-1.075	-0.580	1	13	3.62	0.99	-0.492	-0.038
2	9	6.09	1.67	0.349	0.323	2	5	6.09	1.43	-0.911	-0.024	2	13	6.09	0.99	-0.728	-0.025
3	9	4.84	1.67	0.075	0.166	3	5	4.84	1.43	0.204	0.148	3	13	4.84	0.99	-0.044	0.003
4	9	2.05	1.67	-0.389	0.148	4	5	2.05	1.43	1.025	1.567	4	13	2.05	0.99	0.841	0.349
5	9	2.2	1.67	-0.149	0.081	5	5	2.2	1.43	1.535	2.205	5	13	2.2	0.99	0.846	0.426
6	9	0.06	1.67	-0.003	-0.019	6	5	0.06	1.43	-0.005	-0.077	6	13	0.06	0.99	-0.029	0.035
7	9	0.4	1.67	0.295	0.034	7	5	0.4	1.43	-0.333	-0.215	7	13	0.4	0.99	-0.141	-0.112
8	9	6.29	1.67	-0.445	0.141	8	5	6.29	1.43	0.121	-0.664	8	13	6.29	0.99	0.122	-0.521
9	9	0.9	1.67	1.412	0.904	9	5	0.9	1.43	-0.149	0.081	9	13	0.9	0.99	-0.192	-0.059
10	9	1.99	1.67	1.197	-0.061	10	5	1.99	1.43	-1.669	-0.158	10	13	1.99	0.99	-1.921	-0.114
11	9	1.88	1.67	-0.038	-0.030	11	5	1.88	1.43	0.271	0.349	11	13	1.88	0.99	0.057	0.549
12	9	2.31	1.67	-0.151	-0.019	12	5	2.31	1.43	0.070	0.490	12	13	2.31	0.99	0.190	0.456
13	9	1.4	1.67	-0.192	-0.059	13	5	1.4	1.43	0.846	0.426	13	13	1.4	0.99	1.152	1.404
14	9	0.004	1.67	-0.034	0.005	14	5	0.004	1.43	0.051	-0.014	14	13	0.004	0.99	0.067	0.003
15	9	0.01	1.67	0.004	-0.003	15	5	0.01	1.43	.000	-0.046	15	13	0.01	0.99	0.017	-0.016
1	6	3.62	0.01	0.121	0.101	1	3	3.62	1.8	0.279	0.562	1	14	3.62	0.004	-0.051	0.043
2	6	6.09	0.01	-0.063	-0.066	2	3	6.09	1.8	-2.259	1.041	2	14	6.09	0.004	-0.027	-0.011
3	6	4.84	0.01	0.045	0.011	3	3	4.84	1.8	1.861	4.845	3	14	4.84	0.004	-0.009	-0.028
4	6	2.05	0.01	-0.016	-0.055	4	3	2.05	1.8	0.186	0.147	4	14	2.05	0.004	0.058	-0.008
5	6	2.2	0.01	-0.005	-0.077	5	3	2.2	1.8	0.204	0.148	5	14	2.2	0.004	0.051	-0.014
6	6	0.06	0.01	0.010	0.060	6	3	0.06	1.8	0.045	0.011	6	14	0.06	0.004	-0.001	0.001
7	6	0.4	0.01	-0.018	-0.003	7	3	0.4	1.8	-0.859	-0.228	7	14	0.4	0.004	0.002	0.004
8	6	6.29	0.01	0.037	0.017	8	3	6.29	1.8	-0.101	-0.868	8	14	6.29	0.004	0.004	-0.023
9	6	0.9	0.01	-0.003	-0.019	9	3	0.9	1.8	0.075	0.166	9	14	0.9	0.004	-0.004	0.005
10	6	1.99	0.01	0.127	0.012	10	3	1.99	1.8	2.168	0.318	10	14	1.99	0.004	-0.155	.000
11	6	1.88	0.01	0.015	-0.002	11	3	1.88	1.8	0.372	0.327	11	14	1.88	0.004	-0.008	-0.025
12	6	2.31	0.01	0.032	-0.029	12	3	2.31	1.8	1.357	-0.056	12	14	2.31	0.004	0.020	0.011
13	6	1.4	0.01	-0.029	0.095	13	3	1.4	1.8	-0.044	0.003	13	14	1.4	0.004	0.067	0.003
14	6	0.004	0.01	-0.001	0.001	14	3	0.004	1.8	-0.009	-0.028	14	14	0.004	0.004	0.007	0.004
15	6	0.01	0.01	.000	0.003	15	3	0.01	1.8	-0.023	-0.034	15	14	0.01	0.004	0.001	0.003

(1) Y (2) = DESCRIPTORES MEDIDOS EN PROGENIES Y PROGENITORES; (3) = VARIANZA DE LAS PROGENIES SEGUN MODELO DE BLOQUES CON gl = 179; (4) = VARIANZA DE LOS PROGENITORES SEGUN MODELO DE BLOQUES CON gl = 40; (5) = COVARIANZA EN LOS PROGENITORES; (6) = COVARIANZA EN LAS PROGENIES.