

Heredabilidad de componentes de rendimiento en dos poblaciones de girasol de la EEA Pergamino

Julio González, Nora Mancuso, Pedro Ludueña

Instituto Nacional de Tecnología Agropecuaria (INTA) Estación Experimental Agropecuaria Pergamino, C.C. 31 (2700) Pergamino, Argentina, E-mail: pergira@pergamino.inta.gov.ar

RESUMEN

La expresión de la variabilidad es causada por la variación genética determinada por el genotipo de los individuos de una población y por la variación ambiental que influye en la expresión de un carácter. La heredabilidad indica la proporción de la variabilidad total de origen genético. Se analizó la variabilidad y la heredabilidad en familias S_1 de dos poblaciones de diferente fondo genético: P3 de origen local con genes de girasol silvestre, tardío con un ciclo promedio a floración de 71 días, y P6 de origen americano, precoz de 65 días de ciclo a floración y de alto aceite. Durante la campaña 2006/07, se sembraron las progenies S_1 en un diseño de bloques al azar con tres repeticiones. Se analizaron cuatro caracteres: diámetro de capítulo (cm), peso de cien aquenios (g), número de aquenios por capítulo y contenido de aceite (%). La variancia ambiental tuvo la mayor incidencia en número de aquenios por capítulo tanto en P3 como en P6; por otra parte la menor incidencia se obtuvo en peso de 100 aquenios en P3 y en diámetro de capítulo y porcentaje de aceite en P6. Se esperarían buenos resultados en la selección por porcentaje de aceite teniendo en cuenta los altos valores de heredabilidad obtenidos para este carácter. En las poblaciones estudiadas existe variabilidad para ser explorada con altas probabilidades de lograr progresos por la aplicación de métodos de selección.

Palabras clave: componentes de rendimiento - girasol – heredabilidad - variabilidad.

ABSTRACT

Variability is caused by the genetic variation determined by the genotype of the individuals of a population and by the environmental variation that influences the expression of a character. Heritability indicates the proportion of the total variability of genetic origin. The variability and the heritability in S_1 families of two populations from different backgrounds were analyzed: P3 of local origin with genes of wild sunflower and with a cycle of 71 days average to flowering, and P6 of American origin, with a cycle of 65 days to flowering and high oil. During 2006/07, the S_1 families were seeded at random in a block design with three repetitions. Four characters were analyzed: diameter of head (cm), weight of 100 seeds (g), number of seeds per head and oil content (%). The environmental variance had a higher incidence in number of seeds per head in both P3 and P6; on the other hand, a lower incidence was obtained in weight of 100 seeds in P3, and in diameter of chapter and percentage of oil in P6. Considering the high values of heritability obtained for percentage of oil, good results are to be expected in the selection for this trait. In addition, in the studied populations there is a variability which should be explored as there are high probabilities of obtaining some progress by applying selection methods.

Key words: heritability – sunflower – variability – yield components.

INTRODUCCIÓN

El desarrollo de poblaciones de base genética amplia como fuente de extracción de líneas, contribuiría a aumentar la variabilidad genética para la obtención de híbridos comerciales (Harvey, 1977).

El mejoramiento de poblaciones constituye una valiosa herramienta para el aumento de la ganancia genética en caracteres de interés agronómico (Alvarez et al., 1992). El conocimiento de la misma permite aplicar el método de selección adecuado para aumentar la frecuencia de genotipos superiores.

La expresión de la variabilidad es causada por la variación genética determinada por el genotipo de los individuos de una población y por la variación ambiental que influye en la expresión de un carácter. La heredabilidad indica la proporción de la variabilidad total de origen genético (Allard, 1980). Las estimaciones de este y otros parámetros genéticos son herramientas para determinar el mejor método de selección para caracteres específicos (Alvarez et al., 1996).

Ortegón y Escobedo (1995), en un estudio sobre cinco líneas de girasol, encontraron baja variabilidad genética y baja heredabilidad para los caracteres de rendimiento de grano y aceite. Por otra parte, informaron que altura de planta, período vegetativo y peso de 100 semillas tuvieron mayor influencia sobre el rendimiento.

Goksksoy et al. (2002) encontraron valores significativos de heredabilidad para diámetro de capítulo, peso de 1000 semillas y rendimiento de semilla por planta. Mishra et al. (2003), en un estudio sobre diversos caracteres, encontraron los mayores valores de heredabilidad para altura de planta, peso de 100 semillas y número de hojas por planta. Waseem et al. (2004), en un estudio sobre dos poblaciones, obtuvieron altos valores de heredabilidad para diámetro de capítulo, número de aquenios por capítulo, peso de aquenio y porcentaje de aceite, entre otros caracteres.

El objetivo del trabajo fue analizar variabilidad y evaluar la heredabilidad de cuatro caracteres de interés agronómico en familias S_1 elegidas al azar de dos poblaciones de libre polinización de la EEA Pergamino.

MATERIALES Y MÉTODOS

En la campaña 2005/06, se autofecundaron 100 plantas en el compuesto P3 (COMANGIR) de origen local con genes de girasol silvestre, tardío y un ciclo promedio a floración de 71 días. Un número similar fue autofecundado en el compuesto P6 de origen americano, precoz y de alto aceite de 65 días de ciclo a floración; ambos de la EEA Pergamino INTA.

Durante la campaña 2006/07, se sembraron las progenies S_1 en la EEA Pergamino en un diseño de bloques al azar con tres repeticiones. La parcela experimental fue de un surco de 6 metros de largo por 0.7 metros entre hileras. Se midieron cuatro caracteres: diámetro de capítulo (cm), peso de cien aquenios (g), número de aquenios por capítulo y contenido de aceite (%).

Se utilizó el paquete estadístico del S.A.S para el cálculo de los parámetros estadísticos: cuadrado medio entre familias S_1 , cuadrado medio error, promedio, rango y coeficiente de variación.

Se estimó la variancia genética y ambiental, y se calculó la heredabilidad. Las fórmulas empleadas fueron las siguientes:

$$\text{Variancia genética} = (\text{Cuadrado medio familia} - \text{Cuadrado medio error}) / \text{repetición}$$

$$\text{Variancia fenotípica} = \text{Cuadrado medio familias } S_1 / \text{repetición}$$

$$\text{Variancia ambiental} = \text{Variancia fenotípica} - \text{Variancia genética}$$

$$\text{Heredabilidad (sentido amplio)} = \text{Variancia genética} / \text{Variancia fenotípica}$$

RESULTADOS

En la Tabla 1 se presentan los parámetros estadísticos de los cuatro caracteres medidos en las compuestos P3 y P6. Los cuadrados medios entre familias S_1 , utilizados en la estimación de las variancias genéticas, fueron estadísticamente significativos al 1% de probabilidad, indicando el grado de diferencia entre plantas derivadas de distintos individuos. El compuesto P3 tuvo en promedio mayor diámetro de capítulo, número y peso de aquenios, mientras que el P6 tuvo mayor porcentaje de aceite.

Tabla 1. Cuadrados medios entre familias, error, medias, rango y coeficiente de variación en familias S₁ de las poblaciones P3 y P6

	P3				P6			
	Diámetro de capítulo (cm)	Número de Aqueños	Peso 100 Aqueños (g)	Contenido de Aceite (%)	Diámetro de capítulo (cm)	Número de Aqueños	Peso 100 Aqueños (g)	Contenido de Aceite (%)
CM familia	14.082**	105461**	1.7552**	58.169**	12.023**	64156**	1.810**	54.142**
CM Error	4.752	45482	0.457	18.433	3.540	23867	0.594	16.00
Media	17.2	569	4.4	36.0	16.3	428	3.9	43.0
Rango	10-28	121-1680	1.8-7.2	14.4-48.7	7.5-25.0	82-1000	1.8-7.0	23.1-56.9
C.V. (%)	6.5	45.6	22.1	16.0	15.8	46.6	26.3	12.9

**Probabilidad al 1%

Los cuadrados medios del error fueron de similar magnitud para los caracteres evaluados, siendo el de número de aqueños extremadamente grande, reflejándose también en el coeficiente de variación.

En la Tabla 2, se presentan los parámetros genéticos estimados a partir del análisis estadístico. La variancia ambiental tuvo la mayor incidencia en número de aqueños por capítulo tanto en el compuesto P3 como en el P6 y representó el 43.7% y 37.2%, respectivamente en relación a la variancia total o fenotípica. Por otra parte, la menor incidencia se obtuvo en peso de 100 aqueños en el compuesto P3 y en diámetro de capítulo y porcentaje de aceite en P6.

Tabla 2. Estimación de la variancia genética y ambiental y calculo de la heredabilidad en familias S₁ de las poblaciones P3 y P6

	P3			P6		
	Variancia Genética	Variancia Ambiental	Heredabilidad	Variancia Genética	Variancia Ambiental	Heredabilidad
Diámetro de capítulo (cm)	3.110	1.584 (33.8) ¹	0.66	2.828	1.180 (29.4)	0.71
Número de Aqueños	19993.013	15160.58 (43.1)	0.57	13429.590	7955.803 (37.2)	0.63
Peso 100 Aqueños (g)	0.433	0.152 (26.0)	0.74	0.406	0.198 (32.8)	0.67
Contenido de Aceite (%)	13.245	6.144 (31.7)	0.68	12.630	5.417 (30.0)	0.70

¹Los valores entre paréntesis corresponden en porcentaje a la relación entre la variancia ambiental y la variancia fenotípica

La proporción de la variancia fenotípica debido a las diferencias genéticas, denominada heredabilidad en sentido amplio, fue de similar magnitud en los dos compuestos para todas las variables; mayor en el compuesto P6 para diámetro de capítulo y contenido porcentual de aceite. Estos valores coincidieron con los de Waseem et al. (2003) para diámetro de capítulo, peso de aqueños y contenido porcentual de aceite y con los informados por Goksksoy et al. (2002) para diámetro de capítulo y peso de aqueño.

En líneas generales puede concluirse que en las poblaciones estudiadas existe variabilidad para ser explorada con altas probabilidades de lograr progresos por la aplicación de métodos de selección

AGRADECIMIENTOS

Los autores agradecen a Catalina Améndola de la Sección Estadística de la EEA Pergamino INTA, por su valiosa colaboración en la realización de los análisis estadísticos de este trabajo

REFERENCIAS

- Allard, R.W. 1980. Principios de la mejora genética de las plantas. Ed. Omega, Barcelona, Spain.
- Alvarez, D., P. Ludueña, and E. Frutos. 1992. Variability and genetic advance in sunflower. In: Proc. 13th Int. Sunflower Conf., Pisa, Italy.
- Alvarez, M. del P., N. Mancuso, and E. Frutos. 1996. Genetic divergence among open pollinated populations of sunflower (*Helianthus annuus* L.). p. 53. Annual Report. FAO / IBPGR
- Goksksoy A.T., A. Turkec, and Z.M. Turam. 2002. Quantitative inheritance in sunflower (*Helianthus annuus* L.). *Helia* 37:131-140.
- Harvey, P.H. 1977. Sorghum germplasm base in the United States. Proc. Corn and Sorghum Res. Conf. 32:186-198.
- Mishra, D.K., and D. Roy. 2003. Heritability estimates in dwarf population of sunflower (*Helianthus annuus* L.). *Helia* 39:37-42.
- Ortegón, A., and A. Escobedo. 1995. Variabilidad genética, fenotípica y correlaciones entre componentes de rendimiento de líneas de girasol (*Helianthus annuus*). *Agronomía Maesoamericana* 6:151-156.
- Waseem H.S., M.S. Sadaqat, and H. Shahida. 2004. Variability for agronomic traits in two random-mating sunflowers populations: means, variance components and heritabilities. *Helia* 41:99-112.