

CARACTERIZACIÓN DE GENOTIPOS DE TOMATE A TRAVÉS DE ANÁLISIS FACTORIAL MÚLTIPLE

COTA, CAMILA¹; PRATTA, GUILLERMO²; VITELLESCHI, MARÍA SUSANA³

¹ Estudiante avanzado de la Lic. en Estadística. Esc. de Estadística; Facultad de Cs. Econ. y Estadística-UNR

² Instituto de Investigaciones en Ciencias Agrarias de Rosario (IICAR), CONICET/UNR

³ Instituto de Investigaciones Teóricas y Aplicadas de la Escuela de Estadística (IITAE), CIUNR/UNR

INTRODUCCIÓN

El tomate (*Solanum lycopersicum* L.) es una hortaliza de gran importancia económica mundial. Es factible incrementar la calidad de mismo y su vida poscosecha mediante programas de mejoramiento genético. A través del cruzamiento entre un cultivar comercial y una accesión silvestre del fruto, es posible generar poblaciones que constituyen recursos genéticos, sumamente valiosos, para estudiar las bases genéticas que definen caracteres de importancia agronómica tales como son el peso, la vida poscosecha, el color, el sabor, la textura, entre otros; es decir la calidad del fruto. La estimación de la heredabilidad para caracteres de calidad en tomate permite definir los pasos a seguir en un programa de mejoramiento genético. En este trabajo se propone estimarla mediante una técnica de análisis de datos de tres modos denominada Análisis Factorial Múltiple (AFM).

OBJETIVOS

Caracterizar los genotipos de tomate examinados y estudiar la relación global entre las dos generaciones mediante el coeficiente $Rv(F_3, F_4)$.

MATERIALES Y MÉTODOS

Los datos corresponden a 24 genotipos de tomate, de los cuales 18 son segregantes, pertenecientes a las generaciones de autofecundación F_3 y F_4 , y 6 uniformes. Se evaluaron los caracteres cuantitativos: Peso, Altura, Diámetro, Forma, Vida Poscosecha (días), Contenido en Sólidos Solubles, porcentaje de reflectancia (L), cociente de absorbancias entre 540 y 675 nm (a/b), Dureza, Acidez Titulable y pH.

La técnica de **Análisis Factorial Múltiple**, desarrollada por Escofier y Pagès, permite el tratamiento conjunto de tablas de datos de tres modos (genotipos de tomate x caracteres cuantitativos x generaciones), con el fin de encontrar una estructura común o representativa de todas las matrices de datos. Cuando las variables son cuantitativas, el AFM se asemeja a un Análisis de Componentes Principales (ACP) ponderado por las variables y consta de dos etapas (Figura1).

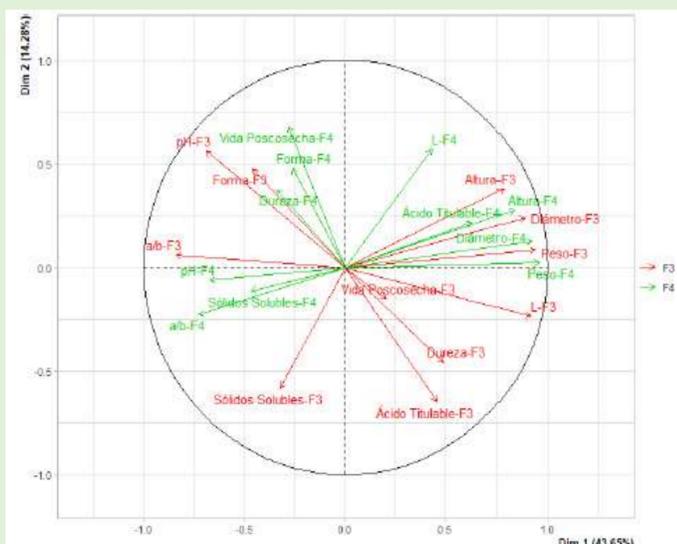


Además, el AFM permite estudiar la relación global entre las dos generaciones mediante el coeficiente de correlación vectorial $Rv(F_3, F_4)$,

RESULTADOS

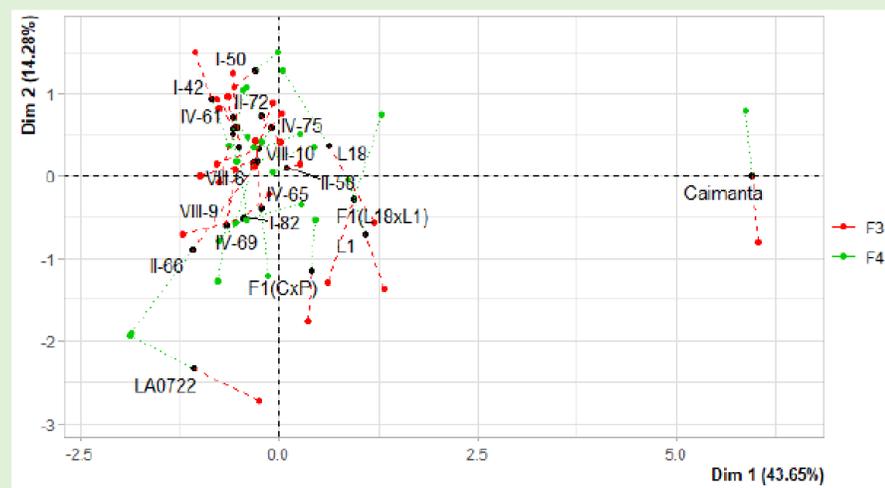
Los dos primeros ejes globales del AFM representan el 58% de la variabilidad total de los datos. Mediante la representación de los caracteres de ambas generaciones sobre los dos primeros ejes globales (Figura 2) se observa que Dureza y Vida Poscosecha son los que manifiestan, comparativamente, un comportamiento más diferente entre ambas generaciones, en tanto que Peso, Diámetro y Altura presentan comportamientos similares. Estos resultados indicaron que la heredabilidad es baja o nula para los dos primeros caracteres y alta para los tres últimos.

Figura 2: Representación de las variables de las generaciones F_3 y F_4 sobre los dos primeros ejes globales



En la Figura 3, se observa que el genotipo IV-75 tiene características similares en las dos generaciones; mientras que Caimanta difiere de generación en generación en cuanto al estado de madurez. Por otro lado, el genotipo LA0722 difiere en el tamaño del fruto de una generación a otra.

Figura 3: Representación de los genotipos de tomate de las generaciones F_3 y F_4 sobre los dos primeros ejes globales



El coeficiente Rv entre ambas generaciones es igual a **0,59**; es decir, la generación F_3 y la F_4 presentan una estructura con similitudes pero también con algunas diferencias. Eso puede asociarse con la heredabilidad general del conjunto de datos.

CONSIDERACIONES FINALES

La técnica de AFM resultó una metodología estadística multivariada adecuada para implementar en un programa de mejoramiento genético basado en genotipos de tomate evaluados para caracteres relacionados a la calidad del fruto en dos generaciones segregantes sucesivas, permitiendo caracterizar los genotipos seleccionados en el espacio de los individuos, encontrando diferencias en sus valores reproductivos. Además, se pudo estimar la heredabilidad multivariada para caracteres complejos.