

# PARÁMETROS GENÉTICOS DE CARACTERÍSTICAS BIOMÉTRICAS DEL FRUTO Y SEMILLA EN *Caesalpinia ebano* (FABACEAE)

## Genetic parameters of fruit and seed biometric characteristics in *Caesalpinia ebano* (Fabaceae)

Leider José CASTRO-TORRES<sup>1</sup>, Rubén Darío BLANCO-FUENTES<sup>1</sup>, Miguel Mariano ESPITIA-CAMACHO<sup>1</sup>, Carlos CARDONA-AYALA<sup>1</sup>, Hermes ARAMÉNDIZ-TATIS<sup>1</sup>

<sup>1</sup> Facultad de Ciencias Agrícolas, Universidad de Córdoba, carrera 6 No. 77-305, Montería, Colombia.

\* **For correspondence:** Lcastrotorres40@correo.unicordoba.edu.co

**Received:** 15<sup>th</sup> March 2020. **Returned for revision:** 17<sup>th</sup> Septiembre 2020. **Accepted:** 18<sup>th</sup> October 2020.

**Associate Editor:** Leonardo Galindo

**Citation/ citar este artículo como:** Castro-Torres LJ, Blanco-Fuentes RD, Espitia-Camacho MM, Cardona-Ayala, C., Araméndiz-Tatis H. Parámetros genéticos de características biométricas del fruto y semilla en *Caesalpinia ebano* (Fabaceae). Acta Biol Colomb. 2021;26(3):327-334. Doi: <http://dx.doi.org/10.15446/abc.v26n3.85718>

### RESUMEN

El objetivo del estudio fue evaluar los parámetros genéticos de las características biométricas del fruto y semillas de *Caesalpinia ebano*. La investigación se realizó en Montería (Colombia), se seleccionaron diez árboles, y de cada uno diez frutos tomados al azar. Se realizaron análisis de varianza y estimación de parámetros genéticos para nueve características: peso fresco del fruto, largo del fruto, ancho del fruto, grosor del fruto, número de semillas/fruto, peso de semillas por fruto, peso de una semilla, volumen de una semilla y densidad de una semilla. Se detectaron diferencias estadísticas ( $p < 0,01$ ) entre árboles, para todas las características, excepto para el ancho del fruto y peso de una semilla; denotando la existencia de variabilidad genética entre los árboles para peso del fruto, largo del fruto, grosor del fruto, número de semillas y densidad de una semilla. El peso y largo del fruto presentaron la heredabilidad media familiar y heredabilidad en el sentido estricto con los valores más altos ( $h^2_{Fam} > 82\%$  y  $h^2_E > 30\%$ ). La ganancia genética esperada fue mayor del 10 % en cinco de las nueve características estudiadas, y mayor del 20 % para número de semillas y peso de las semillas (27,31 y 27,87 %, respectivamente). Los caracteres peso y largo del fruto se podrían transmitir a las generaciones sucesivas, con mayor posibilidad de éxito, mediante la selección fenotípica de árboles.

**Palabras Clave:** Caracteres poligénicos, heredabilidad, mejoramiento genético, silvicultura, variación genética.

### ABSTRACT

The objective of the study was to evaluate the genetic parameters of the biometric characteristics of the fruit and seeds of *C. ebano*. The investigation was carried out in Montería, Córdoba (Colombia); ten trees were selected and from each, ten fruits taken at random. Variance analysis and estimation of genetic parameters for nine traits were carried out: fresh fruit weight, fruit length, fruit width, fruit thickness, number of seeds/fruit, weight of seeds by fruit, weight of one seed, volume of one seed and density of one seed. Statistical differences ( $p < 0.01$ ) were detected between trees, for all traits except for width of the fruit and weight of a seed; denoting the existence of genetic variability between trees for fruit weight, fruit length, fruit thickness, number of seeds and density of a seed. The weight and length of the fruit presented the highest family heritability and narrow sense heritability ( $h^2_{Fam} > 82\%$  and  $h^2_E > 30\%$ ). The expected genetic gain was greater than 10 % in five of the nine studied traits, and greater than 20 % for number of seeds and weight of seeds (27.31 and 27.87 %, respectively). The traits fruit weight and length could be transmitted to successive generations, with greater chance of success, by phenotypic selection of trees.

**Keywords:** Polygenic characters, heritability, genetic improvement, forestry, genetic variation.

## INTRODUCCIÓN

El ébano (*Caesalpinia ebano* H. Karst.) es una especie forestal de la familia Fabaceae, nativa del Bosque seco tropical (bs-T) de Colombia; tiene un alto potencial en la silvicultura y en la ingeniería ecológica, por su buena cobertura arbórea. El bioma bs-T es uno de los ecosistemas más degradados, se encuentra distribuido en fragmentos aislados de diversos tamaños, el cual representa solo un 8 % de su cobertura original en el país (García *et al.*, 2014; Bocanegra-González *et al.*, 2019). Como consecuencia de la disminución del área forestal en el Caribe colombiano, *C. ebano* se ha reportado como una especie silvestre en peligro (EN A2cd), protegida de la tala con finalidad extractiva de madera. Para la zona, también se han reportado especies forestales EN, como guayacán (*Bulnesia arborea* [Jacq.] Engl.) y ceiba tolúa (*Bombacopsis quinata* [Jacq.] Dugand.) (López y Cárdenas, 2002).

Dadas las pocas poblaciones de ébano en Colombia, el estudio de la población base y su variabilidad genética comprende una de las principales etapas para guiar posteriores estudios. La investigación en torno a esta especie es escasa, sobre todo la relacionada con las actividades del mejoramiento genético forestal. Autores como Bernal *et al.* (2017), sugieren estudios ecológicos y de poblaciones particularmente para ébano y carreto (*Aspidosperma polyneuron* Müll. Arg.), así como el emprendimiento de acciones para su conservación, debido a su valor ecológico, bienes y servicios ambientales, y socioeconómicos que representan.

Los parámetros genéticos de una población objeto de mejoramiento, están en función de los efectos ambientales que influyeron sobre dicha población al momento de tomar los valores fenotípicos de las respectivas variables poligénicas (Falconery Mackay, 1996), y se fundamentan principalmente en la estimación de la variabilidad fenotípica y genética. Estos valores, asociados con los coeficientes de correlación entre caracteres, son importantes en los programas de mejoramiento porque permiten conocer la variabilidad genética, el grado de expresión de una generación a otra, posibilitan el incremento de características cuantitativas mediante la selección directa o indirecta y sirven de guías para seleccionar los rasgos determinantes de los caracteres poligénicos (Hallauer *et al.*, 2010).

La predicción del valor genético depende de la estimación de los componentes de varianza (Abreu *et al.*, 2017). Para tal fin, se considera el coeficiente de variación genético, la heredabilidad en sentido amplio y estricto, el avance y la ganancia genética (Cruz *et al.*, 2012; Jamoza *et al.*, 2014).

La heredabilidad mide la proporción de la variación fenotípica en una población que se debe a factores genéticos. Los avances genéticos derivan tanto del control genético de las características de interés como de la variabilidad genética existente en la población y regulan la mejora de un carácter bajo una presión de selección particular (Soomro *et al.*, 2008; Pérez *et al.*, 2018). La función más

importante de este parámetro en los estudios genéticos de caracteres cuantitativos es su papel predictivo para indicar la confiabilidad del valor fenotípico con respecto al valor genotípico, como valor guía en el mejoramiento, además proporciona información sobre el grado en que ciertos rasgos pueden transmitirse a generaciones sucesivas (Mohamad *et al.*, 2017). Caracteres con una alta heredabilidad permiten una mayor posibilidad de éxito en la selección (Ali *et al.*, 2016), debido a la menor influencia de los efectos ambientales.

Los estudios de parámetros genéticos en especies forestales son amplios y trascienden en diversos países, donde la silvicultura tiene importancia económica, ecológica, cultural y/o etnobotánica (Escobar-Sandoval *et al.*, 2018). Lo que ha permitido conocer en gran medida la estructura genética de las poblaciones, identificar y seleccionar árboles con características superiores para generar cambios en las frecuencias de genes y genotipos de una población.

En Colombia, se han estimado parámetros genéticos para caracteres de germinación y de dimensiones de semillas y, además, se han reportado trabajos sobre avances genéticos para caracteres como el DAP, volumen comercial, altura total y forma del fuste, en varias especies nativas (Rodríguez y Nieto, 1999; Espitia *et al.*, 2010; Espitia *et al.*, 2011; Correa *et al.*, 2013; Espitia *et al.*, 2016; Espitia-Camacho *et al.*, 2018a).

El objetivo de esta investigación fue estimar la variabilidad fenotípica, los parámetros genéticos, la heredabilidad y la ganancia genética esperada para nueve características biométricas del fruto y las semillas de *C. ebano*.

## MATERIALES Y MÉTODOS

### Localización y periodo de evaluación

El estudio de campo se adelantó durante el año 2018 sobre frutos y semillas de árboles de *C. ebano*, colectados en el área de influencia de Montería-Colombia. El material vegetal fue estudiado en la Universidad de Córdoba, cuyas coordenadas corresponden a 8°47'16" N, y 75°51'28" W; localidad que se caracteriza por poseer una temperatura de 28 °C, humedad relativa del 84 %, precipitaciones anuales promedias de 1200 mm, altitud de 15 m. s. n. m, un brillo solar de 5,5 horas luz/día (2000 horas luz/año) y pertenece a la zona media del bosque seco tropical del valle del Sinú (Palencia *et al.*, 2006).

### Material genético forestal

La muestra estuvo constituida por diez árboles de ébano obtenidos mediante muestreo aleatorio simple. De cada árbol se colectaron al azar diez frutos sanos y maduros, para un total de 100 frutos. Al momento de la cosecha de los frutos, los árboles presentaron altura entre 5 y 10 m, edad de seis a 15 años y diámetro a la altura del pecho de 25 a 40 cm. Por su condición de planta alógama (Diallo *et al.*, 2008), las semillas de cada uno de los frutos de cada árbol

objeto de investigación, fueron consideradas como una familia de medios hermanos.

### Variables fenotípicas

Un total de 11 variables cuantitativas concernientes a las características del fruto y las semillas de ébano fueron medidas: Peso fresco del fruto (PFR), largo máximo del fruto (LFR), ancho máximo del fruto (AFR), grosor máximo del fruto (GFR), número de semillas/fruto (NSF), peso total de las semillas por fruto (PSF), peso fresco de una semilla (P1S), peso de cien semillas (P100S), volumen de una semilla (V1S), densidad de una semilla (D1S) y el número de semillas por kilogramo (NSK).

En cada uno de los frutos de cada árbol fue medido el PFR (g), LFR (cm), AFR (cm), GFR (cm), NSF (#), PSF (g), en tanto que las variables asociadas con características de la semilla, como el P1S (g), V1S (mL) y D1S (g/mL) se estimaron como el promedio de las mediciones individuales por cada semilla presente dentro de cada fruto por árbol.

La D1S fue estimada a partir de la relación (P1S/V1S). El P100S se estimó a partir de la ecuación: P100S = P1S\*100 y el NSK fue calculado como el cociente:  $(1 \times 10^5 \text{ g} / \text{P100S})$ .

### Diseño experimental y análisis de datos

Las observaciones en las diez familias de medios hermanos, se evaluaron asumiendo un Diseño Completamente al azar, con diez repeticiones (frutos/árbol). Para cada una de las variables, se realizaron análisis de varianza a una vía, con efectos aleatorios, y se estimaron los coeficientes de variación fenotípicos (CVF), varianza fenotípica media entre familias de medios hermanos (VF), varianza genética media entre familias de medios hermanos (VG), varianza ambiental media entre familias de medios hermanos (VA), varianza genética aditiva media entre familias de medios hermanos (VGA), coeficientes de variación genotípicos (CVG), heredabilidad media familiar ( $h^2_{Fam}$ ), heredabilidad en sentido estricto ( $h^2_E$ ), ganancia genética esperada (GGE) e índice de variabilidad genética b ( $CVG/CVF$ ).

Para la ejecución del análisis de varianza y estimación de los anteriores parámetros genéticos, se utilizó el software computacional para Windows de libre acceso GENES V.2016.6.0 (Cruz, 2016).

La heredabilidad media familiar ( $h^2_{Fam}$ ) y en el sentido estricto ( $h^2_E$ ) para cada variable, fue estimada de la forma clásica, como se describe a continuación:

$$h^2_{Fam} = [(0.25\sigma_A^2) / (0.25\sigma_A^2 + \sigma_{Parcela}^2 / 10 + \sigma_{Error}^2 / 10)] * 100 \quad (1)$$

$$h^2_E = (\sigma_A^2 / \sigma_F^2) * 100 \quad (2)$$

Donde:  $\sigma_{Fam}^2$  = varianza genética media para familias de medios hermanos (HM);  $\sigma_F^2$  = varianza fenotípica media para HM y  $\sigma_A^2$  = varianza genética aditiva media para HM; estos parámetros fueron calculados a partir de los cuadrados medios esperados (Tabla 1).

**Tabla 1.** Fuentes de variación (FV), grados de libertad (gl) y cuadrados medios (CM) esperados para el análisis de varianza, bajo el uso del diseño completamente al azar con diez tratamientos y diez repeticiones.

FV <sup>1</sup>	gl	CM	CM Esperados
Árboles	(a-1) = 9	CM <sub>HM</sub>	$r\sigma_{HM}^2 + \sigma^2$
Error	r(a-1) = 90	CM <sub>E</sub>	$\sigma^2$
Total	(ra-1) = 99		

<sup>1</sup> FV: fuentes de variación; gl: grados de libertad; a: número de árboles (10); r: repeticiones (10); CM: cuadrados medios; a: número de árboles (10); r: repeticiones (10); CM<sub>HM</sub>: Cuadrados medios para familias de medios hermanos (HM); CM<sub>E</sub>: Cuadrados medios del error o residual;  $\sigma_{HM}^2$ : varianza media entre familias de HM;  $\sigma_{HM}^2 = \sigma_G^2$  = varianza genética =  $(CM_{HM} - CM_E) / r$ ;  $\sigma^2$ : varianza ambiental de observaciones individuales =  $CM_E$ ;  $\sigma_E^2$ : varianza ambiental media entre familias de HM,  $\sigma_E^2 = (\sigma^2 / r)$ ;  $\sigma_A^2$ : varianza genética aditiva media,  $\sigma_A^2 = (4\sigma_{HM}^2 / r)$ ;  $\sigma_F^2$ : varianza fenotípica media entre familias de HM,  $\sigma_F^2 = (\sigma_G^2 + \sigma_E^2)$ , (Venkovsky y Barriga, 1992).

La ganancia genética esperada (GGE) para cada variable, se estimó a través de la siguiente ecuación (Venkovsky y Barriga, 1992; Espitia-Camacho *et al.*, 2018a):

$$GGE = k * \sigma_F * h_E^2 \quad (3)$$

Dónde: k = diferencial de selección al 5 % de intensidad de selección, equivalente a 2,06;  $\sigma$  = Desviación estándar fenotípica;  $h_E^2$  = heredabilidad en sentido estricto.

La GGE también se expresó como porcentaje de la media.

$$GGE (\%) = (GGE / \text{Media}) * 100. \quad (4)$$

## RESULTADOS

### Análisis de varianza para las características biométricas

Los cuadrados medios del análisis de varianza consignados en la Tabla 2, acusaron diferencias altamente significativas ( $p < 0,01$ ) entre árboles para siete de las 11 características: PFR, LFR, GFR, NSF, PSF, V1S y D1S, mas no para AFR, P1S, P100S y NSK.

Las variables AFR, LFR, P1S, V1S, NSK, presentaron valores bajos de dispersión, con coeficientes de variación (CV) entre 9 y 14 %; D1S, P100S, GFR y PFR, se agruparon en valores medios de dispersión, con CV entre 18 y 25 %, mientras que PSF y NSF presentaron alta dispersión con CV de 45,71 % y 45,02 %, respectivamente, los cuales se consideraron muy altos (Tabla 2).

### Parámetros genéticos

Los parámetros genéticos derivados de las características biométricas del fruto y las semillas de *C. ebano* se encuentran registrados en la Tabla 3, excepto para las variables P100S y NSK, que presentaron varianzas de muy baja magnitud de acuerdo con el análisis de varianza.

**Tabla 2.** Análisis de varianza y coeficientes de variación para 11 características biométricas del fruto y las semillas de *Caesalpinia ebano* H. Karst. en Montería, Colombia. 2019.

Variables <sup>2</sup>	CM de FV		
	Árboles (gl = 9)	Error (gl = 90)	CV (%)
PFR	16,13343**	2,767967	25,06
LFR	6,237333**	0,978267	12,94
AFR	0,109511 <sup>ns</sup>	0,061044	9,14
GFR	0,1624**	0,050533	23,61
NSF	16,356667**	4,423333	45,71
PSF	0,155534**	0,038683	45,02
P1S	0,000132 <sup>ns</sup>	0,000162	13,26
V1S	0,000601**	0,000202	13,68
D1S	0,135557**	0,051248	17,56
P100S	1,316467 <sup>ns</sup>	1,725917	18,53
NSK	2026354,89 <sup>ns</sup>	2171331,196667	13,90

<sup>2</sup> FV: fuentes de variación; CV (%): coeficiente de variación; gl: grados de libertad; \*\*: significativos al 1% de probabilidad; <sup>ns</sup>: no significativo; PFR: peso fresco del fruto (g); LFR: largo del fruto (cm); AFR: ancho del fruto (cm); GFR: grosor del fruto (cm); NSF: número de semillas por fruto; PSF: peso de semillas por fruto (g); P1S: peso de una semilla (g); V1S: volumen de una semilla (mL); D1S: densidad de una semilla (g/mL); P100S: peso de cien semillas (g); NSK: número de semillas por kilogramo.

Los coeficientes de variación fenotípicos (CVF), oscilaron entre 9,14 % para el ancho del fruto (AFR), y 45,42 % en el número de semillas por fruto (NSF). Las estimaciones promedio de las varianzas genéticas (VG), resultaron menores que la varianza ambiental (VA) en dos caracteres, AFR y P1S. Las magnitudes de estos parámetros influyeron directamente en la magnitud de la varianza genética aditiva media (VGA), coeficiente de variación genético (CVG) y los índices de variabilidad genética *b* (Tabla 3).

**Tabla 3.** Parámetros genéticos esperados para nueve características biométricas del fruto y las semillas de *Caesalpinia ebano* H. Karst. en Montería, Colombia. 2019.

Variables <sup>3</sup>	Media	CVF (%)	VF	VA	VG	VGA	CVG	h <sup>2</sup> <sub>Fam</sub>	h <sup>2</sup> <sub>E</sub>	<i>b</i>	GGE	GGE (%)
				(Media)				(%)				
PFR	7,96±2,0	20,89	1,62	0,28	1,34	0,53	14,52	82,84	33,14	0,69	1,14	14,26
LFR	7,64±1,21	12,95	0,63	0,10	0,53	0,21	9,49	84,32	33,73	0,73	0,69	8,99
AFR	2,70±0,26	9,14	0,01	0,006	0,005	0,002	2,58	44,26	17,70	0,28	0,09	3,33
GFR	0,95±0,25	23,61	0,015	0,005	0,01	0,004	11,11	74,58	29,83	0,47	0,14	14,51
NSF	4,63±2,35	45,42	1,64	0,44	1,20	0,48	23,59	72,96	29,18	0,52	1,26	27,31
PSF	0,44±0,22	45,02	0,014	0,004	0,01	0,005	24,74	75,13	30,05	0,55	0,12	27,87
P1S	0,10±0,01	10,50	1x10 <sup>-5</sup>	1x10 <sup>-5</sup>	5x10 <sup>-6</sup>	2x10 <sup>-6</sup>	2,44	33,33	13,33	0,23	0,003	2,88
V1S	0,08±0,02	17,56	6x10 <sup>-5</sup>	2x10 <sup>-5</sup>	4x10 <sup>-5</sup>	1,6x10 <sup>-5</sup>	7,80	66,67	26,67	0,44	0,008	9,65
D1S	1,21±0,24	17,96	0,015	0,005	0,01	0,005	8,84	70,78	28,31	0,49	0,13	10,47

<sup>3</sup> CVF: coeficiente de variación fenotípico; VF: varianza fenotípica media entre familias de medios hermanos (HM); VA: varianza ambiental media entre familias de HM; VG: varianza genética media HM; VGA (Media): varianza genética aditiva media entre HM; CVG: coeficiente de variación genotípico; h<sup>2</sup><sub>Fam</sub>: heredabilidad media familiar; h<sup>2</sup><sub>E</sub>: heredabilidad en sentido estricto; *b*: índice de variabilidad genética, relación (CVG/CVF); GGE: ganancia genética esperada; PFR: peso fresco del fruto (g); LFR: largo del fruto (cm); AFR: ancho del fruto (cm); GFR: grosor del fruto (cm); NSF: número de semillas por fruto; PSF: peso de semillas por fruto (g); P1S: peso de una semilla (g); V1S: volumen de una semilla (ml); D1S: densidad de una semilla (g/mL).

Los valores más altos de estimación de heredabilidad familiar (h<sup>2</sup><sub>Fam</sub>) y en el sentido estricto (h<sup>2</sup><sub>E</sub>) se encontraron para el largo del fruto (LFR) y peso fresco del fruto (PFR), con valores de 84,32 % y 33,73 %, y, 82,84 % y 33,14 %, respectivamente. Las nueve variables se agruparon acorde con su valor de h<sup>2</sup><sub>Fam</sub> en alta (> 50 %): LFR, PFR, PSF, GFR, NSF, D1S y V1S; y media (20 - 50 %): AFR y P1S. Según los valores de h<sup>2</sup><sub>E</sub>, las variables se clasificaron en heredabilidad media (20-50 %): LFR, PFR, PSF, GFR, NSF, D1S y V1S baja (< 20 %): AFR y P1S (Tabla 3).

La ganancia genética esperada expresada como porcentaje de la media (GGE %) fue mayor al 10 % en cinco de las nueve variables evaluadas, y se agrupó como alta (GGE > 20 %): PSF y NSF; media (10 % > GGE < 20 %): GFR, PFR y D1S; y baja (GGE < 10 %): V1S, LFR, AFR y P1S (Tabla 3).

## DISCUSIÓN

### Análisis de varianza para las características biométricas

El valor de la significancia detectada en 64 % de las variables estudiadas, indica la existencia de diferencias genéticas entre árboles, la cual permitiría realizar selección y clonación de árboles con características biométricas de frutos y semillas deseables, ya que ello incide en cambio en la estructura genética de la población (Santos *et al.*, 2018); estos hallazgos son coherentes con estudios preliminares en otras especies de la familia Fabaceae, como *Poecilanthe parviflora* Benth. (Valadares *et al.*, 2009), *Dalbergia cearensis* Ducke. (Nogueira *et al.*, 2010) y *Mimosa scabrella* Benth. (Menegatti *et al.*, 2019).

Ausencia de significancia se encontró para las características asociada con la semilla, excepto en los caracteres volumen y densidad de una semilla, lo cual posiblemente sea reflejo de una base genética estrecha, generada por el efecto fundador (Espitia-Camacho *et al.*, 2018a), lo que amerita

la introducción de genes. La alta variabilidad para los valores fenotípicos restantes son respuesta a las variaciones de los factores genéticos y ambientales expresados de manera diferencial entre individuos (Mohamad *et al.*, 2017), causado por su recombinación genética (Tabla 2), mediada por la polinización cruzada y los efectos climáticos (Luna-Cedeño *et al.*, 2018), lo cual genera una población heterogénea y heterocigota, debido a la presencia de nuevas combinaciones genéticas, efectos ambientales y la interacción entre ellos como factores generadores de la variabilidad en estos caracteres (Gómez-Jiménez *et al.*, 2010).

La mayor plasticidad fenotípica expresada por las variables de los frutos puede deberse a que su crecimiento está sujeto a la humedad del medio y a su posición en el árbol en el aprovechamiento de los fotoasimilados (Daymond y Hadley, 2008); pues los frutos de mayor tamaño se forman primero y se encuentran en la parte superior de la copa por la mayor disponibilidad de azúcares y proteínas (Houle *et al.*, 2007). Estas variaciones dentro y entre los árboles están sujetas a varios factores, como la constitución genética a nivel de individuos, tipo de población y polinización, insectos plagas, agentes patogénicos, posición geográfica, nutrición y edad de la planta madre, deterioro y nivel de madurez a cosecha, los cuales afectan las características biométricas y fisiológicas del fruto y las semillas (Silva *et al.*, 2015; Luna-Cedeño *et al.*, 2018; Leão *et al.*, 2018).

La existencia de valores fenotípicos no significativos en las variables de respuesta: AFR, P1S, P100S y NKS, sugiere la existencia de una importante semejanza genética entre los 10 árboles estudiados. Hecho que reduce la posibilidad de selección y lograr un avance genético, ya que la selección de árboles actúa sobre la diferencia genética existente entre individuos de una misma población (Machado *et al.*, 2016; Shafique *et al.*, 2016).

### Parámetros genéticos

En la descomposición de la varianza fenotípica (VF), se detectó mayor participación de la varianza ambiental (VA) que la varianza genética (VG), en las características ancho de fruto (AFR), grosor del fruto (GFR), peso de una semilla (P1S), volumen de una semilla (V1S) y densidad de una semilla (D1S), más no así para las variables peso de fruto (PFR), longitud del fruto (LFR), número de semillas por fruto (NSF) y peso de semilla por fruto (PSF). Lo que puede obedecer al tamaño de la muestra usada en el estudio. Esto pudo repercutir en el índice de variabilidad genética (b) y la heredabilidad, dado que esta predice el potencial de transmisión de genes con acción aditiva a la siguiente generación, haciendo menor el progreso genético, ya que la parte ambiental no es heredable (Maia *et al.*, 2016; Lopes *et al.*, 2017).

Los coeficientes de variación fenotípica y variación genética otorgan información sobre la naturaleza y magnitud de la variación, resaltando la participación de los

efectos ambientales en la variación fenotípica. Altos valores se presentaron para el número de semillas por fruto (NSF) y peso de semillas por fruto (PSF), lo cual denota la presencia de variabilidad genética en ellos y posibilidades de éxito a través de la selección de los árboles con mayores ventajas para la silvicultura (Tabla 3). Esta situación concuerda con los resultados de Moraes *et al.* (2015) en *Eucalyptus grandis* W. Hill., quienes sostienen que ello permite una ganancia significativa a través de la selección, lo que se corrobora en la Tabla 3.

La probabilidad de lograr avances importantes por selección fenotípica para los caracteres PFR y LFR, es concordante con los expresado por Correa *et al.* (2013) y Mohamad *et al.* (2017), quienes sostienen que la superioridad de la variación genética sucede cuando los efectos ambientales son menos influyentes en la medición de los valores fenotípicos. Maia *et al.* (2016), en trabajos de mejoramiento por selección, resaltaron que la heredabilidad en sentido estricto ( $h^2_E$ ) es de mayor importancia, debido a que determina cuánto de la apariencia fenotípica de las plantas es el reflejo exacto del valor genotípico aditivo y de la acción de los genes que responden a la selección.

Los altos valores para los parámetros genéticos VG, VGA, CVG e índice de variabilidad genética b, determinaron la alta heredabilidad media familiar ( $h^2_{Fam}$ ) y estricto ( $h^2_E$ ) detectada en las variables peso de fruto (PFR), longitud del fruto (LFR) y número de semillas por fruto (NSF) (Tabla 3). Los índices de variabilidad en la medida que se aproximen a valores iguales o mayores que uno, expresan una condición favorable para la selección (Moraes *et al.*, 2015) y brindan mayor confiabilidad al describir el comportamiento de la heredabilidad en función de los componentes de la varianza (VF). Resultados similares han sido reportados en diferentes variables de interés en varias especies forestales (Batista *et al.*, 2012; Moraes *et al.*, 2015; Dias *et al.*, 2015).

Los efectos genéticos aditivos que representan la varianza genética aditiva (VGA), no desaparecen fácilmente con la recombinación genética o caracteres superiores, ya que son heredables y permiten incrementar la frecuencia de alelos favorables en los caracteres de interés en la siguiente generación, conforman nuevas combinaciones genéticamente superiores y, por consiguiente, sustentan el progreso genético por selección en posteriores generaciones (Pérez *et al.*, 2018; Farias-Neto *et al.*, 2018).

Los caracteres NSF y PSF expresaron los mayores valores de CVG (23,59 % y 24,74 %; respectivamente) y ganancia genética esperada (GGE) de 27,31 % y 27,87 %, en su orden (Tabla 3). Estos valores son similares (CV = 24 % y GGE = 26 %) a los reportados en diferentes variables de interés en *Pachira aquatica* Aubl. (Espitia-Camacho *et al.*, 2018a), *Platonia insignis* Mart. (Maia *et al.*, 2016) y *Euterpe oleracea* Engel. Las magnitudes de estos parámetros indican que, en futuras evaluaciones en campo, podría haber mayor

expresión de variación genética para otros caracteres asociados, con buenas perspectivas de variabilidad, para ser aprovechada a lo largo de un programa de mejoramiento genético (Correa *et al.*, 2013).

La moderada y alta GGE detectada en este estudio sustenta la variación fenotípica significativa encontrada entre árboles para la mayoría de las variables (Tabla 3), todo ello en función de las divergencias genéticas generada en poblaciones aisladas de *C. ebano*, producto de la alogamia entre árboles, similar a la detectada por Diallo *et al.* (2008) en la subfamilia *Caesalpinioideae*.

La GGE obtenida para PFR, GFR, NSF, PSF y D1S, puede incrementarse en un posterior paso cuando se considere clonar los árboles seleccionados como superiores, en comparación a cuando se use solo semilla sexual de libre polinización. De acuerdo con lo documentado por varios autores (Murillo *et al.*, 2012; Espitia *et al.*, 2016), esto se explica porque en la clonación se captura toda la acción génica aditiva y no aditiva de los árboles superiores seleccionados, mientras que cuando se utiliza semilla sexual originada de polinización libre, sólo se aprovecha variación genética aditiva.

En general, los valores de la GGE acusaron un potencial de progreso genético relativamente alto en el mejoramiento de *C. ebano* en Córdoba. De acuerdo con Batista *et al.* (2012) y Ali *et al.* (2016), este avance integrado con el proceso de clonación de los mejores árboles puede constituir el complemento ideal de un programa de mejoramiento genético para cualquier especie forestal y/o frutal.

## CONCLUSIONES

Se detectó variabilidad genética entre árboles para los caracteres: peso, largo, grosor y número de semillas por fruto, volumen y densidad de una semilla; la cual puede ser aprovechable por la magnitud de la varianza genética aditiva. Los valores más altos de heredabilidad media familiar ( $h^2_{Fam}$ ) y en sentido estricto ( $h^2_E$ ) se presentaron para las variables peso y largo del fruto, con magnitudes de  $h^2_{Fam} > 82\%$  y  $h^2_E > 30\%$ , por lo que todavía la selección y la clonación de árboles superiores basada en el fenotipo es suficiente para lograr progreso genético. La ganancia genética esperada expresada como porcentaje de la media, fue mayor al 10% en cinco de las nueve variables evaluadas, lo que representa un potencial de progreso genético relativamente importante en el mejoramiento de los caracteres biométricos del fruto y la semilla de *C. ebano*. La estimación de los parámetros genéticos de los caracteres peso de fruto, largo de fruto y peso de semillas por fruto, indican que son los más importantes para el mejoramiento genético de *C. ebano*, de modo que la selección de frutos largos y pesados con semillas grandes y pesadas permitiría la obtención de plántulas vigorosas, tanto para la restauración de ambientes, como material de propagación para otros usos.

## AGRADECIMIENTOS

Los autores nos permitimos agradecer a la Universidad de Córdoba y a la Facultad de Ciencias Agrícolas, por disponernos el personal científico de apoyo y los espacios necesarios para el desarrollo de esta investigación. Este estudio fue cofinanciado con recursos propios de los autores y el Laboratorio de Fitomejoramiento de la Facultad de Ciencias Agrícolas de la Universidad de Córdoba.

## CONFLICTO DE INTERESES

Los autores declaran que no tienen conflicto de intereses.

## REFERENCIAS

- Abreu GB, Toledo MM, Cavallari MM, Araújo JRG, Rodrigues AAC, de Lima LG, *et al.* Estimation of Genetic Parameters of Turiaçu Pineapple Clones and Genetic Correlation between Traits. *J Agric Sci.* 2017;8(11):1253–1262. Doi: <https://doi.org/10.4236/as.2017.811090>
- Ali A, Khan S, Ali N, Hussain I. Estimation of genetic parameters in soybean for yield and morphological characters. *Pak J Agri Agril Eng Vet Sc.* 2016;32(2):162–168.
- Batista CM, Freitas MLM, Moraes MA, Zanatto ACS, Santos PC, Zanata M, *et al.* Estimativas de parâmetros genéticos e a variabilidade em procedências e progênes de *Handroanthus vellosi*. *Pesq Flor Bras Colombo.* 2012;32(71):269-276. Doi: <https://doi.org/10.4336//2012.pfb.32.71.269>
- Bernal DCS, Palencia LPE, Camacho RL. Caracterización de los productos forestales no maderables del bosque seco tropical asociado a las comunidades del Caribe colombiano. *Rev Bras Biocienc.* 2017;15(4):187–198.
- Bocanegra-González KT, Thomas E, Guillemín ML, Alcázar Caicedo C, Mocosó Higueta LG, González MA, *et al.* Diversidad y estructura genética de cuatro especies arbóreas clave del Bosque Seco Tropical en Colombia. *Caldasia.* 2019;41(1):78–91. Doi: <https://doi.org/10.15446/caldasia.v41n1.71327>
- Correa E, Espitia M, Araméndiz H, Murillo O, Pastrana I. Variabilidad genética en semillas de árboles individuales de *Tectona grandis* L.f. en la conformación de lotes mezclados en Córdoba, Colombia. *Rev UDCA Act & Div Cient.* 2013;16(2):379–389. Doi: <https://doi.org/10.31910/rudca.v16.n2.2013.910>
- Cruz C. Programa Genes V.2016.6.0. Aplicativo computacional em genética e estatística. 2016. Disponible en: <http://www.ufv.br/dbg/genes/genes.htm> Citado: 12 Jun 2018.
- Cruz D, Regazzi J, Carneiro C. Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético. Viçosa: Editora UFV; 2012. p. 514.

- Daymond A, Hadley P. Differential effects of temperature on fruit development and bean quality of contrasting genotypes of cacao (*Theobroma cacao* L.). *Ann Appl Biol.* 2008;153(2):175–185. Doi: <https://doi.org/10.1111/j.1744-7348.2008.00246.x>
- Diallo B, Mckey D, Chevallier M, Joly H, Mckey M. Breeding system and pollination biology of the semidomesticated fruit tree, *Tamarindus indica* L. (Leguminosae: Caesalpinioideae): Implications for fruit production, selective breeding, and conservation of genetic resources. *Afr J Biotechnol.* 2008;7(22): 4068–4075.
- Dias P, Xavier A, Resende M, Biernaski F, Estopa R. Genetic parameters for propagation capacity of *Pinus taeda* by somatic embryogenesis. *Rev Arvore.* 2015;39(6): 1093–1102. Doi: <https://doi.org/10.1590/0100-67622015000600012>
- Escobar-Sandoval M, Vargas-Hernández J, Lopez-Upton J, Espinosa-Zaragoza S, Borja-de la Rosa A. Parámetros genéticos de calidad de madera, crecimiento y ramificación en *Pinus patula*. *Madera y Bosques.* 2018;24(2):1–11. Doi: <https://doi.org/10.21829/myb.2018.2421595>
- Espitia CM, Murillo GO, Castillo PC. Ganancia genética esperada en la selección de teca (*Tectona grandis* L.) en Córdoba (Colombia). *Colomb For.* 2011;14(1):95–106. Doi: <https://doi.org/10.14483/udistrital.jour.colomb.for.2011.1.a07>
- Espitia M, Murillo O, Castillo C, Araméndiz H, Paternina N. Ganancia genética esperada en la selección de acacia (*Acacia mangium* Willd) en Córdoba (Colombia). *Rev UDCA Act & Div Cie.* 2010;13(2):99–107. Doi: <https://doi.org/10.31910/rudca.v13.n2.2010.736>
- Espitia M, Murillo O, Castillo C. Ganancia genética esperada en melina (*Gmelina arborea* Roxb.) en Córdoba (Colombia). *Rev Arvore.* 2016;40(1):71–80. Doi: <https://doi.org/10.1590/0100-67622016000100008>
- Espitia-Camacho M, Araméndiz-Tatis H, Cardona-Ayala C. Correlations and path analysis between fruit characteristics and seeds of *Pachira aquatica* Aubl. *Rev Fac Nac Agron Med.* 2018b;71(1):8387–8394. Doi: <https://doi.org/10.15446/rfna.v71n1.67027>
- Espitia-Camacho M, Araméndiz-Tatis H, Cardona-Ayala C. Parámetros genéticos de las características biométricas del fruto y semillas en *Pachira aquatica* Aubl. *Rev UDCA Act & Div Cient.* 2018a;21(1):33–42. Doi: <http://dx.doi.org/10.31910/rudca.v21.n1.2018.660>
- Falconer DS, Mackay T. Introduction to Quantitative Genetics. 4 ed. England: Prentice Hall; 1996. p. 127–129.
- Farias Neto JT, Clement CR, Resende MDV. Estimates of genetic parameters and selection gain for fruit production in open-pollinated progenies of peach palm in the State of Pará, Brazil. *Bragantia.* 2018;72(2): 122–126. Doi: <https://doi.org/10.1590/S0006-87052013000200002>
- García H, Isaac-Cubides PJ, Corzo G, Etter A. Distribución y estado actual de los remanentes del bioma de Bosque Seco Tropical en Colombia: insumos para su gestión En: Pizano C, García H, editores. *El Bosque Seco Tropical en Colombia.* Bogotá, Colombia: Instituto de Investigación de Recursos Biológicos Alexander von Humboldt; 2014. p. 229–251.
- Gómez-Jiménez J, Ramírez-Herrera H, Jasso-Matta J, López-Upton J. Variación en características reproductivas y germinación de semillas de *Pinus leiophylla* Schiede ex Schltdl. & Cham. *Rev Fitotec Mex.* 2010;33(4):297–304. Doi: <https://doi.org/10.35196/rfm.2010.4.297>
- Hallauer AR, Carena MJ, Miranda JD. Quantitative genetics in maize breeding. 2 ed. New York y Londres: Springer Science & Business Media; 2010. p. 6.
- Houle A, Chapman CA, Vickery WL. Intra-tree variation in fruit production and implications for primate foraging. *Int J Primatol.* 2007;28(6):1197–1217. Doi: <https://doi.org/10.1007/s10764-007-9214-9>
- Jamozá J, Owuoché J, Kiplagat O, Opile W. Broad-sense heritability estimation and correlation among sugarcane (*Saccharum spp. hybrids*) yield and some agronomic traits in western Kenya. *IJAPR.* 2014;2(1):16–25.
- Leão NVM, Felipe SHS, Emídio-Silva C, Moraes AC, Shimizu ESC, Gallo R, et al. Morphometric diversity between fruits and seeds of mahogany trees (*Swietenia macrophylla* King.) from Parakana Indigenous Land, Para State, Brazil. *Aust J Crop Sci.* 2018;12(3):435–443. Doi: <https://doi.org/10.21475/ajcs.18.12.03.pne879>
- Lopes KV, Teodoro PE, Silva FA, Silva MT, Fernandes RL, Rodrigues TC, et al. Genetic parameters and path analysis in cowpea genotypes grown in the Cerrado/Pantanal ecotone. *Genet Mol Res.* 2017;16(2):1–11. Doi: <https://doi.org/10.4238/gmr16029559>
- López R, Cárdenas D. Manual de identificación de especies maderables objeto de comercio en la Amazonia colombiana. Bogotá: Instituto Amazónico de Investigaciones Científicas, SINCHI; 2002. p. 20.
- Luna-Cedeño JJ, Rodríguez-Ortiz G, Enríquez-del Valle JR, Ruiz-Luna J, García-Aguilar JA, Campos-Angeles GV. Frutos y semillas de *Bursera simplex* Rzed. & Calderón en diferentes sitios y estructura arbórea. *Rev Mex Cienc For.* 2018;9(48):92–114. Doi: <https://doi.org/10.29298/rmcf.v8i48.188>
- Machado EL, Silva SA, Fernandes LS, Brasileiro HS. Variabilidade genética e homozigose em uma população F4 de mamoneira por meio de marcadores microssatélites. *Bragantia.* 2016;75(3):307–313. Doi: <https://doi.org/10.1590/1678-4499.536>
- Maia MCC, Macedo LM, Vasconcelos LFL, Aquino JPA, Oliveira LC, Resende MDV. Estimates of genetic parameters using RELM/BLUP for intrapopulation genetic breeding of *Platonia insignis* Mart *Rev Arvore.* 2016;40(3):561–573. Doi: <https://doi.org/10.1590/0100-67622016000300020>
- Menegatti RD, Mantovani A, Navroski M. Biometric and physiological quality of bracing seeds from different

- mother trees. *Floresta Ambient.* 2019;26(1):1–10. Doi: <https://doi.org/10.1590/2179-8087.035916>
- Mohamad Wuhaib K, Hassan Hadi B, Abed Hassan B. Genetic parameters for sorghum varieties in different population densities. *IJAAS.* 2017;3(1):19–24. Doi: <https://doi.org/10.11648/j.ijaas.20170301.12>
- Moraes C, Fernandes B, Teixeira L, Zimback L, Vagne TE, Chaves R, *et al.* Estimativas dos parâmetros genéticos para seleção de árvores de *Eucalyptus*. *Sci For.* 2014;42(104):623–629.
- Moraes CB, Carvalho EV, Zimback L, Luz OSL, Pieroni GB, Mori ES, *et al.* Variabilidade genética em progênies de meios-irmãos de eucaliptos para tolerância ao frio. *Rev Arvore.* 2015;39(6):1047–1054. Doi: <http://dx.doi.org/10.1590/0100-67622015000600007>
- Murillo O, Espitia M, Castillo C. Fuentes semilleras para la producción forestal. 1 ed. Bogotá: Damar S.A.S.; 2012. p. 184.
- Nogueira FCB, Filho SM, Galloiii MI. Caracterização da germinação e morfologia de frutos, sementes e plântulas de *Dalbergia cearensis* Ducke (pau-violeta) - Fabaceae. *Acta Bot Brasilica.* 2010;24(4): 978–985. Doi: <https://doi.org/10.1590/S0102-33062010000400013>
- Palencia G, Mercado T, Combatt E. Estudio agroclimático del departamento de Córdoba. 1 ed. Montería: Editorial UNICOR; 2006. p. 126.
- Pérez L, Bandera E, Valdés J, Velázquez J. Estimación de heredabilidad y correlaciones de caracteres cuantitativos evaluados en poblaciones de guayabo [*Psidium guajava* L. (Myrtaceae)]. *RCCB.* 2018;6(1): 1–10.
- Rodríguez J, Nieto V. Investigación en semillas forestales nativas. Serie Técnica N° 43. Programa de Investigación en Semillas Forestales Nativas-INSEFOR. Bogotá: Convenio CONIF-Ministerio de Agricultura; 1999. p. 66.
- Santos J, Silva DMR, Costa RN, Silva CH, Santos WS, *et al.* Aspectos biométricos e morfológicos de frutos e sementes de *Schinopsis brasiliensis*. *Nativa.* 2018;6(3):219–224. Doi: <https://doi.org/10.31413/nativa.v6i3.4709>
- Shafique M, Ahsan M, Mehmood Z, Abdullah M, Shakoor A, Ahmad M. Genetic variability and interrelationship of various agronomic traits using correlation and path analysis in Chickpea (*Cicer arietinum* L.). *Acad J Agric Res.* 2016;4(2):82–85. Doi: <https://doi.org/10.15413/ajar.2015.0184>
- Silva BMS, Silva CO, Moro FV, Vieira RD. Morphoanatomy of fruit, seed and seedling of *Ormosia paraensis* Ducke. *J Seed Sci.* 2015;37(4):192–198. Doi: <https://doi.org/10.1590/2317-1545v37n4151436>
- Soomro Z, Larik A, Kumbhar M, Khan N, Panhwar N. Correlation and path analysis in hybrid cotton. *SABRAO J Breed Genet.* 2008;40(1):49–56.
- Valadares J, Paula RC, Vitti V. Germinação, desenvolvimento de plântulas e teste de tetrazólio em *Poecilanthe parviflora* Bentham (Fabaceae - Faboideae). *Cientica.* 2009; 37(1):39–47.
- Venkovsky R, Barriga P. Genética biométrica no fitomelhoramento. Ribeirão Preto: Sbg; 1992. p. 486.