

CORRELACIONES Y ANÁLISIS DE SENDERO EN ALGODÓN (*Gossypium hirsutum* L.) EN EL CARIBE COLOMBIANO

CORRELATIONS AND PATH ANALYSIS IN COTTON (*Gossypium hirsutum* L.) IN THE COLOMBIAN CARIBBEAN

Miguel Mariano Espitia Camacho¹; Hermes Araméndiz Tatis² y
Jorge Cadena Torres³

Resumen. El cultivo del algodón es la principal actividad agrícola en la economía del Caribe colombiano en el segundo semestre del año y el principal abastecedor de fibra a la industria nacional desde hace aproximadamente 60 años. El objetivo de este trabajo fue estimar las correlaciones fenotípicas, genéticas y ambientales, entre 11 caracteres agronómicos y realizar un análisis de sendero para rendimiento de fibra. Se utilizaron los datos de la evaluación agronómica de 10 genotipos de algodón en ocho ambientes del Caribe colombiano. En cada ambiente se utilizó un diseño experimental de bloques completos al azar con cuatro repeticiones. Los resultados indicaron que las correlaciones genéticas fueron superiores a las fenotípicas y ambientales. El rendimiento de fibra (REF) presentó las mayores correlaciones fenotípicas, genéticas y fenotípicas parciales con el porcentaje de fibra (PFI), el rendimiento de algodón – semilla (RAS) y el peso de mota (PMO), con valores de $r > 0,43$ ($P < 0,01$). El PFI (efecto directo de r_G : 0,810) fue la variable causa que mostró el mayor efecto directo sobre el REF. El PFI puede ser usado como criterio de selección para incrementar el REF en algodón.

Palabras claves: algodón, correlaciones fenotípicas y genotípicas, coeficiente de sendero.

Abstract. The cotton crop is the main agricultural activity in the economy of the Colombian Caribbean in the second semester of the year and the main supplier of fibre to national industry for about 60 years. The objective of this work was to estimate the phenotypic, genetic and environmental correlations, between 11 agronomic characters and to make a path analysis for fibre yield. Data of agronomic evaluation of 10 genotypes of cotton in eight environments of the Colombian Caribbean were used. In each environment experimental design at random complete blocks with four repetitions were used. The results indicated that genetic correlations were superior to phenotypic and environmental correlations. Fibre yield (FIY) presented the highest phenotypic, genetic and partial phenotypic correlations with ginning percentage (GP), seed-cotton yield (SCY) and boll weight (BOW) with values of $r > 0,43$ ($P < 0,01$). The PFI (0,810) was the cause variable that showed the greatest direct effect on the REF. The YFI can be used as selection criteria to increase the YFI in cotton.

Key words: Cotton, phenotypic and genetic correlations, path analysis.

El algodón es una especie importante en la economía colombiana, siendo cultivada en las regiones de los valles interandinos, llanos orientales y costa caribe, con un aporte de esta última, de un 60% en la producción nacional. Sin embargo, el área plantada ha descendido significativamente, pasando de 377 mil hectáreas en la cosecha 1977/1978 a 32 mil hectáreas en la cosecha 2006/2007; ello conllevó a que el país pasara de ser exportador a importador de fibra desde

1993, generando, con su desaparición paulatina, inestabilidad social y económica en áreas que otrora fueron emporio de riqueza (Conalgodón, 2007).

El principal objetivo del programa de mejoramiento de algodón es la obtención de cultivares de mayor rendimiento y calidad de fibra, acorde con los progresos tecnológicos de los equipos utilizados hoy en día por la industria textil. El rendimiento de fibra

¹ Profesor Asociado. Universidad de Córdoba. Facultad de Ciencias Agrícolas. Carrera 6 No. 76-103. Montería, Colombia. <mespitia@sinu.unicordoba.edu.co>

² Profesor Asociado. Universidad de Córdoba. Facultad de Ciencias Agrícolas. Carrera 6 No. 76-103. Montería, Colombia. <haramendiz@sinu.unicordoba.edu.co>

³ Investigador. Corporación Colombiana de Investigación Agropecuaria. CORPOICA. C. I. Turipaná, km. 13 Vía Montería- Cereté, Colombia. <jcadena@corpoica.org.co>

Recibido: Agosto 22 de 2007; aceptado: marzo 3 de 2008

es un carácter de naturaleza muy compleja que depende de un gran número de factores y de sus interacciones. El estudio de las correlaciones, así como el de los efectos directos e indirectos entre el rendimiento y sus componentes posibilita identificar caracteres que pueden ser usados como criterios de selección indirecta para identificar genotipos con alto rendimiento y calidad de fibra. El trabajo del fitomejorador para identificar los individuos o cultivares que reúnan simultáneamente las características deseables no es fácil, dado que muchos de estos caracteres se encuentran asociados positiva o negativamente. La herramienta estadística que le permite al fitomejorador estimar el grado y la naturaleza de las asociaciones entre dos o más características de interés agronómico, es el coeficiente de correlación (r). Las asociaciones entre los caracteres de interés en fitomejoramiento se evalúan por medio de correlaciones fenotípicas, genotípicas y ambientales. La correlación fenotípica es estimada directamente de los valores medios fenotípicos de campo, siendo resultante, por tanto, de causas genéticas y ambientales. La correlación genotípica, en cambio, corresponde, a la porción genética de la correlación fenotípica. Esta es empleada para orientar programas de mejoramiento por ser la única de naturaleza heredable (Cruz, 2001; Cruz e Regazzi, 1997; Falconer and Makay, 1996; Vencovsky and Barriga, 1992; Mariotti, 1986; Hallauer and Miranda, 1981).

Si dos caracteres presentan una correlación genética alta, es posible seleccionar uno de ellos a través de la selección sobre el carácter asociado. Esto es ventajoso cuando un carácter es de alto valor económico o agrícola, pero tiene una baja heredabilidad, comparada con la heredabilidad del carácter asociado. En ese caso, el carácter de alto valor y baja heredabilidad debe ser seleccionado a través del carácter de alta heredabilidad y bajo valor. También puede suceder que estando asociados dos caracteres, uno de estos sea más fácil de evaluar, por lo que la selección debe hacerse sobre dicho carácter (Miranda e Cruz, 1988). Así mismo, una mala interpretación de la magnitud de una correlación simple, puede originar errores en la estrategia de selección, cuando una correlación alta entre dos caracteres es consecuencia del efecto indirecto de otros caracteres (Dewey and Lu, 1959).

Varios autores Hallauer and Miranda (1981), Vencovsky and Barriga (1992); Falconer and Makay

(1996); Cruz y Regazzi (1997) coinciden en afirmar que las correlaciones se han utilizado a través del tiempo, en el campo del fitomejoramiento, para varios objetivos, entre los que se destaca el de obtener información básica muy importante, para realizar el análisis de sendero (path analysis).

El estudio de correlaciones fenotípicas es riesgoso pues en ellas se incluye la asociación entre caracteres de naturaleza tanto genética como ambiental. Obviamente, el fitomejorador está interesado en las correlaciones de naturaleza genética únicamente. Las correlaciones genéticas pueden tener dos causas: 1) efectos pleiotrópicos de los genes ó 2) la falta de equilibrio de ligamiento. En este último caso, la asociación es temporal y ocurrirá mientras los alelos que controlan los caracteres estén ligados entre sí (Falconer and Makay, 1996).

Los coeficientes de correlación, a pesar de ser de gran utilidad en la cuantificación de la magnitud y dirección de las influencias de factores en la determinación de caracteres complejos, no dan la exacta importancia de los efectos directos e indirectos de esos factores. Para solucionar este problema, se desarrolló el análisis de sendero (Singh and Chaudhary, 1977; Cruz e Regazzi, 1997; Vencovsky and Barriga, 1992). En algodón, el rendimiento y la calidad de la fibra son igualmente importantes, pero ellos están correlacionados negativamente, por lo que la selección basada sobre las correlaciones, sin tomar en cuenta los efectos indirectos, vía otros caracteres, puede no ser fructificante (Tyagi, Mor y Singh, 1988).

El rendimiento de fibra en algodón está determinado por el número de cápsulas por unidad de superficie, semillas por cápsula y fibras por semilla (Worley *et al.*, 1976). De igual manera, Turner *et al.* (1980) señalan que el número de cápsulas por metro cuadrado contribuye con 66,9%; fibras/semillas con 13,2%; longitud de la fibra 8,1%; finura 6,0% y semillas por cápsulas con el 5,8%. La longitud de la fibra y la finura son otros componentes que contribuyen sutilmente al rendimiento de fibra (Worley, Culp y Harrell, 1974). Sin embargo, ellos están más relacionados con el mejoramiento de la calidad que con el rendimiento de fibra. El mejorador desde el punto de vista práctico, usa los componentes secundarios del rendimiento de fibra, peso de mota, porcentaje de fibra y porcentaje de semilla (Wilson *et al.*, 1994).

Varios autores Tyagi, Mor y Singh (1988); Dedaniya y Pethani (1994); McCarty, Jenkins y Zhu (1998) han reportado coeficientes de correlación fenotípica y genotípica variables en magnitud y dirección entre el rendimiento de fibra de algodón y sus componentes primarios y secundarios. Una fuerte asociación entre genotipos, generaciones segregantes y genotipos por generación entre el rendimiento de fibra y porcentaje de fibra, fue reportada por Mc Carty, Jenkins y Zhu (1998), sugiriendo que la selección por alto porcentaje de fibra ayuda a incrementar el rendimiento de fibra. Jones y Smith (2006) y Ulloa (2006), señalan que la selección a partir de la generación F_3 , permite incrementar la frecuencia de genotipos deseables y eliminar poblaciones inferiores, combinando avances tanto en rendimiento como en calidad de fibra. Culp y Harrell (1975) igualmente adicionaron la selección por cápsulas medianas a pequeñas que contengan el mayor número de semillas posibles, por su efecto sobre el rendimiento de fibra.

El análisis de sendero consiste en desdoblar el coeficiente de correlación (fenotípico, genético o ambiental), en los efectos directos e indirectos de varios caracteres (causas) sobre una variable básica compleja (efecto). A pesar de que una correlación es una característica intrínseca a dos caracteres en una condición experimental dada, su descomposición es dependiente del conjunto de caracteres estudiados, los cuales normalmente son evaluados por el conocimiento previo del investigador, con base en su importancia y las posibles interrelaciones expresadas anteriormente (Cruz y Regazzi, 1997; Vencovsky y Barriga, 1992; Singh y Haudhary, 1977).

El estimador dentro del análisis de sendero que mide las relaciones causa-efecto entre caracteres, es llamado coeficiente de sendero (path coefficient), el cual mide la influencia directa de una variable sobre otra, independientemente de las demás. Es este estadístico el que permite desdoblar los coeficientes de correlación simples en sus efectos directos e indirectos.

Un análisis de sendero es, en esencia, un estudio que permite evaluar si una relación entre dos variables es de causa-efecto, o es determinada por la influencia de otra u otras variables. Por lo tanto, un análisis de sendero puede ser realizado a partir de correlaciones fenotípicas, genéticas o ambientales (Cruz y Regazzi, 1997; Vencovsky y Barriga, 1992).

El análisis de sendero ha sido utilizado con mucho éxito a través del tiempo, como herramienta de gran ayuda en el proceso de selección de plantas y animales. Numerosos estudios han sido adelantados en algodón (Dedaniya y Pethani, 1994; Azhar, Naveed y Ali, 2004; Rauf *et al.*, 2004; Ahuja, Dhayal y Prakash, 2006). Para la costa Caribe colombiana no se conocen los niveles de correlaciones (fenotípicas y genotípicas) ni los coeficientes de sendero entre los caracteres agronómicos más importantes para los genotipos promisorios y comerciales. Por lo anterior, el conocimiento y la descomposición de las correlaciones (en efectos directos e indirectos) entre el rendimiento de algodón-semilla o de fibra y sus componentes, es de fundamental importancia, para el logro eficiente de los objetivos en los programas de mejoramiento genético de esta especie.

El presente estudio tuvo como objetivos: i) estimar las correlaciones fenotípicas, genéticas y ambientales, entre 11 caracteres agronómicos relacionados con el rendimiento, sus componentes primarios y las propiedades de calidad de la fibra, y ii) realizar un análisis de sendero para el rendimiento de fibra (REF) en función del número de motas/planta (NMP), rendimiento de algodón-semilla (RAS), porcentaje de fibra (PFI) y peso promedio/mota (PMO), utilizando las correlaciones fenotípicas y genéticas entre tales caracteres.

MATERIALES Y MÉTODOS

Fueron analizados los datos de campo de la evaluación agronómica de 10 genotipos de algodón en ocho ambientes del Caribe colombiano (Tabla 1 y 2) durante la cosecha 2003/2004 realizadas por la Corporación Colombiana de Investigación Agropecuaria, CORPOICA.

Los 10 genotipos se evaluaron en cada ambiente utilizando un diseño experimental de bloques completos al azar con cuatro repeticiones (bloques). El factor de bloqueo fue la pendiente del suelo. La unidad experimental constó de cuatro surcos de cinco metros cada uno. La distancia de siembra y el manejo agronómico utilizado en la investigación fue el mismo que aplicaron los productores en los lotes comerciales donde estuvieron ubicados cada uno de los experimentos.

Tabla 1. Genotipos de algodón considerados en el estudio de correlación genotipo-ambiente y rendimiento de fibra, en el Caribe colombiano.

Genotipos	Características
Línea Cesar-149	Línea promisoría de fibra media
Línea Cesar-151	Línea promisoría de fibra media
Línea Cesar-153	Línea promisoría de fibra media
Línea Turipaná-1	Línea promisoría de fibra media
Línea Turipaná-2	Línea promisoría de fibra media
Línea Turipaná-3	Línea promisoría de fibra media
Línea Turipaná-4	Línea promisoría de fibra media
Corpoica M-123	Variedad Colombiana de fibra media
Delta Pine-opal	Variedad Americana de fibra media
Sinuana M-137	Variedad Colombiana de fibra media

Tabla 2. Localidades o ambientes considerados en el estudio de correlación genotipo-ambiente y rendimiento de fibra en algodón, en el Caribe colombiano*.

No.	Localidad o ambientes	Departamento	Temperatura media °C	Precipitación (mm)	Humedad relativa (%)	ASNM (m)	Fertilidad de suelos	Ambiente Caribe
1	Ríoacha (Maicao)	Guajira	28,2	621	67	53	Baja	Seco
2	El copey	Cesar	28,1	961	72	138	Media	Seco
3	Codazzi	Cesar	28,8	1.605	73	180	Media	Seco
4	San Juan del Cesar	Guajira	29,5	1.100	70	250	Baja	Seco
5	Cereté	Córdoba	28,2	1.226	80	20	Alta	Húmedo
6	San Pelayo	Córdoba	28,0	1.220	80	17	Alta	Húmedo
7	Cotorra	Córdoba	27,8	1.210	82	15	Alta	Húmedo
8	Aguachica	Cesar	28,2	1.335	79	208	Alta	Húmedo

*Fuente: IDEAM (2005)

Se consideraron 11 caracteres agronómicos: altura/planta (APL), número de motas/planta (NMP), rendimiento de algodón-semilla (RAS), porcentaje de fibra (PFI), rendimiento de fibra (REF), peso promedio/mota (PMO), longitud de la fibra (LON), uniformidad (UNI), resistencia (RES), elongación (ELO) y finura (FIN).

Los análisis de correlaciones (fenotípicas, genéticas y ambientales) y de sendero se realizaron mediante el uso del programa computacional GENES versión Windows (2004.2.1), desarrollado por Cruz (2004).

El programa aplica las fórmulas clásicas de correlación:

- a) Correlación fenotípica ($r_{F(XY)}$): $r_{F(XY)} = \text{COV}_{F(XY)} / S_{F(X)} \cdot S_{F(Y)}$
 b) Correlación genética ($r_{G(XY)}$): $r_{G(XY)} = \text{COV}_{G(XY)} / S_{G(X)} \cdot S_{G(Y)}$
 c) Correlación ambiental ($r_{E(XY)}$): $r_{E(XY)} = \text{COV}_{E(XY)} / S_{E(X)} \cdot S_{E(Y)}$

En donde: $r_{(XY)}$ y $\text{COV}_{(XY)}$ son las correlaciones y covarianzas fenotípicas, genéticas y ambientales entre los caracteres X e Y, respectivamente; $S_{(X)}$ y $S_{(Y)}$ son la desviaciones estándar fenotípicas, genéticas y ambientales de X e Y, respectivamente. Una vez estimados los coeficientes de correlación se confirmó la significancia estadística para cada coeficiente de correlación, planteando la hipótesis nula: $H_0: \rho = 0$, versus la hipótesis alterna: $H_a: \rho \neq 0$, mediante una prueba de T, dada por la siguiente fórmula:

$$T_c = \frac{r\sqrt{(n-2)}}{\sqrt{(1-r^2)}}$$

La T calculada (T_c): se comparó con una T tabular (T_t), al nivel de significancia seleccionado: 0,05 y 0,01 y con $(n - 2)$ grados de libertad. La regla de decisión fue: sí $T_c \geq T_t$, entonces el valor de ρ es estadísticamente diferente de cero.

Se realizaron dos análisis de sendero para el sistema: REF como variable efecto (Y) en función de las variables causa: NMP (X_1), RAS (X_2), PFI (X_3) y el PMO (X_4), uno empleando la matriz de correlaciones fenotípicas y el otro con base en el uso de la matriz de correlaciones genéticas entre tales variables (ambas matrices las origina automáticamente el programa GENES en el procedimiento para el análisis de varianza factorial combinado genotipo por ambiente).

Para estimar los efectos directos en cada uno de los análisis, GENES utiliza una matriz de correlaciones (fenotípica o genética: dependiendo del interés), la descompone y organiza en el siguiente sistema de matrices: $P = A^{-1} \cdot R$; en donde: A^{-1} es la inversa de la matriz de correlaciones (entre cada una de las variables causa), R es el vector de coeficientes de correlaciones entre las variables causa con la variable efecto; y P es el vector de coeficientes de sendero.

La descomposición de los coeficientes de correlación de cada una de las variables causa con la variable efecto (r_{X_iY}), en sus componentes efecto directo (P_i) y efecto indirecto (E_i), permite, mediante el despeje de las siguientes ecuaciones, estimar los respectivos efectos indirectos de cada variable causa (E_i):

$$r_{X_1Y} = P_1 + E_1 : \text{para NMP}$$

$$r_{X_2Y} = P_2 + E_2 : \text{para RAS}$$

$$r_{X_3Y} = P_3 + E_3 : \text{para PFI}$$

$$r_{X_4Y} = P_4 + E_4 : \text{para PMO}$$

El coeficiente de sendero debido a los efectos residuales o debido a otras variables no consideradas en el estudio (h), se estima mediante la siguiente ecuación:

$$h = [1 - (P_1 \cdot r_{X_1Y}) - (P_2 \cdot r_{X_2Y}) - (P_3 \cdot r_{X_3Y}) - (P_4 \cdot r_{X_4Y})]^{1/2}.$$

RESULTADOS Y DISCUSIÓN

Los coeficientes estimados de correlación fenotípica (r_F), genética (r_G) y ambiental (r_E) están registrados en la Tabla 3. Con pocas excepciones, los valores de la correlación genotípica (r_G) fueron, en términos generales, de mayor magnitud que los coeficientes de

correlación fenotípica (r_F), corroborando lo reportado por Waldia, Jatasra y Dahiya (1979), Tyagi (1987), Tyagi, Mor y Singh (1988), Tang *et al.* (1996), McCarty, Jenkins y Zhu (1998), Azhar, Naveed y Ali, (2004), Espitia, Vallejo y Baena (2005) y Ahuja, Dhayal y Prakash (2006). En algunas circunstancias, los coeficientes fenotípicos y genotípicos entre dos caracteres fueron similares, indicando que no existe efecto significativo de los factores ambientales sobre el nivel de asociación real de los caracteres en estudio.

Los coeficientes de correlación genotípica que acusaron mayores valores en magnitud ($|r_G| > 0,50$) con respecto al rendimiento de fibra (REF) fueron: altura de planta (APL: 0,55*), rendimiento de algodón-semilla (RAS: 0,69*), porcentaje de fibra (PFI: 0,86*), peso de mota (PMO: -0,69*), longitud de fibra (LON: 0,61*) y resistencia de fibra (RES: 0,72*). Estos valores concuerdan con los reportados por Scholl y Miller (1976); Dedaniya y Pethani (1994), Tang *et al.* (1996) y McCarty, Jenkins y Zhu (1998), excepto el de rendimiento de fibra con la resistencia, que en este estudio acusó una asociación positiva, pero divergente a la reportada por Harrell y Culp (1976); Turner *et al.* (1980); Tang *et al.* (1996); Smith y Coyle (1997) y McCarty, Jenkins y Zhu (1998), quienes encontraron relación negativa a causa de la existencia de ligamiento antes que pleiotropía como lo anotan Meredith y Bridge (1971). Ello indica la presencia de recombinación genética entre los genotipos de este estudio en estos parámetros, siendo un mecanismo de importancia para obtener cultivares de alto rendimiento de fibra y mayor resistencia de la misma o para ser usados éstos como progenitores y obtener nuevas progenies de mejores rendimientos y calidad de fibra, acorde a la demanda de productores e industria textil.

La asociación negativa del rendimiento de fibra (REF) con el peso de la mota (PMO) indica la posibilidad de obtener líneas de mayor rendimiento y con mayor resistencia de fibra y menor tamaño de cápsula, lo que permite incrementar el número de cápsulas por metro cuadrado por ser el principal componente del rendimiento (Turner *et al.*, 1980) y por tanto la producción de fibra.

Tabla 3. Correlaciones fenotípicas (r_F), genéticas (r_G) y ambientales (r_E) para 11 caracteres en algodón, en el Caribe colombiano.

	r 's	NMP	RAS	PFI	REF	PMO	LON	UNI	RES	ELO	FIN
APL	r_F	0,03	-0,03	0,76*	0,50*	-0,81*	0,76*	0,15	0,79*	0,45	0,15
	r_G	-0,05	-0,1	0,80*	0,55*	-0,90*	0,87*	0,19	0,88*	0,51*	0,18
	r_E	0,27	0,44	-0,16	0,4	0,16	0,16	0	-0,06	-0,04	0,02
NMP	r_F		0,32	0,21	0,36	-0,25	0,21	-0,56*	0,05	0,04	-0,67*
	r_G		0,47	0,25	0,46	-0,31	0,32	-0,76*	0,12	0,11	-0,84*
	r_E		0,17	0,04	0,17	-0,03	-0,04	0,06	-0,01	-0,07	-0,01
RAS	r_F			0,16	0,72*	0,02	0,03	-0,07	0,32	0,51*	0,01
	r_G			0,22	0,69*	-0,04	-0,03	-0,14	0,44	0,67*	-0,01
	r_E			-0,1	0,96*	0,26	0,06	0,1	-0,07	-0,02	0,1
PFI	r_F				0,80*	-0,87*	0,74*	-0,19	0,63	0,16	-0,09
	r_G				0,86*	-0,90*	0,84*	-0,22	0,68	0,18	-0,1
	r_E				0,17	-0,23	-0,07	0,01	0,04	-0,04	0,03
REF	r_F					-0,59*	0,53*	-0,19	0,62*	0,4	-0,07
	r_G					-0,69*	0,61*	-0,25	0,72*	0,46	-0,08
	r_E					0,18	0,05	0,09	-0,07	-0,03	0,12
PMO	r_F						-0,67*	0,06	-0,69*	-0,28	0,19
	r_G						-0,81*	0,07	-0,77*	-0,33	0,19
	r_E						0,07	0,04	-0,05	0,11	0,3
LON	r_F							-0,31	0,69*	0,29	-0,13
	r_G							-0,31	0,77*	0,37	-0,15
	r_E							-0,27	0,01	-0,03	0,02
UNI	r_F								0,3	0,52*	0,78*
	r_G								0,36	0,57*	0,89*
	r_E								0,07	0,25	0,03
RES	r_F									0,82*	0,15
	r_G									0,85*	0,17
	r_E									0,68*	-0,08
ELO	r_F										0,31
	r_G										0,33
	r_E										0,14

*: Significativo ($P < 0.05$)

Esta combinación ha sido encontrada en muchos programas de mejoramiento genético, superando los problemas de ligamientos como lo respaldan Tang *et al.* (1996). Por tanto, debe hacerse selección en generaciones tempranas F_3 (Meredith and Bridge, 1971; Bowman *et al.*, 2004) de plantas con cápsulas pequeñas, portadoras de semillas de tamaño reducido y abundantes, a través de la selección asistida, puesto que han sido identificados QTL's para rendimiento y calidad de fibra en líneas endogámicas (Shen *et al.*,

2007) o selección visual, de acuerdo a la experiencia del fitomejorador (Bowman *et al.*, 2004), ya que estas semillas poseen mayor unidad de superficie en la producción de fibra (Harrell and Culp, 1976). A este respecto, Ramey y Worley (1973) señalan que debe existir un equilibrio entre el tamaño de las cápsulas ó numero de cápsulas por metro cuadrado para lograr el máximo rendimiento de fibra y que dicho rango debe de ser identificado en el proceso de selección. Esta situación favorece a cultivares de cápsulas medianas a

pequeñas, los cuales se adaptan mucho más rápido a condiciones ambientales adversas, como las del trópico, que cultivares de cápsulas grandes para producir mayor rendimiento de fibra.

Las correlaciones genéticas significativas entre altura de planta (APL) con respecto a porcentaje de fibra (PFI: 0,80*); rendimiento de fibra (REF: 0,55*); peso de mota (PMO: -0,90*); longitud de fibra (LON: 0,87*); resistencia (RES: 0,88*) y elongación (ELO: 0,51*), señalan que la selección por planta de porte bajo es posible, puesto que posee una heredabilidad relativa alta (Haq and Azhar, 2004; Godoy and Palomo, 1999; Austin *et al.*, 1998), facilita el mejoramiento simultáneo y de forma positiva de las características consideradas, excepto la posibilidad de incrementar el peso de la mota. Por lo anterior, el uso de parentales de entrenudos cortos y porte bajo, pueden ser usados en el proceso de mejoramiento con el fin de romper los ligamientos a través de la recombinación y generar nuevas combinaciones genéticas, haciendo énfasis en la selección por plantas de porte bajo y de buena disposición de ramas fructíferas, lo que favorece un mejor aprovechamiento de los productos de la fotosíntesis por las estructuras reproductivas y la formación de un mayor número de cápsulas de tamaño mediano a pequeño por unidad de superficie, por ser el componente de más peso en el rendimiento de fibra (Worley, Culp y Harrell, 1976; Tyagi, 1987). De igual manera, plantas de porte bajo facilitan el incremento en la densidad de población y por ende una mayor cantidad de cápsulas por unidad de superficie. Godoy y Palomo (1999) señalan que genotipos con estas características, producen más flores, sus cápsulas tienen un período de maduración más corto, son precoces y requieren pocos días para alcanzar un 50% en su madurez.

Otras correlaciones genéticas de interés son las exhibidas entre el peso de la mota (PMO) y el porcentaje de fibra (PFI: -0,90*), longitud de la fibra (LON: -0,81*) y resistencia (RES: -0,77*). Smith y Coyle (1997) y McCarty, Jenkins y Zhu (1998) encontraron la misma tendencia, señalando que la selección por mayor longitud de fibra conduce a una reducción del número de fibras por superficie, aunque ello refleje un mayor peso de la fibra. De la misma manera, la selección por mayor resistencia de fibra puede conducir a la formación de menos semillas por cápsula, lo que incrementa la disponibilidad de fotosintatos para esas semillas y reduce el rendimiento potencial de cápsulas por metro cuadrado y, por ende,

el rendimiento de fibra. No obstante, Miller y Rawlings (1967), acotan que ello no es problema, ya que es posible seleccionar por cápsulas medianas a pequeñas de mayor longitud y con alta resistencia como lo lograron Turner *et al.* (1980) y Tang *et al.* (1996), quienes resaltan que este mejoramiento depende del nivel del tamaño poblacional y la experiencia del mejorador en combinar estos atributos agronómicos (Bowman *et al.*, 2004).

Se detectó ausencia de correlación significativa entre algunas variables como el rendimiento de algodón – semilla (RAS) con sus componentes primarios: número de motas/planta (NMP) y el peso/mota (PMO). De igual forma, entre el rendimiento de fibra (REF) con el RAS; las cuales se esperaban estuvieran asociadas. Ello posiblemente obedece a la presencia de efectos indirectos enmascaradores que tienen otras variables, sobre el nivel de asociación real entre tales pares de caracteres, ya que al realizar un análisis de correlación parcial fenotípico (r_{FP}) se detectaron asociaciones significativas entre tales pares de variables (Tabla 4). Resultados similares han sido reportados por Espitia, Vallejo y Baena (2005).

Los resultados del análisis de sendero que muestran la descomposición de las correlaciones fenotípicas (r_F) y genéticas (r_G) para REF en sus efectos directos (diagonal en negrillas) e indirectos (fuera de la diagonal) están consignados en la Tabla 5. Se observa que el coeficiente de determinación (R^2) estuvo por encima del 99%, lo cual es excelente para un modelo tan simple e indica a la vez la importancia de estos componentes (NMP, RAS, PFI y PMO) en la definición del REF. Se encontró completa coincidencia del modelo en la potencia de explicación de REF en función del número de motas/planta (NMP), rendimiento de algodón – semilla (RAS), porcentaje de fibra (PFI) y peso/mota (PMO) en algodón, cuando en el análisis de sendero se usan las correlaciones genéticas ($R^2 = 1,0$) o las correlaciones fenotípicas ($R^2 = 0,98$). Esta situación es contraria a la reportada por Tyagi, Mor y Singh (1988) y Espitia, Vallejo y Baena (2005), quienes señalan, que generalmente el modelo del análisis de sendero es más potente cuando se usan las correlaciones genéticas a cambio de las correlaciones fenotípicas, en razón a que en las correlaciones genéticas los efectos de los factores ambientales no se consideran, lo cual maximiza la expresión de la verdadera relación entre las variables explicativas y la variable efecto.

Tabla 4. Correlaciones parciales (r_{FP}) entre seis características agronómicas de algodón, en el Caribe colombiano, usando sus correlaciones fenotípicas (r_F).

Pares de variables	r_F	r_{FP}
APL x NMP	0,03 ns	-0,36 **
APL x RAS	-0,03 ns	-0,22 ns
APL x PFI	0,76 **	-0,20 ns
APL x REF	0,50 *	0,22 *
APL x PMO	-0,81**	-0,54 **
NMP x RAS	0,32 ns	-0,47 **
NMP x PFI	0,21 ns	-0,51 **
NMP x REF	0,36 ns	0,50 **
NMP x PMO	-0,25 ns	-0,51 **
RAS x PFI	0,16 ns	-0,98 **
RAS x REF	0,72 **	1,00 **
RAS x PMO	0,02 ns	-0,40 **
PFI x REF	0,80 **	0,99 **
PFI x PMO	-0,87 **	-0,52 **
REF x PMO	-0,59 *	0,43 **

*: Significativa ($P < 0,05$); **: Altamente significativa ($P < 0,01$); ns: No significativa.

Tabla 5. Descomposición de las correlaciones fenotípicas (r_F) y genéticas (r_G) en efectos directos (diagonal) e indirectos (fuera de la diagonal), mediante análisis de sendero, para el rendimiento de fibra (REF), en función del número de motas/planta (NMP), rendimiento de algodón – semilla (RAS), porcentaje de fibra (PFI) y peso / mota (PMO) en algodón, sembrado en el Caribe colombiano.

Variables	Correlaciones fenotípicas				rF
	NMP	RAS	PFI	PMO	con REF
NMP	0,028	0,192	0,152	-0,012	0,36
RAS	0,009	0,595	0,120	0,001	0,73*
PFI	0,006	0,097	0,733	-0,04	0,80**
PMO	-0,007	0,011	-0,641	0,046	-0,59
	R²=0,998 h=0,05				
Variables	Correlaciones genéticas				rG
	NMP	RAS	PFI	PMO	con REF
NMP	0,043	0,236	0,206	-0,024	0,46
RAS	0,02	0,501	0,174	-0,003	0,69*
PFI	0,011	0,108	0,810	-0,069	0,86**
PMO	-0,013	-0,021	-0,729	0,077	-0,69
	R² = 1,00 h = 0				

Los análisis de sendero para REF utilizando los coeficientes de correlación fenotípica (r_F) o genotípica (r_G) registraron similar comportamiento en cuanto a la importancia, magnitud y tendencia de los efectos directos (coeficiente de sendero) e indirectos. Los

efectos directos (en negrilla) todos fueron positivos y son los que explican principalmente el nivel de asociación significativo entre los dos caracteres RAS y PFI con el REF, en los dos análisis de sendero. Los efectos indirectos sólo fueron importantes para

explicar la asociación entre PMO y REF (-0,59 y -0,69), a través de PFI, con valores negativos de -0,641 y -0,729, para el análisis de sendero con rF y rG, respectivamente, ello confirma la asociación inversa entre PMO y PFI que se muestra en la Tabla 3,

Sobresale por su magnitud el efecto directo del porcentaje de fibra (PFI) de 0,810, seguido del rendimiento del algodón semilla (RAS) con valor de 0,501, lo cual es consistente con lo reportado por Dedaniya y Pethani (1994) y da validez a lo señalado por Wilson *et al*, (1994) quienes señalan que desde el punto de vista práctico para lograr progresos significativos en el rendimiento de fibra es mucho mejor hacer el mejoramiento a través del porcentaje de fibra, Esto corrobora que la selección de plantas basada en el porcentaje de fibra (PFI), es la más adecuada, por ser relativamente fácil, económica de estimar y de heredabilidad media (Naveed, Azhar y Ali, 2004).

Los efectos del número de motas por planta (NMP) y peso de mota (PMO) fueron bajos y de poca explicación al rendimiento de fibra, lo cual confirma lo obtenido en las correlaciones y contradice lo anotado por Dedaniya y Pethani (1994), Iqbal *et al*, (2003) y Rauf *et al*, (2004), quienes manifestaron que el NMP, PMO y la longitud de la fibra (LON), tienen una gran influencia en el rendimiento final de fibra. Sin embargo, Turner *et al*, (1980) señalan que el número de cápsulas por metro cuadrado es de mayor importancia y es preferible seleccionar por cápsulas medianas a pequeñas con mayor cantidad de semillas por mota, lo cual redundaría en mayor cantidad de fibra por unidad de superficie, como lo indican Harrell y Culp (1976) e Iqbal *et al*, (2003).

CONCLUSIONES

La correlación positiva entre el rendimiento de fibra (REF) con longitud (LON) y resistencia (RES) de fibra, indica que es posible obtener cultivares más productivos y con calidad de fibra acorde a la modernización de la industria textil y se cuenta con el recurso genético para lograrlo.

El porcentaje de fibra (PFI) seguido del rendimiento de algodón-semilla (RAS), es el componente secundario más importante para mejorar el rendimiento de fibra (REF) y garantizar el éxito en la selección de genotipos

más productivos. Contrariamente, el peso de motas (PMO) y número de motas por planta (NMP) aportaron poca contribución al REF en este estudio.

BIBLIOGRAFÍA

Ahuja, S.L., L.S Dhayal and R. Prakash. 2006. A correlation and path coefficient analysis of components in *G. hirsutum* L. hybrids by usual and fiber quality grouping. Turk. J. Agric. For. 30(5):317-324.

Austin, N., M.D. Khan, M.A. Khan and M. Ahmad, 1998. Genetic studies of cotton (*Gossypium hirsutum* L.). I. Combining ability and heterosis studies in yield and yield components. Pak. J. Sci. Ind. Res. 41(1):54-56.

Azhar, F.M., M. Naveed, and A. Ali. 2004. Correlation analysis of seed cotton yield with fiber characteristics in *Gossypium hirsutum* L. Int. J. Agric. Biol. 6(4):656-658.

Bowman, D.T., F.M. Bourland, G. Myers, T. Wallace and D. Caldwell. 2004. Visual selection for yield in cotton breeding programs. J. Cotton Sci. 8 (2):62-68.

Confederación Colombiana del Algodón (CONALGODÓN). 2007. Resultados de la cosecha algodонера Costa-Llanos 2006 /2007. En: http://www.onalgodon.com/banners/ad_juntos_banners/11_resultados_cosecha_algodонера.pdf. Consulta: Junio 2007.

Cruz, C.D. e A.J. Regazzi. 1997. Modelos biométricos aplicados ao melhoramento genético. 2ª ed. Ediciones Universidade Federal de Vicosa. Vicosa, MG, Brasil. 390 p.

Cruz, C.D. 2001. Programa genes. Versao Windows. Aplicativo computacional em genética e estatística. Ediciones Universidade Federal de Vicosa. Vicosa, MG, Brasil. 648 p.

Cruz, C.D. 2004. Programa genes. Versao Windows. Aplicativo computacional em genética e estatística. Universidade Federal de Vicosa. En: www.ufv.br/dbg/genes/genes.htm. Consulta: Julio 2007.

Culp, T.W. and D.C. Harrell. 1975. Influence of lint percentage, boll size, and seed size on lint yield of upland cotton with fiber strength. Crop Sci. 15(6):741-746.

Dedaniya, A.D., and K.V. Pethani. 1994. Genetic variability correlations and path analysis in deshi cotton (*Gossypium arboretum* L.). Indian J. Genet. Plant Breed. 54(3):229-234.

Dewey, D.R. and K.H. LU. 1959. A correlation and path coefficient analysis of components of crested wheatgrass seed production. Agron. J. 51 (9):515-518.

- Espitia, M., F. Vallejo, y D. Baena. 2005. Correlaciones fenotípicas, genéticas y ambientales en *Cucurbita moschata* Duch. Ex Poir. Rev. Acta Agron. 54(1): 1-9.
- Falconer, D.S. and T. Mackay. 1996. Introduction to quantitative genetics. 4th edition. Prentice Hall, New Jersey, USA, 464 p.
- Godoy, A.S. and G.A. Palomo. 1999. Genetic analysis of earliness in upland cotton (*Gossypium hirsutum* L.). Part I. Morphological and phenological variables. Euphytica 105(1):155-160.
- Hallauer, A.R. and J.B. Miranda. 1981. Quantitative genetics in maize breeding. Iowa State University Press, Ames, IA, 468 p.
- Harrell, D.C. and T.W. Culp. 1976. Effects of yield components on lint yield of upland with high fiber strength. Crop Sci. 16(2):205-208.
- Haq, I.U. and Azhar, F.M. 2004. Genetic basis of varietal differences for seed cotton yield and its components in *Hirsutum* spp. Int. J. Agric. Biol. 6(5):904-907.
- IDEAM. 2005. Atlas climatológico de Colombia. Imprenta Nacional de Colombia, Bogotá. 219 p.
- Iqbal, M., M.A. Chang, M.Z. Iqbal, M. Hassan, A. Nasir and N. Islam. 2003. Correlation and path coefficient analysis of earliness and agronomic characters of upland cotton in Multan. Pak. J. Agron. 2(3):160-168.
- Jones, D.G. and C.W. Smith. 2006. Early generation testing in upland cotton. Crop Sci. 46(1):2-5.
- Mc Carty, J. C., J.N. Jenkins and J. Zhu, 1998. Introgression of day-neutral genes in primitive cotton accessions. Part I. Genetic variances and correlations. Crop Sci. 38(6):1425-1428.
- Mariotti, J.A. 1986. Fundamentos de genética biométrica. Aplicaciones al mejoramiento genético vegetal. Secretaría General de la Organización de los Estados Americanos, Washington, D. C. 152 p.
- Meredith, W.R. and R.R. Bridge. 1971. Breakup of linkage blocks in cotton (*Gossypium hirsutum*). Crop Sci. 11(4):695-698.
- Miller, P.A. and J.O. Rawlings. 1967. Selection for increased lint yield and correlated responses in upland cotton (*Gossypium hirsutum* L.). Crop Sci. 7(5):637-640.
- Miranda, J.E. and C.D. Cruz. 1988. Análise dialélica em pimentão. Parte I: Capacidade combinatoria. Rev. Bras. Genet. 11(2): 431-440.
- Naveed, M., F.M. Azhar, A. Ali. 2004. Estimates of heritabilities and correlations among seed cotton yield and its components in *Gossypium hirsutum* L. Int. J. Agric. Biol. 6(4):712-714.
- Ramey, H.H. and Worley, S. 1973. Use of yield models to compare products of breeding programs. p. 25-63. En: (Abstracts) Proc. Beltwide Cotton Prod. Res. Conf. Phoenix, AZ 9-10 Jan. Natl. Cotton Council. Am., Memphis, TN.
- Rauf, S., T. Manzoor, H. Ahmad and A. Iqbal. 2004. Correlation and path coefficient analysis of yield components in cotton (*Gossypium hirsutum* L.). Int. J. Agric. Biol. 6(4):686-688.
- Scholl, R.L. and P.A. Miller, 1976. Genetic association between yield and fiber strength in upland cotton. Crop Sci. 16(6):780-783.
- Shen, X., W. Guo, Q. Lu, X. Zhu, Y. Yuan and T. Zhang. 2007. Genetic mapping of quantitative trait loci for quality and yield trait by RIL approach in upland. Euphytica. 155(3):371-3780.
- Smith, C.W. and G.G. Coyle. 1997. Association of fiber quality parameters and within-boll yield components in upland cotton. Crop Sci. 37(6):1775-1779.
- Singh, R.K. and B.D. Chaudhary. 1977. Biometrical methods in quantitative genetic analysis. Kaliani Publishers, New Delhi, Ludhiana, India. 304 p.
- Tang, B., J.N. Jenkins, C.E. Watson, J.C. McCarty and R.G. Creech. 1996. Evaluation of genetic variances, heritabilities, and correlations for yield and fiber traits among cotton F₂ hybrid populations. Euphytica. 91 (3):315-322.
- Tyagi, A.P. 1987. Correlations studies on yield and fibre traits in upland cotton (*Gossypium hirsutum* L.). Theor. Appl. Genet. 74(2):280-283.
- Tyagi, A.P., B.R. Mor and D.P. Singh. 1988. Path analysis in upland cotton (*Gossypium hirsutum* L.). Indian J. Agric. Res. 22(3):137-142.
- Turner, J.H., P.E. Hoskinson, S. Worley and H.H. Ramey. 1980. Response to selective pressure in early generation progenies of upland cotton (*Gossypium hirsutum* L.). Euphytica 29(3):615-624.
- Ulloa, M. 2006. Heritability and correlations of agronomic and fiber traits in a okra-leaf upland cotton population. Crop Sci. 46(4):1508-1514.
- Vencovsky, R. and P. Barriga. 1992. Genética biométrica no fitomelhoramento. Sociedade Brasileira de Genética, Brasil. 496 p.

Correlación y análisis de....

Waldia, R.S., D.S. Jatasra and B.N. Dahiya. 1979. Correlations and path análisis of yield components in *Gossypium arboreum* L. Indian J. Agric. Sci. 49(1):32-34.

Wilson, D.F., H.M. Flint, W.R., Deaton and R.E. Buehler. 1994. Yield, yield components and fiber properties of insect-resistant cotton lines containing a *Bacillus thuringiensis* toxin gene. Crop Sci. 34(1):38-41.

Worley, S., T.W. Culp and D.C. Harrell, 1974. The relative contributions of yield components to lint yield upland cotton (*Gossypium hirsutum* L.). Euphytica 23(2):399-403.

Worley, S., H.H. Ramey, D.C. Harrell and T.W. Culp. 1976. Ontogenetic model of cotton yield. Crop Sci. 16(1):30-34.